

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

**Capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical em condições de
população de plantas tradicional e alta**

Rafael Rocha de Souza
Magister Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2025**

RAFAEL ROCHA DE SOUZA

Capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical em condições de população de plantas tradicional e alta

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

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2025**

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

T

S729c Souza, Rafael Rocha de, 2001-
2025 Capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical em condições de população de planta tradicional e alta / Rafael Rocha de Souza. – Viçosa, MG, 2025.
1 dissertação eletrônica (63 f.): il. (algumas color.).

Inclui anexos.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Agronomia, 2025.

Referências bibliográficas: f. 51-61.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2025.655>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Híbridos comerciais. 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. 633.1523

RAFAEL ROCHA DE SOUZA

Capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical em condições de população de plantas tradicional e alta

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

APROVADA: 17 de julho de 2025.

Assentimento:

Rafael Rocha de Souza
Autor

Rodrigo Oliveira de Lima
Orientador

Essa dissertação foi assinada digitalmente pelo autor em 10/10/2025 às 18:01:17 e pelo orientador em 13/10/2025 às 17:31:50. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **PWCA.PP8V.2ZT3** e clique no botão 'Validar documento'.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pelo dom da vida e pela força que me guia.

Aos meus pais, Wesley e Rosilaina, que me proporcionaram a base para me tornar a pessoa e profissional que sou hoje. Sou muito grato por todo o apoio, amor e confiança.

À minha irmã, Nicole, que sempre me apoiou e amparou em todos os momentos da minha vida.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Departamento de Agronomia, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

Este trabalho foi realizado com o apoio das seguintes agências de pesquisa brasileiras: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Ao orientador, Prof. Rodrigo Oliveira de Lima, pelos ensinamentos, conselhos, compreensão e paciência.

Ao Coorientador, Prof. Kaio Olimpio das Graças Dias e o M.e Thiago de Castro Brommonschenkel por toda paciência e ajuda nas análises estatísticas.

Aos membros da banca avaliadora, Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Dra. Lisandra Magna Moura e Dr. Helcio Duarte Pereira, pela participação na banca de defesa de dissertação e pelas contribuições que proporcionaram a melhoria deste trabalho.

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

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

Agradeço a todos os professores que contribuíram para a minha formação.

A todos que cruzaram meu caminho durante o período de formação e me proporcionaram algum conhecimento e aprendizado, meu sincero agradecimento.

Meus sinceros agradecimentos a todos.

RESUMO

SOUZA, Rafael Rocha de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2025. **Capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical em condições de população de plantas tradicional e alta.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

Com o crescimento da produção de milho no Brasil, e a demanda por cultivares mais produtivos e adaptados, informações sobre a capacidade de combinação de linhagens são fundamentais para a seleção de genitores e o direcionamento de cruzamentos promissores. Nesse contexto, a população de plantas pode influenciar os efeitos de capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) das linhagens parentais dos híbridos e, conseqüentemente, afetar as estratégias de seleção de linhagens e híbridos para ambientes de populações altas de plantas. Assim, o objetivo desse estudo foi estimar a CGC e CEC entre linhagens de milho tropical em duas populações de plantas: tradicional (60.000 plantas ha⁻¹) e alta (100.000 plantas ha⁻¹). Para isso, vinte e duas linhagens de milho tropical pertencentes ao banco de germoplasma do Programa Milho® foram cruzadas em um esquema de dialelo parcial (11 × 11). Os 121 híbridos experimentais mais sete híbridos comerciais foram avaliados para 21 caracteres agrônômicos duas populações de plantas: tradicional (60.000 plantas ha⁻¹) e alta (100.000 plantas ha⁻¹) em dois locais durante duas safras agrícolas. Houve efeito de híbridos e ambientes para todos os caracteres avaliados em ambas as populações de plantas; e efeito de CGC de ambos os grupos e CEC para quase todos os caracteres. A CGC foi mais influenciada pelo ambiente, enquanto as interações CEC com ambiente foram restritas a poucos caracteres. A maioria das linhagens apresentou consistência das estimativas de CGC entre as duas populações de plantas, com destaque para VML169, VML035, VML022 e VML118 que apresentarem estimativas altas de CGC positiva para produtividade de grãos e estimativas de CGC negativa dos caracteres de ciclo e estatura de planta. Os híbridos VML169/VML118 e VML169/VML029 apresentaram os melhores desempenhos agrônômicos em ambas as populações de plantas, indicados como promissores para ambas as populações de plantas. Conclui-se que a população de plantas não afeta o controle genético e nem as estimativas de CGC e CEC das linhagens e dos híbridos. O híbrido VML169/VML118 apresentou alto potencial para cultivo em populações altas de plantas.

Palavras-chave: Zea mays L. ; dialelo parcial; Heterose

ABSTRACT

SOUZA, Rafael Rocha de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2025. **Combining ability among tropical maize inbred lines under traditional and high plant populations..** Adviser: Rodrigo Oliveira de Lima.

Given the growth of maize production in Brazil and the demand for more productive and adapted cultivars, information on the combining ability of inbred lines is fundamental for the selection of parents and the direction of promising crosses. In this context, plant population may influence the General Combining Ability (GCA) and Specific Combining Ability (SCA) effects of the parental inbred lines of hybrids, consequently affecting selection strategies for inbred lines and hybrids in high-plant-population environments. Therefore, the objective of this study was to estimate the GCA and SCA among tropical maize inbred lines under two plant populations: conventional (60,000 plants ha⁻¹) and high (100,000 plants ha⁻¹). For this purpose, twenty-two tropical maize inbred lines belonging to the germplasm bank of the Programa Milho® were crossed in a partial diallel mating design (11×11). The 121 experimental hybrids, plus seven commercial hybrids, were evaluated for 21 agronomic traits in the two plant populations (conventional: 60,000 plants ha⁻¹ and high: 100,000 plants ha⁻¹) across two locations during two growing seasons. Hybrid and environment effects were observed for all traits evaluated in both plant populations. GCA effects were significant for both groups, and SCA effects were significant for almost all traits. GCA was more influenced by the environment, while SCA × environment interactions were restricted to a few traits. Most inbred lines demonstrated consistency in GCA estimates between the two plant populations, notably VML169, VML035, VML022, and VML118, which exhibited high positive GCA estimates for grain yield and negative GCA estimates for maturity cycle and plant height traits. The hybrids VML169/VML118 and VML169/VML029 demonstrated the best agronomic performance in both plant populations, indicating their potential for both densities. It is concluded that plant population does not affect the genetic control, nor the GCA and SCA estimates of the inbred lines and hybrids. The hybrid VML169/VML118 exhibited high potential for cultivation in high-plant-population environments.

Keywords: *Zea mays* L.; partial diallel; heterosis

SUMÁRIO

1. Introdução	7
2. Revisão de Literatura	9
2.1 A cultura do milho.....	9
2.2 Tipos de cultivares	10
2.3 Melhoramento do milho para população alta de plantas	10
2.4 Grupos heteróticos.....	12
2.5 Dialetos.....	14
3. Objetivos	17
3.1 Objetivo geral.....	17
3.2 Objetivos específicos.....	17
4. Material e Métodos	17
4.1 Material Genético.....	17
4.2 Execução experimental.....	19
4.3 Caracteres Avaliados.....	20
4.3.1 Arquitetura de Planta.....	20
4.3.2 Caracteres de Espiga	21
4.3.3 Caracteres de Grãos.....	21
4.3.4 Produtividade de grãos	22
4.4 Análises Genético-Estatísticas	22
4.4.1 Análises de Performance dos Híbridos	22
4.4.2 Análises Dialélicas	23
4.4.3 Análises de Diversidade Genética.....	24
5. Resultados	25
5.1 Diversidade Genética	25
5.2 Amplitude, média dos valores genotípicos e análise de variância dos híbridos.....	27
5.3 Componentes de variância da capacidade de combinação e herdabilidade.....	30
5.4 Capacidade geral de combinação	34
5.5 Capacidade específica de combinação	39
5.6 Desempenho dos híbridos nas diferentes populações de plantas	41
6. Discussão.....	43
7. Conclusões.....	50
8. Referências bibliográficas	51
9. Anexos.....	62

1. Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é uma das culturas agrícolas mais plantadas e de maior relevância econômica no mundo, e, assim, ele é muito utilizado na alimentação humana e animal, também na produção de etanol e vários outros subprodutos (Môro; Fristsche-Neto, 2015). Sua ampla dispersão geográfica e adaptabilidade a diversas condições edafoclimáticas contribuíram para o crescimento contínuo da produção mundial. Ao longo das últimas décadas, a produtividade do milho praticamente dobrou impulsionada pelo avanço das tecnologias agrícolas e pela expansão da área cultivada desde os anos 2000 (Erenstein et al., 2022). Na safra 2024/2025, a produção mundial de milho foi estimada em aproximadamente 1,2 bilhão de toneladas, com os Estados Unidos, China e Brasil respondendo por aproximadamente 65% desse total. No Brasil, o milho ocupa a posição de segunda cultura mais cultivada, com uma área plantada estimada em 21,1 milhões de hectares, na safra 2024/2025 (CONAB, 2025).

O avanço do melhoramento genético é um dos principais fatores responsáveis pelo aumento da produtividade do milho nas últimas décadas, que permite o desenvolvimento de híbridos mais produtivos e tolerantes a estresses bióticos e abióticos (Borém; Miranda, 2013). Além de características agronômicas como produtividade, estabilidade, precocidade, resistência às pragas, doenças e ao acamamento, e maior eficiência no uso de nutrientes, os programas de melhoramento de milho também têm buscado desenvolver cultivares de milho mais tolerantes as populações altas de plantas (Sharma et al., 2020). Híbridos modernos de milho são desenvolvidos para se adaptar a populações altas de plantas, ao manter a eficiência na conversão de recursos em produção mesmo com maior competição intraespecífica (Liu et al., 2025).

Os híbridos comerciais de milho são obtidos pelo cruzamento de linhagens endogâmicas geneticamente distintas, e a identificação de combinações promissoras é um dos principais desafios do melhoramento genético de milho, principalmente para caracteres em que o desvio de dominância tem muita participação na herança (Hallauer et al., 2010). Para isso, delineamentos genéticos como os dialelos são muito utilizados, pois permitem a avaliação das capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC) e auxiliam a entender a herança dos caracteres em estudo (Fasahat et al., 2016; Sprague; Tatum, 1942). A CGC está associada aos efeitos aditivos dos genes, enquanto a CEC reflete as interações não aditivas, e ambas são usadas para seleção de linhagens parentais de híbridos superiores (Hallauer et al., 2010).

A definição de grupos heteróticos é um pré-requisito no desenvolvimento de híbridos mais produtivos e eficientes. Essa estratégia, adotada na teoria e na prática da hibridação, visa a maximização da heterose média e do desempenho híbrido (Reif et al., 2005). No

melhoramento de milho tropical, alocar o germoplasma em grupos heteróticos é um grande desafio. Isso se deve à complexidade do milho tropical, à falta de padronização histórica e ao uso frequente de gerações avançadas de autofecundação de híbridos comerciais como populações de melhoramento (Trevisan, 2018). Abordagens recentes têm empregado efeitos de CEC e análises de estrutura populacional por meio de marcadores moleculares para a alocação de linhagens em grupos divergentes e, a partir desses, são desenvolvidos novos grupos heteróticos (Vasal et al., 1992; Faria et al., 2022).

Além da seleção de linhagens e da definição de grupos heteróticos, o manejo da população de plantas é um fator agrônomico fundamental que impacta diretamente a expressão do potencial produtivo dos híbridos. O aumento da população de plantas influencia a intensidade da competição entre os indivíduos, a eficiência na utilização dos recursos disponíveis e a estabilidade do desempenho produtivo dos genótipos ao longo do tempo (Ciampitti; Vyn, 2012; Sangoi, 2001). Híbridos modernos apresentam maior adaptação a populações altas de plantas em comparação aos híbridos antigos, devido à maior tolerância a estresses abióticos, como competição intraespecífica, deficiência hídrica e variação na disponibilidade de luz (Andorf et al., 2019; Duvick, 1997). Estudos fisiológicos demonstram que a produtividade individual está associada ao desempenho fisiológico e ao potencial genético da planta, enquanto a produção em populações altas de plantas depende das interações entre os indivíduos e da eficiência no uso de recursos como luz, água e nutrientes (Fromme et al., 2019; Testa et al., 2016). Essa independência amplia as possibilidades de seleção no melhoramento genético. (Gonzalez et al., 2018). A definição da população ideal de plantas combinada à seleção de híbridos superiores permite melhorar a interceptação de luz e maximizar a produtividade da cultura (Strieder et al., 2008).

O aumento da população de plantas é uma prática agrônomicamente amplamente adotada para aumentar a produtividade do milho, que exige híbridos mais adaptados à competição intraespecífica (Ciampitti; Vyn, 2012; Sangoi, 2001). Nesse contexto, o melhoramento genético tem buscado desenvolver materiais com maior tolerância a populações altas de plantas, com capacidade de manter o desempenho produtivo mesmo em estresse por competição (Sharma et al., 2020; Andorf et al., 2019; Duvick, 1997). No entanto, a maioria desses estudos focam na caracterização de híbridos em população alta de planta, com poucos trabalhos sobre a herança dos caracteres de interesse em estresse e sua influência na seleção de linhagens parentais mais tolerantes à populações altas de plantas. Desse modo, as estimativas das capacidades de combinação das linhagens são fundamentais para entender a influência da população alta de plantas e se é necessário avaliá-las em diferentes populações de plantas dentro de um programa

de melhoramento. A partir desses parâmetros é possível direcionar as estratégias utilizadas e os cruzamentos, com intuito de obter híbridos mais produtivos e mais eficientes no uso de recursos (Fromme et al., 2019; Testa et al., 2016).

2. Revisão de Literatura

2.1 A cultura do milho

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal de grande importância econômica e nutricional, amplamente utilizado tanto na alimentação humana quanto animal, além de ser um insumo estratégico para a produção de etanol e outros derivados (Madzongwe et al., 2023). No Brasil, a maior parte da produção de milho, cerca de 56,3 milhões de toneladas, é destinada ao consumo animal, seguida pela indústria, com 25,6 milhões de toneladas, e apenas 2 milhões de toneladas é destinada ao consumo humano (ABIMILHO, 2025). O país também se destaca como o segundo maior exportador mundial de milho, com 38,5 milhões de toneladas exportadas em 2024 (CONAB, 2025). Além disso, a produção de etanol de milho tem crescido muito, com 5,9 bilhões de litros produzidos, na safra 2023/2024, com projeção de alcançar 7,8 bilhões de litros na safra 2024/2025, que representa um aumento de 32,4% (CONAB, 2025).

Na safra 2024/2025, a produção mundial de milho alcançou 1.214 milhões de toneladas, que representa uma redução de 1,3% em comparação à safra anterior (USDA, 2025). O Brasil, na posição de terceiro maior produtor mundial, produziu 122,7 milhões de toneladas em uma área de 21,1 milhões de hectares (CONAB, 2025). Apesar da área cultivada não ter apresentado um aumento significativo, a produtividade do milho aumentou em relação à safra anterior. Esse crescimento pode estar relacionado a condições edafoclimáticas mais favoráveis, além do uso mais eficiente de insumos, híbridos mais produtivos e avanços no manejo agrônomico (Chen, Weil, 2011). Esse crescimento acompanha a tendência observada na última década, em que a produtividade brasileira aumentou cerca de 5% ao ano, impulsionada pelo desenvolvimento de híbridos mais responsivos aos fertilizantes, tolerantes ao déficit hídrico e adaptados a populações altas de plantas (Galvão et al., 2017).

Embora o Brasil se destaque na produção mundial de grãos, a produtividade e a produção de milho variam significativamente entre as regiões produtoras. De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2025), na safra 2024/2025, a região Centro-Oeste registrou a maior área plantada, com 11 milhões de hectares, e liderou a produção de milho com um total de 71 milhões de toneladas e uma produtividade média de 6.416 kg ha⁻¹. Por outro lado, a região Nordeste cultivou 3 milhões de hectares e produziu 9,7 milhões de toneladas, com uma produtividade estimada de 3.213 kg ha⁻¹.

2.2 Tipos de cultivares

O termo cultivar é definido como um grupo de indivíduos da mesma espécie vegetal que apresenta características como distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade. Em relação ao milho, a escolha do cultivar é um fator essencial, pois é um dos principais insumos para uma lavoura e influencia diretamente a produtividade. No Brasil, utilizam-se dois tipos de cultivares, as variedades de polinização aberta (VPAs) e os híbridos. Para uma escolha adequada da cultivar, é fundamental considerar aspectos como potencial produtivo, estabilidade e adaptabilidade ao sistema de cultivo (Souza, 2018).

As VPAs são obtidas pela livre polinização ou acasalamento ao acaso de um grupo de indivíduos selecionados. As VPAs caracterizam-se por apresentarem uma base genética ampla, ou seja, apresentam uma maior variabilidade genética, o que resulta em plantas heterogêneas. Além disso, do ponto de vista genético, as VPAs se encontram em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Souza, 2018). Isso possibilita que as sementes das VPAs sejam reaproveitadas para as safras seguintes, sem que haja perda significativa do potencial produtivo. Diferente dos híbridos, que exigem a compra anual de sementes, uma maior população de plantas e uso mais intensivo de insumos agrícolas (Pereira Filho et al., 2015).

Os híbridos exploram o vigor e a alta produtividade proporcionados pela heterose. A exploração da heterose é possível através do cruzamento entre linhagens contrastantes de grupos heteróticos distintos (Borém; Miranda, 2013). Por esse motivo, os híbridos possuem uma base genética estreita, pois são obtidos do cruzamento entre duas, três ou quatro linhagens endogâmicas para os tipos de híbridos, simples, triplos e duplos, respectivamente (Souza, 2018). A diferença entre os híbridos está no aumento da variabilidade genética devido ao maior número de linhagens parentais, o que, por um lado, melhora sua adaptação a condições adversas, mas, por outro, reduz seu potencial produtivo. Devido a menor variabilidade genética e à maior homogeneidade em relação às VPAs, os híbridos requerem a compra anual de sementes, pois a reutilização dessas resulta em perda de vigor, uniformidade e a produtividade de até 40% do híbrido. Esse fator torna a escolha da cultivar um aspecto essencial para a viabilidade produtiva da lavoura (Pereira Filho et al., 2015).

2.3 Melhoramento do milho para população alta de plantas

População de plantas, ou densidade de plantio, refere-se ao número de plantas cultivadas por unidade de área, sendo um fator determinante no manejo cultural que influencia diretamente a competição por recursos, a interceptação de radiação solar, o uso de água e nutrientes e, conseqüentemente, a produtividade (Wenzel et al., 2020; Fancelli; Dourado Neto, 2005; Rossini

et al., 2011; Argenta et al., 2001). A resposta agronômica de cultivares de milho ao aumento da população de plantas está relacionada a caracteres como número de espigas por planta, número de grãos por espiga, peso de grãos e índice de área foliar (Pereira Filho, 2003; Gonzalez et al., 2018). Assim, a produtividade resulta da interação entre o número de plantas por área, a prolificidade, o peso dos grãos, e outros caracteres, o que torna importante equilibrar esses fatores para maximizar o rendimento sem comprometer a qualidade (Gonzalez et al., 2018).

O milho, sobretudo os híbridos comerciais modernos, é sensível à variação da população de plantas e apresenta baixa capacidade de compensação para falhas na emergência, pois geralmente não perfilha e produz apenas uma espiga por planta (Strieder et al., 2007; Sangoi, 2000). Populações de plantas inadequadas comprometem características agronômicas como diâmetro do colmo, altura da planta, altura de inserção da espiga, prolificidade e tamanho da espiga, que podem reduzir a produtividade (Pereira Filho, 2003; Penariol et al., 2003). Além disso, influenciam o manejo da lavoura ao afetar a cobertura do solo, a supressão de plantas daninhas, a eficiência na aplicação de defensivos, o consumo de insumos agrícolas (Balbinot Junior; Fleck, 2005). No Brasil, populações inadequadas estão entre as principais causas da baixa produtividade de milho (Pereira Filho; Cruz, 2002).

A população de plantas ótima depende de fatores como cultivar, manejo, época de plantio, adubação, disponibilidade hídrica e condições edafoclimáticas (Dias et al., 2019; Tokaltidis, 2013). Por isso, há grande variação nas recomendações: nos Estados Unidos, as populações variam de cerca de 54.000 plantas hectare no Kansas a 79.000 hectare em Iowa, com espaçamentos de até 80 cm (USDA-NASS, 2021). No Brasil, recomendações vão de 50.000 a mais de 100.000 plantas hectare, a depender da região e do material genético utilizado (Beruski et al., 2020; Assefa et al., 2018; Al-Naggar et al., 2015).

O aumento da população de plantas, embora seja uma estratégia eficaz para aumentar a produtividade, é eficiente quando acompanhado de práticas adequadas de manejo e com o uso do cultivar adaptado às populações altas de plantas. O índice de área foliar e o ângulo de inserção das folhas influenciam diretamente a interceptação da luz no dossel (Amaral Filho et al., 2005). Entretanto, populações altas de plantas podem reduzir a fotossíntese nas folhas inferiores, aumentar a competição por recursos, o que resulta em efeitos negativos, como esterilidade feminina e assincronia entre florescimento masculino e feminino (Amaral Filho et al., 2005; Sangoi et al., 2001). Nessas condições, há redução no número de folhas verdes e antecipação da senescência foliar, o que limita a produção e disponibilidade de fotoassimilados destinados para o enchimento de grãos (Vieira, 2007; Modarres et al., 1998; Cox, 1996). Apesar disso, quando bem manejadas, as populações altas de plantas podem compensar a queda na produção

individual de cada planta pelo maior número de plantas por área (Dias et al., 2019; Faria et al., 2019).

Nos Estados Unidos, o incremento da população de plantas foi um dos principais fatores de aumento da produtividade ao longo do século XX, que passou de cerca de 3 plantas m^{-2} na década de 1940 para até 9 plantas m^{-2} em sistemas de população alta de plantas (Russel, 1994). Esse avanço foi possibilitado pelo melhoramento genético, que promoveu modificações como redução do tamanho do pendão, maior sincronia entre florescimentos masculino e feminino e menor taxa de senescência foliar durante o enchimento de grãos (Duvick; Cassman, 1999; Sandhu; Dhillon, 2021). Por outro lado, o germoplasma tropical, caracterizado por maior altura de plantas, folhas longas e arqueadas e senescência precoce, ainda apresenta limitações para adaptação as populações altas de plantas, o que demanda esforços contínuos de seleção para ganhos em produtividade para essas condições (Andorf et al., 2019; Yadav et al., 2019).

Uma estratégia para otimizar a alocação de recursos em estruturas produtivas é a seleção visual de indivíduos com pendão reduzido, pois essa característica diminui a demanda energética da planta e direciona mais fotoassimilados para a espiga (Monneveux et al., 2005; Duvick; Cassman, 1999; Sangoi, 2000). Além disso, plantas com pendão menor tendem a apresentar intervalo reduzido entre a liberação de pólen e a liberação de estilo-estigma, minimizam a protandria e melhora a fertilidade da espiga (Duvick et al., 2004). Estudos indicam que, em híbridos cultivados em populações de plantas superiores às recomendadas, esse intervalo pode aumentar em até 40% (Kamara et al., 2020).

O melhoramento genético tem desempenhado papel essencial na adaptação dos híbridos de milho à populações altas de plantas, principalmente pela seleção de genótipos com arquitetura mais moderna, caracterizada por pendão reduzido, folhas mais estreitas e eretas, entre outros caracteres favoráveis (Duvick; Cassman, 1999; Monneveux et al., 2005). Diante desse cenário, características relacionadas à arquitetura da planta, aos componentes de produção, além de maior sincronia no florescimento e ausência de esterilidade, tornam-se fundamentais para aumentar a tolerância do milho a populações altas de plantas (Sandhu; Dhillon, 2021; Kamara et al., 2020; Sangoi, 2000).

2.4 Grupos heteróticos

Grupo heterótico pode ser definido como uma coleção de germoplasma que exibe maiores níveis de heterose quando cruzados com germoplasma de outro grupo do que entre indivíduos do mesmo grupo (Reif et al., 2005; Melchinger et al., 1989). A heterose, definida como a superioridade dos híbridos em relação aos seus parentais, é maximizada quando se

cruzam linhagens contrastantes de diferentes grupos heteróticos (East, 1908; Shull, 1908). Dessa forma, linhagens com alta heterose em cruzamentos ou elevada capacidade específica de combinação são alocadas em grupos distintos, enquanto aquelas que não apresentam heterose significativa permanecem no mesmo grupo heterótico (Hallauer et al., 2010). A definição desses grupos é importante para os programas de melhoramento de milho, pois direciona os cruzamentos de forma estratégica, para aumentar a eficiência na seleção de parentais e possibilita o desenvolvimento de híbridos com maiores níveis de heterose, consequentemente mais produtivos (Hallauer et al., 2010; Balestre et al., 2008).

Padrão heterótico refere-se ao cruzamento entre genótipos previamente conhecidos por expressarem elevada heterose, que se estabeleceu com base na relação entre a origem dos genitores e a heterose manifestada nos cruzamentos (Reif et al., 2005; Carena; Hallauer, 2001). Os padrões heteróticos são definidos com base na conexão entre a procedência dos genitores e o nível de heterose observado nos cruzamentos (Hallauer et al., 1988). A correta atribuição das linhagens a grupos heteróticos é essencial para o uso eficiente do germoplasma, que possibilita direcionar os cruzamentos e obter híbridos de alto desempenho (Li et al., 2022). Essa classificação evita o desenvolvimento e a avaliação de híbridos pouco promissores, consequentemente, aumentam a eficiência dos programas de melhoramento.

Atualmente, os grupos heteróticos do germoplasma de milho estão bem definidos em diferentes regiões do mundo. Nos Estados Unidos e Canadá, predominam os grupos Stiff Stalk (SS) e Non-Stiff Stalk (NSS), com linhagens como B73 (SS) e MO17 (NSS), amplamente utilizadas devido à significativa heterose observada em seus cruzamentos (Reif et al., 2005). Para o germoplasma tropical, foram estabelecidos os grupos Tuxpeño e não-Tuxpeño, sendo este último composto por raças como Cuban Flint, Coastal Tropical Flint (Caribbean Flint), Tuson e ETO Composite (VASAL et al., 1999). No Brasil, foi sugerida a primeira classificação dos grupos heteróticos, com base na capacidade específica de combinação entre 28 variedades de polinização aberta (Parentoni et al., 2001). Atualmente, a definição desses grupos se apoia em diferentes metodologias, que inclui o uso de testadores, análise da diversidade genética, marcadores moleculares, pedigree e estudos dialélicos (Faria et al., 2022; Beckett et al., 2017; Grassi et al., 2015; Bidhendi et al., 2012; Parentoni et al., 2001).

A escolha do método para alocação de linhagens em grupos heteróticos depende da quantidade de genótipos disponíveis. Quando há poucas linhagens com grupos heteróticos desconhecidos, os cruzamentos dialélicos são recomendados, pois permitem uma avaliação abrangente das combinações possíveis. No entanto, diante de um grande número de populações e genitores, a abordagem mais viável é a realização de cruzamentos do tipo testcrosses, nos

quais o germoplasma é avaliado em cruzamentos com testadores representativos de cada grupo heterótico, é alocado com base no desempenho dos híbridos resultantes (Fristche-Neto et al., 2018). Essa estratégia, contudo, exige a existência de testadores bem definidos. Caso os grupos heteróticos não estejam estabelecidos, uma alternativa é o uso de germoplasma de base genética ampla, previamente identificado como discriminador eficiente, ou de genótipos com alta capacidade geral de combinação para auxiliar na alocação das linhagens (Miranda Filho, 2018).

O uso de marcadores moleculares tem sido amplamente empregado para avaliar a diversidade genética e alocar linhagens de milho em grupos heteróticos. Eles são importantes para entender a extensão da diversidade, a estrutura populacional e o alinhamento heterótico do germoplasma, com o intuito de otimizar a separação em grupos heteróticos dentro de programas de melhoramento (Gonhi et al., 2023). Contudo, estudos recentes indicam que os delineamentos dialélicos podem oferecer maior precisão para essa alocação, ao considerar os efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) e capacidade geral de combinação (CGC) (Annor et al., 2018; Akintayo et al., 2024). Em estudo com o Delineamento II de North Carolina, linhagens de milho foram inter cruzadas para avaliar capacidade combinatória e padrões heteróticos. A alocação em grupos heteróticos foi realizada pela CGC de múltiplos caracteres. Tanto CEC quanto CGC foram significativas para produtividade e resistência a doenças, com predominância da CGC, o que indica eficiência na identificação de testadores (Badu-Apraku et al., 2021). Recomenda-se, portanto, a combinação de dialelos e marcadores moleculares para aumentar a precisão na definição de grupos heteróticos e otimizar a seleção de genótipos. Esta abordagem é justificada pela premissa de que progenitores geneticamente divergentes gerem híbridos superiores, uma vez que a heterose se relaciona diretamente aos efeitos da dominância, à diferença das frequências gênicas e a possíveis efeitos epistáticos (Falconer et al., 1996).

2.5 Dialelos

A escolha dos melhores genitores para a obtenção de híbridos comerciais ou populações base de melhoramento é um dos grandes desafios para pesquisadores e melhoristas. Nesse contexto, delineamentos genéticos do tipo dialelo são amplamente utilizados para estimar parâmetros genéticos das linhagens parentais envolvidas nos cruzamentos híbridos, o que permite a quantificação da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) (Onofri et al., 2021; Sprague; Tatum, 1942). A análise dialélica, seja em delineamentos completos, parciais ou circulantes, tem sido aplicada em diversas espécies cultivadas, o que retorna em informações importantes sobre o controle gênico dos caracteres de interesse e auxiliar na escolha eficiente de genitores e populações segregantes (Cruz; Regazzi,

1994). Esse tipo de análise baseia-se na combinação dos alelos de diferentes indivíduos, o que permite um melhor conhecimento das relações genéticas entre os genitores e contribui para a seleção dos métodos de melhoramento mais adequados, bem como para a estimativa do potencial genético das futuras linhagens (Coelho et al., 2020; Hallauer et al., 2010).

A CGC refere-se ao desempenho médio de um genótipo em cruzamentos híbridos e está associada principalmente a efeitos aditivos, que indica a transmissão de genes desejáveis para as progênes, o que possibilita maior confiabilidade na escolha de genitores (Fasahat et al., 2016; Ramalho et al., 2008; Sprague; Tatum, 1942). A CEC indica o desempenho relativo de certas combinações híbridas em comparação com as médias parentais e reflete a presença de efeitos gênicos não aditivos, como desvio de dominância, epistasia e outras interações (Onofri et al., 2021; Hallauer et al., 2010; Sprague; Tatum, 1942). Dessa forma, a obtenção dessas estimativas auxilia na definição dos melhores genótipos para serem utilizados como genitores masculinos ou femininos na formação de híbridos (Ramalho et al., 2008). O desempenho individual de um genitor não constitui um indicador definitivo de sua capacidade de combinação, torna-se fundamental reunir informações sobre os efeitos gênicos envolvidos e sua expressão, além de compreender o tipo de ação gênica responsável pela manifestação dos caracteres de interesse para interpretações mais precisas na análise dialélica (Bagheri; Jelodar, 2010). Adicionalmente, em estudos dialélicos, outros efeitos podem ser analisados, como os efeitos recíprocos ou maternos, que se relacionam às diferenças de desempenho entre um híbrido e seu recíproco (Resende, 2020; Cockerham et al., 1977), isso permite a estimação da capacidade geral de combinação recíproca (RCGC) e da específica de combinação recíproca (RCEC), relevantes para definir a melhor utilização dos genitores (Onofri et al., 2021; Resende, 2020; Cockerham et al., 1977).

Entre os delineamentos genéticos mais utilizados, destacam-se os propostos por Hayman (1954), Griffing (1956) e Gardner e Eberhart (1966), cada um oferece abordagens distintas para a análise genética. O modelo de Hayman (1954) possibilita o estudo do modo de herança de caracteres ao fornecer informações sobre efeitos aditivos e de dominância e herdabilidades, em certas pressuposições (Hayman, 1954a; Hayman, 1954b). Griffing (1956) propôs quatro esquemas de cruzamento para estimar CGC e CEC, além de componentes de variância e efeitos recíprocos (RCGC e RCEC), é amplamente utilizado pela sua generalidade e facilidade de interpretação (VIANA, 2000). Gardner e Eberhart (1966) desenvolveram uma metodologia voltada para a avaliação dos efeitos da variedade e da heterose varietal. A aplicação desses modelos possibilita uma análise detalhada das interações genéticas, que auxilia na seleção de genitores e na formação de híbridos superiores. O delineamento genético de

Comstock e Robinson (1948), conhecido como Delineamento II de North Carolina ou delineamento AB, também é amplamente empregado por sua eficiência em avaliar um maior número de genitores sem o aumento excessivo de híbridos, que permite estimar variâncias de CGC e CEC (Hallauer et al., 2010).

Os dialelos parciais, desenvolvidos por Kempthorne e Curnow (1961), são uma alternativa ao método completo de Griffing (1956) e constituem uma estratégia eficiente para o melhoramento genético. Sua principal vantagem reside em permitir a ampliação do número de genitores avaliados sem a necessidade de realizar todos os cruzamentos possíveis, com o intuito de otimizar o uso de recursos (Isik et al., 2017; Hallauer et al., 2010). Nesse modelo, cada genitor participa de um número reduzido de cruzamentos, que garante a representatividade das combinações híbridas. Esse método se assemelha a um delineamento fatorial e permite cruzamentos entre diferentes grupos sem recombinações dentro do mesmo grupo (Cruz et al., 2012). Nos dialelos parciais, a avaliação envolve dois grupos de genitores, e as inferências são realizadas separadamente para cada conjunto. As análises dialélicas parciais geralmente incluem avaliações de híbridos F_1 ou de F_1 juntamente com os genitores, que fornece informações genéticas relevantes sobre os padrões de herança (Cruz et al., 2012). Apesar de suas vantagens, uma limitação comum aos cruzamentos dialélicos, especialmente com muitos genitores, é o aumento exponencial do número de híbridos a serem avaliados, que torna o experimento mais complexo e com maior demanda de recursos (Veiga et al., 2000).

A análise dialélica é amplamente utilizada no melhoramento do milho para estimar a CGC e CEC, o que a torna eficiente na identificação de combinações genéticas favoráveis e na alocação de linhagens em grupos heteróticos distintos, principalmente quando combinada com a análise de divergência genética por marcadores moleculares (Badu-Apraku et al., 2021). Um estudo conduzido com 19 linhagens endogâmicas, demonstrou que a integração do dialelo parcial com análise de divergência genética com o uso de marcadores moleculares permite distinguir genótipos e selecionar materiais com elevada capacidade de combinação (Maioli et al., 2021). Outros estudos recentes reforçam a eficiência dessa metodologia, como demonstrado pela análise de dialelo parcial que permitiu agrupar linhagens de milho adaptadas a diferentes altitudes com foco no aumento da produtividade de grãos (Adetogun et al., 2020). Com essas informações, os cruzamentos podem ser mais direcionados, o que torna o processo de melhoramento mais eficiente, ao evitar a avaliação de híbridos pouco promissores.

3. Objetivos

3.1 Objetivo geral

Estimar a capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical e avaliar o desempenho agrônômico de híbridos simples em condições de populações de plantas tradicional e alta.

3.2 Objetivos específicos

Estimar a diversidade genética entre as linhagens parentais com emprego de marcadores moleculares.

Estimar a capacidade geral de combinação entre linhagens de milho tropical em condições de populações de plantas tradicional e alta.

Estimar a capacidade específica de combinação entre linhagens de milho tropical em condições de populações de plantas tradicional e alta.

Avaliar e selecionar híbridos de milho tropical em condições de populações de plantas tradicional e alta.

Estudar a influência do aumento da população de plantas no controle genético e nas estimativas de CGC e CEC para caracteres de arquitetura de planta, caracteres de espiga, caracteres de grãos e produtividade de grãos, e no desempenho produtivo de híbridos de milho tropical.

4. Material e Métodos

4.1 Material Genético

Foram usados dois grupos distintos de linhagens de milho tropical. Cada grupo foi composto por 11 linhagens tropicais provenientes do banco de germoplasma do Programa Milho®, programa de melhoramento genético de milho da Universidade Federal de Viçosa (Tabela 1). A seleção das 22 linhagens foi baseada em experimentos anteriores que avaliaram o desempenho produtivo de um painel de linhagens tropicais em cruzamento com dois testadores distintos (Ribeiro, 2021). Para isso, foram utilizados dois testadores de base genética ampla que representam os principais grupos heteróticos do milho tropical: a população BR106 (grupo Tuxpeño), caracterizada por grãos do tipo dentados, e a população BR105 (grupo Non-Tuxpeño: Suwan-1), com grãos do tipo duros, foram cruzados com um painel de quase 200 linhagens e avaliados em dois locais durante duas safras agrícolas. Com base no comportamento das linhagens em cruzamentos com esses dois testadores, elas foram alocadas em dois possíveis

grupos heteróticos distintos, e as 11 melhores linhagens de cada grupo foram usadas no presente estudo (Ribeiro, 2021). A obtenção dos híbridos simples de milho usados neste estudo foi realizado por meio do cruzamento entre as 11 linhagens do grupo I e as 11 linhagens do grupo II em esquema de dialelo parcial. Nesse, todos os genitores de um grupo de linhagens foram cruzados com os genitores do outro grupo (Paterniani e Miranda Filho, 1978). Dessa forma, foram gerados 121 híbridos simples de milho tropical durante a safra de 2018/2019, no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa.

Tabela 1. Descrição das linhagens de milho utilizadas neste estudo.

Grupo I: Seleccionadas com base em cruzamento com BR106			Grupo II: Seleccionadas com base em cruzamento com BR105		
Linhagem	Pedigree	Subpop. ¹	Linhagem	Pedigree	Subpop.
VML003	Balu551	2	VML005	P30F90	1
VML032	C333	3	VML020	CMS28	1
VML035	Garra	2	VML022	Z8447	1
VML038	CMS28	2	VML029	P3041	1
VML058	CMS50	1	VML030	30F53	1
VML093	AG8080	3	VML065	CMS28	2
VML103	P3041	1	VML070	Balu184	1
VML154	DKB390	3	VML118	Pointer	1
VML158	DKB199	2	VML139	Z8480	1
VML169	Balu551	2	VML144	CMS28	1
VML176	5011	2	VML181	Balu178	3

¹ Subpopulações definidas com base no STRUCTURE com emprego de marcadores moleculares (Faria et al., 2022).

4.2 Execução experimental

Os 121 híbridos simples de milho tropical derivados do dialelo parcial entre os dois conjuntos de linhagens mais sete híbridos comerciais usados como testemunhas (22S18TOP3, 30F53VYH, BG7049YH, BM207, BM709PRO2, DKB230PRO3 e DKB390PRO3) foram avaliados em duas populações de plantas, 60.000 plantas por hectare (população tradicional) e 100.000 plantas por hectare (população alta), durante as safras agrícolas de 2019/2020 e 2020/2021, em dois locais de Minas Gerais, Brasil: (i) a Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (UEPE) de Coimbra, localizada em Coimbra, MG (20°50'30" S, 42°48'30" W, a 713 metros de altitude), e (ii) a UEPE Horta Nova, localizada em Viçosa-MG (20°45'40"S, 42°49'26"W, a 661 metros de altitude). Ambas as UEPEs pertencem ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos incompletos (α -látice 16 × 8), com duas repetições. Cada parcela foi composta por duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas a 0,80 m, que resultou em área útil de 6,4 m². A semeadura foi realizada de modo manual na primeira quinzena de novembro, em ambas as safras, que utilizou 42 sementes por linha para a população tradicional de plantas e 66 sementes por linha para a alta população de plantas. Aproximadamente 25 dias após a semeadura, realizou-se o desbaste para ajustar o estande final, onde foi estabelecido 20 plantas por linha na população tradicional e 32 plantas por linha na população alta de plantas. Dessa forma, a população de plantas final

correspondeu a cinco plantas por metro linear na população tradicional e oito plantas por metro linear na população alta de plantas.

Em todos os ambientes, na adubação de plantio, foram aplicados 380 kg ha⁻¹ do formulado 8-28-16 no sulco de plantio. Para a adubação de cobertura, foi realizada a aplicação de 380 kg ha⁻¹ de ureia, em estágio V6, aproximadamente 30 dias após o plantio. Os demais tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região (Galvão et al., 2017).

4.3 Caracteres Avaliados

4.3.1 Arquitetura de Planta

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- a) Dias até o florescimento masculino (FM, dias): quantidade de dias obtido entre a data de plantio e a data em que 50% das plantas da parcela apresentarem emissão de grãos de pólen;
- b) Dias até florescimento feminino (FF, dias): quantidade de dias obtido entre a data de plantio e a data em que 50% plantas da parcela apresentam estilo-estigma visível;
- c) Altura de planta (AP, cm): medida da distância do nível do solo até a lígula da folha bandeira e calculada pela média de quatro plantas avaliadas na parcela;
- d) Altura de espiga (AE, cm): medida da distância do nível do solo até o nó de inserção da espiga superior e calculada pela média de quatro plantas avaliadas na parcela;
- e) Largura da folha (LF, cm) medido na seção mais larga da folha da espiga superior e calculada pela média de quatro plantas avaliadas na parcela;
- f) Comprimento da folha (CF, cm) medido do início da lígula até a ponta da folha da espiga superior e calculado pela média de quatro plantas avaliadas na parcela;
- g) Área da folha da espiga (AF, cm²): obtida por meio da seguinte expressão: $AF = CF * LF * 0,75$ (Tollenaar, 1992), e calculada pela média de quatro plantas avaliadas na parcela;
- h) Número de nós abaixo da espiga (NNB): número de nós contados a partir do nível do solo até o nó de inserção da espiga superior e calculado pela média de quatro plantas avaliadas na parcela;
- i) Número de nós acima da espiga (NNA): número de nós contados após o nó da espiga superior até o nó da folha bandeira e calculado pela média de quatro plantas avaliadas na parcela;

- j) Diâmetro de colmo (DC, mm): mensurado no primeiro entrenó da planta com auxílio de um paquímetro digital e calculado pela média de quatro plantas avaliadas na parcela.

4.3.2 Caracteres de Espiga

- a) Comprimento de espiga (CE, cm): representado pela medida da base da espiga até o último grão viável e calculado pela média de quatro espigas representativas da parcela;
- b) Diâmetro de espiga (DE, mm): medido no meio da espiga com auxílio de um paquímetro digital e calculado pela média de quatro espigas representativas da parcela;
- c) Número de fileiras na espiga (NFE): número de linhas de grãos na espiga, calculado pela média de quatro espigas representativas da parcela;
- d) Número de grãos na fileira (NGF): número de grãos por linha, calculado pela média de quatro espigas representativas da parcela;
- e) Número de grãos na espiga (NGE): obtido através da multiplicação do número de fileiras na espiga pelo número de grãos na fileira e calculado pela média de quatro espigas representativas da parcela;
- f) Diâmetro de sabugo (DS, mm): medido no meio do sabugo da espiga com auxílio de um paquímetro digital e calculado pela média de quatro espigas representativas da parcela;

4.3.3 Caracteres de Grãos

A análise fenotípica dos grãos foi realizada por meio da captura de imagens com uma câmera digital Nikon COOLPIX B500 (16 megapixels), com as seguintes configurações: 1/30 segundos de velocidade do obturador, f/3.0 de abertura, ISO automático e exposição em -0.7. A câmera foi posicionada a 15 cm e 90° em relação à base fotográfica, equipada com um suporte tipo *copystand* e uma folha de EVA azul para destacar as cores dos grãos. Essas configurações foram mantidas durante todas as capturas das amostras coletadas após a debulha.

Para cada unidade experimental, foram separadas e identificadas amostras de aproximadamente 250 grãos, dos quais 100 foram aleatoriamente selecionados para a captura de imagens. Elas foram feitas em duas ocasiões e em cada imagem foram usados 50 grãos organizados em 10 fileiras de 5 grãos. O processamento das imagens foi realizado no software ImageJ, incluindo pré-processamento (seleção, recorte e definição de escala, com base em uma imagem de uma régua de 15 cm) e pós-processamento para garantir a padronização das imagens e a obtenção das medidas desejadas (Schneider et al., 2012; Abràmoff et al., 2004).

Após a separação dos canais de cores RGB, as imagens foram convertidas em binárias para distinguir os grãos do fundo. O software realizou medições de tamanho e forma dos grãos com base nos pixels e nas informações de cor, reconhecendo cada grão como um objeto

independente. Objetos de área muito pequena foram descartados para reduzir o ruído. Os dados obtidos foram armazenados em uma tabela dinâmica e salvos automaticamente em um arquivo “.txt”, contendo as variáveis de cada grão identificado.

O software ImageJ, de código aberto, foi utilizado para analisar as imagens por meio de macros, permitem realizar a análise automatizada e sequencial em lotes de fotos armazenadas em um diretório. Os principais comandos incluem a abertura das imagens, segmentação, análise dos objetos e obtenção das medições para cada grão individualmente (Medeiros et al., 2020a; Schneider et al., 2012).

Por fim, foram obtidos os seguintes caracteres:

- a) Comprimento do grão (CG, mm): corresponde à maior medida longitudinal entre as extremidades de cada grão, obtida pela média de cem grãos amostrados da parcela;
- b) Largura do grão (LG, mm): definida como a maior distância transversal entre as extremidades de cada grão, obtida pela média de cem grãos amostrados da parcela;
- c) Área do grão (AG, mm²): refere-se à superfície total de cada grão selecionado, determinada pela média de cem grãos amostrados da parcela;
- d) Perímetro do grão (PEG, mm): corresponde ao comprimento do contorno externos de cada grão, obtido a partir da média de cem grãos amostrados da parcela.
- e) Massa de mil grãos (M1000, g): obtida pela contagem e pesagem de 1000 grãos da parcela com correção para 14,5% de umidade.

4.3.4 Produtividade de grãos

Produtividade de grãos (PG, kg ha¹): obtida pela colheita manual de todas as espigas da parcela e debulha em debulhador elétrico. Após a pesagem dos grãos em gramas por parcela e a mensuração da umidade, os dados foram corrigidos para 14,5% de umidade e convertidos para quilogramas por hectare.

4.4 Análises Genético-Estatísticas

4.4.1 Análises de Performance dos Híbridos

Foi realizada uma análise de variância (ANOVA), para todos os caracteres agronômicos nos oito ambientes utilizando o software R com o uso do pacote “ASReml” (Butler et al. 2018). O híbrido, o ambiente e a repetição foram considerados com efeitos fixos, enquanto os blocos dentro das repetições foram considerados efeitos aleatórios. As análises foram conduzidas individualmente e de forma conjunta, seguindo os seguintes modelos: $y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + b_{(k)j} + e_{ijk}$ (individual) e $y_{ijkl} = \mu + g_i + a_l + ga_{il} + r_{(j)l} + b_{(k)jl} + e_{ijkl}$ (conjunta), em

que: y_{ijk} e y_{ijkl} são os valores observados do i -ésimo genótipo na j -ésima repetição, no k -ésimo bloco e no segundo modelo, no l -ésimo ambiente; μ representa a constante associada a todas as observações, considerada a média geral, com g_1 é o efeito fixo do i -ésimo híbrido; r_j é o efeito fixo da j -ésima repetição; $b_{(k)j}$ é o efeito aleatório do k -ésimo bloco, com $b_{(k)j} \sim N(0, \sigma_{b_{(k)j}}^2)$ dentro da j -ésima repetição; a_l é o efeito fixo do l -ésimo ambiente; ga_{il} é o efeito fixo da interação do i -ésimo genótipo com o l -ésimo ambiente; $r_{(j)l}$ corresponde ao efeito fixo da j -ésima repetição dentro do l -ésimo ambiente; $b_{(k)jl}$ é o efeito aleatório do k -ésimo bloco dentro da j -ésima repetição no l -ésimo ambiente, com $b_{(k)jl} \sim N(0, \sigma_{b_{(k)jl}}^2)$; e e_{ijk} e e_{ijkl} são os erros experimentais associados às observações y_{ijk} e y_{ijkl} , com $e \sim N(0, \sigma_e^2)$. O teste de Wald foi utilizado para testar os efeitos fixos por meio da estatística qui-quadrado (Gouriéroux et al. 1982). Foi utilizada a análise do teste da razão de verossimilhança para testar o efeito aleatório (Resende et al., 2007).

4.4.2 Análises Dialélicas

Como se trata de um esquema de dialelo parcial, no qual todos os genitores de um grupo de linhagens são cruzados com os genitores do segundo grupo, foi adotada uma adaptação da metodologia proposta por Comstock e Robinson (1948). Embora existam dois grupos distintos, não há separação entre linhagens usadas como macho ou fêmea. Ainda assim, foi possível estimar os componentes de variância da capacidade geral de combinação (CGC) para cada grupo — Grupo 1 (selecionado com base na BR106) e Grupo 2 (selecionado com base na BR105) — além da capacidade específica de combinação (CEC) entre os pares formados entre grupos.

Na análise dialélica, foi ajustado o seguinte modelo estatístico para cada população de plantas: $\tilde{Y}_1 = X\beta + Z_{G1}G_1 + Z_{G2}G_2 + Z_S S + Z_{G1L}G_{1L} + Z_{G2L}G_{2L} + Z_{SL}S_L + Z_{BL}BL + e_1$ em que: \tilde{Y}_1 representa as médias ajustadas dos híbridos; β é o efeito fixo dos ambientes (combinação de locais e safras); $G_1 \sim N(0, \sigma_{G1}^2)$ é o efeito aleatório da capacidade geral de combinação (CGC) das linhagens do Grupo 1; $G_2 \sim N(0, \sigma_{G2}^2)$ é o efeito aleatório da capacidade geral de combinação (CGC) das linhagens do Grupo 2; $S \sim N(0, \sigma_S^2)$ é o efeito aleatório da capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos (pares formados entre os dois grupos); $Z_{G1L}G_{1L}$, $Z_{G2L}G_{2L}$ e $Z_{SL}S_L$ são as interações aleatórias desses efeitos com o ambiente; $B_L \sim N(0, \Sigma_{BL})$ é o efeito de bloco dentro de ambiente; e e_1 é o erro residual, assumido como multivariado normal com média zero e variância Σ , ou seja, $e_1 \sim MNV(0, \Sigma)$. Conforme Smith et al. (2001), Σ é uma matriz diagonal cujos elementos são os recíprocos das

variâncias ajustadas de cada local. Segundo Dias et al. (2020), a consideração da incerteza nas médias ajustadas é essencial em análises em múltiplas etapas, especialmente devido à heterogeneidade de variâncias entre anos e locais em programas de melhoramento. Foi assumido distribuição normal com média zero e variância constante para os efeitos de CGC e CEC, e heterogeneidade de variâncias para suas interações com o ambiente. As recomendações metodológicas para análise de desempenho em diferentes condições de populações de plantas seguiram Piepho et al. (2016), que destacam a limitação de inferências entre condições contrastantes. Para testar os efeitos aleatórios, foi utilizada a análise de deviance pelo teste da razão de verossimilhança, por meio da estatística do qui-quadrado (Resende et al., 2007). Foi utilizado o teste de Wald para testar o efeito fixo por meio da estatística qui-quadrado, (Gouriéroux et al. 1982).

Com base nos componentes de variância da capacidade geral de combinação do grupo I e II ($\sigma_{CGC_G1}^2$ e $\sigma_{CGC_G2}^2$) e da capacidade específica de combinação (σ_{CEC}^2) da análise conjunta de cada população de plantas, foram estimadas a variância aditiva (σ_A^2) e dos desvios de dominância (σ_D^2) de acordo com o Hallauer et al. (2010): $\sigma_A^2 = \sigma_{CGC_G1}^2 + \sigma_{CGC_G2}^2$ e $\sigma_D^2 = \sigma_{CEC}^2$. Em seguida, a herdabilidade no sentido amplo (H^2) e no sentido restrito (h^2) foram estimadas com base na seguinte expressão (Hallauer et al. 2010): $H^2 = \frac{(\sigma_A^2 + \sigma_D^2)}{(\sigma_A^2 + \sigma^2 + \sigma_D^2)}$ e $h^2 = \frac{(\sigma_A^2)}{(\sigma_A^2 + \sigma^2 + \sigma_D^2)}$, onde σ_A^2 e σ_D^2 são os componentes da variância aditiva e dos desvios de dominância da variância genética, respectivamente, e σ^2 é a variância residual.

4.4.3 Análises de Diversidade Genética

As linhagens do banco de germoplasma ativo do Programa Milho® foram genotipadas com 24.219 SNP's, dos quais 21.491 SNP's foram selecionados após o controle de qualidade. Esses SNP's foram utilizados para avaliar a diversidade genética entre as 22 linhagens de milho tropical. O agrupamento foi realizado entre as 22 linhagens, além de um agrupamento interno dentro de cada grupo utilizado no dialelo, composto por 11 linhagens cada. As distâncias genéticas entre as linhagens foram estimadas com base na distância de Roger (1972) modificada (Wright, 1978), e essas foram usadas na análise de agrupamento com emprego do método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average). O pacote R "adeget" (Jombart, 2008) foi utilizado para gerar o dendrograma UPGMA, e a consistência do agrupamento foi verificada por meio do coeficiente de correlação cofenética (Sokal e Rohif, 1962).

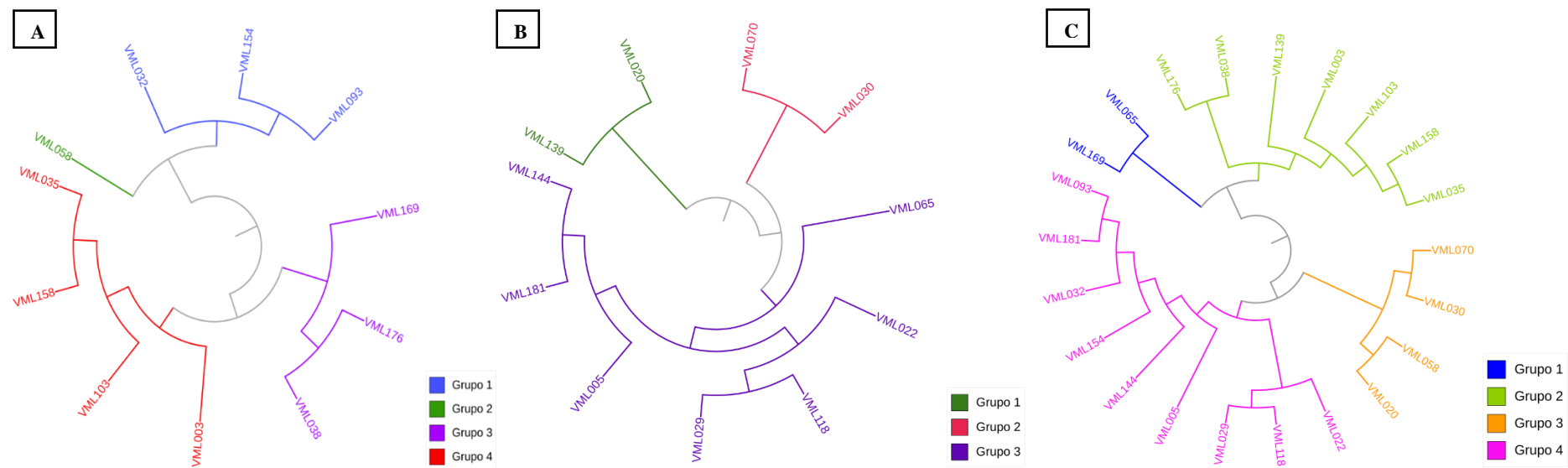
5. Resultados

5.1 Diversidade Genética

A distância genética média entre as linhagens do grupo I foi de 1,162, que variou de 1,014 (entre VML093 e VML154) a 1,208 (entre VML038 e VML093; Anexo 1). O dendrograma UPGMA agrupou as 11 linhagens em quatro grupos (Fig. 1A). As linhagens VML038 e VML093, foram as mais distantes geneticamente, alocadas nos grupos 3 e 1, respectivamente. Por outro lado, a VML093 e VML154, as mais semelhantes, foram alocadas no grupo 1. Os grupos 4, 3 e 2 foram os maiores, com 4, 3 e 3 linhagens, respectivamente, enquanto o grupo 1 alocou apenas uma linhagem. No grupo II, a distância genética média foi ligeiramente superior, de 1,174, com variação entre 1,020 (VML144 e VML181) e 1,213 (VML065 e VML070). O dendrograma UPGMA formou três grupos (Fig. 1B). As linhagens VML144 e VML181, foram as mais semelhantes, alocadas no grupo 3. Por outro lado, VML065 e VML070, as mais distantes, foram alocadas nos grupos 3 e 2. No grupo 1 se concentrou a maioria, com 7 linhagens, enquanto os grupos 2 e 3 alocou apenas duas linhagens cada. De modo geral, o grupo II apresentou maior diversidade genética média em relação ao grupo I, mas com predominância de linhagens concentradas em um único grupo.

A distância genética média entre as 22 linhagens foi de 1,167, com amplitude de 0,858 (entre VML093 e VML181) a 1,233 (entre VML029 e VML035). Curiosamente, as linhagens mais semelhantes geneticamente, VML093 e VML181, são derivadas de híbridos comerciais distintos (AG8080 e Balu178, respectivamente; Anexo 1). A análise UPGMA agrupou em quatro grupos, onde os grupos 4 e 2 são os mais numerosos, com 9 e 7 linhagens, respectivamente (Fig. 1C). O grupo 1 apresentou o menor número de linhagens, com apenas 2. Destaca-se que linhagens derivadas do mesmo sintético de base genética ampla (CMS28), como VML038, VML020, VML065 e VML144, foram distribuídas em diferentes grupos (2, 3, 1 e 4, respectivamente). Os coeficientes de correlação cofenética indicaram boa representatividade dos dendrogramas em relação às distâncias genéticas originais, com valores de 0,87, 0,86 e 0,89 para o grupo I, grupo II e análise conjunta, respectivamente.

Figura 1. Dendrograma construído a partir do método do UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com base na distância de Roger (1972) modificada por Wright (1978) obtida de 21.491 marcadores SNP. A) As 11 linhagens do grupo I, B) As 11 linhagens do grupo II e C) As 22 linhagens dos dois grupos.



5.2 Amplitude, média dos valores genotípicos e análise de variância dos híbridos

Em ambas as populações de plantas, houve uma considerável amplitude dos valores genotípicos para todos os caracteres avaliados (Tabela 2). De modo geral, essa amplitude foi superior na população tradicional de plantas (PT) em comparação à população alta de plantas (PA), principalmente para caracteres relacionados à arquitetura de planta e aos componentes da produção. Na PT, PG variou de 6.713 a 12.392 kg ha⁻¹, com média de 10.285 kg ha⁻¹. Em PA, os valores variaram entre 6.548 e 12.443 kg ha⁻¹ e teve média de 9.912 kg ha⁻¹, o que representou uma redução de 3,63% em relação à PT. Os maiores percentuais de alteração na média em população alta de plantas foram observados para DC, NGE, NGF e CE, com -13,62%, -13,97%, -12,65%, -12,26%, respectivamente. De forma geral, a maioria dos caracteres apresentaram alterações negativas em suas médias em população alta de plantas, com exceção dos caracteres FM, FF, AP, AE, NNB, NNA, com alterações positivas de 0,72%, 1,93%, 2,27%, 4,96%, 0,05% e 0,14%, respectivamente.

A maioria das estimativas do coeficiente de variação (CV) apresentou valores de magnitude baixa à intermediária em ambas as populações de plantas. Os menores valores de CV foram observados para FM e FF, com 1,61% e 1,85% em PT, e 1,64% e 1,72% em PA, respectivamente, enquanto os maiores valores de CV foram obtidos para PG e NNB em PT, com 10,61% e 7,32%, respectivamente, e para PG e NGE em PA, com 12,63% e 8,60%, respectivamente. Os valores de CV foram ligeiramente maiores em PA do que em PT para a maioria dos caracteres, com exceção de FF, NNB, LF e AF, que apresentaram valores de CV maiores em PT do que em PA.

Em relação ao comportamento dos híbridos, houve efeito ($P < 0,05$) de híbridos para todos os caracteres em ambas as populações de plantas (Tabela 3). O ambiente também apresentou efeito para todos os caracteres em ambas as populações de plantas alta e tradicional. Na população tradicional de plantas, a interação híbridos x ambientes apresentou efeito ($P < 0,05$) para a maioria dos caracteres, exceto para NNB, NNA, LF e AF. Na população alta de plantas, a interação híbridos por ambientes, houve efeito ($P < 0,05$) para a maioria dos caracteres, exceto para NFE.

Tabela 2. Valores genotípicos mínimo, média e máximo, coeficiente de variação (CV) e % de alteração na média para 21 caracteres agrônômicos avaliados em 121 híbridos experimentais e sete testemunhas comerciais de milho tropical nas safras de 2019/2020 e 2020/2021, em condições de população de plantas tradicional e alta

Caractere ^{1/}	População Tradicional				População Alta				% de alteração na média ^{3/}
	Min.	Média	Máx.	CV (%) ^{2/}	Min.	Média	Máx.	CV (%)	
FM (dias)	59,87	64,01	69,26	1,61	59,54	64,47	70,17	1,64	0,72
FF (dias)	59,09	64,40	70,32	1,85	59,05	65,64	71,42	1,72	1,93
AP (cm)	195,81	245,38	282,54	2,75	206,47	250,96	284,71	3,16	2,27
AE (cm)	97,97	132,48	164,30	4,52	109,28	139,05	171,22	4,83	4,96
NNB (n°)	6,12	7,28	8,39	7,32	5,97	7,28	8,39	6,65	0,05
NNA (n°)	5,07	6,21	7,10	6,76	5,18	6,21	7,06	6,83	0,14
DC (mm)	19,31	21,94	25,07	6,06	16,04	18,95	21,48	6,59	-13,62
LF (cm)	8,82	10,56	12,66	5,62	8,28	9,98	11,67	5,08	-5,50
CF (cm)	86,67	103,51	117,48	2,66	88,27	103,00	116,97	2,94	-0,50
AF (cm ²)	656,94	818,92	965,12	6,63	641,99	770,09	934,38	6,41	-5,96
CE (cm)	14,09	16,98	19,89	5,29	12,32	14,90	17,87	7,40	-12,26
DE (mm)	43,64	48,16	54,10	2,44	41,75	46,03	51,12	3,05	-4,42
NFE (n°)	11,60	15,13	20,43	5,02	11,13	14,91	20,58	5,13	-1,46
NGF (n°)	29,73	36,77	42,85	5,65	24,71	32,12	39,70	8,00	-12,65
NGE (n°)	429,86	554,55	688,47	7,26	333,54	477,06	637,58	8,60	-13,97
AG (mm ²)	64,38	80,38	94,34	2,73	60,39	73,50	86,36	3,38	-8,56
PEG (mm)	31,78	34,98	38,15	1,43	30,77	33,36	36,46	1,70	-4,62
CG (mm)	10,93	12,14	13,56	1,76	10,49	11,50	12,87	1,95	-5,33
LG (mm)	7,39	8,68	9,84	1,41	7,23	8,42	9,54	1,73	-2,95
P1000 (g)	269,78	356,93	436,86	6,82	238,14	324,38	395,09	6,86	-9,12
PG (kg ha ⁻¹)	6.713	10.285	12.392	10,61	6.548	9.912	12.443	12,63	-3,63

^{1/} FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; NNB, número de nós abaixo da espiga; NNA, número de nós acima da espiga; DC, diâmetro de colmo; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; CE, comprimento de espiga; DE, diâmetro de espiga; NFE, número de fileira de grãos; NGF, número de grãos por fileira; NGE, número de grãos por espiga; AG, área do grão; PEG, perímetro do grão; CG, comprimento do grão; LG, largura do grão; P1000, peso de mil grãos e PG, produtividade de grãos; ^{2/} Coeficiente de Variação (CV %); ^{3/} % alteração na média = [(PA - PT) / PT] * 100%. PT e PA são as médias geral nos ambientes de população de plantas tradicional e alta, respectivamente.

Tabela 3. Estimativas variância de blocos dentro de repetição dentro ambiente ($\sigma_{b/r/a}^2$), quadrado médio de repetição dentro de ambiente (Rep/Amb), híbrido, ambiente e da interação híbridos x ambientes (H x A) e estimativas da variância residual (σ^2) para 21 caracteres agrônômicos avaliados em 121 híbridos experimentais e sete testemunhas milho tropical em duas populações de plantas e dois locais durante duas safras agrícolas.

Caractere ^{1/}	População tradicional de plantas						População alta de plantas					
	$\hat{\sigma}_{b/r/a}^2$	Rep/Amb	Híbrido	Ambiente	H x A	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}_{b/r/a}^2$	Rep/Amb	Híbrido	Ambiente	H x A	$\hat{\sigma}^2$
FM (dias)	2,23*	5,26* ^{3/}	23,82* ^{2/}	824,13*	1,57*	1,06	1,58*	13,61*	33,14*	918,86*	1,99*	1,11
FF (dias)	2,61*	4,60*	30,65*	1.054,35*	2,30*	1,42	2,27*	11,51*	43,82*	568,88*	2,85*	1,28
AP (cm)	121,07*	470,33*	1.779,0*	53.552*	102,07*	45,4	124,19*	1.574,3*	1.425,9*	36.700*	97,19*	62,72
AE (cm)	90,1*	755,11*	944,85*	26.419*	75,66*	35,82	90,4*	416,19*	946,77*	21.541*	75,48*	45,17
NNB (n°)	0,34	1,58*	1,70*	19,86*	0,32	0,28	0,35*	5,12*	1,54*	5,60*	0,29*	0,23
NNA (n°)	0,26*	2,28*	1,11*	37,67*	0,20	0,18	0,28*	2,54*	1,02*	78,03*	0,23*	0,18
DC (mm)	2,86*	16,46*	11,61*	824,74*	2,51*	1,77	2,2*	52,3*	10,26*	619,28*	2,19*	1,56
LF (cm)	0,43	3,25*	3,61*	22,76*	0,41	0,35	0,25	0,74*	2,63*	6,93*	0,38*	0,26
CF (cm)	12,12*	61,84*	266,71*	3.952,14*	16,35*	7,58	11,22	28,42*	264,75*	2.935,8*	13,71*	9,18
AF (cm ²)	4.058*	27.385*	21.915*	576.618*	3.387	2.945	2.279	5.428	19.181*	306.720*	3.186*	2.436
CE (cm)	0,75	1,83	8,36*	48,72*	1,36*	0,81	1,42	2,02	8,72*	118,39*	1,58*	1,21
DE (mm)	1,75	5,17*	27,06*	244,05*	1,92*	1,38	2,11	14,04*	21,7*	335,57*	2,45*	1,97
NFE (n°)	0,48	0,69	16,92*	12,56*	0,70*	0,58	0,57	0,48	17,84*	14,27*	0,63	0,58
NGF (n°)	4,33	4,30	49,48*	657,2*	6,64*	4,32	8,03	24,24*	66,77*	832,80*	9,26*	6,6
NGE (n°)	1.642,3	1.156,2	20.718,8*	177.632,5*	2.111,4*	1.622,0	2.147,7*	7.745,4*	21.568,7*	233.276*	2.487,3*	1.682,6
AG (mm ²)	10,70*	144,66*	275,24*	271,63*	10,95*	4,80	15,63*	137,35*	223,96*	524,2*	12,39*	6,18
PEG (mm)	0,49*	6,33*	12,64*	13,23*	0,52*	0,25	0,74*	6,25*	11,29*	25,71*	0,66*	0,32
CG (mm)	0,08*	0,86*	2,24*	4,10*	0,08*	0,05	0,11*	0,96*	1,93*	5,30*	0,11*	0,05
LG (mm)	0,03*	0,28*	2,03*	1,51*	0,04*	0,01	0,05*	0,28*	1,81*	1,55*	0,04*	0,02
P1000 (g)	701,8	5.111,0*	7.333,6*	18.118,6*	907,1*	592,6	631,7*	1.811,1*	6.571,0*	15.557*	655,1*	494,6
PG (kg há ⁻¹)	1.733.513*	38.293.577*	9.256.041*	384.502.880*	2.028.536*	1.190.443	1.556.476	3.274.337	12.452.074*	538.492.164*	1.996.414*	1.566.74

^{1/} FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; NNB, número de nós abaixo da espiga; NNA, número de nós acima da espiga; DC, diâmetro de colmo; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; CE, comprimento de espiga; DE, diâmetro de espiga; NFE, número de fileira de grãos; NGF, número de grãos por fileira; NGE, número de grãos por espiga; AG, área do grão; PEG, perímetro do grão; CG, comprimento do grão; LG, largura do grão; P1000, peso de mil grãos e PG, produtividade de grãos. ^{2/} Foi utilizado o teste de Wald para efeito fixo. ^{3/} * sig. a 5% de probabilidade pelo teste de máxima verossimilhança.

5.3 Componentes de variância da capacidade de combinação e herdabilidade

Em relação a análise dialélica, observou-se diferença significativa ($P < 0,05$) para os componentes de variâncias associados a capacidade geral de combinação das linhagens do grupo I ($\hat{\sigma}_{CGC_G1}^2$) e do grupo II ($\hat{\sigma}_{CGC_G2}^2$) na população tradicional de plantas para todos os caracteres avaliados (Tabela 4). O mesmo ocorre para a capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{CEC}^2$) na maioria dos caracteres avaliados, exceto para o caractere DC. Os componentes de variância associados à interação CGC do grupo I com ambientes ($\hat{\sigma}_{CGC_G1xA}^2$), CGC do grupo II com ambientes ($\hat{\sigma}_{CGC_G2xA}^2$) foram significativos ($P < 0,05$) para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para NNB, LF, AF, DE e CG; AP, NNA, DC e AF, respectivamente. Para a interação CEC com ambientes ($\hat{\sigma}_{CECxA}^2$), houve efeito apenas para AP, AE, DC, NGF, AG e LG.

Em ambas as populações de plantas, as estimativas dos componentes de variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) apresentaram magnitude superior aos dos desvios de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$) para todos os caracteres avaliados (Tabela 4 e 5). Para a população tradicional de plantas, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo (\hat{H}^2) variaram de 0,39 (PG) a 0,95 (LG), e a maioria dos caracteres apresentou valores elevados de \hat{H}^2 ($> 0,69$), principalmente para caracteres de ciclo, arquitetura da planta e caracteres de grãos. Em relação às estimativas de herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2), variaram de 0,24 (PG) a 0,91 (LG). Os maiores valores foram observados em caracteres de grãos (NFE, AG, PEG, e LG) e à arquitetura de planta (AP, AE e CF), com herdabilidades \hat{h}^2 ($> 0,65$). Por outro lado, os caracteres de arquitetura de planta NNB ($\hat{h}^2 = 0,32$) e AF ($\hat{h}^2 = 0,38$), juntamente com PG ($\hat{h}^2 = 0,24$), mostraram valores baixos de \hat{h}^2 ($< 0,40$).

Em população alta de plantas, observou-se diferença significativa ($P < 0,05$) para os componentes de variância da capacidade geral de combinação das linhagens do grupo I ($\hat{\sigma}_{CGC_G1}^2$), do grupo II ($\hat{\sigma}_{CGC_G2}^2$) e da capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{CEC}^2$) para todos os caracteres avaliados (Tabela 5). As interações da CGC dos grupos com os ambientes ($\hat{\sigma}_{CGC_G1xA}^2$ e $\hat{\sigma}_{CGC_G2xA}^2$), também foram significativas para a maioria dos caracteres, exceto para NNA, LF, AF, DE, NGF e P1000; AP, NNA, DC, AF e NFE, respectivamente. Enquanto a interação CEC por ambiente ($\hat{\sigma}_{CECxA}^2$), foi significativa apenas para FM, FF e LF. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo (\hat{H}^2) variaram de 0,44 (DC) a 0,92 (LG), e a maioria dos caracteres apresentou valores elevados de \hat{H}^2 ($> 0,70$), principalmente para caracteres de ciclo (FM e FF), arquitetura da planta (AP, AE e CF) e caracteres de grãos (NFE, AG, PEG, CG e LG). Em relação às estimativas de herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2),

variaram de 0,34 (PG) a 0,86 (LG). Os maiores valores foram observados em caracteres de grãos (NFE, AG, PEG, CG e LG) e arquitetura de planta (AP, AE e CF), com herdabilidades \hat{h}^2 ($> 0,72$), enquanto PG apresentou as menores estimativas, com $\hat{h}^2 = 0,34$; $\hat{H}^2 = 0,47$.

Tabela 4. Estimativas de componentes de variância de capacidade geral de combinação das linhagens do grupo I ($\sigma_{CGC_G1}^2$) e do grupo II ($\sigma_{CGC_G2}^2$), de capacidade específica de combinação (σ_{CEC}^2), da interação da CGC dos grupos com os ambientes ($\sigma_{CGC_G1xA}^2$ e $\sigma_{CGC_G2xA}^2$), interação da CEC com os ambientes (σ_{CECxA}^2), variância residual (σ^2), variância aditiva (σ_A^2) e dos desvios de dominância (σ_D^2), e estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h^2) e no sentido amplo (H^2) para 21 caracteres agrônômicos avaliados em 121 híbridos experimentais de milho tropical nas safras 2019/2020 e 2020/2021, em condição de população tradicional de plantas

Caractere ^{1/}	$\hat{\sigma}_{CGC_G1}^2$	$\hat{\sigma}_{CGC_G2}^2$	$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	$\hat{\sigma}_{CGC_G1xA}^2$	$\hat{\sigma}_{CGC_G2xA}^2$	$\hat{\sigma}_{CECxA}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	\hat{h}^2	\hat{H}^2
FM (dias)	1,37*	0,99*	0,34*	0,07*	0,11*	0,00	1,10	2,35	0,34	0,62	0,71
FF (dias)	1,50*	1,32*	0,45*	0,11*	0,11*	0,07	1,49	2,82	0,45	0,59	0,69
AP (cm)	116,56*	98,30*	27,47*	3,28*	1,27	14,16*	49,35	214,86	27,47	0,74	0,83
AE (cm)	44,90*	59,61*	17,22*	5,43*	2,31*	8,32*	37,91	104,51	17,22	0,65	0,76
NNB (n°)	0,08*	0,08*	0,05*	0,00	0,02*	0,00	0,28	0,16	0,05	0,32	0,42
NNA (n°)	0,10*	0,03*	0,01*	0,01*	0,00	0,00	0,17	0,12	0,01	0,41	0,44
DC (mm)	0,46*	0,90*	0,00	0,08*	0,04	0,20*	1,77	1,36	0,00	0,43	0,43
LF (cm)	0,13*	0,31*	0,03*	0,00	0,01*	0,00	0,37	0,44	0,03	0,52	0,56
CF (cm)	18,07*	13,91*	6,00*	1,16*	1,77*	0,68	8,07	31,98	6,00	0,69	0,82
AF (cm ²)	833,48*	1.365,99*	603,59*	27,17	18,8	0,00	3.041,35	2.199,46	603,59	0,38	0,48
CE (cm)	0,60*	0,26*	0,18*	0,10*	0,1*	0,07	0,83	0,86	0,18	0,46	0,56
DE (mm)	0,61*	1,62*	0,85*	0,00	0,1*	0,04	1,48	2,23	0,85	0,49	0,67
NFE (n°)	1,01*	1,24*	0,15*	0,02*	0,03*	0,04	0,55	2,25	0,15	0,76	0,81
NGF (n°)	2,63*	2,53*	1,32*	0,39*	0,35*	0,52*	4,30	5,15	1,32	0,48	0,60
NGE (n°)	1.525,76*	645,06*	528,68*	95,29*	120,77*	42,92	1.635,65	2.170,82	528,68	0,50	0,62
AG (mm ²)	10,46*	20,28*	3,31*	0,30*	1,24*	0,70*	5,19	30,75	3,31	0,78	0,87
PEG (mm)	0,36*	0,90*	0,20*	0,01*	0,06*	0,02	0,27	1,25	0,20	0,73	0,84
CG (mm)	0,09*	0,11*	0,05*	0,00	0,01*	0,00	0,05	0,20	0,05	0,68	0,84
LG (mm)	0,16*	0,13*	0,01*	0,00*	0,00*	0,00*	0,02	0,28	0,01	0,91	0,95
P1000 (g)	243,70*	513,71*	151,5*	18,54*	54,74*	58,35	615,36	757,41	151,50	0,50	0,60
PG (kg ha ⁻¹)	197.245*	314.719*	336.010*	71.949*	80.765*	127.103	1.309.778	511.965	336.010	0,24	0,39

^{1/}FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; NNB, número de nós abaixo da espiga; NNA, número de nós acima da espiga; DC, diâmetro de colmo; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; CE, comprimento de espiga; DE, diâmetro de espiga; NFE, número de fileira de grãos; NGF, número de grãos por fileira; NGE, número de grãos por espiga; AG, área do grão; PEG, perímetro do grão; CG, comprimento do grão; LG, largura do grão; P1000, peso de mil grãos e PG, produtividade de grãos. ^{2/} * sig. a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

Tabela 5. Estimativas de componentes de variância genética de capacidade geral de combinação das linhagens do grupo I ($\sigma_{CGC_G1}^2$) e do grupo II ($\sigma_{CGC_G2}^2$), de capacidade específica de combinação (σ_{CEC}^2), interação da CGC dos grupos com os ambientes ($\sigma_{CGC_G1xA}^2$ e $\sigma_{CGC_G2xA}^2$), interação da CEC com os ambientes (σ_{CECxA}^2), variância residual (σ^2), variância aditiva (σ_A^2) e dos desvios de dominância (σ_D^2), e estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h^2) e de herdabilidade no sentido amplo (H^2) para 21 caracteres agrônômicos avaliados em 121 híbridos experimentais de milho tropical nas safras 2019/2020 e 2020/2021, em condição de população alta de plantas

Caractere ^{1/}	$\hat{\sigma}_{CGC_G1}^2$	$\hat{\sigma}_{CGC_G2}^2$	$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	$\hat{\sigma}_{CGC_G1xA}^2$	$\hat{\sigma}_{CGC_G2xA}^2$	$\hat{\sigma}_{CECxA}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	\hat{h}^2	\hat{H}^2
FM (dias)	1,84*	1,35*	0,22*	0,13*	0,05*	0,15*	1,24	3,20	0,22	0,69	0,73
FF (dias)	2,02*	2,17*	0,35*	0,22*	0,17*	0,35*	1,43	4,19	0,35	0,70	0,76
AP (cm)	87,75*	82,65*	27,38*	2,81*	1,42	0,77	62,33	170,40	27,38	0,66	0,76
AE (cm)	39,61*	61,98*	19,96*	5,03*	3,96*	0,00	46,64	101,59	19,96	0,60	0,72
NNB (n°)	0,08*	0,07*	0,04*	0,01*	0,01*	0,00	0,23	0,14	0,04	0,35	0,45
NNA (n°)	0,08*	0,03*	0,01*	0,00	0,00	0,01	0,19	0,11	0,01	0,37	0,39
DC (mm)	0,51*	0,60*	0,09*	0,08*	0,03	0,11	1,55	1,11	0,09	0,40	0,44
LF (cm)	0,06*	0,25*	0,03*	0,01	0,02*	0,02*	0,26	0,31	0,03	0,51	0,57
CF (cm)	18,73*	14,12*	6,02*	1,10*	0,68*	0,37	9,34	32,85	6,02	0,68	0,81
AF (cm ²)	885,88*	966,41*	685,20*	56,96	21,25	227,05	2.422,95	1.852,28	685,20	0,37	0,51
CE (cm)	0,42*	0,36*	0,25*	0,08*	0,06*	0,05	1,19	0,78	0,25	0,35	0,46
DE (mm)	0,50*	1,40*	0,59*	0,05	0,08*	0,00	2,11	1,90	0,59	0,41	0,54
NFE (n°)	1,00*	1,40*	0,20*	0,03*	0,01	0,00	0,57	2,40	0,20	0,76	0,82
NGF (n°)	3,02*	3,64*	1,93*	0,15	0,73*	0,39	6,85	6,66	1,93	0,43	0,56
NGE (n°)	1.496,11*	630,95*	725,89*	61,88*	120,32*	147,39	1.808,50	2.127,06	725,89	0,46	0,61
AG (mm ²)	8,13*	17,70*	3,79*	0,40*	1,05*	0,05	6,63	25,83	3,79	0,71	0,82
PEG (mm)	0,32*	0,84*	0,22*	0,02*	0,06*	0,02	0,35	1,17	0,22	0,67	0,80
CG (mm)	0,08*	0,10*	0,04*	0,00*	0,01*	0,01	0,06	0,18	0,04	0,64	0,80
LG (mm)	0,14*	0,12*	0,02*	0,00*	0,00*	0,00	0,02	0,26	0,02	0,86	0,92
P1000 (g)	269,30*	442,64*	166,58*	13,75	26,78*	37,67	506,20	711,94	166,58	0,51	0,63
PG (kg ha ¹)	156.999*	832.678*	397.781*	123.402*	78.853*	12.323	1.556.741	989.677	397.781	0,34	0,47

^{1/} FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; NNB, número de nós abaixo da espiga; NNA, número de nós acima da espiga; DC, diâmetro de colmo; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; CE, comprimento de espiga; DE, diâmetro de espiga; NFE, número de fileira de grãos; NGF, número de grãos por fileira; NGE, número de grãos por espiga; AG, área do grão; PEG, perímetro do grão; CG, comprimento do grão; LG, largura do grão; P1000, peso de mil grãos e PG, produtividade de grãos. ^{2/} * sig. a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

5.4 Capacidade geral de combinação

No geral, as linhagens do grupo I apresentaram pouca variação nas estimativas de CGC entre as duas populações de plantas, à exceção de NGE (Tabela 6). Para NGE, as linhagens VML032 e VML035 apresentaram valores positivos de CGC na PT, mas negativos em PA, indica melhor desempenho na PT. As linhagens VML003 e VML093 destacaram-se para os caracteres de grãos (AG, PEG, CG, LG e P1000), com os maiores valores positivos de CGC em ambas as populações. Para PG, a maioria das linhagens com CGC positiva também apresentou CGC positiva para ciclo (FM e FF), exceto VML035 e VML103, com CGC positiva para PG e negativa para FM e FF, combinação desejável por associar produtividade à precocidade.

Para os caracteres de arquitetura de plantas referentes ao grupo I, VML103, VML154 e VML176 apresentaram os maiores valores de CGC para AP em ambas as populações de plantas. VML103 e VML154 também apresentaram CGC positiva para PG, enquanto VML176 apresentou CGC negativa. Para AE, VML032, VML035 e VML154 destacaram-se com os maiores valores e CGC positiva para PG. No entanto, os altos valores de CGC da VML154 para AP e AE é indesejável, devido à maior suscetibilidade ao acamamento. Por outro lado, VML169, VML093, VML038 e VML035 apresentaram CGC negativa para AP e positiva para PG em ambas as populações de plantas. Para os caracteres foliares (CF e AF), VML038, VML103 e VML154 apresentaram os maiores valores de CGC na PT, todas com CGC positiva para PG. Em PA, destacaram-se VML032, VML038, VML093 e VML154, também com altos valores de CGC para AF e CGC positiva para PG.

No grupo II, a linhagem VML005 apresentou estimativas negativas de CGC para a maioria dos caracteres, independentemente da população de plantas, que indica desempenho geral inferior (Tabela 7). As linhagens VML005, VML020, VML022, VML070, VML118 e VML144 apresentaram estimativas de CGC negativa para ciclo (FM e FF) em ambas as populações. Dentre essas, apenas a VML022 e VML118 apresentaram CGC positiva para PG. A maioria das linhagens apresentou CGC negativa para AP e AE, exceto VML005, VML029 e VML118. A VML029 destacou-se com os maiores valores positivos de CGC para AP e AE em ambas as populações de plantas, enquanto VML118 apresentou alta CGC para AP e discreto valor positivo de AE apenas na PT e negativo em PA. Para os caracteres LF, CF e AF, a VML022, VML029 e VML144 apresentaram CGC positiva para a maioria deles, em ambas as populações de plantas. A VML022 e VML029 também apresentaram CGC positiva para PG. A VML022 apresentou CGC negativa para CF, mas os maiores valores de CGC para AF e LF nas duas populações de plantas. A maioria das linhagens apresentaram CGC positiva para AG em

ambas as populações, exceto a VML005, VML020, VML065, VML139 e VML181. No entanto, VML020, VML065 e VML139 se destacaram por apresentar CGC positiva para NGE, mas CGC negativa para AG, PEG, CG, LG e P1000, porém elas apresentaram CGC negativa para PG em ambas as populações de plantas, com exceção da VML065 com CGC positiva para PG em população tradicional de plantas.

Ao comparar os dois grupos, observa-se que o grupo I apresentou menor variação nas estimativas de CGC entre as populações de plantas, principalmente para os caracteres de grãos (Tabelas 6 e 7). As linhagens VML003, VML035 e VML093 apresentaram CGC favoráveis e consistentes em ambas as populações de plantas. No entanto, o grupo II apresentou menor variação nas estimativas de CGC para os caracteres avaliados entre as populações de plantas. A linhagem VML022 destacou-se por seus efeitos favoráveis, com CGC negativa para FM e FF em ambas as populações de plantas, CGC negativa para AP na PT, negativos de AE em PA, valores positivos para PG e os caracteres de grãos (AG, PEG, CG, LG e P1000). Entretanto, ela apresentou CGC negativa de baixa magnitude para NGE e altos valores para AF. Valores altos de área foliar não são desejáveis, pois podem levar ao aumento do sombreamento das folhas inferiores do dossel, que compromete a fotossíntese das plantas, principalmente em condições de população de plantas altas.

Tabela 6. Estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) de 11 linhagens de milho tropical do grupo I para 21 caracteres agronômicos em população de plantas tradicional e alta

Linhasgens	FM	FF	AP	AE	NNB	NNA	DC	LF	CF	AF	CE	DE	NFE	NGF	NGE	AG	PEG	CG	LG	P1000	PG
<i>População Tradicional de Plantas</i>																					
VML003	-0,54	-0,32	-8,14	-12,9	-0,42	0,28	-0,38	-0,15	-5,15	-48,0	-0,25	-0,24	-1,57	-0,47	-61,8	7,05	1,00	0,21	0,70	28,16	-655,54
VML032	1,23	1,25	3,44	5,52	0,03	-0,02	-0,97	-0,57	7,26	9,32	-0,13	0,16	0,64	-0,35	17,04	-1,28	-0,15	0,09	-0,19	3,45	230,49
VML035	-0,53	-0,67	-3,21	5,06	0,54	-0,11	0,20	0,62	-5,09	4,27	0,26	-0,04	0,48	-0,78	3,53	0,87	0,54	0,56	-0,33	7,09	173,35
VML038	0,73	1,30	-3,70	0,49	0,18	-0,17	-0,20	0,38	3,65	55,57	0,76	0,77	-0,01	2,13	33,06	1,72	0,26	0,04	0,09	-2,35	340,42
VML058	-1,34	-1,55	-7,68	3,51	-0,07	-0,72	-0,70	-0,30	-1,93	-35,4	-0,66	-0,24	-1,35	0,87	-34,4	1,62	-0,06	-0,37	0,47	-2,17	-213,71
VML093	1,74	1,54	-4,03	0,76	0,26	0,16	0,95	-0,28	2,56	-0,49	-0,73	-0,85	-0,57	-2,39	-55,1	1,12	0,23	-0,06	0,18	14,23	61,47
VML103	-1,12	-1,18	13,31	0,86	-0,2	0,13	0,33	-0,02	2,17	15,53	1,58	-0,77	-0,85	2,58	8,55	-0,33	-0,23	-0,23	0,23	0,27	216,45
VML154	1,35	1,03	16,97	9,68	0,11	-0,05	0,17	-0,03	1,72	12,05	-0,09	-1,01	0,55	1,28	41,13	-5,66	-1,00	-0,26	-0,40	-28,17	173,61
VML158	-1,32	-1,50	-12,9	-8,37	-0,17	0,16	-0,40	0,23	-4,36	-16,0	-0,95	0,42	0,47	-1,59	-9,48	-1,50	-0,23	0,08	-0,26	-11,52	-691,8
VML169	0,54	0,70	-9,12	-1,11	0,04	-0,08	-0,16	0,27	-3,22	-3,07	-0,36	1,38	1,79	-0,38	55,7	-2,22	-0,04	0,30	-0,6	-13,3	467,87
VML176	-0,71	-0,59	15,15	-3,40	-0,30	0,43	1,16	-0,15	2,40	6,26	0,57	0,43	0,43	-0,89	1,72	-1,39	-0,54	-0,35	0,11	4,31	-102,61
<i>População Alta de Plantas</i>																					
VML003	-1,04	-0,45	-6,00	-11,4	-0,49	0,31	-0,13	-0,16	-3,66	-37,8	-0,55	-0,14	-1,58	-2,02	-76,2	6,04	1,05	0,14	0,67	31,37	-574,82
VML032	1,55	1,16	0,90	6,35	0,07	-0,10	-1,10	-0,26	7,20	28,0	-0,44	0,62	0,55	-1,55	-7,35	-0,40	0,02	0,13	-0,14	9,69	5,24
VML035	-0,83	-0,97	-2,39	6,09	0,55	-0,04	-0,14	0,38	-6,40	-16,9	-0,28	0,00	0,45	-1,30	-6,96	1,12	0,58	0,55	-0,30	9,28	286,75
VML038	0,82	1,78	-3,41	-2,13	0,01	-0,21	-0,15	0,31	4,00	53,10	0,62	0,13	0,08	1,19	20,91	1,37	0,19	0,02	0,09	-2,09	59,20
VML058	-1,49	-1,72	-7,82	3,39	0,02	-0,63	-0,73	-0,24	-3,23	-40,2	-0,22	-0,01	-1,35	1,63	-18,4	1,15	-0,04	-0,33	0,43	-7,98	-84,41
VML093	2,01	1,73	-6,89	-1,24	0,17	0,18	0,94	-0,11	2,65	10,60	-0,17	-0,76	-0,64	-1,29	-36,8	2,13	0,47	0,03	0,24	18,42	47,03
VML103	-1,21	-1,27	10,08	-0,87	-0,07	0,13	0,68	-0,09	1,20	2,00	1,18	-0,90	-0,78	2,78	14,93	-1,41	-0,43	-0,29	0,17	-14,67	229,11
VML154	1,71	1,27	16,41	9,39	0,08	-0,05	0,23	-0,03	2,70	16,65	0,17	-0,52	0,62	1,87	49,01	-3,84	-0,62	-0,09	-0,37	-19,22	396,62
VML158	-1,26	-1,75	-8,84	-6,64	-0,12	0,08	-0,38	0,08	-4,02	-22,1	-0,78	0,20	0,43	-1,53	-10,4	-1,17	-0,22	0,06	-0,25	-2,65	-432,99
VML169	0,43	0,87	-5,91	-1,01	0,04	-0,09	-0,32	0,26	-2,84	0,23	-0,26	1,46	1,74	0,08	53,54	-2,41	-0,21	0,20	-0,58	-16,07	340,07
VML176	-0,68	-0,65	13,86	-1,94	-0,27	0,40	1,08	-0,12	2,40	6,56	0,73	-0,07	0,49	0,14	17,73	-2,59	-0,78	-0,42	0,03	-6,07	-271,79

^{1/} FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; NNB, número de nós abaixo da espiga; NNA, número de nós acima da espiga; DC, diâmetro de colmo; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; CE, comprimento de espiga; DE, diâmetro de espiga; NFE, número de fileira de grãos; NGF, número de grãos por fileira; NGE, número de grãos por espiga; AG, área do grão; PEG, perímetro do grão; CG, comprimento do grão; LG, largura do grão; P1000, peso de mil grãos e PG, produtividade de grãos (kg ha⁻¹).

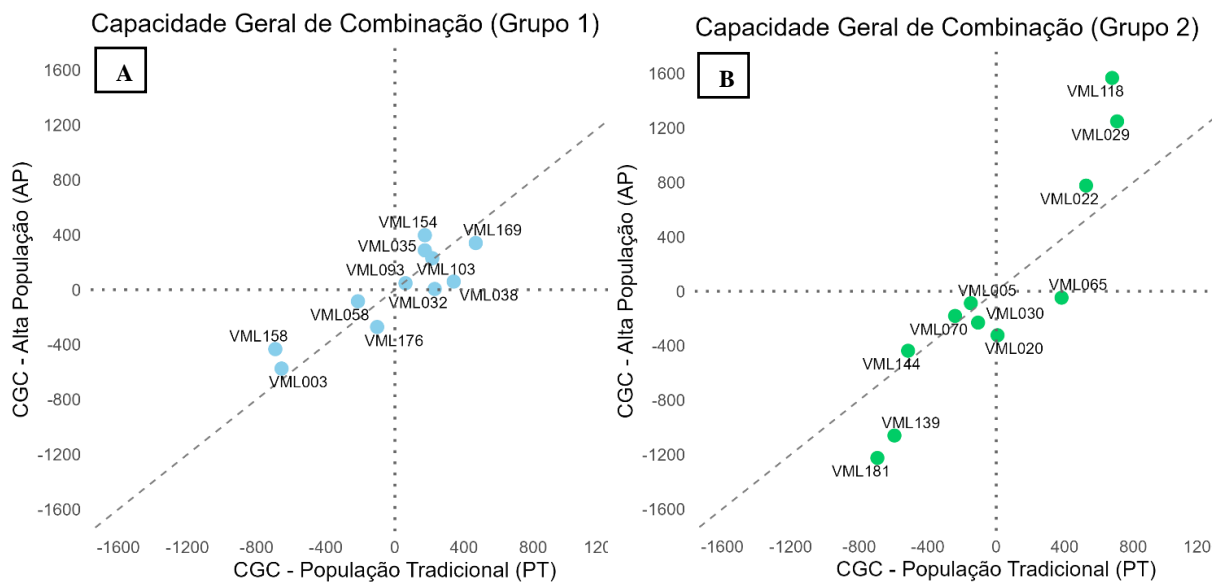
Tabela 7. Estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) de 11 linhagens de milho tropical do grupo II para 21 caracteres agronômicos em população de plantas tradicional e alta

Linhagem	FM	FF	AP	AE	NNB	NNA	DC	LF	CF	AF	CE	DE	NFE	NGF	NGE	AG	PEG	CG	LG	P1000	PG
<i>População Tradicional de Plantas</i>																					
VML005	-0,82	-1,15	1,68	2,18	-0,25	0,01	-0,6	-0,08	-1,13	-13,2	-0,08	-0,84	0,16	-0,89	-6,71	-6,13	-1,45	-0,51	-0,27	-15,56	-148,19
VML020	-0,72	-0,17	-7,75	5,89	0,29	0,06	-1,45	-0,4	-5,08	-67,4	-0,27	-1,92	0,15	1,88	33,73	-7,66	-1,48	-0,30	-0,56	-47,47	7,87
VML022	-1,25	-1,93	0,30	-2,30	-0,04	-0,07	0,44	1,05	-0,41	74,33	0,67	0,02	-0,53	0,65	-6,77	3,08	0,68	0,13	0,24	21,51	524,78
VML029	0,39	-0,39	17,39	16,04	0,21	-0,32	-0,08	0,07	1,57	18,04	0,44	-0,77	-0,82	0,63	-16,4	5,58	1,37	0,57	0,17	19,49	706,06
VML030	0,65	0,71	2,06	3,08	0,42	0,02	1,21	-0,12	-0,5	-11,9	-0,14	0,15	0,20	-1,82	-19,1	2,79	0,79	0,35	0,05	18,66	-105,91
VML065	1,70	1,75	-5,64	-3,72	-0,26	-0,13	0,19	0,00	-0,13	-0,27	-0,58	3,05	2,71	-2,31	47,06	-1,59	-0,09	0,26	-0,48	-1,67	381,66
VML070	-0,28	-0,09	-3,74	-12,7	-0,43	-0,05	-0,93	0,48	-4,82	-3,79	-0,36	0,27	-0,89	2,18	1,80	2,2	0,15	-0,17	0,39	-8,28	-240,21
VML118	-0,63	-0,79	17,23	1,33	-0,13	0,33	0,42	-0,73	5,02	-17,4	0,84	0,04	-1,08	1,52	-12,7	3,67	0,63	0,07	0,36	22,89	677,02
VML139	-0,45	0,51	-14,4	-8,87	0,06	0,09	1,38	0,44	-3,04	8,87	-0,09	0,16	1,10	-0,96	21,31	-4,06	-0,63	-0,03	-0,38	-20,62	-594,39
VML144	-0,11	-0,08	-4,45	-1,33	0,06	-0,03	-1,12	0,15	2,71	34,35	-0,46	0,46	-0,67	0,09	-19,1	3,50	0,54	0,02	0,33	1,89	-514,72
VML181	1,51	1,64	-2,70	0,40	0,06	0,10	0,54	-0,87	5,82	-21,6	0,03	-0,62	-0,33	-0,99	-23,1	-1,37	-0,51	-0,39	0,15	9,17	-693,96
<i>População Alta de Plantas</i>																					
VML005	-1,16	-1,15	2,91	2,09	-0,20	0,11	-0,73	0,00	-0,77	-4,86	0,03	-0,72	0,18	-0,31	2,00	-5,47	-1,31	-0,44	-0,26	-11,19	-87,70
VML020	-0,76	-0,09	-5,37	7,18	0,36	0,09	-1,14	-0,18	-5,53	-50,7	0,07	-1,64	0,33	2,56	46,81	-6,98	-1,43	-0,29	-0,53	-46,49	-323,24
VML022	-1,48	-2,43	1,87	-1,23	-0,06	-0,05	0,45	1,01	-1,02	65,76	0,57	-0,08	-0,53	0,42	-6,78	2,93	0,71	0,14	0,24	14,37	776,46
VML029	0,52	-0,53	15,96	17,42	0,24	-0,31	-0,33	0,06	1,89	17,90	0,55	-0,54	-0,93	1,17	-9,07	6,11	1,55	0,62	0,21	22,51	1248,50
VML030	0,51	0,43	-1,73	-0,14	0,31	-0,07	1,04	-0,17	-1,21	-19,7	0,00	-0,11	0,21	-1,39	-12,5	1,67	0,51	0,24	0,01	12,69	-230,35
VML065	1,98	2,46	-4,54	-2,69	-0,25	-0,14	0,21	-0,09	0,20	-3,87	-0,93	2,92	2,80	-2,95	27,89	-1,68	-0,13	0,25	-0,47	-1,63	-47,35
VML070	-0,28	-0,22	-3,42	-12,1	-0,35	-0,11	-0,74	0,40	-3,79	0,38	-0,52	0,29	-0,98	1,29	-9,37	0,97	-0,09	-0,24	0,32	-11,36	-181,29
VML118	-0,94	-1,14	15,88	-0,92	-0,23	0,32	0,51	-0,70	5,56	-13,4	1,06	-0,09	-1,12	2,46	2,23	2,90	0,45	-0,01	0,33	18,60	1567,59
VML139	-0,07	0,83	-13,1	-8,43	0,14	0,09	1,00	0,31	-3,52	-2,59	-0,15	0,07	1,25	-1,37	14,39	-4,10	-0,75	-0,11	-0,36	-17,46	-1060,4
VML144	-0,17	-0,34	-3,41	-0,83	0,11	-0,08	-0,66	0,10	2,54	26,15	-0,36	0,62	-0,76	0,13	-18,2	3,67	0,60	0,06	0,33	7,22	-437,19
VML181	1,85	2,18	-5,07	-0,37	-0,09	0,13	0,40	-0,74	5,64	-15,2	-0,32	-0,72	-0,45	-1,99	-37,4	-0,03	-0,12	-0,22	0,17	12,69	-1225,1

^{1/} FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; NNB, número de nós abaixo da espiga; NNA, número de nós acima da espiga; DC, diâmetro de colmo; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; CE, comprimento de espiga; DE, diâmetro de espiga; NFE, número de fileira de grãos; NGF, número de grãos por fileira; NGE, número de grãos por espiga; AG, área do grão; PEG, perímetro do grão; CG, comprimento do grão; LG, largura do grão; P1000, peso de mil grãos e PG, produtividade de grãos (kg ha⁻¹).

Em relação ao grupo I, ao analisar a influência da população de plantas nas estimativas de CGC para PG, observa-se que a maioria das linhagens se concentra próxima ao ponto de origem, com predominância nos quadrantes I e III (Fig. 2A). No quadrante I, estão VML035, VML038, VML103, VML154 e VML169, todas com CGC positiva em ambas as populações de plantas, o que indica alto potencial produtivo. A VML032, próxima ao quadrante II, apresentou CGC positiva na PT e negativa na PA. No quadrante III, VML003, VML058, VML158 e VML176 apresentaram CGC negativa em ambas as populações de plantas. A VML169 destacou-se com os maiores valores de CGC nas duas populações de plantas. No grupo II, a maioria das linhagens posicionaram-se no quadrante III, com CGC negativa em ambas as populações e, portanto, menor potencial produtivo (Fig. 2B). Por outro lado, VML022, VML029 e VML118, localizadas no quadrante I, apresentaram CGC positiva nas duas populações de plantas. A VML065, no quadrante II, apresentou CGC positiva na PT e negativa em PA, padrão semelhante ao da VML032. De forma geral, as linhagens de ambos os grupos tendem a se concentrar nos quadrantes I e III, com desempenho consistente frente às diferentes populações de plantas.

Figura 2. Estimativas de CGC para produtividade de grãos (PG) das 11 linhagens do grupo I (A) e do grupo II (B). Eixo X: CGC em população tradicional de plantas; eixo Y: CGC em população alta de plantas.



5.5 Capacidade específica de combinação

As estimativas de CEC dos 121 híbridos experimentais apresentaram certa consistência entre as duas populações de plantas (Tabela 8; Fig. 3; Anexo 2). De modo geral, a maioria dos híbridos se concentraram nos quadrantes I e III, e, assim, houve pouca influência da população de plantas no ranqueamento das estimativas de CEC. Os híbridos H84 (VML154/VML070), H61 (VML093/VML065) e H16 (VML032/VML030) destacaram-se em ambas as populações de plantas por apresentarem alta CEC, enquanto os híbridos H105 (VML165/VML065), H97 (VML158/VML139) e H66 (VML093/VML181) apresentaram os menores valores de CEC em ambas as populações de plantas. O híbrido H61 (VML093/VML065) destacou-se por apresentar alta CEC e baixa variação entre as populações de plantas. No entanto o híbrido H84 (VML154/VML070) obteve o maior valor de CEC em PA (1.167,41) e um valor intermediário na PT (308,97). O híbrido H16 (VML032/VML030) apresentou o comportamento oposto, com maior CEC na PT (919,95) e valor intermediário na PA (423,02).

Figura 3. Estimativas de CEC para produtividade de grãos (PG) dos 121 híbridos experimentais avaliados em duas populações de plantas. Eixo X: CEC em população tradicional de plantas; eixo Y: CEC em população alta de plantas.

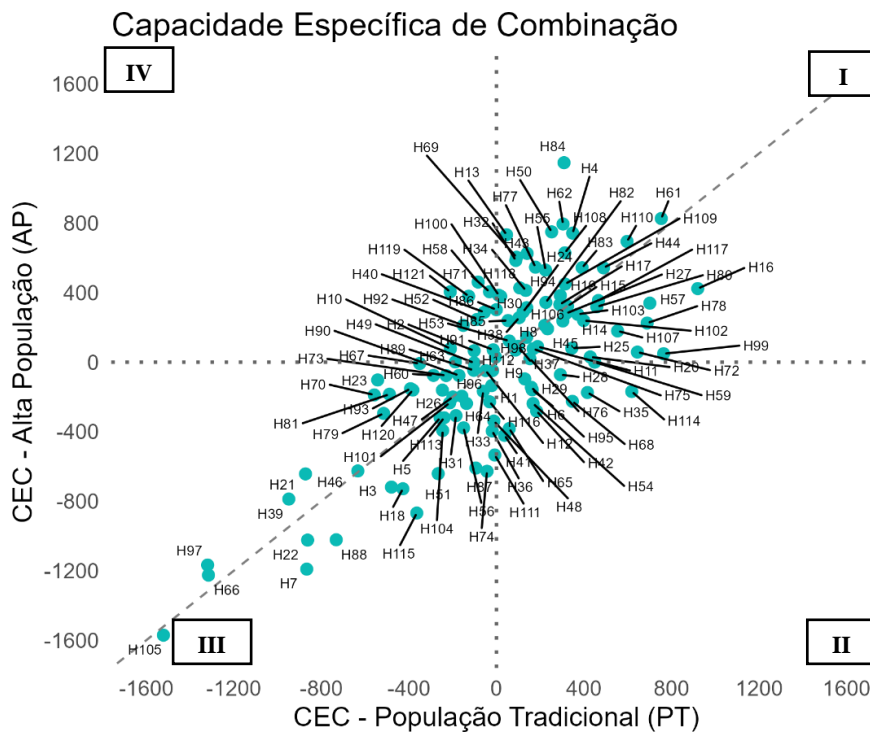


Tabela 8. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) para produtividade de grãos (PG) dos 121 híbridos experimentais avaliados em população de plantas tradicional e alta

<i>População Tradicional de Plantas</i>											
	VML003	VML032	VML035	VML038	VML058	VML093	VML103	VML154	VML158	VML169	VML176
	<i>População Tradicional de Plantas</i>										
VML005	-21,46	-49,19	-542,72	134,15	233,68	-150,08	-350,63	688,67	-103,65	10,58	-7,58
VML020	-101,82	46,13	138,29	415,93	-633,36	700,96	347,08	-515,52	-171,45	-213,80	-4,04
VML022	-479,75	303,33	344,22	-19,26	-199,21	-83,60	91,68	458,62	-14,76	398,34	-239,27
VML029	348,40	324,8	-246,90	99,09	-11,61	449,04	-558,26	-488,96	-151,36	371,51	618,13
VML030	-257,31	919,95	317,50	103,96	-101,66	-287,62	-31,71	225,73	-392,47	-245,46	-363,99
VML065	163,49	289,58	292,35	-948,82	252,50	753,27	644,27	391,62	122,02	-1.521,63	-31,14
VML070	-866,8	-427,54	129,67	-55,47	-266,09	304,46	-229,79	308,97	159,50	220,78	465,82
VML118	137,94	292,13	19,54	37,03	-88,57	-187,75	-42,94	53,12	-157,98	553,63	106,74
VML139	-17,64	428,83	-184,82	183,79	58,51	-136,82	167,69	-0,43	-1.319,74	312,69	-126,74
VML144	-210,02	-872,44	88,58	140,28	167,29	58,63	153,10	-94,06	87,59	313,35	-381,88
VML181	188,30	-862,94	-60,42	489,20	224,47	-1.315,77	178,22	-732,03	763,86	596,99	-210,85
	<i>População Alta de Plantas</i>										
VML005	-135,00	-48,71	-102,86	412,22	191,47	-378,20	-8,24	224,57	-47,18	384,36	-534,34
VML020	65,21	732,78	313,25	-174,99	-626,20	339,04	-225,65	-295,19	-76,66	-234,62	28,55
VML022	-719,02	236,57	79,64	-396,76	-200,79	460,51	603,33	318,14	70,73	238,89	-320,11
VML029	741,91	321,67	-161,35	91,26	-339,35	-0,57	-188,83	-185,12	211,21	275,15	-169,24
VML030	-320,17	423,02	279,36	255,83	-4,70	-76,42	404,57	343,55	-153,09	-393,53	-868,53
VML065	-159,24	331,46	-72,29	-787,94	749,32	826,02	57,53	543,00	288,97	-1.570,92	-228,55
VML070	-1.191,07	-728,73	-96,75	286,72	-641,68	794,33	-77,12	1.147,20	-145,15	211,38	354,22
VML118	142,50	382,76	378,36	-421,43	245,45	0,69	-627,95	239,08	-196,28	179,34	426,72
VML139	-48,41	29,57	-308,11	-282,41	121,67	-238,06	77,03	301,46	-1.167,41	628,73	379,14
VML144	77,66	-643,14	584,83	625,20	-238,46	-382,69	19,70	-609,66	69,48	448,95	-160,82
VML181	89,18	-1.023,97	-167,53	542,29	529,42	-1.225,50	546,16	-1.022,11	48,29	693,93	404,31

^{1/} As dez maiores estimativas de CEC em ambas as populações foram destacadas em negrito.

5.6 Desempenho dos híbridos nas diferentes populações de plantas

Na população tradicional de plantas, o híbrido experimental VML169/VML118 foi o mais produtivo e superou a melhor testemunha (BM709PRO2) em 3,03% para PG (Tabela 9). Os híbridos mais produtivos foram VML169/VML118, VML169/VML022 e VML169/VML029, com produtividades de 12.392, 12.256 e 12.098 kg ha⁻¹, respectivamente. Todos esses híbridos experimentais demonstraram precocidade em relação às testemunhas, com FM e FF que variaram de 63,16 a 64,41 dias; 62,65 a 64,40 dias, respectivamente. Enquanto a melhor testemunha apresentou 65,45 e 66,48 dias para FM e FF, respectivamente. Dentre os três melhores híbridos, AP e AE, variou entre 240,45 e 257,36 cm e 129,64 e 150,63 cm, respectivamente. O híbrido comercial BM709PRO2 também se destacou em relação a PG e ficou na quarta posição. Ressalta-se, que oito dos dez híbridos mais produtivos são híbridos experimentais, que apresentaram produtividade superior à dos híbridos comerciais.

Na população alta de plantas, o híbrido VML035/VML118 apresentou o maior PG, com 12.443 kg ha⁻¹, seguido por VML154/VML118 e DKB390PRO3, com 12.282 e 12.227 kg ha⁻¹, respectivamente. Os híbridos com maior produtividade em PA apresentaram plantas e espigas mais altas, com AP e AE entre 248,83 e 282,35 cm e entre 135,71 e 160,90 cm, respectivamente. Assim como na PT, a maioria dos híbridos mais produtivos em PA foram compostos por experimentais, que superaram as testemunhas comerciais. Destaca-se a frequência com que as linhagens parentais VML118 e VML169 predominam nos híbridos de maior produtividade em ambas as populações de plantas. A presença recorrente desses parentais nos cruzamentos de maior produtividade reforça seu potencial como linhagens superiores para programas de melhoramento voltados a diferentes populações de plantas.

Tabela 9. Estimativas das médias ajustadas dos dez híbridos de milho com maior produtividade de grãos para florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹) avaliados em população de plantas tradicional e alta

Híbrido	FM	FF	AP	AE	PG
<i>População Tradicional de Plantas</i>					
VML169/VML118	63,97	64,25	248,01	129,64	12.392,35
VML169/VML022	63,16	62,65	240,45	132,55	12.255,79
VML169/VML029	64,41	64,40	257,36	150,63	12.097,93
BM709PRO2	65,45	66,48	258,45	148,22	12.016,94
VML154/VML022	63,65	63,08	265,44	139,68	12.016,41
VML093/VML065	66,74	67,14	234,29	132,21	11.995,64
VML103/VML065	63,41	63,55	246,66	128,06	11.964,29
DKB390PRO3	65,77	64,93	246,59	143,29	11.924,50
VML032/VML030	65,47	65,60	257,64	145,14	11.916,57
VML176/VML029	63,04	63,28	279,20	147,77	11.877,25
<i>População Alta de Plantas</i>					
VML035/VML118	62,72	63,66	269,76	143,05	12.443,33
VML154/VML118	64,43	65,07	282,35	149,96	12.282,29
DKB390PRO3	65,97	65,31	248,83	147,73	12.227,46
VML169/VML118	63,75	65,19	260,76	135,71	12.172,42
VML032/VML118	64,96	66,34	270,73	146,89	12.045,34
VML169/VML029	65,71	65,68	269,25	160,90	11.943,37
VML154/VML070	66,43	67,19	266,08	141,85	11.937,65
VML103/VML022	61,93	62,41	268,69	137,43	11.829,12
VML176/VML118	63,25	64,49	277,93	136,74	11.776,68
VML058/VML118	62,14	63,42	261,90	146,64	11.737,66

^{1/} FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga e PG, produtividade de grãos (kg ha⁻¹).

6. Discussão

A avaliação da diversidade genética desempenha um papel fundamental na otimização da seleção de genitores, no aumento do ganho genético e na definição de estratégias de cruzamento em programas de melhoramento de híbridos, principalmente, para o milho, visto que o híbrido é o cultivar mais plantado no mundo (Erenstein et al., 2022; Sharma et al., 2020; Andorf et al., 2019). No contexto do melhoramento de milho tropical, a caracterização da diversidade genética e da estrutura populacional de linhagens tem se mostrado uma ferramenta eficaz na definição de grupos heteróticos e na orientação de cruzamentos, predominantemente em germoplasmas com origens genéticas complexas (Li et al., 2022). Neste estudo, a análise da diversidade genética entre as 22 linhagens tropicais demonstrou alteração nas distâncias genéticas. Essa variação, mesmo entre linhagens derivadas de um mesmo híbrido comercial, evidencia a complexidade da base genética presente no germoplasma tropical. De forma semelhante, Faria et al. (2022) observaram variabilidade genotípica e fenotípica em linhagens desenvolvidas pelo Programa Milho® da UFV, mesmo entre aquelas oriundas do mesmo híbrido comercial. Isso ocorre devido à prática comum no Brasil de autofecundação de híbridos comerciais, que resulta em linhagens com composições genéticas mistas e padrões de divergência complexos (Faria et al., 2022; Viana et al., 2020). Assim, os agrupamentos genéticos formados neste estudo corroboram com a literatura, ao mostrar que a estrutura genética de linhagens tropicais não segue padrões heteróticos claramente definidos, pois incluem a distribuição de linhagens geneticamente próximas com origens distintas, e de linhagens geneticamente distantes com origens semelhantes. Resultados semelhantes foram encontrados por Kamara et al. (2020), que identificaram ampla variabilidade genética entre linhagens avaliadas com base em marcadores moleculares, que permitiu a seleção de genitores com maior potencial combinatório, principalmente em populações altas de plantas. Dessa forma, os resultados deste trabalho reforçam o potencial dos marcadores moleculares como abordagem eficaz para a caracterização da diversidade genética e a formação de grupos heteróticos em programas de melhoramento de milho tropical.

Os híbridos podem apresentar grande variabilidade, que é determinada pela interação dos genes de seus parentais (Zhang et al., 2016). Em relação ao comportamento dos híbridos, houve efeito de híbridos para todos os caracteres avaliados em ambas as populações de plantas, que evidencia a variação genotípica entre os cruzamentos. O ambiente também influenciou significativamente todos os caracteres, tanto na população tradicional quanto na população alta de plantas, que indica interação genótipos x ambientes. A ampla variação genotípica observada nas duas populações de plantas, com maior amplitude na população tradicional, reflete a

variabilidade genética dos híbridos avaliados. Essa maior variação fenotípica na população tradicional de plantas, principalmente para caracteres relacionados à arquitetura de planta, à espiga e aos grãos, está associada à menor competição intraespecífica, o que favorece o desenvolvimento pleno das plantas. A resposta dos caracteres de arquitetura de planta à população encontrada neste estudo está em concordância com estudos anteriores, que demonstraram que a AP e AE aumentaram, e DC diminuiu linearmente com o aumento da população de plantas no milho (Dias et al., 2019; Li et al., 2018; Testa et al., 2016; Leolato et al., 2017; Van Roekel e Coulter, 2012). De acordo com Sangoi et al. (2002), a AP aumenta na mesma taxa que a população de plantas devido à competição intraespecífica por luz, que resulta no estímulo da dominância apical. Como foi encontrado alterações da média próxima de zero para NNB e NNA, é provável que a resposta da AP, AE e DC à população de plantas esteja associada ao comprimento do internódio, que se torna mais longo e fino em resposta ao aumento da população de plantas (Stanger e Lauer, 2006; Sangoi et al., 2002).

O número de fileiras por espiga é definido em um estágio inicial, aproximadamente em V7, e é controlado predominantemente por efeitos aditivos (Abendroth et al., 2011; Darby e Lauer, 2006). De acordo com Testa et al. (2016), neste estágio de desenvolvimento, a planta de milho ainda não sofreu com a competição intraespecífica causada por populações altas de plantas, o que justifica a estabilidade relativa desse caractere, que também foi observada no presente estudo, onde a interação híbrido por ambiente para NFE não foi significativa na população alta de plantas e apresentou uma pequena alteração da média entre as populações de plantas. No entanto, a maioria dos outros caracteres de espiga e de grãos são definidos em um estágio fenológico mais avançado do desenvolvimento da planta; NGF e NGE; CE, P1000 e AG são determinados nos estádios V12 e R2-R3, respectivamente. Assim, neste estudo, os caracteres NGF, NGE, CE, P1000 e AG apresentaram efeito em população alta de plantas, que indica a influência dos fatores ambientais, como a competição intraespecífica resultante de um maior número de plantas por área. Os resultados deste estudo estão de acordo com a maioria dos estudos recentes que demonstraram redução linear dos caracteres de espiga e de grãos em resposta ao aumento da população de plantas no milho (Xu et al., 2017a; Milander et al., 2016; Qian et al., 2016; Testa et al., 2016). Em um estudo com milho tropical, Trachsel et al. (2015) não observaram variação da produtividade em função da população de plantas em condições ótimas, embora a produtividade tenha diminuído linearmente com o aumento da população de plantas em condições deficientes em nitrogênio. Xu et al. (2017b) relataram maior produtividade em baixas populações de plantas e em condições favoráveis. Independentemente dos fatores ambientais, a resposta da produtividade ao aumento da população de plantas

frequentemente segue um modelo quadrático (Assefa et al., 2018; Li et al., 2018; Leolato et al., 2017; Trachsel et al., 2015). Contudo, condições edafoclimáticas e manejo, influenciam significativamente a determinação de uma população de plantas ótima (Xu et al., 2017a; Hernandez et al., 2014). De acordo com Testa et al. (2016), uma população alta de plantas pode ser mais sensível ao estresse hídrico, pois a maior cobertura vegetal aumenta a evapotranspiração, ao mesmo tempo em que a fertilidade do solo é utilizada por mais plantas. Assim, a definição da população de plantas ideal deve considerar o ambiente de cultivo, que se recomenda uma menor população de plantas em locais de menor potencial produtivo (Assefa et al., 2018).

O conhecimento sobre os efeitos de CGC e CEC é fundamental no melhoramento genético, pois orienta a escolha das estratégias mais adequadas para o melhoramento de cada caractere. Um dos principais desafios enfrentados pelos melhoristas é o controle genético complexo de caracteres importantes, como a produtividade, que envolve múltiplos genes e é fortemente influenciado por fatores ambientais (Hallauer et al., 2010). Neste estudo, a significância das estimativas de CGC nos dois grupos e de CEC para quase todos os caracteres avaliados, em ambas as populações de plantas, indicam a contribuição de genes com efeito aditivo e não-aditivo no controle genético dos caracteres avaliados. Isso demonstra que as linhagens de cada grupo são geneticamente divergentes. Essa diversidade genética é importante, pois, mesmo em germoplasmas de alta produtividade, a variabilidade genética pode ser aproveitada por meio de estratégias de melhoramento que envolvem tanto efeitos aditivos quanto não aditivos. Para os caracteres de ciclo, arquitetura de planta e caracteres de grãos, observou-se uma predominância da ação gênica aditiva. Essa ocorrência foi reforçada pelas maiores magnitudes das variâncias aditivas (σ_A^2) em relação aos desvios de dominância (σ_D^2), bem como pelos valores intermediários a altos de herdabilidade no sentido restrito. Esses resultados indicam que estratégias de melhoramento que exploram os efeitos aditivos, como a seleção recorrente intrapopulacional e a seleção baseada no desempenho *per se* das linhagens, podem ser mais eficientes para fixar os alelos favoráveis desses caracteres (Hallauer et al. 2010). Nos caracteres de espiga e de grãos (CE, NGF, NGE e P1000) e em PG, a ação gênica aditiva predominou em relação aos efeitos não aditivos em ambas as populações de plantas. Contudo, as baixas estimativas de herdabilidade no sentido restrito (<0,50) para esses caracteres, indicam uma considerável influência ambiental, o que torna a seleção mais complexa, apesar da predominância aditiva. A predominância da ação gênica aditiva para PG encontrada nesse estudo está em discordância com estudos como os de Mansfield e Mumm (2014) e Abdel-Aty et al. (2019), que relataram um maior efeito gênico não aditivo no controle

da herança da produtividade em diferentes populações de plantas. Portanto, para o melhoramento da produtividade de grãos, a estratégia mais adequada é a hibridação para maximizar a exploração da heterose, aliada a métodos que considerem simultaneamente os efeitos aditivos e de dominância. Nesse contexto, a seleção deve ser realizada com base no desempenho dos híbridos, com avaliações em múltiplas condições ambientais e em diferentes populações de plantas (Badu-Apraku et al., 2016). De modo geral, para a maioria dos caracteres avaliados nesse estudo, a ação gênica aditiva apresentou uma maior contribuição para a variabilidade fenotípica dos híbridos, o que está em concordância com Al-Naggar et al. (2017a). Divergências entre os resultados desse estudos e os de estudos anteriores podem ser explicadas pelo uso de germoplasma diferente, que pode resultar em padrões variados de ação gênica (Apud-Rehan et al. 2020).

O milho, por ser cultivado em diferentes estados brasileiros e em diversas condições edafoclimáticas, apresenta interação entre genótipos e os ambientes, o que dificulta o melhoramento e o posicionamento correto dos cultivares, que pode gerar inversão na recomendação de híbridos entre regiões (Oliboni et al., 2013). A significância das interações CGC com ambiente em ambos os grupos e para a maioria dos caracteres reforça que o efeito aditivo das linhagens foi influenciado pelas condições ambientais. Essa variação também foi relatada por Adewale et al. (2018), ao observar interações significativas em condição de seca induzida. Por outro lado, as interações CEC com ambientes, restrita a poucos caracteres como AP, AE, DC, NGF, AG e LG; FM, FF e LF em população tradicional e alta de plantas, respectivamente, sugerem uma maior contribuição dos efeitos não aditivos para esses caracteres nesses ambientes. Isso pode indicar que, embora os desvios de dominância e epistasia influenciem a expressão de certos caracteres, seu impacto é mais restrito e dependente de condições específicas. A ausência de interações CEC com ambiente para a maioria dos caracteres, como produtividade, aponta para a consistência do desempenho dos híbridos e para estimativas de CEC para PG, que foram pouco influenciadas pelo ambiente. Esses resultados divergem com Kamara et al. (2020) que relataram efeitos significativos da interação CEC com ambiente e populações de plantas.

As informações dos efeitos de capacidade de combinação são fundamentais para identificar linhagens com alta frequência de alelos favoráveis e híbridos divergentes com alta heterose, que auxiliam na seleção de linhagens que originem híbridos de desempenho superior (Obeng-Bio et al., 2019; Sprague; Tatum, 1942). O aumento da população de plantas em milho pode provocar mudanças significativas em características como a altura e a inserção da espiga (Carvalho et al., 2020; Kamara et al., 2020; Zeleke et al., 2018). No entanto, outras pesquisas

indicam que populações altas de plantas podem reduzir componentes produtivos, como o comprimento da espiga, o número e a massa de grãos por espiga, e a produtividade total (Winans et al., 2021; Zhang et al., 2021; Mylonas et al., 2020; Testa et al., 2016;). Diante desse cenário, características de arquitetura da planta, como menor altura da planta e de espiga, maior resistência do colmo, folhas mais estreitas, ângulos menores entre as folhas e o colmo, além de maior sincronia no florescimento e ausência de esterilidade, tornam-se fundamentais para aumentar a tolerância do milho a populações altas de plantas (Sanddhu; Dhillon, 2021; Kamara et al., 2020; Sangoi, 2000). Assim, linhagens com CGC negativa para ciclo e arquitetura de planta, e CGC positiva para produtividade são as mais indicadas para o avanço dos programas de melhoramento. Neste estudo, observou-se que, em geral, a maioria das linhagens de ambos os grupos, apresentaram variação discreta para as estimativas de CGC da maioria dos caracteres entre as populações de plantas, exceto para NGE e PG, com VML032, VML038 e VML065 que se destacam na população tradicional de plantas e apresentaram desempenho contrário em população alta de plantas. Esse comportamento pode estar relacionado à expressão de alelos com efeitos aditivos que favoreceram esses caracteres em população tradicional, mas que tiveram sua ação reduzida em população alta de plantas. Entre as linhagens com CGC positiva para PG em ambas as populações de plantas, destacaram-se VML169, VML035, VML022, VML029 e VML118. VML169 e VML035 apresentaram altas estimativas de efeitos de CGC para produtividade e estimativas negativas de CGC para os caracteres de arquitetura de planta, que contribuem para maior tolerância ao acamamento; VML022, VML029 e VML118 combinaram alto efeito de CGC para produtividade, e CGC negativa para caracteres de ciclo e da área foliar, embora VML118 e VML029 tenham apresentado CGC positiva para altura de planta. A superioridade dessas linhagens para PG pode estar relacionada à presença de diversos atributos favoráveis, como a alta frequência de alelos favoráveis para aumentar PG e efeitos negativos de CGC em outros caracteres, como ciclo reduzido, menor área foliar e menor altura de inserção da espiga. Essas características, em conjunto, indicam uma maior eficiência no uso dos recursos disponíveis, o que torna essas linhagens promissoras para programas de melhoramento direcionados a populações altas de plantas. Esses resultados corroboram com estudos anteriores, que indicam que efeitos positivos de CGC para produtividade e negativos para ciclo e arquitetura são indicadores adequados de tolerância à populações altas de plantas (Al-Naggar et al., 2016).

As estimativas dos efeitos de CEC são importantes para compreender a contribuição dos efeitos gênicos não aditivos, como desvio de dominância e epistasia, que estão associados ao vigor híbrido e auxiliam na identificação das melhores combinações híbridas (Reif et al., 2007).

Esses efeitos geralmente refletem o grau de divergência genética entre os genitores utilizados nos cruzamentos. Para este estudo, observou-se que ambos os efeitos aditivos e não aditivos foram importantes no controle genético da maioria dos caracteres, principalmente para PG. Com isso, a análise das estimativas de CEC torna-se importante para o processo de seleção. Para o desenvolvimento de híbridos superiores, é recomendado o cruzamento entre linhagens que reúnam alta frequência de alelos favoráveis para os caracteres desejados e que sejam geneticamente divergentes (Hallauer et al., 2010). Dessa forma, ao se buscar novas combinações híbridas, o ideal é selecionar linhagens com elevado efeito de CGC e que originem cruzamentos com altas estimativas de CEC. Neste estudo, as estimativas de CEC dos híbridos apresentaram certa consistência entre as populações de plantas, o que indica que a população de plantas não afetou as estimativas. Com isso, podemos selecionar os híbridos VML154/VML070, VML169/VML181 e VML003/VML029 que apresentaram alta CEC e em que uma das linhagens parentais apresentou alta CGC em ambas as populações de plantas. No presente trabalho, observou-se que as combinações com maior CEC resultaram do cruzamento entre parentais alocados em grupos heteróticos distintos e com distância genéticas acima da média geral. Curiosamente, as linhagens com maior distância genética entre si apresentaram CEC negativa em ambas as populações de plantas, como observado no cruzamento VML029/VML035. Padrão semelhante foi descrito por Bernardo (2022) ao analisar as linhagens B73 e Mo17, que, apesar da grande divergência genética, apresentaram CEC negativa para produtividade de grãos. Segundo o autor, esse resultado decorre de diferentes fases de ligação entre marcadores e variantes causais, que evidenciam que a elevada divergência genética pode, em alguns casos, gerar efeitos negativos. De forma complementar, Fernandes et al. (2015) atribuíram esse fenômeno à ausência de dominância ou à falta de associação dos marcadores moleculares com os locos de características quantitativas que efetivamente controlam a produtividade, o que dilui a relação esperada entre heterose e heterozigosidade. Por outro lado, cruzamentos entre linhagens do mesmo grupo heterótico, com menor distância genética, como VML169/VML065 e VML093/VML181, resultaram nas menores estimativas de CEC, associadas à baixa heterose observada, que reforça a premissa de que certo nível de divergência genética é necessário para a expressão dos efeitos dos desvios de dominância associados à heterose. Assim, embora Fernandes et al. (2015) não tenham encontrado correlação geral significativa entre distância genética e heterose para a produtividade em milho, a identificação de híbridos superiores, mesmo em cenários de CEC negativa entre linhagens geneticamente distantes ou de baixa CEC entre linhagens próximas, ressalta a importância de explorar distâncias genéticas como ferramenta preditiva no melhoramento, que possibilita a

seleção de combinações parentais promissoras para gerar híbridos heteróticos e produtivos, que otimizam a formação de populações base voltadas ao aumento da produtividade de grãos.

Em relação ao desempenho dos híbridos, os híbridos VML169/VML118 e VML169/VML029 destacaram-se por apresentarem maior produtividade, menor altura de planta e ciclo reduzido em comparação aos demais híbridos selecionados, com desempenho consistente em ambas as populações de plantas, os quais são indicados como os mais responsivos e tolerantes à populações altas de plantas. O híbrido VML169/VML118 destacou-se ao superar as testemunhas comerciais BM709PRO2 e DKB390PRO3 na população tradicional de plantas e ao apresentar produtividade semelhante ao DKB390PRO3 na população alta de plantas. Além disso, esse híbrido apresentou menores valores para caracteres de ciclo e arquitetura de planta em comparação às testemunhas, em ambas as populações de plantas. Esses resultados indicam o potencial do VML169/VML118 para futuras avaliações em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), principalmente em sistemas que visam maior tolerância à populações altas de plantas. Curiosamente, os híbridos selecionadas com base nos valores genotípicos são oriundos dos cruzamentos entre linhagens de diferentes grupos heteróticos, com maiores distâncias genéticas entre elas e as linhagens parentais apresentaram alta CGC para PG. Esses resultados corroboram com Al-Naggar et al. (2015), que destacaram a importância de selecionar híbridos com alta produtividade, menores alturas de planta e inserção de espiga e maior precocidade em população alta de plantas.

7. Conclusões

Conclui-se que a herança dos caracteres avaliados é controlada por efeitos aditivos e não aditivos, com predominância dos efeitos aditivos na maioria dos caracteres. Para caracteres de arquitetura de planta e morfologia de grãos, nos quais os efeitos aditivos são preponderantes, recomenda-se a adoção de esquemas de melhoramento baseados em seleção recorrente. A população de plantas não afetou as estimativas de CGC, isso sugere que a seleção em população alta de plantas não é recomendada para as linhagens, dada a constância do desempenho delas. Por outro lado, mesmo com a constância da CEC dos híbridos entre as populações de plantas, eles devem ser avaliados em populações mais altas de plantas, visto que a produtividade é muito influenciada pelo ambiente. Destacam-se as linhagens VML118, VML169, VML154, VML103, VML035 como fontes de alelos favoráveis para tolerância a populações altas de plantas. Além das combinações envolvendo VML169 e VML035 (grupo 1) e VML022 e VML118 (grupo 2), promissoras para a formação de novos híbridos e populações de melhoramento. Entre os híbridos experimentais, VML169/VML118 e VML169/VML029 apresentaram desempenho consistente em ambas as populações de plantas, o que os torna candidatos potenciais para avaliação em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) e eventual recomendação comercial.

8. Referências bibliográficas

- ABIMILHO – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DO MILHO. *Consumo de milho humano e industrial do Brasil – 2022*. Disponível em: <http://www.abimilho.com.br/estatisticas/consumo>. Acesso em: 06 mar. 2025.
- ABDEL-ATY, M.; EL-HITY, M.; AMER, E.; EL-MOUSLHY, T. Selection of maize (*Zea mays*) hybrids for plant density tolerance. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, v. 89, n. 6, p. 951-957, 2019.
- ABENDROTH, L. J.; ELMORE, R. W.; BOYER, M. J.; MARLAY, S. K. Corn growth and development. PMR 1009. Ames: *Iowa State University Extension*, 2011. 50 p.
- ABRÀMOFF, M. D.; MAGALHÃES, P. J.; RAM, S. J. Image processing with ImageJ. *Biophotonics International*, v. 11, n. 7, p. 36-42, 2004.
- ADETOGUN, A.; LAGA, M. C. M.; AMEGBOR, N. L.; SAMBALA, E. H.; ARAVIND, R. V. K. P. K.; GAKIGE, J. Combining ability analysis and heterotic grouping for grain yield among maize inbred lines selected for the mid-altitude and highland zones of Rwanda. *Plant Breeding Research*, v. 38, n. 4, p. 308-319, out. 2020.
- ADEWALE, R. O.; ELEGBEDE, B. O.; OLAOYE, G.; ALAKE, C. O.; AKINWALE, R. O.; OYEKUNLE, M. A.; MENKIR, A.; BADU-APRAKU, B. Genetic progress in grain yield of maize in Nigeria under drought and optimal conditions. *Euphytica*, v. 214, n. 1, p. 1-13, 2018.
- AKINTAYO, S. O.; OBISESAN, I. O.; ADEWALE, G. A.; OYEKALE, S. T.; ADEWUMI, G. B.; OJO, O. J. Partial diallel mating design to assess combining ability and categorize maize inbred lines into heterotic groups. *Crop Science*, Madison, v. 64, n. 1, p. 574-589, jan. 2024.
- AL-NAGGAR, A. M. M.; SHABANA, R. A.; ATTA, M. M.; AL-KHALIL, T. H. Maize response to elevated plant density combined with lowered N-fertilizer rate is genotype-dependent. *The Crop Journal*, v. 3, n. 2, p. 96-109, 2015.
- AL-NAGGAR, A. M. M.; ATTA, M. M.; AHMED, M.; YOUNIS, A. Mean performance, heterobeltiosis and combining ability of corn (*Zea mays* L.) agronomic and yield traits under elevated plant density. *Journal of Applied Life Sciences International*, v. 7, n. 1, p. 1-20, 2016.
- AL-NAGGAR, A.; ATTA, M. Elevated plant density effects on performance and genetic parameters controlling maize (*Zea mays* L.) agronomic traits. *Journal of Advanced Biology and Biotechnology*, v. 12, n. 1, p. 1-20, 2017a.
- AMARAL FILHO, J. R.; FORNASIERI FILHO, D.; FARINELLI, R. B.; BARBOSA, J. C. Espaçamento, densidade populacional e adubação nitrogenada na cultura do milho. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, Campinas, v. 29, p. 467-473, 2005.
- ANDORF, C.; BEAVIS, W. D.; HUFFORD, M.; SMITH, S.; SUZA, W. P.; WANG, K.; WOODHOUSE, M.; YU, J.; LÜBBERSTEDT, T. Technological advances in maize breeding: past, present and future. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 132, n. 3, p. 817-849, 2019.
- ANNOR, B.; BADU-APRAKU, B.; NYADANU, D.; AKROMAH, R.; FAKOREDE, M. A. B. Identifying heterotic groups and testers for hybrid development in early maturing

yellow maize (*Zea mays*) for sub-Saharan Africa. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 39, n. 4, p. 1537-1550, jul./ago. 2018.

- APUD-REHAN, M.; KAMARA, M. M.; IBRAHIM, K. M.; ALSOHIM, A. S.; ELSHARKAWY, M. M.; KHEIR, A. M. S.; HAFEZ, E. M.; EL-ESAWI, M. A. Genetic diversity and combining ability of white maize inbred lines under different plant densities. *Plants*, v. 9, n. 9, p. 1140, 2020.
- ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; SANGOI, L. Arranjo de plantas em milho: análise do estado-da-arte. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 31, n. 6, p. 1075-1084, 2001.
- ASSEFA, Y.; CARTER, P.; HINDS, M.; BHALLA, G.; SCHON, R.; JESCHKE, M.; PASZKIEWICZ, S.; SMITH, S.; CIAMPITTI, I. A. Analysis of long term study indicates both agronomic optimal plant density and increase maize yield per plant contributed to yield gain. *Scientific Reports*, v. 8, n. 1, p. 1-11, 2018.
- BADU-APRAKU, B.; BANKOLE, F. A.; FAKOREDE, M. A. B.; OGBE, G.; BANDYOPADHYAY, R.; ORTEGA-BELTRAN, A. Combining ability and heterotic grouping of turcicum-resistant early-maturing maize inbreds. *Agronomy Journal*, Madison, v. 113, n. 4, p. 3560-3577, jul. 2021.
- BADU-APRAKU, B.; OYEKUNLE, M.; FAKOREDE, M. A. B.; VROH, I.; AKINWALE, R. O.; ADEROUNMU, M. Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments. *Euphytica*, v. 192, n. 3, p. 413-433, 2013.
- BAGHERI, N.; JELODAR, N. B. H. Heterosis and combining ability analysis for yield and related-yield traits in hybrid rice. *International Journal of Biology*, v. 2, n. 2, p. P222, 2010.
- BALBINOT JÚNIOR, A. A.; FLECK, N. G. Competitividade de dois genótipos de milho (*Zea mays*) com plantas daninhas sob diferentes espaçamentos entre fileiras. *Planta Daninha*, v. 23, n. 3, p. 415-421, 2005.
- BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using 'lme4'. R package version, versão 1.1-27.1, 2021.
- BECKETT, T. J.; MORALES, A. J.; KOEHLER, K. L.; ROCHEFORD, T. R. Genetic relatedness of previously plant-variety-protected commercial maize inbreds. *PLoS ONE*, San Francisco, v. 12, n. 12, p. 1-23, 2017.
- BERNARDO, Rex. Covariance between nonrelatives in maize. *Heredity*, London, v. 129, p. 155-160, 2022.
- BERUSKI, G. C.; SCHIEBELBEIN, L. M.; PEREIRA, A. B. Maize yield components as affected by plant population, planting date and soil coverings in Brazil. *Agriculture*, Basel, v. 10, n. 12, 2020.
- BIDHENDI, M. Z.; CHOUKAN, R.; DARVISH, F.; MOSTAFAVI, K.; MAJIDI, E. Classifying of maize inbred lines into heterotic groups using diallel analyses. *International Scholarly and Scientific Research & Innovation*, [S.l.], v. 6, n. 7, p. 556-559, 2012.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. *Melhoramento de plantas*. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.

- BUTLER, D. G.; CULLIS, B. R.; GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; THOMPSON, R. ASReml-R 1909: reference manual version 4. Hemel Hempstead: *VSN International*, 2018.
- CARENA, M. J.; CROSS, H. Plant density and maize germplasm improvement in the northern Corn Belt. *Maydica*, v. 48, n. 2, p. 105-0111, 2003.
- CARENA, M. J.; HALLAUER, A. R. Expression of heterosis in Leaming and Midland Yellow Dent maize populations. *Journal of the Iowa Academy of Science*, Ames, v. 108, p. 73-78, 2001.
- CARVALHO, M. W. L.; BASTOS, E. A.; CARDOSO, M. J.; ANDRADE, A. S.; SOUSA, C. A. F. Spatial arrangement of maize plants aiming to maximize grain yield in the hybrid BRS-3046. *Australian Journal of Crop Science*, Lismore, v. 14, n. 10, p. 1662-1669, 2020.
- CERRUDO, D.; HERNÁNDEZ, M.; TOLLENAAR, M.; VEGA, C. R.; ECHARTE, L. Kernel number response to plant density in tropical, temperate, and tropical × temperate maize hybrids. *Crop Science*, Madison, v. 60, n. 1, p. 381-390, 2020.
- CIAMPITTI, I. A.; VYN, T. J. Physiological perspectives of changes over time in maize yield dependency on nitrogen uptake and associated nitrogen efficiencies: A review. *Field Crops Research*, Amsterdam, v. 133, p. 48–67, 2012.
- CHEN, G.; WEIL, R. R. Root growth and yield of maize as affected by soil compaction and cover crops. *Soil & Tillage Research*, Amsterdam, v. 117, p. 17–27, 2011.
- CHRISTIE, B. R.; SHATTUCK, V. I. The diallel cross: design, analysis, and use for plant breeders. *Plant Breeding Reviews*, New York: Wiley, v. 74, p. 9-36, 2010.
- COCKERHAM, C. C.; WEIR, B. S. Quadratic analyses of reciprocal crosses. *Biometrics*, [S.l.], v. 33, n. 1, p. 187-203, 1977.
- COELHO, I. F.; ALVES, R. S.; PEIXOTO, M. A.; TEODORO, L. P. R.; TEODORO, P. E.; PINTO, J. F. N.; REIS, E. F.; BHERING, L. L. Multi-trait multi-environment diallel analyses for maize breeding. *Euphytica*, [S.l.], v. 216, n. 9, p. 1-17, 2020.
- COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in population of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, [S.l.], v. 4, n. 4, p. 254-266, 1948.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. *Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2024/2025, sétimo levantamento*. Brasília: CONAB, mar. 2025. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 10 mar. 2025.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. *Boletim da safra de grãos*. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso em: 10 mar. 2025.
- COX, W. J. Whole-plant physiological and yield responses of maize to plant density. *Agronomy Journal*, Madison, v. 88, n. 3, p. 489-496, 1996.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

- DARBY, H.; LAUER, J. Plant Physiology: Critical Stages in the Life of a Corn Plant. In: Corn Diagnostic Guide. *University of Wisconsin Extension*, p. 17-22, 2006.
- DIAS, F. S.; REZENDE, W. M.; ZUFFO, L. T.; CAIXETA, D. G.; MASSENSINI, M. A.; RIBEIRO, J. I.; DELIMA, R. O. Agronomic responses of maize hybrids to row spacing and plant population in the summer and winter seasons in Brazil. *Agronomy Journal*, Madison, v. 111, n. 6, p. 3119-3129, 2019.
- DIAS, K. O. G.; PIEPHO, H. P.; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. D. O.; PARENTONI, S. N.; PINTO, M. D. O.; PASTINA, M. M. Novel strategies for genomic prediction of untested single-cross maize hybrids using unbalanced historical data. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 133, n. 2, p. 443–455, 2020.
- DUVICK, D. N. Genetic rates of gain in hybrid maize yields during the past 40 years. *Maydica*, Bergamo, v. 22, n. 4, p. 187-196, 1997.
- DUVICK, D. N.; CASSMAN, K. G. Post–green revolution trends in yield potential of temperate maize in the North Central United States. *Crop Science*, Madison, v. 39, n. 6, p. 1622–1630, 1999.
- DUVICK, D. N.; SMITH, J. S. C.; COOPER, M. Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. *Plant Breeding Reviews*, New York: Wiley, v. 24, p. 109-152, 2004.
- DUVICK, D. N. The Contribution of Breeding to Yield Advances in maize (*Zea mays* L.). *Advances in Agronomy*, v. 86, p. 83-145, 2005.
- EAST, E. M. Inbreeding in corn. *Report Connecticut Agricultural Experiment Station*, New Haven, v. 1, p. 419-428, 1908.
- EDMEADES, G. O.; TREVISAN, W.; PRASANNA, B. M.; CAMPOS, H. Tropical maize (*Zea mays* L.). In: CAMPOS, H.; CALIGARI, P. D. Genetic improvement of tropical crops. Cham: Springer International Publishing, 2017. p. 57-109.
- ERENSTEIN, O.; JALETA, M.; SONDER, K.; MOTTALEB, K.; PRASANNA, B. M. Global maize production, consumption and trade: trends and R&D implications. *Food Security*, [S.l.], p. 1-25, 2022.
- ERTIRO, B. E.; BATUWA, T. A.; ABEBE, B.; GETACHEW, B.; VISSERS, W.; DUPLESSIS, T.; OBI, I. U.; BARONNIER, G.; GRÜNER, D.; ALEMAYEHU, F.; MELKAM, A.; BOLTER, C.; DADDA, M.; STÜR, W. Genetic variation and population structure of Ethiopian maize inbred lines. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 64, n. 2, p. 345–360, 2017.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to quantitative genetics*. 3. ed. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, 1996.
- FARIA, I. K. P. D.; VIEIRA, J. L. V.; TENELLI, S.; ALMEIDA, R. E. M. D.; CAMPOS, L. J. M.; COSTA, R. V. D.; ZAVASCHI, E.; ALMEIDA, R. F. D.; CARNEIRO, L. D. M.; OTTO, R. Optimal plant density and nitrogen rates for improving off-season corn yields in Brazil. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v. 76, n. 4, p. 344-352, 2019.
- FARIA, S. V.; ZUFFO, L. T.; REZENDE, W. M.; CAIXETA, D. G.; PEREIRA, H. D.; AZEVEDO, C. F.; DELIMA, R. O. Phenotypic and molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil. *BMC Genomics*, [S.l.], v. 23, n. 54, 2022.

- FASAHAT, P.; RAJABI, A.; RAD, J. M.; DERERA, J. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. *Biometrics & Biostatistics International Journal*, [S.l.], v. 4, n. 1, p. 1-24, 2016.
- FERNANDES, E. H.; SCHUSTER, I.; SCAPIM, C. A.; VIEIRA, E. S.; COAN, M. M. Genetic diversity in elite inbred lines of maize and its association with heterosis. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 6509-6517, 2015. DOI: <https://doi.org/10.4238/2015.June.12.3>.
- FRISTCHE-NETO, R.; AKDEMIR, D.; JANNINK, J. L. Accuracy of genomic selection to predict maize single-crosses obtained through different mating designs. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 131, p. 1153–1162, 2018.
- FROMME, D. D.; SPIVEY, T. A.; GRICHAR, W. J. Agronomic response of corn (*Zea mays* L.) hybrids to plant populations. *International Journal of Agronomy*, [S.l.], v. 2019, p. 1-8, 2019.
- GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. *Milho: do plantio à colheita*. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. 382 p.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, [S.l.], v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.
- GGYENES-HEGYI, Z.; PÓK, A.; KIZMUS, L.; AL, E. Plant height and height of the main ear in maize (*Zea mays* L.) at different locations and different plant densities. *Acta Agronomica Hungarica*, v. 50, n. 1, p. 75-84, 2002.
- GONHI, T.; ODONG, T. L.; DRAMADRI, I. O.; OCHWO-SSEMAKULA, M.; CHITEKA, Z. A.; ADJEL, E. A.; MUUNGANI, D.; MENKIR, A.; BADU-APRAKU, B.; ADEJUMOBI, I.; UWIMANA, B.; DHLIWAYO, T.; WEGARY, D.; DERERA, J. Assessment of genetic diversity and heterotic alignment of CIMMYT and IITA maize inbred lines adapted to sub-Saharan Africa. *BMC Plant Biology*, London, v. 23, n. 1, p. 114, 2023.
- GONZALEZ, V. H.; TOLLENAAR, M.; BOWMAN, A.; GOOD, B.; LEE, E. A. Maize yield potential and density tolerance. *Crop Science*, Madison, v. 58, n. 2, p. 472-485, 2018.
- GONZÁLEZ, S.; CÓRDOVA, H.; RODRÍGUEZ, S.; LEÓN, H.; SERRATO, V. M. Determinación de un patrón heterótico a partir de la evaluación de un dialelo de diez líneas de maíz subtropical. *Agronomía Mesoamericana*, [S.l.], v. 8, p. 1-7, 1997.
- GOURIÉROUX, C.; HOLLY, A.; MONFORT, A. Likelihood ratio test, Wald test, and Kuhn-Tucker test in linear models with inequality constraints on the regression parameters. *Econometrica*, Chicago, v. 50, n. 1, p. 63-80, 1982.
- GRASSI, P. G. M.; COSTA ANDRADE, J. A.; SILVA, C. L. S. P.; MORAES, M. L. T.; CERESINI, P. C. Divergência genética entre linhagens de milho utilizando microssatélites e correlação com desempenho de híbridos simples. *Revista de Ciências Agrônomicas*, Fortaleza, v. 24, n. 1, p. 1-16, 2015.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

- GUIMARÃES, L. J. M.; TRINDADE, R. S.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. Desenvolvimento de linhagens. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). *Melhoramento de milho*. Viçosa: Editora UFV, p. 102 – 129, 2018.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. New York: Springer Science + Business Media, Inc., 663p., 2010.
- HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A.; LAMKEY, K. R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY, J. W. (Eds). *Corn and corn improvement*. Wisconsin: Agronomy Monograph, p. 463–564, 1988.
- HAYMAN, B. I. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, v. 10, n. 2, p. 235-244, 1954a.
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, v. 39, n. 6, p. 789-808, 1954b.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, v. 31, n. 2, p. 423–447, 1975.
- HERNANDEZ, F.; AMELONG, A.; BORRÁS, L. Genotypic differences among argentinean maize hybrids in yield response to stand density. *Agronomy Journal*, v. 106, n. 6, p. 2316-2324, 2014.
- HERNANDEZ, M. D.; ALFONSO, C.; CERRUDO, A.; CAMBARERI, M.; DELLA MAGGIORA, A.; BARBIERI, P.; ECHARTE, M. M.; ECHARTE, L. Eco-physiological processes underlying maize water use efficiency response to plant density under contrasting water regimes. *Field Crops Research*, v. 254, 2020.
- ISIK, F.; HOLLAND, J.; MALTECCA, C. Genetic data analysis for plant and animal breeding. Cham, Switzerland: Springer International Publishing, 2017.
- JOMBART, T. Adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, v. 24, n. 11, p. 1403–1405, 2008.
- KAMARA, M. M.; REHAN, M.; IBRAHIM, K. M.; ALSOHIM, A. S.; ELSHARKAWY, M. M.; KHEIR, A. M.; HAFEZ, E. M.; EL-ESAWI, M. A. Genetic diversity and combining ability of white maize inbred lines under different plant densities. *Plants*, v. 9, n. 9, 23p., 2020.
- KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. *Biometrics*, v. 17, n. 2, p. 229–250, 1961.
- KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B.; CHRISTENSEN, R. H. B. lmerTest package: tests in linear mixed effects models. *R package version*, versão 3.1-3, 2020.
- LEOLATO, L. S.; SANGOI, L.; DURLI, M. M.; PANISON, F.; VOSS, R. Growth regulator and maize response to the increase in plant density. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 52, n. 11, p. 997-1005, 2017.
- LI, J.; XIC, R. Z.; WANG, K. R.; HOU, P.; MING, B.; ZHANG, G. Q.; LIU, G. Z.; WU, M.; YANG, Z. S.; LI, S. K. Response of canopy structure, light interception and grain yield to plant density in maize. *Journal of Agricultural Science*, v. 156, n. 6, p. 785-794, 2018.
- LI, C.; GUAN, H.; JING, X.; LI, Y.; WANG, B.; LI, Y.; LIU, X.; ZHANG, D.; LIU, C.; XIE, X.; ZHAO, H.; WANG, Y.; LIU, J.; ZHANG, P.; HU, G.; LI, G.; LI, S.; SUN, D.;

- WANG, X.; SHI, Y.; SONG, Y.; JIAO, C.; ROSS-IBARRA, J.; LI, Y.; WANG, T.; WANG, H. Genomic insights into historical improvement of heterotic groups during modern hybrid maize breeding. *Nature Plants*, v. 8, p. 750–763, 2022.
- LIU, Y.; ZHANG, J.; LI, Z.; CAO, M.; MENG, J.; FENG, Q.; ZHANG, K.; LIU, M.; CAO, W.; SU, X.; SU, X. Adaptation of the Hybrid-Maize Model in different maize-growing regions of China under dense planting conditions. *Journal of Integrative Agriculture*, v. 24, n. 3, p. 770-782, 2025.
- MADZONGWE, I.; NGOMA, S. B.; BATIONO, L. B.; MUNGOFA, S. D. M. The multifaceted role of maize (*Zea mays* L.) in food systems: nutrition, feed, and biofuel. *Journal of Cereal Science*, London, v. 100, p. 103473, 2023.
- MAIOLI, M. F. S. D.; PINTO, R. J. B.; SILVA, T. A.; RIZZARDI, D. A.; MATSUZAKI, R. A.; SATO, M. A.; ENELE, T. G.; GARCIA, G. D. L. Partial diallel and genetic divergence analyses in maize inbred lines. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, v. 43, e53540, 2021.
- MANSFIELD, B. D.; MUMM, R. H. Survey of plant density tolerance in U.S. maize germplasm. *Crop Science*, v. 54, n. 1, p. 157-173, 2014.
- MEDEIROS, A. D.; SILVA, L. J.; PEREIRA, M. D.; OLIVEIRA, A.; DIAS, D. C. High-throughput phenotyping of brachiaria grass seeds using free access tool for analyzing X-ray images. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v. 92, 2020a.
- MELCHINGER, A. E.; LEE, M.; LAMKEY, K. R.; WOODMAN, W. L. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms: relation to estimated genetic effects in maize inbreds. *Crop Science*, v. 30, p. 1033–1040, 1989.
- MILANDER, J. J.; JUKIC, Z.; MASON, S. C.; GLAUSHA, T.; KMAIL, Z. Plant population influence on maize yield components in Croatia and Nebraska. *Crop Science*, v. 56, n. 5, p. 2742-2750, 2016.
- MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. (Ed.). *Recursos genéticos e melhoramento: plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, p. 650–671, 2001.
- MIRANDA FILHO, J. B. Testadores e dialelos. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). *Melhoramento de milho*. Viçosa: Editora UFV, p. 130–158, 2018.
- MODARRES, A. M.; HAMILTON, R. I.; DIJAK, M. W.; DWYER, L. M.; STEWART, D. W.; MATHER, D. E.; SMITH, D. L. Plant population density effects on maize inbred lines grown in short-season environments. *Crop Science*, v. 38, n. 1, p. 104–108, 1998.
- MONNEVEUX, P.; ZAIDI, P. H.; SANCHEZ, C. Population density and low nitrogen affects yield-associated traits in tropical maize. *Crop Science*, v. 45, n. 2, p. 535–545, 2005.
- MÔRO, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. *Milho do plantio à colheita*. 1. ed. p. 9–25, 2015.
- MYLONAS, I.; SINAPIDOU, E.; REMOUNTAKIS, E.; SISTANIS, I.; PANKOU, C.; NINO, E.; PAPADOPOULOS, I.; PAPATHANASIOU, F.; LITHOURGIDIS, A.; GEKAS, F.; DORDAS, C. Improved plant yield efficiency alleviates the erratic optimum density in maize. *Agronomy Journal*, v. 112, n. 3, p. 1690–1701, 2020.

- OBENG-BIO, E.; BADU-APRAKU, B.; IFIE, B. E.; DANQUAH, A.; BLAY, E. T.; ANNOR, B. Genetic analysis of grain yield and agronomic traits of early provitamin A quality protein maize inbred lines in contrasting environments. *Journal of Agricultural Science*, v. 157, n. 5, p. 413-433, 2019.
- OLIBONI, R. P.; KÖNIG, H.; HOFFHUIS, F.; VIEIRA, B. S.; DÜSTERHAUS, A.; SOUZA JUNIOR, J. L.; TEIXEIRA, L. M.; GLIEMANN, M.; ZUCCHI, M. I. Genotype × environment interaction and adaptability of maize hybrids in Brazil. *Journal of Agronomy*, v. 12, n. 3, p. 201–214, 2013.
- ONOFRI, A.; TERZAROLI, N.; RUSSI, L. Linear models for diallel crosses: a review with R functions. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 134, n. 2, p. 585–601, 2021.
- PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; DENUCCI, S. History, development and market of maize cultivars with low seed cost in Brazil. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v. 21, 2022.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento e produção de milho. Campinas: Fundação Cargill, 1978.
- PARENTONI, S. N.; MAGALHÃES, J. V.; PACHECO, C. A. P.; SANTOS, M. X.; ABADIE, T.; GAMA, E. E. G.; GUIMARÃES, P. E. O.; MEIRELLES, W. F.; LOPES, M. A.; VASCONCELOS, M. J. V.; PAIVA, E. Heterotic groups based on yield-specific combining ability data and phylogenetic relationship determined by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties. *Euphytica*, v. 121, p. 197–208, 2001.
- PENARIOL, F. G.; FORNASIERI FILHO, D.; COIVEV, L. Comportamento de cultivares de milho semeados em diferentes espaçamentos entre linhas e densidades populacionais na safrinha. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, Sete Lagoas, v. 2, n. 2, p. 52–60, 2003.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. Cultivo do milho: plantio, espaçamento, densidade, quantidade de sementes. In: COMUNICADO TÉCNICO, n. 46. Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, 2002. 6 p.
- PEREIRA FILHO, I. A.; DUARTE, J. O.; GARCIA, J. C.; CRUZ, J. C. Cultivares. In: PEREIRA FILHO, I. A. *Sistema de produção*. 9. ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2015.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; GAMA, E. E. G. Cultivares para milho-verde. In: PEREIRA FILHO, I. A. (Ed.). *O cultivo do milho-verde*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 17–26.
- PIEPHO, Hans-Peter; NAZIR, Mian Faisal; SHAH, M. Kausar Nawaz. Design and analysis of a trial to select for stress tolerance. *Communications in Biometry & Crop Science*, v. 11, n. 1, 2016.
- QIAN, C.; YU, Y.; GONG, X.; JIANG, Y.; ZHAO, Y.; YANG, Z.; HAO, Y.; LI, L.; SONG, Z.; ZHANG, W. Response of grain yield to plant density and nitrogen rate in spring maize hybrids released from 1970 to 2010 in Northeast China. *Crop Journal*, v. 4, n. 6, p. 459-467, 2016.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. *Genética na agropecuária*. 4. ed. Lavras: UFLA, 2008. 461 p.
- REIF, J. C.; GUMPert, F. M.; FISCHER, S.; MELCHINGER, A. E. Impact of interpopulation divergence on additive and dominance variance in hybrid populations. *Genetics*, v. 176, n. 3, p. 1931-1934, 2007.

- REIF, J. C.; HALLAUER, A. R.; MELCHINGER, A. E. Heterosis and heterotic patterns in maize (*Zea mays* L.; USA; Europe; Japan; China). *Maydica*, Itália, 2005.
- RESENDE, M. D. SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. *Colombo: Embrapa Florestas*, 2007.
- RESENDE, M. D. V. Seleção Genômica Ampla (GWAS) via Modelos Mistos REML/BLUP), Inferência Bayesiana (MCMC), Regressão Aleatória Multivariada e Estatística Espacial. Viçosa: Editora UFV, 2012.
- RESENDE, N. C. V. Alocação de linhagens de milho tropical em grupos heteróticos. 2020. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2020.
- RIBEIRO, F. O. Alocação de linhagens de milho tropical em grupos heteróticos. 2021. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2021.
- ROSSINI, M. A.; MADDONNI, G. A.; OTEGUI, M. E. Inter-plant competition for resources in maize crops grown under contrasting nitrogen supply and density: variability in plant and ear growth. *Field Crops Research*, v. 121, n. 3, p. 373–380, 2011.
- RUSSEL, W. A. Agronomic performance of maize cultivars representing different eras of maize breeding. *Maydica*, Bergamo, v. 29, p. 375–390, 1994.
- SANDHU, S.; DHILLON, B. S. Breeding plant type for adaptation to high plant density in tropical maize: a step towards productivity enhancement. *Plant Breeding*, v. 140, n. 4, p. 509–518, 2021.
- SANGOI, L. Understanding plant density effects on maize growth and development: an important issue to maximize grain yield. *Ciência Rural*, v. 31, n. 1, p. 159–168, 2001.
- SANGOI, L.; GRACIETTI, M.; RAMPAZZO, C.; BIANCHETTI, P. Response of Brazilian maize hybrids from different eras to changes in plant density. *Field Crops Research*, v. 79, n. 1, p. 39-51, 2002.
- SHARMA, R.; BABU, R.; SINGH, M. K.; GUPTA, S.; SINGH, B.; SHARMA, A.; JHA, S. K.; SINGH, A. K.; SHARMA, T. R.; VIVEK, B. S.; SINGH, H. S. Genetic approaches to enhance multiple stress tolerance in maize: a review. *Frontiers in Plant Science*, Lausanne, v. 11, 2020.
- SHULL, G. H. The composition of a field of maize. *American Breeders Association Report*, v. 4, p. 296–301, 1908.
- SMITH, A.; CULLIS, B.; GILMOUR, A. Applications: the analysis of crop variety evaluation data in Australia. *Australian and New Zealand Journal of Statistics*, v. 43, n. 2, p. 129–145, 2001.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, v. 11, n. 2, p. 33–40, 1962.
- SOUZA, J. C. Cultivares. In: LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds.). *Melhoramento de milho*. Viçosa - MG, p. 295–306, 2018.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of the American Society of Agronomy*, v. 34, n. 10, p. 923–932, 1942.

- STANGER, T. F.; LAUER, J. G. Optimum plant population of Bt and non-Bt corn in Wisconsin. *Agronomy Journal*, v. 98, n. 4, p. 914-921, 2006.
- STRIEDER, M. L.; SILVA, P. R. F.; ARGENTA, G.; RAMBO, L.; SANGOI, L.; SILVA, A. A.; ENDRIGO, P. C. A resposta do milho irrigado ao espaçamento entrelinhas depende do híbrido e da densidade de plantas. *Ciência Rural*, v. 37, n. 3, p. 634-642, 2007.
- STRIEDER, M. L.; SILVA, P. R. F.; RAMBO, L.; SANGOI, L.; SILVA, A. A.; ENDRIGO, P. C.; COLOSSI, J. C.; GUIDOLIN, A. F.; BIANCHETTI, P. Crop management systems and maize grain yield under narrow row spacing. *Scientia Agricola*, v. 65, n. 4, p. 346-353, 2008.
- TESTA, G.; REYNERI, A.; BLANDINO, M. Maize grain yield enhancement through high plant density cultivation with different inter-row and intra-row spacings. *European Journal of Agronomy*, v. 72, p. 28-37, 2016.
- TETIO-KAGHO, F.; GARDNER, F. P. Responses of maize to plant population density: II. Reproductive development, yield, and yield adjustments. *Agronomy Journal*, v. 80, n. 6, p. 935-940, 1988.
- TREVISAN, A. L.; TREVISAN, N. V. *Metodologia da Pesquisa I*. Universidade Federal de Santa Maria, 2018. Disponível em: <https://repositorio.ufsm.br/handle/1/15826>. Acesso em: 8 abr. 2025.
- TOLLENAAR, M.; Aguilera, A. Radiation use efficiency of an old and a new maize hybrid. *Agronomy Journal*, v. 84, n. 3, p. 536-541, 1992.
- TOKATLIDIS, I. S.; KOUTROUBAS, S. A review of maize hybrids' dependence on high plant populations and its implications for crop yield stability. *Field Crops Research*, v. 88, n. 2-3, p. 103-114, 2004.
- TOKATLIDIS, I. S. Adapting maize crop to climate change. *Agronomy for Sustainable Development*, v. 33, n. 1, p. 63-79, 2013.
- TRACHSEL, S.; SAN VICENTE, F. M.; SUAREZ, E. A.; RODRIGUEZ, C. S.; ATLIN, G. N. Effects of planting density and nitrogen fertilization level on grain yield and harvest index in seven modern tropical maize hybrids (*Zea mays* L.). *Journal of Agricultural Science*, v. 154, n. 5, p. 689-704, 2015.
- UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE – USDA. *World Agricultural Production, global market analysis, 2025*. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em: 09 mar. 2025.
- VAN ROEKEL, R. J.; COULTER, J. A. Agronomic responses of corn hybrids to row width and plant density. *Agronomy Journal*, v. 104, n. 3, p. 612-620, 2012.
- VASAL, S. K.; CORDOVA, H.; PANDEY, S.; SRINIVASAN, G. Tropical maize and heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Eds.). *The genetics and exploitation of heterosis in crops*. Madison: CSSA, 1999. p. 363-373.
- VASAL, S. K.; SRINIVASAN, G.; HAN, G. C.; GONZALEZ, F. C. Heterotic patterns of eighty-eight white subtropical CIMMYT maize lines. *Maydica*, Bergamo, v. 37, p. 319-32, 1992.

- VEIGA, R. D.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1395–1406, 2000.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
- VIANA, C. C.; PEREIRA, M. G.; CREVELARI, J. A.; GONÇALVES, G. M. B.; JÚNIOR, J. A. F.; GONÇALVES, V. M. L.; BENDIA, L. C. R.; AZEVEDO, F. H. V.; DURÃES, N. N. L.; VIEIRA, R. A. M.; Viana, L. H.; RABELLO, W. S. Uenf msv2210 and uenf ms2208: silage and green maize hybrids for Rio de Janeiro State, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Curitiba, v. 20, n. 3, p. 1–5, 2020.
- VIANA, J. M. S. The parametric restrictions of the Griffing diallel analysis model: combining ability analysis. *Genetics and Molecular Biology*, v. 23, n. 4, p. 877–881, 2000.
- VIEIRA, M. A. *Cultivares e população de plantas na produção de milho-verde*. 2007. 78 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.
- WENZEL, A. B.; GALVÃO, C. L.; FONSECA, L. A.; DALCHIAVON, J. L.; CUNHA, A. R. da. Desempenho agrônomico e econômico de híbridos de milho em diferentes populações de plantas e doses de nitrogênio. *Revista Campo Digital*, Campo Mourão, v. 15, n. 1, p. 1-10, 2020.
- WINANS, E. T.; BEYRER, T. A.; BELOW, F. E. Managing density stress to close the maize yield gap. *Frontiers in Plant Science*, v. 12, 2021.
- WRIGHT, S. Evolution and the genetics of populations: variability within and among natural populations. *Chicago*: University of Chicago Press, v. 4, 1978. XU, C.; HUANG, S.; TIAN, B.; REN, J.; MENG, Q.; WANG, P. Manipulating planting density and nitrogen fertilizer application to improve yield and reduce environmental impact in Chinese maize production. *Frontiers in Plant Science*, v. 8, p. 1234, 2017a.
- XU, W.; LIU, C.; WANG, K.; XIE, R.; WANG, Y.; ZHANG, G.; LIU, G.; ZHAO, R.; FAN, P.; LI, S.; HOU, P. Adjusting maize plant density to different climatic conditions across a large longitudinal distance in China. *Field Crops Research*, v. 212, p. 126-134, 2017b.
- YADAV, O. P.; SINGH, D. V.; DHILLON, B. S.; MOHAPATRA, T. India's evergreen revolution in cereals. *Current Science*, v. 116, n. 11, p. 1805–1808, 2019.
- ZELEKE, A.; ALEMAYEHU, G.; YIHENEW, G. S. Effects of planting density and nitrogen fertilizer rate on yield and yield related traits of maize (*Zea mays* L.) in Northwestern Ethiopia. *Advances in Crop Science and Technology*, v. 6, n. 2, p. 352, 2018.
- ZHANG, Y.; FAN, X.; YAO, W.; PIEPHO, H. P.; KANG, M. S. Diallel analysis of four maize traits and a modified heterosis hypothesis. *Crop Science*, v. 56, n. 3, p. 1115-1126, 2016.
- ZHANG, Y.; XU, Z.; LI, J.; WANG, R. Optimum planting density improves resource use efficiency and yield stability of rainfed maize in semiarid climate. *Frontiers in Plant Science*, v. 12, 2021.

9. Anexos

Anexo 1. Estimativas da distância de Roger (1972) modificada por Wright (1978) para as 22 linhagens de milho tropical calculadas a partir de 21.461 marcadores moleculares SNPs.

	VML 003	VML 005	VML 020	VML 022	VML 029	VML 030	VML 032	VML 035	VML 038	VML 058	VML 065	VML 070	VML 093	VML 103	VML 118	VML 139	VML 144	VML 154	VML 158	VML 169	VML 176	
VML005	1,162																					
VML020	1,191	1,178																				
VML022	1,147	1,152	1,193																			
VML029	1,179	1,186	1,182	1,131																		
VML030	1,173	1,183	1,182	1,187	1,210																	
VML032	1,175	1,143	1,183	1,164	1,127	1,182																
VML035	1,145	1,127	1,182	1,180	1,233	1,185	1,190															
VML038	1,205	1,203	1,205	1,201	1,213	1,207	1,204	1,168														
VML058	1,185	1,189	1,059	1,188	1,180	1,191	1,173	1,192	1,203													
VML065	1,193	1,194	1,193	1,167	1,176	1,195	1,181	1,174	1,184	1,193												
VML070	1,175	1,180	1,176	1,190	1,198	1,166	1,173	1,186	1,196	1,163	1,213											
VML093	1,149	1,058	1,177	1,137	1,151	1,168	1,035	1,165	1,208	1,187	1,182	1,163										
VML103	1,148	1,142	1,179	1,154	1,195	1,198	1,173	1,091	1,134	1,179	1,189	1,182	1,126									
VML118	1,169	1,208	1,172	1,160	1,098	1,181	1,133	1,201	1,209	1,176	1,187	1,194	1,179	1,201								
VML139	1,172	1,203	1,177	1,186	1,212	1,206	1,201	1,158	1,177	1,183	1,193	1,201	1,203	1,203	1,192							
VML144	1,166	1,159	1,177	1,170	1,170	1,168	1,082	1,186	1,216	1,161	1,184	1,153	1,103	1,175	1,191	1,177						
VML154	1,158	1,110	1,173	1,164	1,177	1,146	1,093	1,176	1,207	1,172	1,195	1,176	1,015	1,162	1,184	1,198	1,104					
VML158	1,158	1,185	1,142	1,173	1,194	1,173	1,186	1,048	1,194	1,170	1,149	1,178	1,182	1,173	1,181	1,119	1,188	1,190				
VML169	1,198	1,191	1,172	1,173	1,179	1,192	1,194	1,161	1,176	1,198	0,943	1,203	1,194	1,167	1,187	1,197	1,198	1,201	1,148			
VML176	1,144	1,155	1,182	1,177	1,153	1,186	1,191	1,169	1,109	1,198	1,194	1,182	1,163	1,144	1,180	1,189	1,181	1,155	1,153	1,148		
VML181	1,154	1,060	1,176	1,154	1,131	1,196	0,974	1,173	1,206	1,177	1,170	1,178	0,858	1,172	1,157	1,203	1,020	1,029	1,183	1,195	1,157	

Anexo 2. Codificação dos híbridos experimentais.

Codificação dos Híbridos Experimentais					
Código	Pedigree	Código	Pedigree	Código	Pedigree
H1	VML003/VML005	H42	VML038/VML139	H83	VML154/VML065
H2	VML003/VML020	H43	VML038/VML144	H84	VML154/VML070
H3	VML003/VML022	H44	VML038/VML181	H85	VML154/VML118
H4	VML003/VML029	H45	VML058/VML005	H86	VML154/VML139
H5	VML003/VML030	H46	VML058/VML020	H87	VML154/VML144
H6	VML003/VML065	H47	VML058/VML022	H88	VML154/VML181
H7	VML003/VML070	H48	VML058/VML029	H89	VML158/VML005
H8	VML003/VML118	H49	VML058/VML030	H90	VML158/VML020
H9	VML003/VML139	H50	VML058/VML065	H91	VML158/VML022
H10	VML003/VML144	H51	VML058/VML070	H92	VML158/VML029
H11	VML003/VML181	H52	VML058/VML118	H93	VML158/VML030
H12	VML032/VML005	H53	VML058/VML139	H94	VML158/VML065
H13	VML032/VML020	H54	VML058/VML144	H95	VML158/VML070
H14	VML032/VML022	H55	VML058/VML181	H96	VML158/VML118
H15	VML032/VML029	H56	VML093/VML005	H97	VML158/VML139
H16	VML032/VML030	H57	VML093/VML020	H98	VML158/VML144
H17	VML032/VML065	H58	VML093/VML022	H99	VML158/VML181
H18	VML032/VML070	H59	VML093/VML029	H100	VML169/VML005
H19	VML032/VML118	H60	VML093/VML030	H101	VML169/VML020
H20	VML032/VML139	H61	VML093/VML065	H102	VML169/VML022
H21	VML032/VML144	H62	VML093/VML070	H103	VML169/VML029
H22	VML032/VML181	H63	VML093/VML118	H104	VML169/VML030
H23	VML035/VML005	H64	VML093/VML139	H105	VML169/VML065
H24	VML035/VML020	H65	VML093/VML144	H106	VML169/VML070
H25	VML035/VML022	H66	VML093/VML181	H107	VML169/VML118
H26	VML035/VML029	H67	VML103/VML005	H108	VML169/VML139
H27	VML035/VML030	H68	VML103/VML020	H109	VML169/VML144
H28	VML035/VML065	H69	VML103/VML022	H110	VML169/VML181
H29	VML035/VML070	H70	VML103/VML029	H111	VML176/VML005
H30	VML035/VML118	H71	VML103/VML030	H112	VML176/VML020
H31	VML035/VML139	H72	VML103/VML065	H113	VML176/VML022
H32	VML035/VML144	H73	VML103/VML070	H114	VML176/VML029
H33	VML035/VML181	H74	VML103/VML118	H115	VML176/VML030
H34	VML038/VML005	H75	VML103/VML139	H116	VML176/VML065
H35	VML038/VML020	H76	VML103/VML144	H117	VML176/VML070
H36	VML038/VML022	H77	VML103/VML181	H118	VML176/VML118
H37	VML038/VML029	H78	VML154/VML005	H119	VML176/VML139
H38	VML038/VML030	H79	VML154/VML020	H120	VML176/VML144
H39	VML038/VML065	H80	VML154/VML022	H121	VML176/VML181
H40	VML038/VML070	H81	VML154/VML029	H121	VML176/VML181
H41	VML038/VML118	H82	VML154/VML030		