

MATEUS CUPERTINO RODRIGUES

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E EFEITO RECÍPROCO DE LINHAGENS
DE MILHO TROPICAL EM AMBIENTES CONTRASTANTES DE
NITROGÊNIO**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2019

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

T

R696c
2019

Rodrigues, Mateus Cupertino, 1987-
Capacidade de combinação e efeito recíproco de linhagens
de milho tropical em ambientes contrastantes de nitrogênio /
Mateus Cupertino Rodrigues. – Viçosa, MG, 2019.
ix, 41 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 37-41.

1. Melhoramento genético. 2. Milho - Melhoramento
genético. 3. Nitrogênio. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 631.52

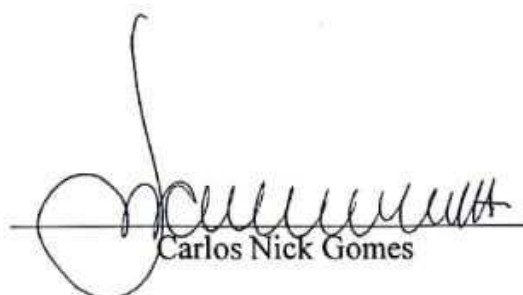
MATEUS CUPERTINO RODRIGUES

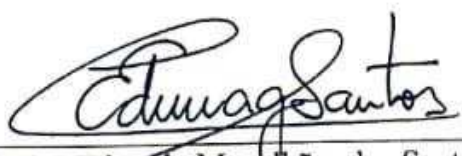
**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E EFEITO RECÍPROCO DE LINHAGENS
DE MILHO TROPICAL EM AMBIENTES CONTRASTANTES DE
NITROGÊNIO**

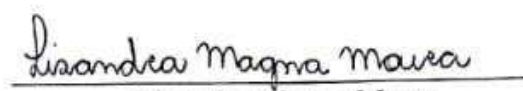
Tese apresentada à Universidade Federal
de Viçosa, como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia, para obtenção do título de
Doctor Scientiae.

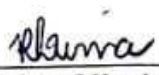
APROVADA: 01 de julho de 2019.


Pedro Crescêncio Souza Carneiro


Carlos Nick Gomes


Carlos Eduardo Magalhães dos Santos


Lisandra Magna Moura


Rodrigo Oliveira de Lima
(Orientador)

Aos meus irmãos Tiago e David,
pelo exemplo de força e coragem,
por todo o carinho, amizade e
apoio.

OFEREÇO.

Ao meu pai José Otacílio Rodrigues e à minha
mãe Maria das Dores Cupertino Rodrigues, pelo
exemplo de força e honestidade, por sempre
ajudarem na minha formação pessoal e
profissional, por todo o amor, apoio e incentivo.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Departamento de Fitotecnia, pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais e à Fundação Arthur Bernardes pelo apoio financeiro ao projeto e concessão da bolsa de estudos.

Ao orientador e amigo, Prof. Rodrigo Oliveira de Lima, pelo apoio dado nos últimos cinco anos e pelas instruções na execução do trabalho.

Aos professores, Carlos Eduardo Magalhães, Carlos Nick e Pedro Crescêncio e à Dr. Lisandra Moura pela participação na banca de defesa de tese.

À minha namorada, Flávia Araújo de Souza, por todo amor, carinho e apoio em boa parte do processo. Sem ela o meu doutorado e intercâmbio fora do país seria muito mais estressante.

Aos estagiários, bolsistas de iniciação científica e pós-graduandos do Programa Milho-UFV pela imensa dedicação e ajuda, pois sem eles este trabalho não existiria.

Aos funcionários do Campo Experimental de Coimbra por toda dedicação com que me auxiliaram na condução dos experimentos.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito obrigado!

BIOGRAFIA

MATEUS CUPERTINO RODRIGUES, filho de José Otacílio Rodrigues e Maria das Dores Cupertino Rodrigues, nasceu em Viçosa - MG, em 24 de outubro de 1987.

Em março de 2008, ingressou na Universidade Federal de Viçosa, onde se graduou em Agronomia em julho de 2013.

Em agosto de 2013, iniciou o curso de Mestrado em Fitotecnia, com área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa em julho de 2015, onde obteve o título de mestre em Fitotecnia.

Em agosto de 2015, iniciou o curso de Doutorado em Fitotecnia, com área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa em julho de 2019.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	5
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	6
3.1. Material genético	6
3.2. Avaliação em campo	7
3.3. Caracteres avaliados	7
3.4. Análises genético-estatísticas	8
3.4.1. Parâmetros genéticos	8
3.4.2. Análise dialélica.....	10
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
4.1. Amplitude e média dos valores genotípicos dos híbridos experimentais.....	13
4.2. Estimativas de componentes de variância e herdabilidade no sentido amplo	16
4.3. Estimativas de componentes de variância para as capacidades de combinação e seus efeitos recíprocos	19
5. CONCLUSÃO	36
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	37

RESUMO

RODRIGUES, Mateus Cupertino, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2019. **Capacidade de combinação e efeito recíproco de linhagens de milho tropical em ambientes contrastantes de nitrogênio.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

A utilização de dialelos é muito importante no melhoramento genético de milho para avaliar o comportamento dos parentais em cruzamento. O objetivo geral desse trabalho foi estudar o comportamento de linhagens de milho em cruzamento em condições contrastantes de nitrogênio. Os objetivos específicos foram quantificar a variação genotípica entre híbridos de milho avaliados em condições contrastantes de nitrogênio; estimar a capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) e os efeitos recíprocos de linhagens de milho selecionadas em condições contrastantes de nitrogênio; estudar a influência do estresse de nitrogênio nas estimativas de CGC, CEC e efeitos recíprocos; estimar as correlações entre os efeitos de CGC dos caracteres avaliados; selecionar linhagens de milho para formação de populações bases em condições contrastantes de nitrogênio. Para isso, 101 híbridos experimentais mais nove híbridos comerciais foram avaliados na safra 2016/17 e 104 híbridos experimentais mais seis híbridos comerciais na safra 2017/18. Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental de Coimbra (20° 51' 24" S, 42° 48' 10" W, altitude de 720 m), pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. Em cada safra foram conduzidos dois experimentos em delineamento experimental de blocos incompletos (alpha látice 10x11). Os ensaios foram realizados com duas repetições na safra 2016/17 e três repetições na safra 2017/18. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m. A população final foi de 62.500 plantas ha⁻¹. A adubação de todos os experimentos foi realizada com base nas análises químicas do solo e recomendações técnicas para cultura do milho, exceto para adubação nitrogenada, na qual a quantidade de nitrogênio fornecido variou de acordo com o nível de nitrogênio considerado. No ambiente de alto N, foram aplicados 30 kg ha⁻¹ de N no plantio e realizada uma adubação de cobertura no estágio de seis folhas completamente desenvolvidas (V6), na quantidade de 150 kg ha⁻¹ de N na forma de ureia, totalizando 180 kg ha⁻¹ de N (plantio + cobertura). No ambiente de baixo N somente foram aplicados 30 kg ha⁻¹ de N no plantio, sem adubação de cobertura. Todos os outros tratos culturais foram feitos de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região. Foram avaliados 15 caracteres agronômicos: índice de enverdecimento da folha (SPAD); florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias); largura da

folha da espiga (LF, cm); comprimento da folha da espiga (CF, cm); área da folha da espiga (AF, cm²); número de nós abaixo da espiga (NNBE); número de nós acima (NNAE) da espiga; altura de planta (AP, cm); altura de espiga (AE, cm); diâmetro de colmo (DC, mm); comprimento de espiga (CE, cm); número de fileira de grãos (NFE); profundidade de grãos (PFG, mm); produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Foram realizadas análises estatísticas para a estimação dos parâmetros genéticos e capacidades de combinação das linhagens. O nível de estresse por nitrogênio afetou a herança dos principais caracteres agronômicos em milho. No geral, os efeitos aditivos e de desvios de dominância foram importantes para o controle genético dos caracteres estudados nos dois níveis de N. Um resultado importante ocorreu para PG, onde em baixo N não houve efeito de desvios dominância. Somente os efeitos aditivos foram importantes no controle de PG em baixo N. Já em alto N os dois efeitos foram importantes. Os efeitos recíprocos de CGC e o efeito recíproco de CEC não foram importantes no controle dos caracteres agronômicos estudados. Houve grande variabilidade genotípica entre híbridos para os caracteres agronômicos. VML016 teve maior CGC para PG nos dois níveis de N, mas teve efeito negativo para ciclo. Já a VML022 se destaca tanto para PG quanto para ciclo nos dois níveis de N estudados. Valores de CEC e CGC variaram com a variação do nível de N. PG e SPAD possuem baixa correlação de CGC entre os ambientes e por isso são bons caracteres para serem utilizados para a seleção de genótipos mais eficientes no uso de N em ambiente específico. VML022 é uma excelente linhagem para a formação de população base quando o objetivo é aumentar produtividade e reduzir ciclo. Se o objetivo for somente aumentar PG, a melhor linhagem é a VML016. As três maiores CEC para PG foram 282,40 (VML017 x VML020), 250,95 (VML004 x VML051) e 245,99 (VML028 x VML051).

ABSTRACT

RODRIGUES, Mateus Cupertino, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2019. **Combining ability and reciprocal effect of tropical maize lines for agronomic traits evaluated in contrasting nitrogen environments.** Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

The use of diallels is very important in maize breeding to evaluate the behavior of inbred lines parents in cross. The general objective of this work was to study the inheritance of agronomic traits of maize in contrasting nitrogen conditions. The specific objectives were to quantify the genotypic variation among single maize hybrids evaluated in contrasting nitrogen conditions; estimating the general combining ability (GCA), specific combining ability (SCA) and the reciprocal effects of selected maize lines in contrasting nitrogen conditions; to study the influence of nitrogen stress on GCA, SCA and reciprocal effects; to estimate the correlations between the GCA effects of the evaluated traits; to select maize inbred lines to form base populations under contrasting nitrogen conditions. 101 experimental hybrids plus nine commercial hybrids were evaluated in the 2016/17 crop season and 104 experimental hybrids plus six commercial hybrids in the 2017/18 crop season. The experimental hybrids, reciprocal and commercial hybrids were evaluated at the Coimbra Experimental Station (20° 51 '24' 'S, 42° 48' 10 " W, 720 m altitude), belonging to the Department of Plant Science of the Universidade Federal de Viçosa. In each crop season, two experiments were conducted in an experimental design of incomplete blocks (alpha lattice 10x11). The trials were performed with two replicates in the 2016/17 crop season and three replicates in the 2017/18 crop season. Each plot consisted of two lines of four meters in length, spaced at 0.80 m. The final population was 62,500 plants ha⁻¹. Fertilization was done based on soil chemical analysis and technical recommendations for maize crop, except for nitrogen fertilization, in which the amount of nitrogen supplied varied. In the high-N environment, 30 kg ha⁻¹ of N were applied to the planting time and a six-leaf stage (V6) was used to cover 150 kg ha⁻¹ of nitrogen in the form of urea. This totaled 180 kg ha⁻¹ of N (planting + cover). In the low N environment only 30 kg ha⁻¹ of N were applied at the planting time, without cover fertilization. All other cultural dealings were made in accordance with the technical recommendations for maize cultivation in the region. The following agronomic traits were evaluated: SPAD index (SPAD); days to pollen (DP) and days to silk (DS, days); width of ear leaf (WL, cm); length of ear leaf (LL, cm); leaf area (LA, cm²); number of nodes below the ear (NNBE); number of nodes above the ear (NNAE); plant height (PH, cm); ear height (EH, cm); stem diameter (SD, mm); length of ear (LE, cm); grain row

number (GRN); grain depth (GD, mm); grain yield (GY, kg ha⁻¹). Statistical analyzes were performed to estimate the genetic parameters and combining abilities of the inbred lines. The level of nitrogen stress affected the inheritance of the main agronomic traits in maize. In general, the additive effects and deviations of dominance were important for the control of the studied traits at the two levels of N. Some important exception was GY, where at low N there was no effect of dominance deviations. Only the additive effects were important in the control of GY at low N. At high N both effects were important. The reciprocal effects of GCA and the reciprocal effect of SCA were not important in the control of the agronomic traits studied. There was great genotypic variability among hybrids for the agronomic traits. VML016 had higher SCA for GY at both N levels, but had a negative effect for the maturity. VML022 was good for both GY and maturity at the two N levels studied. SCA and GCA values varied with the variation of the level of N. GY and SPAD have a low GCA correlation between the environments and therefore are good traits to be used for the selection of genotypes more efficient in the use of N in specific environment. VML022 is an excellent line for the formation of the base population when the goal is to increase grain yield and reduce maturity time. If the goal is to only increase GY, the best inbred line is VML016. The three largest CEC for GY were 282.40 (VML017 x VML020), 250.95 (VML004 x VML051) and 245.99 (VML028 x VML051).

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie da família das poáceas cultivado em uma vasta região do mundo. Ao longo do tempo, o homem promoveu a domesticação do milho por meio da seleção visual no campo e considerou caracteres importantes como produtividade de grãos, resistência a pragas e doenças, capacidade de adaptação, entre outros, dando origem ao milho que conhecemos hoje (Beadle, 1978). Mundialmente, o milho tem grande importância econômica, cultural e social, caracterizada pelas diversas formas de sua utilização, que vão desde a alimentação animal, passando pela alimentação humana, até a indústria de alta tecnologia, como a produção de filmes, embalagens biodegradáveis, etanol e diversos outros produtos (Paes et al., 2014).

Estima-se que na safra 2018/19, a produção mundial de milho seja de 1,1 bilhões de toneladas (USDA, 2019). Embora seja produzido mais de um bilhão de toneladas deste grão, a sua produção nas áreas aptas não será suficiente para atender a sua demanda mundial nas próximas décadas (Bazinger et al., 2004). Com o desafio de alimentar uma população mundial crescente, a produção do milho se torna muito importante. Por isso é necessário aumentar a produtividade deste cereal, visto que a demanda mundial por alimentos crescerá 20% nos próximos anos (Peixoto, 2014).

Nas regiões tropicais, geralmente o cultivo de milho é feito em solos com baixa fertilidade e com baixo uso de fertilizantes, principalmente o nitrogênio (N) (Monneveux et al., 2005). O problema é que as cultivares atuais não tem um grau elevado de eficiência em solos com baixa fertilidade. Para mudança desse cenário, faz-se necessário o uso de técnicas culturais mais adequadas, aliadas a cultivares mais adaptados a cada local e eficientes no uso de água, luz e nutrientes, com destaque para uma maior eficiência no uso do N.

O N é o nutriente mais demandado e consumido pela cultura do milho, principalmente quando são almejadas altas produtividades de grãos. Para cada 60 kg ha⁻¹ de grãos produzidos na maioria dos cereais é necessário 1 kg ha⁻¹ de N (Vergutz e Novais, 2015). O N é absorvido desde os estádios iniciais de desenvolvimento da planta de milho até perto da maturação fisiológica (Zuffo et al., 2016). No germoplasma de milho em todo o mundo, existe uma enorme variação na resposta à adubação nitrogenada (Worku et al., 2007). No entanto, a maior parte dos programas de melhoramento desenvolvem cultivares de milho para condições ótimas de cultivo e não visam a seleção de cultivares mais eficientes no uso do N. Cultivares de milho mais eficientes no uso de N podem ser obtidas por meio do melhoramento genético (Hirel et al., 2001) e é importante a avaliação dos

genótipo em condições de baixo suprimento de N, pois há uma grande interação genótipos x níveis de N para os caracteres agronômicos de maior interesse pelo sistema produtivo (Gallais e Hirel, 2004; Souza et al., 2008). A realização de seleção somente em ambientes de ótimo suprimento de N pode causar perda de alelos importantes no germoplasma do programa de melhoramento para o desenvolvimento de genótipos mais eficientes no uso desse nutriente.

Uma parte crucial na experimentação no melhoramento de plantas é a quantificação da variabilidade genética existente no material genético testado (Badu-Apraku et al., 2012). Se não houver variabilidade suficiente, não haverá ganhos com a seleção. Por isso, é muito importante a realização das análises para a quantificação das variâncias das fontes estudadas, bem como estimação de parâmetros genéticos como herdabilidade e coeficiente de variação. Outro fator muito importante é a quantificação das interações genótipos x ambientes (GxA) para os caracteres estudados. Isso se torna ainda mais importante em trabalhos cujo o objetivo principal é estudar as diferenças de comportamento dos genótipos em ambientes contrastantes de suprimento de determinado nutriente.

O conhecimento sobre a significância da interação genótipos x níveis de N é muito importante, pois essas informações podem orientar o melhorista sobre a necessidade de avaliação de genótipos nos dois níveis de N ou em apenas um. Para caracteres que forem constatados interação GXA, o estudo e suas interpretações devem ser realizados para cada ambiente separado, pois os alelos que controlam a expressão do caráter em baixo fornecimento de N são, pelo menos em parte, diferentes dos alelos que controlam o mesmo caráter em condição ideal de N (Gallais et al., 2008). Para os caracteres sem efeitos significativos para interação genótipos x níveis de N, o estudo e suas interpretações podem ser feitos em apenas um ambiente ou com base nas médias dos dois ambientes (Gallais et al., 2008).

Caracteres agronômicos secundários relacionados à eficiência no uso de N têm sido estudados com o intuito de obter cultivares mais eficientes, pois em solos pobres em N os ganhos com seleção direta são pequenos em decorrência da baixa herdabilidade para esses caracteres (Banziger et al., 2004).

O conhecimento sobre as correlações entre os valores genotípicos e/ou fenotípicos dos caracteres estão muito bem caracterizadas na literatura. Já essas mesmas correlações com os valores de capacidade geral de combinação (CGC) têm sido pouco exploradas

pelos pesquisadores da área. Por isso é importante saber qual é a relação da CGC de um caractere com outro, bem como a correlação desse mesmo caractere avaliado em condições contrastantes de N.

Para um caractere secundário ser considerado ideal, ele deve estar correlacionado geneticamente com o caractere principal, apresentar alta herdabilidade, ter alta variabilidade genética, ser de fácil e rápida mensuração e estável durante o período de avaliação (Falconer e Mackay, 1996; O'Neill et al., 2006). Miranda et al. (2005) usaram o teor de clorofila na folha para descartar linhagens de milho ineficientes no uso de N. Abdel-Ghani et al. (2013) avaliaram 74 linhagens de milho submetidas a altas e baixas dosagens de N e relataram correlação positiva e significativa entre os caracteres de arquitetura de planta (altura de planta e espiga) e produtividade de grãos, em ambientes de baixo e alto N. Abe et al. (2013) avaliaram 14 híbridos de milho tropical em condições de baixo, ótimo e não fornecimento de N por três anos consecutivos na Nigéria, tendo relatado correlação positiva ($P < 0,01$) entre produtividade de grãos e altura de planta e espiga em todos os ambientes e anos avaliados.

Atualmente, mais de 80% da área plantada com milho no mundo é composta por cultivares híbridos. O desenvolvimento de híbridos em um programa de melhoramento de milho está condicionado a cruzamentos entre linhagens que expressem o máximo de heterose (Zhang et al., 2016). O advento da heterose fez com que a produtividade do milho aumentasse significativamente nas últimas décadas, mas surgiram problemas a serem resolvidos. O principal problema é que até o momento não é possível prever o mérito do híbrido a ser desenvolvido através da avaliação per se dos seus parentais. Assim, é necessário a avaliação fenotípica das combinações híbridas para selecionar o melhor híbrido (Cantelmo et al., 2017). Uma das formas de se avaliar a performance das linhagens parentais em cruzamento é através da metodologia de dialelos.

Dialelo é um delineamento genético, no qual é obtido um conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos, resultantes do acasalamento entre os progenitores (linhagens, variedades, clones, entre outros), podendo também incluir, além dos respectivos pais, os híbridos recíprocos e outras gerações relacionadas, como F_2 's e retrocruzamentos (Griffing, 1956). O principal objetivo dos dialelos é avaliar a performance dos parentais em cruzamento. Segundo Cockerham e Weir (1977), nas análises dialélicas podem ser calculados os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC), efeito recíproco da CGC (RCGC) e efeito recíproco da CEC (RCEC). CGC refere-se ao comportamento médio de um genitor em uma série de combinações híbridas e está

associado aos efeitos aditivos dos alelos (Griffing, 1956), por isso os valores de CGC são muito importantes no melhoramento, pois estas estimativas fornecem informações importantes a respeito do potencial do progenitor.

Já a CEC é definida como o desvio do desempenho médio de uma combinação específica em relação à média dos progenitores envolvidos no cruzamento (Falconer, 1996). A CEC está associada aos desvios não aditivos, sendo que o mais comumente quantificado nas análises dialélicas são os desvios devido à dominância. A combinação híbrida mais favorável para população base deve ser aquela que apresentar alta CEC e que seja resultante de um cruzamento em que pelos um dos progenitores apresente elevada CGC (Cruz et al., 2012).

Além da formação de população base, o conhecimento sobre CGC e CEC é muito importante para estudos de diversidade genética, classificação de grupos heteróticos, estimação de heterose e desenvolvimento de novos híbridos comerciais (Fan et al., 2014). Segundo Jumbo e Carena (2007) populações com alta diversidade genéticas possuem alta CEC. Makumbi et al. (2010) selecionaram linhagens de milho importantes para a formação de população base em condições de estresse por seca e N.

Conhecer as implicações dos efeitos de RCEC e RCGC para os caracteres agronômicos é muito importante. Segundo Cockerham e Weir (1977) RCGC é o efeito causado por genes extranucleares. Já RCEC é efeito causado pela interação dos genes do núcleo com os extranucleares. Ignorar os efeitos de RCGC e RCEC pode levar a perdas de cruzamentos importantes (Yao et al., 2013). Outro ponto interessante do cálculo de RCEC e RCGC é que os efeitos de CEC e CGC ficam mais precisos, já que se retira os efeitos de RCGC e RCEC que estavam confundidos com os efeitos de CEC e CGC (Marçal et al., 2019). Os achados sobre a significância dos efeitos de RCEC e RCGC são muito contraditórios. Acredita-se que esses resultados dependam do material genético avaliado e das condições em que foram expostos.

Zhang et al. (2016) não identificaram efeito de RCGC e RCEC para caracteres agronômicos em milho. Já Fan et al. (2014) encontraram efeito recíproco para PG avaliando 66 híbridos F1 e 66 híbridos recíprocos na China. Esses autores enfatizaram que sem a avaliação dos cruzamentos recíprocos haveria uma grande possibilidade de se perder bons híbridos no meio do processo. Jumbo e Carena (2008) também não observaram efeito recíproco significativo para PG avaliando combinações híbridas de milho.

De forma usual, as análises dialélicas tradicionais admitem que os efeitos genéticos de CGC, CEC e REC e MAT são fixos, o que pode induzir a erros nas estimativas dos valores genéticos (Henderson, 1984). A utilização da metodologia de modelos mistos para as análises dialélicas tornou as análises mais flexíveis. Utilizando modelos mistos, é possível ter efeitos fixos e aleatórios dentro do mesmo modelo, o que melhora a acurácia de estimação dos parâmetros (Resende et al., 2007).

A utilização do REML é uma boa alternativa em relação a ANOVA para estimação dos componentes de variância em modelos mais complexos (Marçal et al., 2019). O REML se adequa mais a delineamentos mais complexos e diferentes níveis de desbalanceamento. Na própria metodologia de modelos mistos existem algumas variações de algoritmos implementados utilizados para otimizar o processo de estimação tanto em menor exigência computacional como em ganho de tempo e acurácia no processo. Marçal et al. (2019) implementou um algoritmo no programa R utilizado para calcular CEC, CGC, RCEC e RCGC em que utiliza da combinação dos algoritmos EM e AI. Este algoritmo é baseado nos modelos de análise dialélicas descritos por Mohring et al. (2011) e Cockeram e Weir (1977). EI-AI faz as análises em menor tempo e com maior precisão (Marçal et al., 2019).

2. OBJETIVOS

Geral:

Estudar o comportamento de linhagens de milho em cruzamento em condições contrastantes de nitrogênio.

Específicos:

- Quantificar a variação genotípica entre híbridos de milho avaliados em condições contrastantes de nitrogênio.
- Estimar a CGC, CEC e os efeitos recíprocos de linhagens selecionadas de milho em condições contrastantes de nitrogênio.
- Estudar a influência do estresse de nitrogênio nas estimativas de CGC, CEC e efeitos recíprocos.
- Estimar as correlações entre os efeitos de CGC entre os caracteres avaliados.
- Selecionar linhagens de milho para formação de populações bases em condições contrastantes de nitrogênio.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material genético

O material genético contou com 110 híbridos de milho. Desses, 101 híbridos experimentais mais nove híbridos comerciais foram avaliados na safra 2016/17 e 104 híbridos experimentais mais seis híbridos comerciais na safra 2017/18. Os híbridos experimentais são oriundos de cruzamentos entre 11 linhagens de milho em esquema de dialelo completo (híbridos e recíprocos). As 11 linhagens endogâmicas utilizadas como genitores pertencem ao programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa, Programa Milho, e foram selecionadas com base no seu comportamento per se para eficiência no uso de N e seus componentes secundários, eficiência de absorção e de utilização de N (Tabela 1; Rodrigues et al., 2017). Dessas 11 linhagens, cinco são eficientes na absorção de N, cinco são eficientes na utilização de N e uma é ineficiente na absorção e utilização de N (VML086).

Devido à dificuldade de produção de espigas e pólen da linhagem VML086, não foi possível obter todos os híbridos provenientes dos cruzamentos com sua participação. Como o desbalanceamento genético com esta linhagem estava muito grande, a análise dialélica foi realizada somente com as demais 10 linhagens. Assim, os híbridos cujo um dos genitores era a linhagem VML086, juntamente com os híbridos comerciais, foram inseridos no modelo estatístico como efeito fixo. Para a estimação dos parâmetros genéticos e realização da análise dialélica, foram utilizados um conjunto de dados com 45 híbridos e 45 recíprocos, totalizando 90 genótipos.

Tabela 1. Descrição das linhagens utilizadas no dialelo

Linhagem	Tipo de endosperma	Origem	Tipo de fonte
VML004	Duro	GM012	Pop. sintética
VML009	Dentado	GM020	Pop. sintética
VML016	Duro	GM022	Pop. sintética
VML017	Duro	BR106	Var. de pol. aberta
VML020	Duro	CMS28	Pop. base ampla
VML022	Semi-duro	GM035	Pop. sintética
VML028	Duro	GM007	Pop. sintética
VML033	Semi-dentado	GM011	Pop. sintética
VML051	Semi-dentado	GM022	Pop. sintética
VML188	Duro	CMS50	Pop. base ampla

3.2. Avaliação em campo

Os híbridos experimentais, os recíprocos e os híbridos comerciais foram avaliados na Estação Experimental de Coimbra (20° 51' 24" S, 42° 48' 10" W, altitude de 720 m), pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, nas safras 2016/2017 e 2017/2018. Em cada safra, foram conduzidos dois experimentos em delineamento experimental de blocos incompletos (alpha látice 10x11). Os ensaios foram realizados com duas repetições na safra 2016/17 e três repetições na safra 2017/18. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m entre si, com área útil de 6,4 m². Por precaução foram semeadas uma quantidade de 50% a mais de sementes que o estande desejado e aproximadamente 25 dias após o plantio, foi feito um desbaste com objetivo de se obter uma população de 62.500 plantas ha⁻¹.

A adubação foi realizada com base nas análises químicas do solo e recomendações técnicas para cultura do milho (Vergutz e Novais, 2015), exceto para adubação nitrogenada. No ambiente de alto N, foram aplicados 30 kg ha⁻¹ de N no plantio e realizada uma adubação de cobertura no estágio de seis folhas completamente desenvolvidas (V6), na quantidade de 150 kg ha⁻¹ de N na forma de ureia, totalizando 180 kg ha⁻¹ de N (plantio + cobertura). No ambiente de baixo N somente foram aplicados 30 kg ha⁻¹ de N no plantio, sem adubação de cobertura. Todos os outros tratos culturais foram realizados nos dois ambientes de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região (Vergutz e Novais, 2015).

3.3. Caracteres avaliados

Foram avaliados 15 caracteres agronômicos: índice de enverdecimento da folha (SPAD), mensurado na folha da espiga 15 dias após o florescimento feminino com auxílio do equipamento SPAD-502 (Soil Plant Analysis Development). Esse índice de enverdecimento tem alta correlação com teor de clorofila e suprimento de N da planta; número de dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias); largura da folha da espiga (LF, cm); comprimento da folha da espiga (CF, cm); área da folha da espiga (AF, cm²), obtido pelo produto entre o comprimento e a largura da folha da espiga e multiplicado por 0,75 para correção; número de nós abaixo da espiga (NNBE); número de nós acima (NNAE) da espiga; altura de planta (AP, cm); altura de espiga (AE, cm); diâmetro de colmo (DC, mm), realizado no primeiro entrenó da planta com auxílio de um paquímetro digital; comprimento de espiga (CE, cm), representado pela medida da base até a ponta da espiga; diâmetro de espiga (DE, mm), medido no meio da espiga com

auxílio de um paquímetro digital; número de fileira de grãos (NFE); profundidade de grãos (PFG, mm), medida pela diferença entre o diâmetro de espiga e de sabugo e dividido por dois; produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹) que foi realizada através de colheita manual de todas as espigas da parcela, e corrigido para 14,5% de umidade.

Com exceção de produtividade de grãos e dias para o florescimento masculino e feminino, todos os demais caracteres foram mensurados em quatro plantas representativas da parcela e as análises foram realizadas com base na média dos valores.

3.4. Análises genético-estatísticas

3.4.1. Parâmetros genéticos

Após a coleta de todos os dados fenotípicos, esses foram submetidos a análise estatística. As análises foram divididas em duas partes.

Na primeira parte, os valores genotípicos dos híbridos experimentais e os parâmetros genéticos foram estimados com emprego da metodologia de modelos mistos via REML/BLUP, a qual combina o procedimento de predição de valores genéticos de médias BLUP (melhor predição linear não-viesada) com o procedimento de estimação de componentes de variância REML (máxima verossimilhança residual ou restrita).

Primeiramente, foi realizado uma análise conjunta geral, na qual foram consideradas as duas safras e os dois ambientes, alto e baixo N. Para essa análise conjunta completa, foi adotado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijklmn} = \mu + t_n + g_i + a_l + n_m + ga_{il} + gn_{im} + ta_{nl} + tn_{nm} + na_{lm} + tan_{nlm} + gan_{ilm} + r_{j(lm)} + bk_{(jlm)} + \epsilon_{ijklm};$$

Em que, Y_{ijklmn} é o valor fenotípico observado; μ é média geral; t_n é o efeito de testemunhas (híbridos comerciais e com a VML086 como um dos parentais); g_i é o efeito do i-ésimo híbrido experimental; a_l : efeito do l-ésimo ano (l= 2016/17 e 2017/18); n_m é efeito do m-ésimo nível de nitrogênio (m= alto N e baixo N); ga_{il} é efeito da interação híbridos experimentais por anos; gn_{im} é o efeito da interação híbridos experimentais por níveis de N; ta_{nl} é o efeito da interação testemunhas por anos; tn_{nm} é o efeito da interação testemunhas por níveis de N; na_{lm} é efeito da interação níveis de N por anos; gan_{ilm} é efeito da interação níveis de N por anos por híbridos; tan_{nlm} é o efeito da interação de testemunhas por anos por níveis de N; $r_{j(lm)}$ é o efeito da j-ésima repetição aninhado dentro de ambiente e dentro de ano; $bk_{(jlm)}$ é o efeito do k-ésimo bloco aninhado dentro de

repetição, dentro de ambiente, dentro de ano; ϵ_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijklm} .

Os efeitos testemunhas, anos, interação testemunhas por anos, interação testemunhas por anos por níveis de N, níveis de N, interação testemunhas por níveis de N e interação níveis de N por anos foram considerados fixos e os efeitos híbridos experimentais, interação de híbridos experimentais por anos, interação de híbridos experimentais por níveis de N, interação de híbridos experimentais por anos por níveis de N e blocos foram considerados aleatórios.

Em seguida foi realizada uma análise conjunta de anos (safra 2016/17 e safra 2017/18) dentro de cada nível de nitrogênio. Ou seja, foi realizada uma análise conjunta com os dados de alto N e outra com os dados de baixo N. Ambas as análises englobaram as duas safras. Para essa análise conjunta de safras, foi adotado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijklm} = \mu + t_m + g_i + a_l + ga_{il} + ta_{ml} + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + \epsilon_{ijkl}$$

Onde Y_{ijklm} é o valor fenotípico observado; μ é média geral do experimento; t_m é o efeito de testemunha (híbridos comerciais e com a VML086 como um dos parentais); g_i é o efeito do i-ésimo híbrido experimental; a_l é efeito do l-ésimo ano ($l = 2016/17$ e $2017/18$); ga_{il} é efeito da interação anos por híbridos experimentais; ta_{ml} é o efeito da interação anos por testemunhas; $r_{j(l)}$ é o efeito da j-ésima repetição aninhado dentro de ano; $b_{k(jl)}$ é o efeito do k-ésimo bloco aninhado dentro de repetição, dentro de ano ($k = 1, 2, \dots, 11$); ϵ_{ijkl} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijklm} .

O efeito repetição, testemunhas, interação testemunhas por anos e ano foram considerados como efeito fixos, enquanto que os efeitos de genótipos, blocos e da interação híbridos experimentais por anos foram considerados como efeitos aleatórios.

Nos modelos acima, os efeitos aleatórios foram testados com emprego da análise de deviance (ANADEV; Resende et al., 2007) e os efeitos fixos foram testado com emprego do teste F. Além dos componentes de variâncias e da média geral, estimou-se a herdabilidade a nível de média de híbrido, o coeficiente de variação experimental para todos os caracteres e a redução da média em baixo N, considerando o ambiente de alto N. Foram realizadas análises de deviance para a estimação dos componentes de variância e de parâmetros como herdabilidade, média, mínimo, máximo e coeficiente de variação. Todas as análises citadas acima foram realizadas utilizando o programa R e o pacote

ASReml-R (Butler et al., 2009), seguindo a abordagem da metodologia de modelos mistos.

3.4.2. Análise dialélica

Após a estimação dos parâmetros genéticos no conjunto de híbridos e a predição dos seus valores genotípicos, foram realizadas as análises dialélicas para estimação da CEC, CGC, RCEC e RCGC. As análises foram realizadas utilizando o algoritmo implementado por Marçal et al., (2019). Nessa abordagem, é proposta a utilização da combinação dos algoritmos EM e AI. Este algoritmo é baseado nos modelos de análise dialélicas descritos por Mohring et al., (2011) e Cockeram e Weir, (1977).

Primeiramente foi realizada uma análise dialélica conjunta geral, na qual foram considerados as duas safras e os dois níveis de N. O modelo utilizado foi o seguinte:

$$y = X\tau + Z_g g + Z_s s + Z_d d + Z_r r + Z_{g_T} g_T + Z_{s_T} s_T + Z_{d_T} d_T + Z_{r_T} r_T + Z_{b_T} b_T + e$$

em que,

$$Z_{g_T} g_T = Z_{g_Y} g_Y + Z_{g_N} g_N + Z_{g_{Y \times N}} g_{Y \times N}$$

$$Z_{s_T} s_T = Z_{s_Y} s_Y + Z_{s_N} s_N + Z_{s_{Y \times N}} s_{Y \times N}$$

$$Z_{d_T} d_T = Z_{d_Y} d_Y + Z_{d_N} d_N + Z_{d_{Y \times N}} d_{Y \times N}$$

$$Z_{r_T} r_T = Z_{r_Y} r_Y + Z_{r_N} r_N + Z_{r_{Y \times N}} r_{Y \times N}$$

Onde y é o vetor de observações fenotípicas; τ é o vetor de efeitos fixos de ano, nível de N, testemunha, repetição dentro de ano dentro de nível de N, interação anos por níveis de N, interação testemunhas por anos, interação testemunhas por níveis de N e interação testemunha por anos por níveis de N associados com a matriz de incidência X ; g é o vetor de efeitos aleatórios de CGC associados com a matriz de incidência Z_g , com $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$; s o vetor de efeitos aleatórios de CEC associados com a matriz de incidência Z_s , com $s \sim N(0, I\sigma_s^2)$; d é o vetor de efeitos aleatórios de RCGC associados com a matriz de incidência Z_d , com $d \sim N(0, I\sigma_d^2)$; r é o vetor de efeitos aleatórios de RCEC associados com a matriz de incidência Z_r , com $r \sim N(0, I\sigma_r^2)$; g_t é o vetor de efeitos aleatórios da interação CGC por experimentos associados com a matriz de

incidência Z_{gt} , com $g_T \sim N(0, I\sigma_{g_T}^2)$; g_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação CGC por anos associado com a matriz de incidência Z_{gy} , com $g_Y \sim N(0, I\sigma_{g_Y}^2)$; g_N é o vetor de efeitos aleatórios da interação CGC por níveis de nitrogênio associados com a matriz de incidência Z_{gN} , com $g_N \sim N(0, I\sigma_{g_N}^2)$; $g_{y \times N}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação de CGC por anos por níveis de nitrogênio associados com a matriz de incidência $Z_{g_{y \times N}}$, com $g_{y \times N} \sim N(0, I\sigma_{g_{y \times N}}^2)$; S_T é o vetor de efeitos aleatórios da interação de CEC por ensaios associados a matriz de incidência Z_{s_T} , com $s_T \sim N(0, I\sigma_{s_T}^2)$; S_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação CEC por anos associados com a matriz de incidência Z_{s_y} , com $s_Y \sim N(0, I\sigma_{s_Y}^2)$; S_N é o vetor de efeitos aleatórios da interação CEC por níveis de nitrogênio associados com a matriz de incidência Z_{s_N} , com $s_N \sim N(0, I\sigma_{s_N}^2)$; $S_{y \times N}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação CEC por anos por níveis de nitrogênio associados com a matriz de incidência $Z_{s_{y \times N}}$, com $s_{y \times N} \sim N(0, I\sigma_{s_{y \times N}}^2)$; d_t é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCGC por ensaios associados com a matriz de incidência Z_{d_t} , com $d_T \sim N(0, I\sigma_{d_T}^2)$; d_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCGC por anos associados com a matriz de incidência Z_{d_y} , com $d_Y \sim N(0, I\sigma_{d_Y}^2)$; d_n é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCGC por níveis de nitrogênio associados com a matriz de incidência Z_{d_N} , com $d_N \sim N(0, I\sigma_{d_N}^2)$; $d_{y \times N}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCGC por anos por níveis de nitrogênio associados com a matriz de incidência $Z_{d_{y \times N}}$, com $d_{y \times N} \sim N(0, I\sigma_{d_{y \times N}}^2)$; r_t é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCEC por ensaios associados com a matriz de incidência Z_{r_t} , com $r_T \sim N(0, I\sigma_{r_T}^2)$; r_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCEC por anos associados com a matriz de incidência Z_{r_y} , com $r_Y \sim N(0, I\sigma_{r_Y}^2)$; r_N é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCEC por níveis de nitrogênio associados com a matriz de incidência Z_{r_N} , com $r_N \sim N(0, I\sigma_{r_N}^2)$; $r_{y \times N}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCEC por anos por níveis de nitrogênio associados com

a matriz de incidência $Z_{Y \times N}$, com $r_{Y \times N} \sim N(0, I\sigma_{Y \times N}^2)$; b_t é o vetor de efeitos aleatórios de bloco dentro de repetição e dentro de ensaio associados com a matriz de incidência Z_{b_t} , com $b_t \sim N(0, I\sigma_{b_t}^2)$; e é o vetor de erro aleatório, com $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$.

Após a realização da análise conjunta geral, foi realizada uma análise dialélica conjunta na média das duas safras dentro de cada ambiente de N:

$$y = X_t + Z_g g + Z_s s + Z_d d + Z_r r + Z_{gy} g_y + Z_{sy} s_y + Z_{dy} d_y + Z_{ry} r_y + Z_{by} b_y + e$$

Onde y é o vetor de observações fenotípicas; t é o vetor de efeitos fixos de anos, repetição dentro de anos, testemunha e interação testemunhas por anos associados com a matriz de incidência X ; g é o vetor de efeitos aleatórios de CGC associados com a matriz de incidência Z_g , com $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$; s é o vetor de efeitos aleatórios de CEC associados com a matriz de incidência Z_s , com $s \sim N(0, I\sigma_s^2)$; d é o vetor de efeitos aleatórios de RCGC associados com a matriz de incidência Z_d , com $d \sim N(0, I\sigma_d^2)$; r é o vetor de efeitos aleatórios de RCEC associados com a matriz de incidência Z_r , com $r \sim N(0, I\sigma_r^2)$; g_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação CGC por anos associados com a matriz de incidência Z_{gy} , com $g_y \sim N(0, I\sigma_{g_y}^2)$; s_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação de CEC por anos associados a matriz de incidência Z_{sy} , com $s_y \sim N(0, I\sigma_{s_y}^2)$; d_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCGC por anos associados com a matriz de incidência Z_{dy} , com $d_y \sim N(0, I\sigma_{d_y}^2)$; r_y é o vetor de efeitos aleatórios da interação RCEC por anos associados com a matriz de incidência Z_{ry} , com $r_y \sim N(0, I\sigma_{r_y}^2)$; b_y é o vetor de efeitos aleatórios de bloco dentro de repetição e dentro de anos associados com a matriz de incidência Z_{by} , com $b_y \sim N(0, I\sigma_{b_y}^2)$; e é o vetor de erro aleatório, com $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$;

Em ambos os ambientes de N, foi estimada a matriz dos coeficientes de correlação de Pearson entre vetores de valores genéticos de CGC dos caracteres avaliados, e também foi estimada a correlação de Spearman entre os ambientes para a CGC de cada caractere. Após a obtenção dos coeficientes de correlação, foi feito um heat map, com o auxílio dos pacotes “ggplot2” (Wickham et al., 2016), “reshape2” (Wickham, 2012) e “Hmisc”

(Harrell Jr., 2007) do R. Por Último foi plotado um gráfico de dispersão de CGC em alto e baixo N com o auxílio do programa Excel.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Amplitude e média dos valores genotípicos dos híbridos experimentais

Em cada nível de N, houve uma considerável amplitude dos valores para todos os caracteres. Isso demonstra que há uma grande variabilidade genotípica no material estudado (Tabela 2). Na comparação dos valores de máximo e mínimo nos dois níveis de N, fica evidente que houve menores valores em quase todos os caracteres avaliados em baixo N. Isso aconteceu porque o N é o nutriente mais demandando pela planta de milho e a sua falta interfere em processos importantes para o crescimento e desenvolvimento da planta (Santos et al., 2013). A PG variou de 3040,21 kg ha⁻¹ a 8559,24 kg ha⁻¹, em baixo N, e de 9388,13 kg ha⁻¹ a 14525,84 kg ha⁻¹, em alto N. Para SPAD em baixo N, o mínimo foi 31,54 e o máximo igual a 44,98. Em alto N o mínimo foi 50,02 e o máximo igual a 59,82. Com esses resultados nota-se que a deficiência de N no solo reduziu muito os valores de PG e SPAD dos híbridos. Isso ocorre mais claramente com caracteres quantitativos, que são muito influenciados pelas mudanças no ambiente.

Tabela 2. Valores genotípicos mínimo, média e máximo, coeficiente de variação e % de redução da média para 16 caracteres agrônômicos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condições de alto e baixo N

Caractere ^{1/}	Baixo N				Alto N				% redução da média ^{3/}
	Mínimo	Média	Máximo	CV(%) ^{2/}	Mínimo	Média	Máximo	CV (%)	
FM (dias)	68,25	68,00	73,69	2,10	65,79	68,10	74,82	1,71	0,14
FF (dias)	67,82	68,28	73,64	2,48	66,31	67,27	72,96	1,92	-1,49
LF (cm)	9,57	10,15	13,55	4,84	8,79	10,56	13,11	11,88	3,88
CF (cm)	84,67	86,10	99,22	4,22	90,18	93,29	109,53	3,18	7,70
AF (cm ²)	634,65	658,32	973,41	7,70	680,39	735,43	1003,92	13,17	10,48
NNBE	6,68	8,22	9,16	5,77	6,29	7,98	8,46	5,74	-2,98
NNAE	4,92	6,11	7,32	6,76	4,57	5,87	6,76	5,98	-4,00
AP (cm)	194,25	201,09	216,69	5,27	226,12	234,32	258,10	4,08	14,18
AE (cm)	93,64	111,92	134,46	7,06	110,14	136,12	156,59	6,01	17,77
DC (mm)	17,22	19,38	25,76	7,26	22,32	24,08	28,15	6,15	19,53
SPAD	31,54	33,86	44,98	14,22	50,02	56,39	59,82	7,54	39,95
DE (mm)	40,81	43,68	50,30	4,62	44,36	46,71	53,38	2,92	6,49
CE (cm)	11,16	13,61	18,55	10,16	16,71	17,62	22,48	4,90	22,76
NFE	12,65	14,40	18,75	5,47	13,67	14,13	18,45	5,46	-1,88
PFG (mm)	7,25	8,99	10,25	10,06	8,17	9,36	11,06	7,55	4,01
PG (kg ha ⁻¹)	3040,93	5219,71	8559,24	17,26	9388,13	11221,23	14525,84	7,78	53,48

^{1/}FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; NNBE, número de nós abaixo da espiga; NNAE, número de nós acima da espiga; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; DC, diâmetro de colmo; SPAD, intensidade da coloração verde das folhas, com alta correlação com teor de clorofila e N; DE, diâmetro de espiga; CE, comprimento de espiga; NFE, número de fileira de grãos; PFG, profundidade de grãos e PG, produtividade de grãos;; ^{2/}CV, coeficiente de variação em %; ^{3/}Diferença em porcentagem entre o mesmo caractere em alto e baixo teor de N.

As estimativas de CV obtidas indicam que houve de média a alta precisão experimental para os caracteres avaliados em ambos os níveis de N. Em baixo N, o CV variou de 2,10% (FM) a 17,26% (PG). Já em alto N a variação foi de 1,71% (FM) a 13,17% (AF). O maior coeficiente de variação foi de 17,26% para PG em baixo N. No geral, os coeficientes de variação foram mais altos em ambientes com baixo suprimento de N. Quando se compara os dois ambientes, as maiores variações foram observadas em PG e SPAD.

Para PG o valor de CV em alto N foi 7,78% e em baixo N foi de 17,26%. Para SPAD o valor em alto N foi de 7,54% e em baixo N foi 14,22%. Nesses e na maioria dos outros casos houve o aumento do CV com o estresse de N. Essa alteração de CV em função do estresse de N está de acordo com outros trabalhos encontrados com milho na literatura. Segundo Badu-Apraku et al. (2013), o estresse aumenta a estimativa do erro experimental e consequentemente a estimativa do CV. Isso acontece no caso de estresse para N, pois em ambientes com alto suprimento de fertilizante nitrogenados, a adubação corrige todas as imperfeições relacionadas com suprimento de N do solo. Já em ambiente onde não foi aplicado N, ocorre as manchas de fertilidade do solo. Abe et al. (2013) avaliaram 132 híbridos de milho em condições contrastantes de N e relataram um aumento significativo do CV para PG em baixo N. Em alto N, o CV foi de 11,4% e em condição de estresse de N o valor do CV foi de 17%.

Em relação à média genotípica, houve menores valores em ambientes com estresse por N para quase todos os caracteres avaliados, mas essa redução não seguiu a mesma proporção para todos os caracteres. Foi observado reduções elevadas, como é o caso de PG, onde a média em alto N foi de 11.221,23 kg ha⁻¹ e em baixo N foi de 5.219,71 kg ha⁻¹. A redução foi de 53,48%. Esse resultado é muito importante para o trabalho, já que segundo Grzesiak et al. (2018), para trabalhos com estresse de algum fator o ideal é que a PG reduza entre 40 e 60% para que se consiga selecionar genótipos superiores na eficiência do uso de N. Outro valor extremo foi de SPAD, onde a redução na média foi de 39,95%. Atenção especial deve ser dada para esses dois caracteres, visto ter ocorrido reduções bruscas nos valores de ambos em ambiente com baixo suprimento de N. Estes resultados sinalizam que os dois caracteres devem ser utilizados diretamente ou por meio de caracteres com alta correlação com eles no melhoramento quando se deseja selecionar genótipos eficientes para os diferentes níveis de N.

Wu et al. (2011) avaliaram 189 linhagens de milho provenientes de germoplasma tropical e temperado em níveis contrastantes de N e observaram redução de 40% na produtividade de grãos em ambiente com baixo suprimento de N, quando comparado ao

alto N. Abe et al. (2013) observaram uma redução de 35% na PG. Em outro trabalho, Guedes et al. (2011) relataram uma redução de somente 9% na PG. Rodrigues et al. (2017) avaliaram 64 linhagens de milho e observaram reduções de 25% para SPAD e PG. As diferenças nas reduções da produtividade entre esses trabalhos variam de acordo com o estresse atingido na área e o germoplasma em estudo. Esses resultados sinalizam que o nosso trabalho foi realizado em uma situação de contraste satisfatória para os níveis de N.

Houve também outros valores com reduções das médias consideráveis. São eles: CF= 7,70%, AF= 10,48%, AP= 14,18%, AE= 17,77%, DE= 19,53%, CE= 22,76% e DE= 6,49%. Os caracteres FM, FF, LF, NNBE, NNAE, NFE e PFG tiveram alterações muito pequenas (<5%). Esses resultados variam de acordo com a resposta dos caracteres às mudanças ambientais.

4.2. Estimativas de componentes de variância e herdabilidade no sentido amplo

Houve efeito ($P < 0,01$) para a fonte de variação híbridos experimentais avaliados para quase todos os caracteres em alto e baixo N (Tabela 3), a exceção de PFG em baixo N. Considerando estes resultados, é possível observar alta variabilidade genotípica entre os híbridos de milho para os caracteres agronômicos avaliados. Assim, podemos afirmar que com base nos genótipos avaliados é possível realizar análises genéticas e obter bons resultados, pois para todos os estudos em melhoramento de plantas a variabilidade genotípica é um fator crucial para se obter altos ganhos com a seleção. Variabilidade genotípica para caracteres agronômicos em híbridos de milho, em baixo e alto N, são relatados por diversos autores (Abe et al., 2013; Guedes et al., 2013; Jumbo e Carena, 2008).

Tabela 3. Estimativas de variância genotípica (σ_G^2), variância da interação híbridos x anos ($\sigma_{G \times A}^2$), variância da interação híbridos x níveis de N ($\sigma_{G \times N}^2$), variância da interação híbrido x níveis de N x anos ($\sigma_{G \times N \times A}^2$) e herdabilidade no sentido amplo para 16 caracteres agrônômicos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condições de alto e baixo N

Caracteres	Baixo N			Alto N			Análise Conjunta				
	$\sigma_G^{2/}$	$\sigma_{G \times A}^2$	$\hat{h}_X^2$	σ_G^2	$\sigma_{G \times A}^2$	$\hat{h}_X^2$	σ_G^2	$\sigma_{G \times N}^2$	$\sigma_{G \times A}^2$	$\sigma_{G \times N \times A}^2$	$\hat{h}_X^2$
FM (dias)	2,195***	0,472**	0,75	1,715***	0,297**	0,78	1,777***	0,182	0,144	0,199	0,81
FF (dias)	2,025***	0,564**	0,68	1,837***	0,425***	0,75	1,800***	0,134	0,244	0,209	0,78
LF (cm)	0,674***	0,045**	0,89	0,584***	0,000	0,64	0,619***	0,000	0,000	0,031	0,85
CF (cm)	13,2380***	0,515	0,80	15,503***	3,053***	0,81	13,973***	0,492	0,934	0,521	0,86
AF (cm ²)	3610,048***	238,830	0,83	3928,801***	0,002	0,66	3762,545***	0,000	0,000	138,916	0,84
NNBE	0,296***	0,014	0,83	0,279***	0,000	0,85	0,293***	0,000	0,007	0,000	0,91
NNAE	0,124***	0,000	0,77	0,111***	0,030***	0,71	0,121***	0,000	0,000	0,011	0,86
AP (cm)	40,511***	15,059	0,55	82,085***	11,567	0,75	56,801***	5,904	8,849	2,134	0,74
AE (cm)	110,102***	7,866	0,85	130,396***	5,831	0,87	120,257***	1,611	0,465	5,159	0,92
DC (mm)	2,145***	0,204	0,79	2,028***	0,262	0,76	1,935***	0,153	0,082	0,152	0,83
SPAD	9,601***	0,000	0,65	1,895***	0,000	0,34	3,544***	2,343***	0,000	0,000	0,51
DE (mm)	3,077***	0,438	0,73	4,587***	0,181	0,90	3,687***	0,106	0,185	0,211	0,87
CE (cm)	1,137***	0,502***	0,62	1,499***	0,266***	0,83	1,231***	0,082	0,214**	0,192	0,77
NFE	1,083***	0,049	0,87	1,278***	0,000	0,90	1,189***	0,000	0,000	0,011	0,94
PFG (mm)	0,010	0,063	0,35	0,102***	0,068	0,42	0,068***	0,000	0,051	0,005	0,41
PG (kg ha ⁻¹)	186384***	93055	0,45	550353***	15446**	0,68	259996***	107173**	9784	12003**	0,59

^{1/}FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; PG, produtividade de grãos; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; NNBE, número de nós abaixo da espiga; NNAE, número de nós acima da espiga; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; DC, diâmetro de colmo; SPAD, intensidade da coloração verde das folhas, com alta correlação com teor de clorofila e N; DE, diâmetro de espiga; CE, comprimento de espiga; NFE, número de fileira de grãos; PFG, profundidade de grãos e PG, produtividade de grãos. ^{2/} ** e *** sig. a 5 e 1% de probabilidade e sem asterisco não significativos (p>0,05).

Na interação híbridos por anos, houve alteração no comportamento relativo dos híbridos frente às diferenças de safras para alguns caracteres avaliados (Tabela 3). Os caracteres FM, FF, LF e CE foram significativos para a interação genótipos por anos em baixo N ($P < 0,05$). Em alto N, os seguintes caracteres foram significativos para a interação: FM, FF, CF, NNAE, CE e PG ($P < 0,05$). Para os outros caracteres, não houve diferenças significativas ($P > 0,05$). Apesar da ocorrência de diferenças significativas para a interação híbridos por anos para alguns caracteres, as análises e interpretações serão realizadas com base na média dos dois anos.

As estimativas de herdabilidade ($\hat{h}_x^2$) variaram de 0,35 (PFG) a 0,89 (LF) em baixo N e 0,34 (SPAD) a 0,90 (NFE) em alto N (Tabela 3). As menores $\hat{h}_x^2$ foram para caracteres muito influenciados pelo ambiente. Para a maioria dos caracteres, houve redução da $\hat{h}_x^2$ no ambiente com estresse de N. Houve variação na intensidade de redução da $\hat{h}_x^2$ entre os ambiente, sendo que alguns caracteres variaram mais e outros menos. O principais exemplos para redução significativa da $\hat{h}_x^2$ entre os ambientes de alto e baixo N foram PG (0,68 em alto N e 0,45 em baixo N), AP (0,75 em alto N e 0,45 em baixo N), DE (0,90 em alto N e 0,73 em baixo N), CE (0,83 em alto N e 0,62 em baixo N) e PFG (0,42 em alto N e 0,35 em baixo N).

Segundo Coque e Gallais (2006), em condições de estresse abiótico, há redução da variabilidade genética e, conseqüentemente da $\hat{h}_x^2$. Ao contrário, houve caracteres em que a $\hat{h}_x^2$ foi maior em ambiente de baixo N. Esses caracteres são LF (0,64 em alto N e 0,89 em baixo N), AF (0,66 em alto N e 0,83 em baixo N), NNAE (0,71 em alto N e 0,77 em baixo N) e SPAD (0,34 em alto N e 0,65 em baixo N). Atenção especial deve ser dada para estes caracteres, pois eles são importantes para a seleção de genótipos eficientes no uso de N em ambiente de baixo N. Rodrigues et al. (2018) encontraram o mesmo resultado para SPAD em linhagens de milho tropical avaliadas em baixo N.

Na análise conjunta, foi detectado efeito para a fonte de variação híbridos experimentais para todos os caracteres avaliados ($P < 0,01$; Tabela 3). Houve efeito para a interação híbridos por níveis de N para SPAD e PG ($P < 0,05$). O conhecimento sobre a significância da interação genótipos por ambientes é muito importante no melhoramento de milho, pois essas informações podem nortear o melhorista na necessidade de avaliação dos genótipos nos dois níveis de N ou em apenas um (Falconer, 1996). Como SPAD e PG foram altamente significativos para a interação, os estudos e interpretações com base nesses caracteres devem ser feitos em ambientes separados, pois os alelos que controlam a expressão do caráter em baixo fornecimento de N são, pelo menos em parte, diferentes

dos alelos que controlam o mesmo caráter em condição ideal de N (Gallais et al., 2008; Souza et al., 2008).

A seleção de genótipos com maiores PG e SPAD só será efetiva se for realizada em ambiente específico. Ou seja, para PG e SPAD é necessário avaliar os genótipos em baixo e alto N, pois os melhores genótipos em baixo N não são necessariamente os melhores em alto N. Para os outros caracteres, que não foram significativos para interação híbridos por níveis de N ($P>0,05$), a seleção pode ser feita em apenas um ambiente ou com base nas médias dos dois ambientes em estudo. Resultados semelhantes foram encontrados por DoVale et al. (2012), que trabalhando com combinações híbridas em níveis contrastantes de N, detectaram interação significativa para PG. Esses resultados concordam com as observações de maiores reduções nas médias e de herdabilidades, demonstrando que esses dois caracteres foram muito influenciados pela diferença de suprimento de N.

Houve também efeito para a interação genótipos por anos para CE ($P<0,05$). Com relação a interação tripla híbridos por anos por níveis de N, houve efeito para PG ($P<0,05$). Como mencionado acima, apesar de haver algumas poucas interações significativas com anos, os resultados estão apresentados com base na média dos dois anos. Podemos reparar também maiores valores de herdabilidade para os caracteres na análise conjunta geral. Isso ocorre, pois no caso da conjunta geral é utilizado um volume maior de dados para o cálculo dos parâmetros (Torres et al., 2019).

4.3. Estimativas de componentes de variância para as capacidades de combinação e seus efeitos recíprocos

Com relação à análise dialélica conjunta geral (híbridos por anos por níveis de N), os dados serão apenas apresentados (Tabela 4). Será dado mais enfoque na discussão dos resultados de cada ambiente avaliado separadamente. Variância de CGC foi significativa para quase todos os caracteres ($P<0,01$), exceto para SPAD, PFG e PG ($P>0,05$). Com relação a RCGC, somente FM e FF foram significativos ($P<0,05$). CEC foi significativa a 1% de nível de significância para FM, CF, AF, AE, DE, CE e NFE. Já LF, NNBE, AP, PFG e PG foram significativos a 5%. SPAD, FF, NNAE e DC foram não significativos ($P>0,05$). RCEC somente foi significativo para FM ($P<0,01$). A interação CGC por anos foi significativa a 1% para FM e CE e a 5% para AP e PFG. O restante dos caracteres foi não significativo ($P>0,05$). RCGC por ano somente foi significativo para FM ($P<0,01$) e o restante não significativo ($P>0,05$). A interação de CEC por anos somente foi significativa para FM ($P<0,01$). Em relação a interação CGC por N houve significância para FM, AP, SPAD e CE ($P<0,01$) e PG ($P<0,05$). Para as interações RCGC por níveis

de N, CEC por níveis de N e RCEC por níveis N não houve efeito significativo para nenhum caractere ($P > 0,05$). Interações triplas não foram mostradas, mas a interação de CGC por ano por N foi significativa para CF ($P < 0,01$). Para o restante das interações triplas não houve significância para nenhum caractere avaliado ($P > 0,05$).

Tabela 4. Estimativas de variância de capacidade geral de combinação (CGC) (σ^2_{CGC}), variância de recíproco de CGC (σ^2_{RCGC}), variância de capacidade específica de combinação (CEC) (σ^2_{CEC}), variância de recíproco de CEC (σ^2_{RCEC}), variância da interação anos x CGC (σ^2_{AXCGC}), variância da interação anos x recíproco de CGC (σ^2_{AXRCGC}), variância da interação anos x CEC (σ^2_{AXCEC}), variância da interação anos x recíproco de CEC (σ^2_{AXRCEC}), variância da interação níveis de N x CGC (σ^2_{NXCGC}), variância da interação níveis de N x recíproco de CGC (σ^2_{NXRCGC}), variância da interação níveis de N x CEC (σ^2_{NXCEC}) e variância da interação níveis de N x recíproco de CEC (σ^2_{NXRCEC}) para 16 caracteres agrônômicos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condições de alto e baixo N

Caractere	Componentes de variância											
	σ^2_{CGC}	σ^2_{RCGC}	σ^2_{CEC}	σ^2_{RCEC}	σ^2_{AXCGC}	σ^2_{AXRCGC}	σ^2_{AXCEC}	σ^2_{AXRCEC}	σ^2_{NXCGC}	σ^2_{NXRCGC}	σ^2_{NXCEC}	σ^2_{NXRCEC}
FM (dias)	0,767***	0,0636**	0,315***	0,022***	0,070***	0,001***	0,126***	0,007***	0,155***	0,001	0,064	0,003
FF (dias)	0,674***	0,036**	0,556	0,027	0,129	0,001	0,108	0,010	0,120	0,001	0,013	0,012
LF (cm)	0,342***	0,001	0,051**	0,001	0,018	0,001	0,003	0,002	0,007	0,001	0,005	0,002
CF (cm)	7,262***	0,051	2,125***	0,011	0,037	0,002	0,636	0,045	0,213	0,052	0,157	0,019
AF (cm ²)	1933,802***	0,921	493,546***	5,995	86,535	0,920	21,046	11,161	96,014	26,417	20,183	11,635
NNBE	0,165***	0,001	0,011**	0,001	0,004	0,001	0,002	0,001	0,004	0,001	0,001	0,001
NNAE	0,069***	0,001	0,002	0,001	0,004	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,002	0,001
AP (cm)	29,286***	0,013	5,582**	0,236	4,70**	0,033	0,409	0,963	6,546***	0,019	0,666	0,224
AE (cm)	65,169***	0,015	7,375***	0,550	1,214	0,018	0,176	1,252	3,279	0,010	1,168	0,146
DC (mm)	1,241***	0,001	0,014	0,001	0,004	0,001	0,038	0,009	0,003	0,024	0,062	0,007
SPAD	0,954	0,000	0,906	0,368	0,336	0,001	0,287	0,042	2,064***	0,003	0,046	0,071
DE (mm)	1,975***	0,001	0,504***	0,004	0,120	0,021	0,034	0,008	0,020	0,001	0,018	0,063
CE (cm)	0,613***	0,001	0,207***	0,001	0,106***	0,001	0,092	0,003	0,105***	0,001	0,013	0,002
NFE	0,6746***	0,001	0,097***	0,001	0,001	0,001	0,003	0,001	0,001	0,001	0,006	0,001
PFG (mm)	0,023	0,001	0,039**	0,001	0,023**	0,001	0,002	0,008	0,000	0,001	0,003	0,001
PG (kg ha ⁻¹)	6940	4043	109552**	427	6257	586	43770	927	74791**	253	42933	824

^{1/}FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; PG, produtividade de grãos; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; NNBE, número de nós abaixo da espiga; NNAE, número de nós acima da espiga; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; DC, diâmetro de colmo; SPAD, intensidade da coloração verde das folhas, com alta correlação com teor de clorofila e N; DE, diâmetro de espiga; CE, comprimento de espiga; NFE, número de fileira de grãos; PFG, profundidade de grãos e PG, produtividade de grãos. ^{2/} ** e *** sig. a 5 e 1% de probabilidade e sem asterisco não significativos a pelo menos 5%.

Em relação a análise dialélica dentro de cada nível de N e com base na média de anos, em baixo N houve efeito de CGC para quase todos os caracteres avaliados, exceto PFG que foi não significativo ($P>0,05$). FM, LF, CF, AF, NNBE, NNAE, AE, DC, SPAD, DE, CE e NFE foram significativos a 1%. Já FF, AP e PG foram significativos ao nível de 5%. Esses resultados indicam que para os caracteres agronômicos avaliados os efeitos aditivos são muito importantes no seu controle, já que houve efeito para CGC. Para RCGC, só houve efeito para FM ($P<0,05$). Os demais caracteres foram não foram significativos ($P>0,05$). Para CEC, não houve efeito para os caracteres AF, NNBE, NNAE, DC, SPAD, CE, NFE, PFG e PG ($P>0,05$). LF e DE foram significativos a 5% e FM, FF, CF, AP e AE foram significativos ao nível de 1% de significância. Se o efeito de CEC é significativo, devemos utilizar métodos que explorem as melhores combinações híbridas e heterose, pois os efeitos de desvio de dominância são importantes nesse caso. Não houve efeito significativo para RCEC para nenhum caractere ($P>0,05$).

Para as interações, houve efeito para CGC por anos ao nível de 5% de significância para NNBE, DC, SPAD, DE, CE, NFE, PFG e PG e 1% de significância para FF, LF e AP. Não houve efeito para NNBE, DC, SPAD, DE, CE, NFE, PFG e PG ($P>0,05$). Para a interação CEC por anos, apenas CE foi significativo ($P<0,05$). Apesar de haver algumas interações significativas com anos, as análises foram baseadas na média dos dois anos de avaliação. Para RCEC e interação RCGC por anos e RCEC por anos não houve efeito significativo para nenhum caractere ($P>0,05$).

Tabela 5. Estimativas de variância de capacidade geral de combinação (CGC) (σ_{CGC}^2), variância de recíproco de CGC (σ_{RCGC}^2), variância de capacidade específica de combinação (CEC) (σ_{CEC}^2), variância de recíproco de CEC (σ_{RCEC}^2), variância da interação anos x CGC (σ_{AXCGC}^2), variância da interação anos x recíproco de CGC (σ_{AXRCGC}^2), variância da interação anos x CEC (σ_{AxCEC}^2), variância da interação anos x recíproco de CEC (σ_{AxRCEC}^2) para 16 caracteres agrônômicos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condição de baixo N

Caractere	σ_{CGC}^2	σ_{RCGC}^2	σ_{CEC}^2	σ_{RCEC}^2	σ_{AXCGC}^2	σ_{AXRCGC}^2	σ_{AxCEC}^2	σ_{AxRCEC}^2
FM (dias)	0,998***	0,080**	0,447***	0,009	0,1418**	0,002	0,155	0,046
FF (dias)	0,743**	0,016	0,704***	0,056	0,2706***	0,001	0,050	0,086
LF (cm)	0,409***	0,000	0,026**	0,000	0,0178***	0,000	0,006	0,008
CF (cm)	7,108***	0,031	1,951***	0,019	0,4991**	0,008	0,136	0,063
AF (cm ²)	2101,317***	0,639	238,687	11,127	115,7437**	0,705	60,236	42,626
NNBE	0,185***	0,001	0,001	0,000	0,0041	0,000	0,001	0,002
NNAE	0,070***	0,000	0,003	0,000	0,0089**	0,000	0,006	0,000
AP (cm)	20,090**	0,021	10,704***	0,274	7,3095***	0,060	0,578	4,527
AE (cm)	59,290***	0,007	12,923***	0,315	2,7931**	0,019	0,658	1,514
DC (mm)	1,236***	0,021	0,060	0,029	0,0033	0,002	0,072	0,165
SPAD	4,970***	0,002	0,845	0,654	0,5596	0,034	0,316	0,121
DE (mm)	1,500***	0,001	0,512**	0,086	0,1518	0,011	0,148	0,144
CE (cm)	0,684***	0,001	0,115	0,002	0,1030	0,018	0,291**	0,012
NFE	0,651***	0,000	0,051	0,001	0,0009	0,000	0,049	0,004
PFG (mm)	0,003	0,000	0,021	0,001	0,0206	0,000	0,006	0,024
PG (kg ha ⁻¹)	70719**	445	78467	1647	7921	13046	84612	4276

^{1/}FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; PG, produtividade de grãos; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; NNBE, número de nós abaixo da espiga; NNAE, número de nós acima da espiga; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; DC, diâmetro de colmo; SPAD, intensidade da coloração verde das folhas, com alta correlação com teor de clorofila e N; DE, diâmetro de espiga; CE, comprimento de espiga; NFE, número de fileira de grãos; PFG, profundidade de grãos. ^{2/} ** e *** sig. a 5 e 1% de probabilidade e sem asterisco não significativos (p>0,05).

Em alto N, houve efeito de CGC para quase todos os caracteres avaliados ($P < 0,01$), exceto PFG e SPAD que foram não significativos ($P > 0,05$; Tabela 6). Como apresentado acima, esses resultados indicam que para os caracteres agronômicos que foram significativos para CGC os efeitos aditivos são muito importantes no seu controle. Já para PFG e SPAD, que foram não significativos, os métodos que exploram os efeitos aditivos não serão eficientes. Para CEC não houve efeito significativo para os caracteres LF, AF, NNAE, AP, DC e SPAD e AE ($P > 0,05$). FM e NNBE foram significativos a 5% e FF, CF, DE, CE, NFE e PG foram significativos ao nível de 1%. Para a interação CGC por anos houve efeito significativo ao nível de 1% para NNAE, DC, DE, CE e PFG e 5% de para CF. Não houve efeito para o restante dos caracteres ($P > 0,05$). Para interação CEC por anos, apenas FM e CF foram significativos ($P < 0,05$). Para RCGC por anos houve efeito para FM e SPAD ($P < 0,05$).

O conhecimento sobre a significância de CGC e CEC é muito importante no melhoramento, pois orienta o melhorista sobre qual estratégia de melhoramento será mais efetiva para um determinado caractere (Badu-Apraku et al., 2015). Se um caractere tem efeito significativo para CGC, isso quer dizer que os métodos de seleção intrapopulacionais, que aumentam a frequência de alelos favoráveis da população, são importantes pela presença de predominância de efeitos aditivos. Por outro lado, se o efeito de CEC é significativo, devemos utilizar métodos que explorem as melhores combinações híbridas, pois os efeitos de desvio de dominância são importantes nesse caso. No último caso, devemos explorar a heterose. Se os dois efeitos, CEC e CGC, forem significativos para o mesmo caractere de interesse, devemos utilizar metodologias que explorem tanto os efeitos aditivos quanto os efeitos de desvios de dominância.

Levando em consideração os dois níveis de N, podemos constatar que exceto para PFG em baixo N e PFG e SPAD em alto N, todos os outros caracteres foram significativos para CGC (Tabela 5 e 6). Com isso podemos concluir que os efeitos aditivos são importantes para quase todos os caracteres agronômicos avaliados e que devemos pensar em metodologias de seleção que otimizem o aumento da concentração de alelos favoráveis da população, explorando assim a sua variância aditiva.

Para PFG não houve significância para nenhum dos efeitos em ambos os ambientes, demonstrando a baixa variabilidade desse caractere entre os híbridos avaliados. Já SPAD foi significativo para CGC apenas em alto N, reforçando o seu alto potencial para uso em seleção em baixo N. Efeitos significativos de CGC para PG e NFE foram encontrados por Zhang et al., (2016) em híbridos de milho avaliados em ambiente ótimo de N. Badu-

Apraku et al., (2013) encontraram CGC significativa para PG, FM, FF, AP e AE nos dois níveis de N considerados.

Com relação a significância dos valores de componentes de variância de CEC, podemos observar maiores variações nos resultados. Isso significa que nem todos os caracteres respondem bem a metodologias de seleção que exploram os desvios de dominância. Em baixo N os caracteres FF, FM, CF, AP, AE, LF e DE foram significativos a pelo menos 5% de significância. Já em alto N os caracteres que foram significativos ($P < 0,05$) foram FM, NNBE, FF, CF, DE, CE e NFE e PG. Isso significa que somente para esses caracteres citados acima os métodos de seleção que exploram os desvios de dominância serão efetivos.

Um resultado interessante foi encontrado para CEC de PG nos dois níveis de N. Em baixo N, o efeito de CEC foi não significativo ($P > 0,05$). Como o efeito de CGC foi significativo, mas CEC não, isso que significa que o foco é no melhoramento intrapopulacional para aumentar a frequência de alelos favoráveis na população, pois predomina a importância dos efeitos aditivos. Já em alto N, ambos os efeitos de CEC e CGC foram significativos para PG ($P < 0,05$). Nesse caso devemos pensar em metodologias que explorem tanto os efeitos aditivos como os efeitos de desvios de dominância para aumentar a PG. Essa discussão pode ser extrapolada para os outros caracteres com comportamento similar.

Considerando o caractere PG, Jumbo e Carena, (2008) observaram efeito significativo para CGC e não significativo para CEC avaliando 48 híbridos feitos de linhagens provenientes de sete populações melhoradas em 5 ambiente com níveis ótimos de N nos Estados Unidos. Zhang et al., (2016) encontraram efeito significativo para PG tanto para CEC quanto para CGC avaliando 132 híbridos na China em condições normais de N. Badu-Apraku et al., (2015) avaliando 136 híbridos em baixo e alto N relataram efeitos significativos para CEC e CGC em ambos os ambientes para PG, FF, FM, AP e AE.

Com base nos nossos resultados e nos resultados de outras pesquisas podemos constatar que o controle genético dos caracteres agrônômicos varia. Esse fato deve-se à variação das populações estudadas, caractere considerado, condições ambientais em que foram implantando os ensaios, entre outros fatores.

Com relação aos efeitos recíprocos, só houve efeito significativo para RCGC do caractere FM ($P < 0,05$). Os restantes dos caracteres foram não significativos para RCGC

e RCEC. Segundo Cockerham e Weir (1977), quando o efeito de RCGC é significativo significa que existe um efeito causado por genes extranucleares que fazem parte do controle do caractere considerado. Já quando o efeito de RCEC é significativo significa que o efeito é causado pela interação dos genes nucleares com os genes extranucleares. Com base nos nossos resultados, pode-se concluir que não há efeito recíproco para os caracteres agronômicos mais importantes e, portanto, não há a necessidade de avaliar os híbridos recíprocos.

Os programas de melhoramento atuais não avaliam os híbridos recíprocos por causa da viabilidade prática, pois isso dobraria a quantidade de híbridos a serem produzidos e avaliados no programa. Essa informação é importante, pois a realização dos cruzamentos e avaliações dos híbridos é uma das etapas mais caras e laboriosa de um programa de melhoramento em grande escala.

Estatisticamente, segundo Marçal et al. (2019), a inclusão dos efeitos de RCGC e RCEC no modelo torna os componentes de variância de CGC e CEC mais exatos, pois retira os efeitos de RCGC e RCEC que estavam confundidos em CGC e CEC. Mesmo não havendo significância para os efeitos recíprocos, a sua inclusão no modelo tornou os resultados de CEC e CGC mais confiáveis.

O presente estudo concorda com os resultados encontrados por Zhang et al., (2016), que não encontraram efeito de RCGC e RCEC para caracteres agronômicos em milho. Já Fan et al., (2014) encontraram efeito recíproco para PG avaliando 66 híbridos F1 e 66 híbridos recíprocos na China. Esses autores enfatizaram que sem a avaliação dos cruzamentos recíprocos haveria uma grande possibilidade de se perder bons híbridos no meio do processo. Jumbo e Carena, (2008) também não encontraram efeito recíproco significativo avaliando combinações híbridas de milho.

Como há divergência nos resultados, são necessárias mais investigações sobre efeito materno. Levando em consideração os nossos resultados, isso significa que os programas de melhoramento podem continuar ignorando o efeito recíproco. Isso é muito importante, já que com a inclusão dos híbridos recíprocos, o trabalho aumentaria muito.

Tabela 6. Estimativas de variância de capacidade geral de combinação (CGC) (σ_{CGC}^2), variância de recíproco de CGC (σ_{RCGC}^2), variância de capacidade específica de combinação (CEC) (σ_{CEC}^2), variância de recíproco de CEC (σ_{RCEC}^2), variância da interação anos x CGC (σ_{AXCGC}^2), variância da interação anos x recíproco de CGC (σ_{AXRCGC}^2), variância da interação anos x CEC (σ_{AXCEC}^2), variância da interação anos x recíproco de CEC (σ_{AXRCEC}^2) para 16 caracteres agrônômicos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condição de alto N

Caractere	σ_{CGC}^2	σ_{RCGC}^2	σ_{CEC}^2	σ_{RCEC}^2	σ_{AXCGC}^2	σ_{AXRCGC}^2	σ_{AXCEC}^2	σ_{AXRCEC}^2
FM (dias)	0,852***	0,020	0,301**	0,006	0,007	0,054**	0,223**	0,008
FF (dias)	0,846***	0,039	0,416***	0,023	0,066	0,025	0,156	0,076
LF (cm)	0,291***	0,001	0,083	0,003	0,021	0,001	0,014	0,027
CF (cm)	7,903***	0,169	2,673***	0,026	0,899**	0,005	1,218**	0,182
AF (cm ²)	1972,260***	49,935	632,198	11,973	111,775	4,260	80,055	88,407
NNBE	0,156***	0,001	0,016**	0,001	0,004	0,000	0,001	0,002
NNAE	0,065***	0,000	0,008	0,000	0,011***	0,000	0,001	0,004
AP (cm)	52,255***	0,024	0,497	0,247	2,390	0,112	1,883	0,808
AE (cm)	78,851***	0,015	3,597	0,153	1,398	0,795	0,552	0,952
DC (mm)	1,238***	0,023	0,109	0,002	0,174***	0,001	0,090	0,009
SPAD	1,064	0,001	0,349	0,022	0,706	0,001**	0,084	0,033
DE(mm)	2,502***	0,005	0,493***	0,029	0,143***	0,001	0,062	0,015
CE(cm)	0,775***	0,000	0,263***	0,003	0,088***	0,000	0,056	0,027
NFE	0,703***	0,000	0,148***	0,000	0,000	0,000	0,022	0,002
PFG(mm)	0,0402	0,000	0,059***	0,001	0,037***	0,000	0,003	0,008
PG (kg/ha)	215805***	6247	230344***	1088	31140	1107	27276	19443

FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; PG, produtividade de grãos; LF, largura foliar; CF, comprimento foliar; AF, área foliar; NNBE, número de nós abaixo da espiga; NNAE, número de nós acima da espiga; AP, altura de planta; AE, altura de espiga; DC, diâmetro de colmo; SPAD, intensidade da coloração verde das folhas, com alta correlação com teor de clorofila e N; DE, diâmetro de espiga; CE, comprimento de espiga; NFE, número de fileira de grãos; PFG, profundidade de grãos. ^{2/} ** e *** sig. a 5 e 1% de probabilidade e sem asterisco não significativos (p>0,05).

Na tabela 7, estão os valores de CGC dos caracteres agronômicos que foram significativos para o efeito de CGC em alto e baixo N. CGC refere-se ao comportamento médio de um genitor em uma série de combinações híbridas e está associado aos efeitos aditivos dos alelos (Ramalho et al., 2012). Os valores de CGC são muito importantes no melhoramento, visando a produção de híbridos. Estas estimativas fornecem informações a respeito do potencial do progenitor em gerar combinações favoráveis. A combinação híbrida mais favorável para população base deve ser aquela que apresentar alto valor de CEC e que seja resultante de um cruzamento em que pelos um dos progenitores apresente elevada CGC (Cruz et al., 2012). Além da formação de população base, o conhecimento sobre CGC e CEC é muito importante para estudos de diversidade genética, classificação de grupos heteróticos, estimação de heterose e desenvolvimento de novos híbridos comerciais (Fan et al., 2014).

Em alto N, a VML188 tem a melhor CGC para FM, mas a pior para PG. Sabe-se que esses caracteres são inversamente proporcionais para nossos objetivos como melhorista. Material mais precoces normalmente são menos produtivos. O contrário também é verdadeiro. VML016 tem a melhor CGC para PG, mas a pior para FM. Se o objetivo for desenvolver materiais mais precoces e produtivos, podemos encontrar o meio termo nesses dois caracteres. A VML022 tem uma CGC boa para FM e é a segunda melhor CGC para PG. Com a utilização da VML022 é possível aumentar a produtividade e reduzir o ciclo.

Em baixo N, a VML022 também se destaca como sendo a segunda melhor para redução de ciclo e aumento PG. A VML016 continua tendo a maior PG, mas tem CGC positiva para FF e FM, o que leva a um aumento no ciclo. Com base nesses resultados, quando se considera caracteres importante como florescimento e PG, temos que a VML022 é uma excelente linhagem para ser utilizada como testador ou participante de população base.

A utilização dos resultados de CGC para a escolha da melhor linhagem depende de qual é o objetivo do melhorista no momento. Nos parágrafos acima foi discutido sobre dois caracteres muito importantes nas fases iniciais de melhoramento, ciclo e PG. Mas se o interesse for reduzir AP e AE, por exemplo, as melhores linhagens são VML009 e VML028 em alto N e VML051 em baixo N. Outra coisa a se considerar é qual a contribuição da CGC para a variância genética total, pois para muitos caracteres a CEC também é importante. Makumbi et al, (2010) selecionaram linhagens de milho

importantes para a formação de população base em estresse por seca, condições ótimas de N e baixo N.

Tabela 7. Estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) para 15 caracteres agrônômicos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condição de alto e baixo N

Linhagem	CGC Alto N														
	FM	FF	LF	CF	AF	NNBE	NNAE	AP	AE	DC	SPAD	DE	CE	NFE	PG
VML004	1,16	0,97	-0,32	-1,10	-31,80	0,70	-0,07	10,59	16,26	0,21	-	0,11	-0,65	-0,16	289,23
VML009	-0,24	-0,12	0,08	-3,67	-24,34	0,09	0,24	-8,00	-7,80	1,61	-	1,23	-0,46	-0,61	-213,63
VML016	1,27	1,05	-0,34	3,20	-0,60	-0,41	0,00	8,09	-3,91	0,87	-	-0,04	1,87	-0,15	762,93
VML017	1,22	1,46	0,32	0,79	30,55	0,36	0,09	2,34	3,68	0,65	-	1,49	-0,54	-0,21	-251,37
VML020	-0,40	-0,07	-0,44	-2,52	-49,51	0,20	0,12	-7,37	3,89	-1,44	-	-2,53	-0,90	0,44	-265,08
VML022	-0,65	-0,90	1,10	2,23	98,58	-0,11	0,06	6,40	0,35	0,69	-	0,27	0,78	-0,52	571,88
VML028	-0,40	-0,66	0,02	-2,32	-16,89	-0,45	0,19	-4,78	-11,57	-0,38	-	2,67	-0,55	1,95	105,91
VML033	-0,90	-0,72	0,16	-1,68	-3,45	0,19	-0,04	3,57	4,92	0,01	-	-0,57	0,31	0,31	-238,31
VML051	-0,07	-0,18	-0,71	4,18	-19,78	-0,51	0,04	-7,72	-11,48	-1,84	-	-1,32	0,09	0,09	-316,90
VML188	-0,99	-0,82	0,14	0,89	17,24	-0,05	-0,63	-3,13	5,67	-0,38	-	-1,31	0,05	-1,13	-444,66
Linhagem	CGC Baixo N														
	FM	FF	LF	CF	AF	NNBE	NNAE	AP	AE	DC	SPAD	DE	CE	NFE	PG
VML004	2,20	1,50	-0,39	-1,39	-35,28	0,72	-0,17	1,39	11,45	-0,10	-3,02	0,10	-0,94	-0,10	-281,10
VML009	-0,33	-0,22	0,19	-4,06	-20,15	-0,02	0,26	-6,29	-8,09	2,08	-1,10	0,95	-0,50	-0,59	36,90
VML016	0,40	0,08	-0,64	3,16	-18,21	-0,53	-0,07	6,23	-6,52	0,32	3,18	-0,25	1,68	-0,21	519,16
VML017	0,40	0,86	0,75	2,89	71,47	0,20	0,06	2,20	2,41	0,75	-1,89	1,17	-0,56	0,04	-89,04
VML020	-0,29	0,11	-0,46	-0,88	-35,15	0,35	0,16	-3,22	6,48	-0,96	1,45	-1,80	0,21	0,38	3,18
VML022	-0,43	-0,55	1,29	1,08	92,32	-0,17	0,10	1,74	-3,21	0,55	-1,41	-0,10	0,58	-0,36	121,58
VML028	-0,21	-0,27	-0,15	-1,96	-24,19	-0,37	0,20	0,53	-6,19	-0,05	-0,18	2,12	-0,70	1,90	-60,09
VML033	-0,72	-0,39	0,20	-2,12	-4,09	0,43	0,09	3,58	6,45	0,15	-0,13	-0,48	-0,26	0,03	-264,66
VML051	0,22	0,05	-0,66	3,37	-17,26	-0,55	-0,01	-4,75	-9,12	-2,00	3,31	-1,07	0,24	0,08	-15,74
VML188	-1,25	-1,15	-0,13	-0,08	-9,46	-0,08	-0,62	-1,42	6,34	-0,72	-0,20	-0,64	0,25	-1,19	29,80

FM, florescimento masculino (dias); FF, florescimento feminino (dias); PG, produtividade de grãos (kg ha⁻¹); LF, largura foliar (cm); CF, comprimento foliar (cm); AF, área foliar (cm²); NNBE, número de nós abaixo da espiga; NNAE, número de nós acima da espiga; AP, altura de planta (cm); AE, altura de espiga (cm); DC, diâmetro de colmo (mm); SPAD, intensidade da coloração verde das folhas, com alta correlação com teor de clorofila e N; DE, diâmetro de espiga (mm); CE, comprimento de espiga (cm); NFE, número de fileira de grãos; PFG, profundidade de grãos (mm); CGC, capacidade geral de combinação;

Na figura 1 estão apresentadas as correlações entre os valores de CGC de cada caractere. Nesta, estão as correlações de Pearson em cada nível de N separadamente e as correlações de Spearman entre os dois níveis de N. Acima da diagonal estão as correlações de Pearson em baixo N, abaixo da diagonal estão as correlações de Pearson em alto N e na diagonal as correlações de Spearman do mesmo caractere em baixo e alto N. Caracteres agrônômicos secundários relacionados à eficiência no uso de N têm sido estudados com o intuito de obter cultivares mais eficientes, pois em solos pobres em N os ganhos com seleção direta são pequenos em decorrência da baixa herdabilidade para esses caracteres nesses ambientes (Banziger et al., 2004).

O conhecimento sobre as correlações entre nos valores genotípicos e/ou fenotípicos dos caracteres estão muito bem caracterizadas na literatura. Já essas mesmas correlações com os valores de capacidade geral de combinação (CGC) têm sido pouco exploradas pelos pesquisadores da área. Por isso é importante saber qual é a relação da CGC de um caractere com outro, bem como a correlação desse mesmo caractere avaliado em condições contrastantes de N. Para um caractere secundário ser considerado ideal, ele deve estar correlacionado geneticamente com o caractere principal, apresentar alta herdabilidade, ter alta variabilidade genética, ser de fácil e rápida mensuração e estável durante o período de avaliação (Falconer e Mackay, 1996; O'Neill et al., 2006).

Com relação a correlação de Pearson nos dois níveis de N avaliados, a maioria dos resultados foram baixos e não significativos (Figura 1). Serão apresentados aqui somente os resultados de correlações de Pearson significativos a pelo menos 5% de significância e com valores maiores ou igual a 0,70, pois as correlações acima de 0,70 são mais confiáveis. Em baixo N tivemos os seguintes resultados: PFG x FF (0,72), CE x PG (0,88), CE x SPAD (0,70), AE x NNBE (0,87), NNBE x PG (-0,71), AF x LF (0,90) e FF x FM (0,93). Já em alto N tivemos os seguintes resultados: SPAD x DC (-0,85), AE x NNBE (0,85), AP x PG (0,70), AF x LF (0,87) e FF x FM (0,97).

Primeira discussão é sobre a possibilidade de se avaliar somente FF ou FM, já que as correlações são altamente significativas. CE é altamente correlacionado com PG em baixo N, o que o posiciona como um bom caractere secundário para CGC em ambientes com estresse de N. Em relação à correlação de Spearman, atenção especial deve ser dada a PG e SPAD, onde as correlações foram baixa e até não significativa, como é o caso de PG. Isso indica alta interação genótipos x ambientes. O restante das correlações de spearman foram significativas e maiores do que 0,7, indicando boa concordância do comportamento dos genótipos nos dois ambientes para os caracteres considerados.



Figura 1. Correlações de Pearson entre os valores de CGC em alto N (abaixo da diagonal) e baixo N (acima da diagonal) e as correlações de Spearman do mesmo caractere em baixo e alto N (diagonal) para 16 caracteres agrônômicos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condição de alto N

Na figura 2 está apresentado o gráfico de dispersão de CGC para PG em ambientes de alto e baixo suprimento de N. Linhagens que estão no quadrante um possuem CGC maior que zero para PG em alto e baixo N. Já as linhagens que estão no quadrante dois possuem CGC de PG positiva em alto N, mas negativa em baixo N. As linhagens que estão no quadrante três possuem CGC para PG negativa tanto em baixo quanto em alto N. Enquanto que as linhagens que estão no quadrante quatro possuem CGC negativa em baixo N e maior que zero em alto N.

Com base no gráfico temos que a VLM004 e VML028 possuem CGC para PG positiva em baixo N e negativa em alto N, o que significa que essa linhagem só é promissora em baixo N. VML016 é uma ótima, pois está muito acima de zero em baixo

e alto N. Se o interesse for aumentar PG, essa é a melhor linhagem dentre todas. O problema, como já discutido acima, é que ela contribui também para aumento de ciclo, o que pode ser algo indesejado em muitos casos. A VML017 se mostrou uma linhagem ruim para CGC de PG, pois está abaixo de zero em baixo e alto N. Já a VML022 apesar de não ser melhor do que a VML016, se destacou muito pois está acima de zero tanto em alto como em baixo N.

Essa linhagem tem uma excelente CGC para redução de ciclo também, o que faz ela ser uma das principais linhagens dentro todas avaliadas. VML009, VM020, VML033, VML051 e VML188 não se destacaram considerando CGC para PG em alto e baixo N. Com esse gráfico de dispersão é possível observar claramente o que foi discutido acima sobre PG, que as linhagens VML016 e VML022 são as com melhores CGC para PG. Essas linhagens devem ser usadas no programa de melhoramento para a formação de população base e como testadoras de outras linhagens.

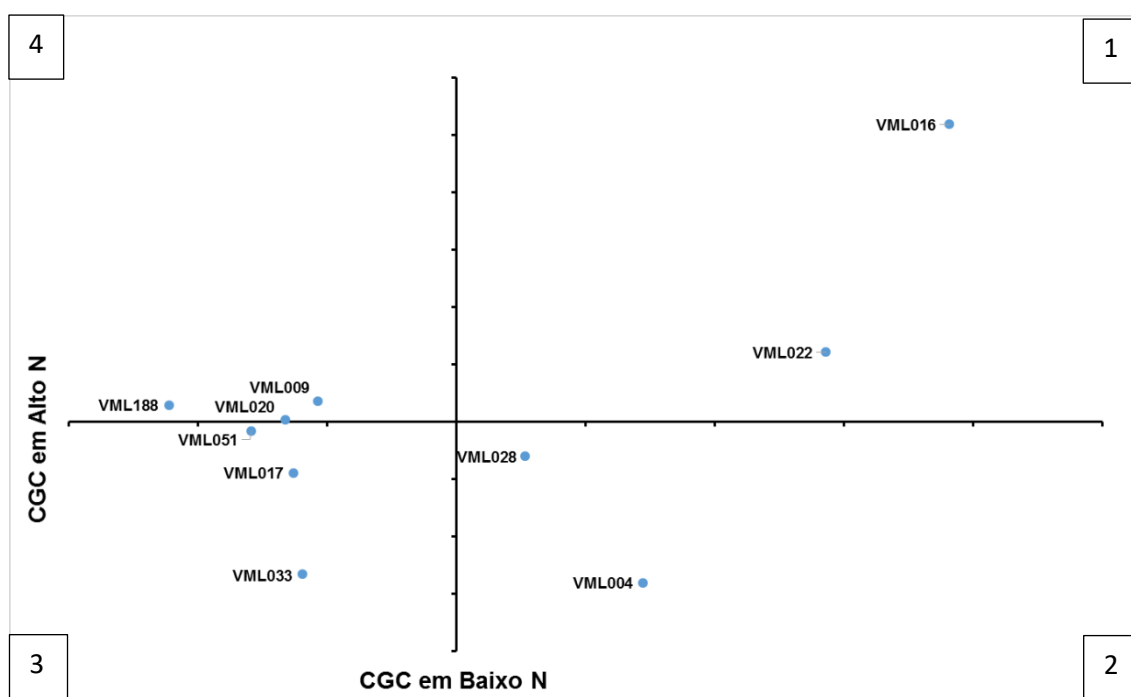


Figura 2. Gráfico de dispersão de CGC de PG em alto e baixo N.

Na tabela 8 estão apresentados os valores de CEC de PG em alto N. Só será apresentado os valores para alto N, pois em baixo N não houve efeito para CEC ($P > 0,05$). CEC é definida como o desvio do desempenho médio de uma combinação específica em relação à média dos progenitores envolvidos no cruzamento (Falconer, 1996). A CEC está associada aos desvios não aditivos, sendo que o mais comumente quantificado nas análises dialélicas são os desvios devido à dominância. Para os caracteres nos quais o

efeito de CEC foi significativo ($P < 0,05$), é importante trabalhar com metodologias que explorem o máximo de heterose. As três maiores CEC para PG foram 282,40 (VML017 x VML020), 250,95 (VML004 x VML051) e 248,03 (VML016 x VML188). Os três menores valores de CEC foram -414,05 (VML017 x VML051), -397,01 (VML0047 x VML020) e -263,89 (VML020 x VML188).

Com base nesses resultados de CEC podemos inferir que as linhagens que participaram de cruzamento com alta CEC são de são divergentes entre si, pertencendo a grupos heteróticos distintos, pois exibiram uma heterese máxima. O contrário também pode ser inferido para os menores valores de CEC, onde materiais convergentes não exibem alta heterose e consequentemente não possuem alto valor de CEC. A combinação híbrida mais favorável para população base deve ser aquela que apresentar alta CEC e que seja resultante de um cruzamento em que pelos um dos progenitores apresente elevada CGC (Cruz et al., 2012). Nesse contexto, o cruzamento VML016 x VML188 é uma ótima opção para população base pensando em PG em alto N, pois possui a terceira maior CEC e a VML016 possui a maior CGC.

Além da formação de população base, o conhecimento sobre CGC e CEC é muito importante para estudos de diversidade genética, classificação de grupos heteróticos, estimação de heterose e desenvolvimento de novos híbridos comerciais (Fan et al., 2014). Zhang et al., (2016) utilizaram análises dialélicas para testar uma nova hipótese de heterose. Segundo Jumbo e Carena (2007) populações com alta diversidade genéticas possuem alta CEC. Makumbi et al. (2010) selecionaram linhagens de milho importantes para a formação de população base em condições de estresse por seca e N.

Tabela 8. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) para produtividade de grãos avaliados em 101 e 104 híbridos experimentais de milho tropical nas safras de 2016/17 e 2017/18, respectivamente, em condição de alto N

Linhagem	VML004	VML009	VML016	VML017	VML020	VML022	VML028	VML033	VML051	VML188
VML004	-	-31,59	17,92	-130,76	-397,01	205,74	-149,10	-70,03	250,95	-8,01
VML009		-	161,07	-52,76	-143,51	23,31	-27,43	102,27	92,44	-82,85
VML016			-	12,62	189,84	164,78	10,20	6,08	10,98	248,23
VML017				-	282,40	161,14	-24,12	38,34	-414,05	28,41
VML020					-	148,56	175,07	49,95	-37,88	-263,89
VML022						-	-28,70	64,73	-128,72	23,51
VML028							-	-89,84	245,99	105,66
VML033								-	-43,94	20,43
VML051									-	28,73
VML188										-

5. CONCLUSÃO

- O nível de estresse por nitrogênio afeta a herança dos principais caracteres agronômicos em milho. No geral, os efeitos aditivos e de desvios de dominância são importantes para o controle da dos caracteres estudados, nos dois níveis de N. Algumas exceções importantes são PG, onde em baixo N não há efeito de desvios dominância. Somente os efeitos aditivos controlam PG em baixo N. Já em alto N os dois efeitos são importantes.
- Os efeitos de RCGC e RCEC não são importantes no controle dos caracteres agronômicos estudados.
- Há grande variabilidade genotípica entre híbridos para os caracteres agronômicos.
- VML016 teve maior CGC para PG nos dois níveis de N, mas teve efeito negativo para ciclo. Já a VML022 foi boa tanto para PG quanto para ciclo nos dois níveis de N estudados.
- Valores de CEC e CGC variaram com a variação do nível de N.
- PG e SPAD possuem baixa correlação de CGC entre os ambientes e por isso são bons caracteres para serem utilizados para a seleção de genótipos mais eficientes no uso de N em ambiente específico.
- VML022 é uma excelente linhagem para a formação da população base quando o objetivo é aumentar produtividade e reduzir ciclo. Se o objetivo é somente aumentar PG, a melhor linhagem é a VML016.
- VML016 x VML188 é uma ótima opção de população base.
- As três maiores CEC para PG foram 282,40 (VML017 x VML020), 250,95 (VML004 x VML051) e 248,04 (VML016 x VML188).

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abdel-Ghani, A.H.; Kumar, B.; Reyes-Matamoros, J.; Gonzalez-Portilha, P.J.; Jansen, C.; Martin, J.P.S.; Lee, M.; Lübberstedt, T. (2013) Genotypic variation and relationships between seedlings and adult plant traits in maize (*Zea mays* L.) inbred lines grown under contrasting nitrogen levels. *Euphytica* 189: 123-133.
- Abe, A.; Odetimirin, V.O.; Menkir, A.; Moose, S.P.; Olaniyan, A.B. (2013) Performance of tropical maize hybrids under conditions of low and optimum levels of nitrogen fertilizer application grain yield, biomass production and nitrogen accumulation. *Maydica*, 58:141-150.
- Badu-Apraku, B.; Oyekunle, M.; Fakorede, M. A. B.; Vroh, I.; Akinwale, R. O.; Aderounmu, M. (2013) Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments. *Euphytica*. 192:413–433 DOI 10.1007/s10681-013-0876-4.
- Badu-Apraku, B.; Fakorede, M. A. B.; Gedil, M.; Talabi, A. O.; Annor, B.; Oyekunle, M.; Akinwale, R. O.; Fasanmade, T. Y.; Akaogu, I. C.; Aderounmu, M. (2015) Heterotic responses among crosses of IITA and CIMMYT early white maize inbred lines under multiple stress environments. *Euphytica* 206:245-262. DOI 10.1007/s10681-015-1506-0
- Badu-Apraku, B.; Akinwale, R.O.; Franco, J.; Oyekunle, M. (2012) Assessment of Reliability of Secondary Traits in Selecting for Improved Grain Yield in Drought and Low-Nitrogen Environments. *Crop Science*, 52:2050-2062.
- Banziger, M.; Setimela, P. S.; Hodson, D.; Vivek, B. (2004) Breeding for improved drought tolerance in maize adapted to southern Africa. in "New directions for a diverse planet". Proceedings of the 4th International Crop Science Congress, 26 Sep – 1 Oct, Brisbane, Australia. Published on CDROM.
- Beadle, G.W. (1978) Teosinte and the origin of maize. In: Walden, D.B (ed.) *Maize breeding and genetics*. New York, John Wiley and Sons, 8:113-141.
- Butler, D.; Cullis, B.R.; Gilmour, A.R.; Gogel, B.J. (2009) *ASReml-R reference manual*. Release 3.0. State Queensland, Dep. Prim. Ind. Fish., Brisbane, QLD, Australia.

- Cantelmo, N.F.; Pinho, R.GV.; Balestre, M. (2017) Genome-wide prediction for maize single-cross hybrids using the GBLUP model and validations in diferente crop seasons. *Mol. Breeding*, 37: 51.
- Cockerham, C.C.; Weir, B.S. (1977) Quadratic analyses of reciprocal crosses. *Biometrics* 33:187–203. doi:10.2307/2529312
- Coque, M.; Gallais, A. (2006) Genomic regions involved in response to grain yield selection at high and low nitrogen fertilization in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 112: 1205-1220.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4ª ed., Ed UFV, Viçosa-MG, 514p.
- Dovale, J.C.; Fritsche-Neto, R.; Bermudez, F.; Miranda, G.V. (2012) Efeitos gênicos de caracteres associados à eficiência no uso de nitrogênio em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.47, n.3, p.385-392, março.
- Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics. 4th Ed. Longman Hallow, London.
- Fan, X. M.; Zhang, Y.D.; Yao, W. H.; Bi, Y. Q.; Liu, L.; Chen, H. M.; Kang, M. S. (2014) Reciprocal diallel crosses impact combining ability, varience estimation, and heterotic group classification. *Crop Science*, Vol. 54, January – February.
- Fritsche-Neto, R.; Vieira, R. A; Scapim, C. A.; Miranda, G. C.; Rezende, L. M. (2012) Atualização da proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 34, n. 1, p. 99–101.
- Gallais, A.; Hirel, B. (2004) Na approach to the genetics of nitrogen use efficiency in maize. *Journal of Experimental Botany*, v.55, p.295-306.
- Gallais, A.; Coque, M.; Bertin, P. (2008) Response to selection of a maize population for adaptation to high or low nitrogen fertilization. *Maydica*, 53:21-18.
- Guedes, F. L.; Souza, J. C.; Costa, E. F. N; Reis, M. C.; Cardoso, G. A; Ematné, H. J. (2011) Evaluation of maize top crosses under two nitrogen levels. *Ciência e Agrotecnologia*, v.35, n.6, p. 1115-1121, nov./dez.
- Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Austr. J. Biol. Sci.*, 9:463-493.

- Harrel Jr, F. E. (2007) DUPONT, Maintainer Charles; HMISC, Depends. The design package. R package version, v. 2.
- Henderson, C.R. (1953) Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*, 17(1): 226-252.
- Hirel, B.; Bertin, P.; Quilleré, I.; Bourdoncle, W.; Attagnant, C.; Dellay, C.; Gouy, A.; Cadiou, S.; Retalliau, C.; Falque, M.; Gallais, A. (2001) Towards a better understanding of the genetic and physiological basis for nitrogen use efficiency in maize. *Plant Physiology*, 125(3):1258-70.
- Jumbo, M. B.; Carena, M. J. (2008) Combining ability, maternal, and reciprocal effects of elite early-maturing maize populations hybrids. *Euphytica* (2008) 162:325-333
- Makumbi, D.; Betrán, J. F; Banziger, M.; Ribaut, J. (2011) Combining ability, heterosis and diversity in tropical maize (*Zea mays* L.) under stress and non-stress conditions. *Euphytica* (2011) 180:143-162. Doi: 10.1007/s10681-010-0334-5
- Marçal, T. S.; Rocha, J. R. A. C.; Salvador, F. V.; Anjos, R. S. R.; Silva, A. C.; Carneiro, P. C. S.; Carneiro, J. E. S. (2019) Estimation of Variance for Reciprocal General and Specific Combining Ability Effects by EM-AI Algorithm. *Crop Sci.* 59:1–10. doi: 10.2135/cropsci2018.09.0555.
- Miranda, G.V.; Godoy, C.L.; Galvão, J.C.C.; Santos, I.C.; Eckert, F.R.; Souza, L.V. (2005) Selection of discrepant maize genotypes for nitrogen use efficiency by a chlorophyll meter. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 5:451-459.
- Möhring, J.; Melchinger, A.E.; Piepho, H.P. (2011) REMLbased diallel analysis. *Crop Sci.* 51:470–478. doi:10.2135/cropsci2010.05.0272
- Monneveux, P.; Zaidi, P.H.; Sanches, C. (2011) Population Density and Low Nitrogen affects yield – Associated traits in tropical Maize. *Crop Science*, 45:535-545.
- O'Neill, P.M.; Shanahan, J.F.; Schepers, J.D. (2006) Use of chlorophyll fluorescence assessments to differentiate corn hybrid response to variable water condition. *Crop Science*, v.46, p. 681-687.
- Paes, M.C.D. (2008) Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. In: “A cultura do milho”. Embrapa, Sete Lagoas, p.47-60.
- Peixoto, M.C. (2014) O milho no Brasil, sua importância e evolução. *Artigos Pioner*. Acessado dia 03/01/2015 em: <http://www.pioneersementes.com.br>.

- Ramalho, M.A.P.; SantoS, J.B.; Pinto, C.A.B.P.; Souza, E.A.; Gonçalves, F.M.A.; Souza, J.B. *Genética na agropecuária*. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 566p.
- Resende, M. D. V. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas.
- Rodrigues, M.C.; Rezende, W.M.; Silva, M.E.J.; Faria, S.V.; Zuffo, L.T.; Galvão, J.C.C.; DeLima, R.O. (2017) Genotypic variation and relationships among nitrogen-use efficiency and agronomic traits in tropical maize inbred lines. *Genet. Mol. Res.* 16 (3) DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039757>
- Safra Mundial de Milho 2018/19 – 12º Levantamento do USDA.
- Santos, L. P. D.; Aquino, L. A.; Nunes, P. H. M. P; Xavier, P. O. (2013) Doses de nitrogênio na cultura do milho para altas produtividades de grãos. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v.12, n.3, p. 270-279.
- Souza, L.V.; Miranda, G.V.; Galvão, J.C.C.; Eckert, F.R.; Mantovani, E.E.; DeLima, R.O.; Guimarães, L.J.M. (2008) Genetic control of grain yield and nitrogen efficiency in use in tropical maize. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.43, p.1413-1424.
- Torres, L. G.; Caixeta, D. G.; Rezende, W. M.; Schuster, A.; Azevedo C. F.; Silva, F. F.; DeLima, R. O. (2019) Genotypic variation and relationships among traits for root morphology in a panel of tropical maize inbred lines under contrasting nitrogen levels. *Euphytica*, 215:51.
- Vergutz, L.; Novais, R.F (2015) Recomendação de corretivos e adubação. In: *Milho “do plantio a colheita”*. Editora UFV, Viçosa, p.108-136.
- Wickhan, H. (2016) *ggplot2: elegant graphics for data analysis*. R Package Version. Springer.
- Wickhan, H. (2012) *reshape2: Flexibly Reshape Data: A Reboot of the Reshape Package*. R Package Version 1.
- Worku, M.; Banziger, M.; Erley, G.S.; Friesen, D.; Diallo, A.O.; Horst, W.J. (2007) Nitrogen Uptake and Utilization in Contrasting Nitrogen Efficient Tropical Maize Hybrids. *Cropp Science*, 47:519-528.
- Wu, Y.; Liu, W.; Li, X.; Li, M.; Zhang, D.; Hao, Z.; Weng, J.; Xu, Y.; Zhang, S.; Xie, C. (2011) Low-nitrogen stress tolerance and nitrogen agronomic efficiency among maize

inbreds: comparison of multiple indices and evaluation of genetic variation. *Euphytica*, 180: 281-290.

Yao, W.H.; Zhang, Y.D.; Kang, M.S.; Chen, H.M.; Liu, L.; Yu, L.J.; Fan, X.M. (2013.) Diallel analysis models: A comparison of certain genetic statistics. *Crop Sci.* 53:1481–1490. doi:10.2135/cropsci2013.01.0027

Zhang, Y. D.; Fan, X.; Yao, W.; Piepho, H.; Kang, M. S. (2016) Diallel analysis of four maize traits and a modified heterosis hypothesis. *Crop Science*, Vol. 56, May – June.

Zuffo, L. T. (2016) Avaliação de Híbridos Comerciais de Milho para Caracteres Agronômicos e Eficiência na Utilização de Nitrogênio. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Viçosa.