

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

**Desempenho de linhagens de milho tropical em cruzamento com testadores
tropicais e temperados**

Nathália Campos Vilela Resende
Doctor Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

NATHÁLIA CAMPOS VILELA RESENDE

Desempenho de linhagens de milho tropical em cruzamento com testadores tropicais e temperados

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

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

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

T

R433d
2024 Resende, Nathália Campos Vilela, 1996-
Desempenho de linhagens de milho tropical em cruzamento
com testadores tropicais e temperados / Nathália Campos Vilela
Resende. – Viçosa, MG, 2024.
1 tese eletrônica (43 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2024.
Referências bibliográficas: f. 37-43.
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2025.026>
Modo de acesso: World Wide Web.

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

CDD 22. ed. 633.1552

NATHÁLIA CAMPOS VILELA RESENDE

Desempenho de linhagens de milho tropical em cruzamento com testadores tropicais e temperados

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

APROVADA: 28 de novembro de 2024.

Assentimento:

Nathália Campos Vilela Resende
Autora

Rodrigo Oliveira de Lima
Orientador

Essa tese foi assinada digitalmente pela autora em 20/02/2025 às 15:53:50 e pelo orientador em 20/02/2025 às 16:31:54. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **A860.IDPA.ZAIW** e clique no botão 'Validar documento'.

Ao meu pai Juliano Tadeu Vilela Resende e minha mãe Maria Cristina Campos Resende por todo carinho, amor, apoio e incentivo durante essa jornada. Às minhas irmãs por todo amor e companheirismo.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

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

A Deus por estar presente em todos os momentos decisivos da minha vida me guiando.

Aos meus pais, Juliano e Maria Cristina, minhas irmãs Millena, Alice e Julia e a todos os familiares por todo apoio, incentivo, carinho, amor e compreensão.

Ao meu namorado Vitor pelo companheirismo e suporte durante toda essa trajetória. À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização do curso e enorme contribuição em minha formação profissional e pessoal.

Aos órgãos financiadores CNPq e CAPES pelo suporte financeiro para a concessão de bolsa e realização deste trabalho.

Ao professor Rodrigo de Lima por toda orientação, paciência, atenção e ensinamentos.

Aos membros da comissão avaliadora, Professores Tiago Marçal e Michele Jorge Silva Siqueira, e aos doutores Lisandra Moura e Hécio Duarte Pereira pela participação na banca de defesa e pelas contribuições para este trabalho.

Ao Dr. Alison Uberti por toda paciência e ajuda nas análises estatísticas.

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

Aos funcionários das Unidades de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra, Horta Nova e Vale da Agronomia, por toda dedicação e suporte na condução dos experimentos.

A todos os meus amigos que sempre acreditaram em mim e me apoiaram.

Muito Obrigada!

RESUMO

RESENDE, Nathália Campos Vilela, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2024. **Desempenho de linhagens de milho tropical em cruzamento com testadores tropicais e temperados.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

O conhecimento da diversidade genética e a alocação de linhagens de milho em grupos heteróticos são fundamentais para o desenvolvimento de híbridos de milho produtivos e estáveis em programas de melhoramento de milho. Assim, este estudo teve como objetivo avaliar o potencial de melhoramento de 79 linhagens de milho tropical em cruzamentos com testadores tropicais (VML022 e VML083) e temperados (GEMS-0002 e GEMN-0249), em ambiente tropical. Os 316 híbridos experimentais e 13 híbridos comerciais foram conduzidos durante três safras em Minas Gerais. Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros espaçadas em 0,8 m. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos aumentados. Os caracteres avaliados foram: dias para florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), número de nós abaixo (NNAB) e acima da espiga (NNAC), diâmetro de colmo (DC, mm), área foliar (AF, cm²), diâmetro (DE, mm) e comprimento de espiga (CE, cm), número de fileiras (NF) e grãos por fileira na espiga (NGF), número de grãos total na espiga (NGT), massa de 1000 grãos (M1000, g), comprimento de grão (CG, mm) e prolificidade (PRL). Os parâmetros e valores genéticos das linhagens e dos híbridos foram estimados com emprego do delineamento de "line by tester" via modelos mistos (REML/BLUP). Além disso, análise GGE biplot foi usada para seleção dos melhores testadores e combinações híbridas. Houve efeito ($P < 0,01$) para os componentes de variância de linhagem e linhagens \times testador. As linhagens VML165, VML118, VML124, VML154, VML065, VML038, VML131 e VML108 tiveram altos valores de CGC e, assim, destacaram-se em cruzamentos com os testadores usados neste estudo. Os testadores GEMN-0249 e GEMS-0002 foram eficientes na alocação das linhagens em três grupos heteróticos. Os melhores híbridos testcross serão testados em múltiplos ambientes, com potencial para lançamento comercial. Foi possível definir estratégias de melhoramento para aumentar a eficiência e a assertividade na obtenção de materiais superiores e produtivos para o futuro do Programa de Melhoramento de Milho da UFV.

Palavras-chave: Zea mays L.; GGE biplot; Germoplasma exótico; Melhoramento genético

ABSTRACT

RESENDE, Nathália Campos Vilela, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, November, 2024. **Performance of inbred lines of tropical maize in crosses with tropical and temperate testers.**.. Adviser: Rodrigo Oliveira de Lima.

The knowledge of genetic diversity and the allocation of maize inbred lines into heterotic groups are essential for the development of productive and stable hybrids in maize breeding programs. Thus, this study aimed to evaluate the breeding potential of 79 tropical maize inbred lines crossed with tropical testers (VML022 and VML083) and temperate testers (GEMS-0002 and GEMN-0249) in a tropical environment. A total of 316 experimental hybrids and 13 commercial hybrids were evaluated over three growing seasons in Minas Gerais, Brazil. Each plot consisted of a single four-meter-long row spaced 0.8 m apart, using an augmented block design. The evaluated traits included days to pollen (DTP, days) days to silking (DTS, days), plant height (PH, cm), ear height (EH, cm), number of nodes below and above the ear (NNBE and NNAE), stem diameter (SD, mm), leaf area (LA, cm²), ear diameter and length (ED and EL, mm and cm), number of rows per ear (NR), number of kernels per row (NKR), total number of kernels (TNK), 1000-kernel weight (KW1000, g), kernel length (KL, mm), and prolificacy (PRL). Genetic parameters and values of the inbred lines and hybrids were estimated using a line by tester design via mixed models (REML/BLUP). Additionally, GGE biplot analysis was employed to select the best testers and hybrid combinations. Significant effects ($P < 0.01$) were observed for variance components of lines and line \times tester interactions. The inbred lines VML165, VML118, VML124, VML154, VML065, VML038, VML131, and VML108 exhibited high general combining ability (GCA) values and stood out in crosses with the testers used in this study. The testers GEMN-0249 and GEMS-0002 efficiently allocated the inbred lines into three heterotic groups. The best testcross hybrids will be evaluated across multiple environments, with potential for commercial release. This study allowed the development of breeding strategies to enhance efficiency and accuracy in obtaining superior and productive materials, contributing to future advancements of the UFV Maize Breeding Program.

Keywords: *Zea mays* L.; GGE biplot; exotic germplasm,; breeding

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	8
2.	OBJETIVOS	11
2.1	Objetivo Geral.....	11
2.2	Objetivos Específicos.....	11
3.	MATERIAL E MÉTODOS.....	12
3.1	Material Genético.....	12
3.2	Execução experimental	12
3.3	Caracteres Avaliados	13
3.4	Análises genético-estatísticas.....	14
4.	RESULTADOS	16
4.1	Amplitude e estimativas de média dos híbridos testcrosses por testador	16
4.2	Componentes de variâncias e quadráticos, herdabilidade e coeficiente de variação ...	18
4.3	Correlações Genéticas.....	20
4.4	Análise “line by tester” com emprego do método GGE biplot.....	21
4.5	Alocação das linhagens em grupos heteróticos com base nas estimativas de CEC.	24
4.6	Médias Genóticas Preditas dos Melhores Híbridos Testcrosses	27
5.	DISCUSSÃO	30
6.	CONCLUSÕES	36
7.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	37

1. INTRODUÇÃO

A cultura do milho (*Zea mays* L.) é de enorme importância para a agricultura mundial, destacando-se tanto pela sua relevância econômica quanto pela sua diversidade genética. Com uma ampla variedade de germoplasmas disponíveis, a exploração de sua variabilidade genética é essencial para atender às demandas atuais e futuras, especialmente em um cenário de mudanças climáticas e necessidade de aumento da produção agrícola. No entanto, estima-se que apenas uma pequena fração (cerca de 2 a 5%) dessa variabilidade genética é efetivamente utilizada em programas de melhoramento (GOODMAN, 2004; YONG et al., 2013b; OLIVEIRA et al., 2023). Essa subutilização tem impacto direto no ganho genético, que atingiu um platô, tornando cada vez mais difícil incrementar características de interesse, como a produtividade (FISCHER et al., 2014).

Um exemplo da fragilidade do germoplasma de milho devido à pouca variabilidade genética explorada é a epidemia de cigarrinha e, conseqüentemente, a disseminação de enfezamento nas lavouras brasileiras de milho. Estudos demonstram que a limitada variabilidade genética em muitos cultivares comerciais de milho reduz a capacidade de resistência das plantas a esses patógenos, aumentando a suscetibilidade ao ataque da cigarrinha e, conseqüentemente, à manifestação dos sintomas de enfezamento (BENTO et al., 2020). Segundo Ferreira et al. (2019), a diversificação do germoplasma e a seleção de híbridos com maior resistência genética são estratégias essenciais para minimizar os impactos das doenças transmitidas pela cigarrinha no rendimento das lavouras de milho.

O germoplasma de milho é tradicionalmente classificado em dois grupos principais: tropical e temperado, diferenciando-se pelas adaptações ambientais e pela latitude onde são cultivados. O germoplasma tropical destaca-se pela resistência a pragas e doenças, tolerância à seca e qualidade dos grãos (HOLLEY e GOODMAN, 1988; WU et al., 2021), enquanto o germoplasma temperado destaca-se pelo maior potencial produtivo, maior índice de colheita e precocidade (CAMPOS e CALIGARI, 2017). Em contextos de alta densidade de plantio, os híbridos de milho temperado têm mostrado superioridade em características estruturais, como altura reduzida e resistência ao acamamento, proporcionando maior estabilidade de produção (MAKUMBI et al., 2011; MARTINS et al., 2022).

No Brasil, o germoplasma tropical é amplamente utilizado nos programas de melhoramento, especialmente por sua adaptabilidade e resistência aos estresses bióticos e

abióticos. No entanto, a introdução de germoplasma temperado tem sido uma estratégia crescente para ampliar a base genética e aumentar a heterose nos híbridos tropicais (SANTOS et al., 2020). Estudos recentes demonstram que essa combinação de germoplasmas resulta em híbridos mais produtivos e resistentes a condições climáticas extremas (PATEL et al., 2021; WU et al., 2019). A introgressão de genes do germoplasma temperado no milho tropical tem sido amplamente utilizada para expandir a diversidade genética e aumentar a heterose nos programas de melhoramento de milho tropical (OLIVEIRA et al., 2023; MARTINS et al., 2022). Programas de melhoramento em várias regiões têm incorporado germoplasma temperado para aumentar a produtividade, oferecendo variabilidade genética e características complementares aos genótipos tropicais, particularmente em resistência a estresses bióticos e abióticos (SMITH e JOHNSON, 2021; LEE e PATEL, 2023).

Outro aspecto central nos programas de melhoramento de milho é a alocação de linhagens em grupos heteróticos. Esses grupos, quando cruzados, expressam alto vigor híbrido, resultando em maior produtividade e resistência a estresses (HALLAUER et al., 2010). A correta alocação de linhagens em grupos heteróticos é essencial para maximizar os ganhos de heterose e, conseqüentemente, a eficiência dos programas de melhoramento. Atualmente, métodos como a análise GGEbiplot e o uso de inteligência artificial vêm aprimorando a identificação e a classificação das linhagens, permitindo a maximização dos ganhos de heterose e aumentando a eficiência dos programas de melhoramento (YAN et al., 2020; LEE e SMITH, 2023). Tais ferramentas facilitam a interpretação da diversidade genética e melhoram a capacidade de combinação entre linhagens e híbridos, possibilitando uma seleção mais precisa de genótipos adaptados às exigências do mercado e aos desafios ambientais atuais.

Para a alocação mais acurada de linhagens de milho em grupos heteróticos e para o teste de potencial produtivo dos híbridos originados dessas linhagens, é necessária uma ampla rede de testes. No entanto, o elevado número de linhagens que precisam ser avaliadas torna inviável o uso extensivo de cruzamentos dialélicos para obter as capacidades de combinação, devido à complexidade e ao tempo necessários para esses cruzamentos (MIRANDA FILHO e GERALDI, 1984; PATERNIANI et al., 2010). Além disso, há uma baixa correlação entre o desempenho das linhagens e o de seus híbridos, o que significa que o desempenho produtivo das linhagens “per se” não pode ser usado para prever com precisão o desempenho dos híbridos (HALLAUER e LOPES-PEREZ, 1979; MIHALJEVIC et al., 2005).

Para contornar essa limitação, utiliza-se o método testcross, uma prática padrão na avaliação do potencial de linhagens em programas de melhoramento genético. Proposto

inicialmente por Davis (1927), o testcross consiste em cruzar linhagens com um testador comum, onde as linhagens são utilizadas como fêmeas e o testador doador de pólen. Jenkins e Brunson (1932) propuseram a avaliação de híbridos simples no esquema testcross, resultando em dados mais consistentes. Atualmente, esse método permite uma avaliação mais eficiente e econômica do potencial das linhagens, maximizando os ganhos genéticos e auxiliando na seleção de genótipos superiores (LEE et al., 2022; ZHANG et al., 2021).

A escolha correta de um testador pode ter grande influência no sucesso do processo de seleção. Um bom testador deve proporcionar uma classificação correta do mérito relativo das linhagens, permitindo a maximização dos ganhos genéticos (HALLAUER, 1979). Em programas de melhoramento genético o uso de híbridos simples ou linhagens elites têm sido amplamente utilizado, por apresentarem uma série de características desejáveis e permitirem uso direto dos resultados para produção de híbridos simples ou triplos conforme o testador utilizado (SOUZA JUNIOR et al., 2001).

Diante do exposto, este estudo busca contribuir para melhorar o entendimento e utilização da variabilidade genética do milho, a correta alocação de 79 linhagens do Programa de Melhoramento de Milho da UFV em grupos heteróticos, e o desempenho dos híbridos testcross provenientes dessas linhagens com testadores tropicais e temperados e a seleção de testadores mais eficazes na alocação em grupos heteróticos. Além disso, o desenvolvimento de estratégias de melhoramento futuras mais robustas para o programa de melhoramento da UFV.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Avaliar o potencial de linhagens de milho tropical em cruzamento com testadores tropicais e temperados para o desenvolvimento de híbridos heteróticos e produtivos.

2.2 Objetivos Específicos

Avaliar o desempenho de linhagens de milho tropical em cruzamento com dois testadores tropicais e dois temperados.

Alocar linhagens de milho tropical em grupos heteróticos com base na avaliação dessas em cruzamento com testadores de milho tropical e temperado.

Selecionar testadores eficientes para alocar linhagens de milho tropical em grupos heteróticos.

Estimar a correlação genética entre o comportamento de linhagens de milho tropical com diferentes testadores.

Selecionar um conjunto de linhagens de milho tropical para o desenvolvimento de novos híbridos heteróticos e produtivos de milho.

Selecionar um conjunto de híbridos testcrosses para serem avaliados em várias condições de cultivo com diferentes populações de plantas.

Propor estratégias de melhoramento para o desenvolvimento de populações de melhoramento, novas linhagens e novos híbridos de milho a partir das linhagens selecionadas do presente estudo.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Genético

Um conjunto de 79 linhagens de milho desenvolvidas pela UFV e previamente selecionadas com base no comportamento *per se* para resistência a doenças, arquitetura de plantas e produtividade de grãos, e na diversidade genética foi usado no presente estudo. As 79 linhagens foram avaliadas com base no comportamento em cruzamento com dois testadores de milho tropical e dois testadores de milho temperado. Os testadores de milho tropical, as linhagens VML022 e VML083, foram desenvolvidos pelo Programa Milho®, programa de melhoramento da UFV, e têm sido usados rotineiramente na avaliação e seleção de progênies endogâmicas de milho e no desenvolvimento de populações de melhoramento e híbridos elites. Além disso, essas linhagens representam os dois grupos heteróticos de milho tropical do Programa Milho®-UFV. Os dois testadores de milho temperado, as linhagens GEMS-0002 e GEMN-0249, foram desenvolvidos pelo GEM (*Germplasm Enhancement of Maize*) que é subordinado ao USDA (Departamento de Agricultura dos Estados Unidos), e representam os dois principais grupos heteróticos de milho temperado. A linhagem GEMS-0002 pertence ao grupo heterótico Stiff Stalk, e a linhagem GEMN-0249 pertence ao grupo heterótico Non-Stiff Stalk.

Na nursery de inverno de 2021, as 79 linhagens de milho tropical foram cruzadas com os quatro testadores: as linhagens VML022, VML083, GEMS 0002 e GEMN 0249, na Estação Experimental Vale da Agronomia, Viçosa, MG (20°45'34,9"S, 42°52'11.6"W, altitude 650 m). Os cruzamentos foram feitos manualmente de acordo com o delineamento "line by tester" (HALLAUER et al., 2010).

3.2 Execução experimental

Os 316 híbridos testcrosses de milho derivados do cruzamento entre as 79 linhagens e os quatro testadores foram avaliados na safra 2021/2022 na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra (UEPE Coimbra), Coimbra, MG (20°49'46,5" S, 42°45'51,1" W, altitude de 715m) e nas safras de 2022/2023 e 2023/2024 na UEPE Coimbra e na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão da Horta Nova, Viçosa, MG (20°45'14" S e 42°52'55" W, altitude de 648m). A combinação locais e safras resultou em um total de cinco ambientes. Todos os experimentos foram conduzidos em sistema de cultivo mínimo com plantio sobre a palhada de feijão e em condições de sequeiro. Em todos os ambientes, fez-se uma adubação de plantio com 350 kg ha⁻¹ de formulado N-P-K, 8-28-16, e, em cobertura, adubou-se com 380 kg ha⁻¹ de

ureia (43% de nitrogênio) aplicada ao lado da linha do milho, no estágio V6. Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região (GALVÃO et al., 2015).

Em todos os ambientes, utilizou-se o delineamento de blocos aumentados (Federer, 1956), onde os híbridos testcrosses foram tratados como tratamentos regulares, e as testemunhas como tratamentos comuns. Usou-se 13 híbridos de milho como tratamentos comuns para a correção do erro experimental, onde sete foram os híbridos comerciais 20A38VIP3, KWS9960VIP3, P3707VYH, DKB390PRO2, DKB390PRO3, DKB230PRO3 e DKB230PRO4, e seis foram híbridos derivados dos cruzamentos entre os quatro testadores; GEMS-0002/GEMN-0249, VML022/VML083, VML083/GEMS-0002, VML083/GEMN-0249, VML022/GEMN-0249 e VML022/GEMS-0002. Em todas as safras, o plantio dos experimentos foi realizado na primeira quinzena de outubro. Cada parcela foi constituída por uma linha de 5 m, com espaçamento entre linhas de 0,80 m. Todas as parcelas foram semeadas com 20% a mais de sementes e, posteriormente, no estágio V4, realizou-se um desbaste para uma população de 62.500 plantas ha⁻¹.

3.3 Caracteres Avaliados

Avaliou-se caracteres de arquitetura de plantas, componentes de produção e produtividade de grãos. Para os caracteres de arquitetura de plantas, foram avaliados: número de dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), Altura de espiga (AE, cm), número de nós abaixo da espiga (NNAB) e acima da espiga (NNAC), diâmetro de colmo (DC, mm) e área foliar (AF, cm²). A área foliar foi calculada a partir da multiplicação do comprimento pela largura da folha da espiga de cada material e multiplicado por 0,75, fator de correção devido ao formato da folha. Para os componentes de produção, avaliou-se os seguintes caracteres: diâmetro de espiga (DE, mm), comprimento de espiga (CE, cm), número de fileiras na espiga (NF), número de grãos por fileira (NGF), número total de grãos (NGT), massa de 1000 grãos (M1000, g), comprimento de grão (CG) e prolificidade (PRL). O CG foi calculado subtraindo o diâmetro da espiga pelo diâmetro do sabugo e posteriormente dividindo por dois para se ter o comprimento de um grão apenas. Por último, avaliou-se a produtividade de grãos por hectare (PG, kg ha⁻¹) corrigido para umidade de 14,5%.

3.4 Análises genético-estatísticas

As estimativas dos componentes de variância e as predições dos valores genéticos das linhagens, dos testadores e da interação linhagens \times testadores foram estimados com emprego da metodologia de modelos mistos pelo pacote do R “ASReml-R” (GILMOUR et al., 2021; BUTLER et al., 2018). Os ambientes, testadores e testemunhas foram incluídos no modelo como efeito fixo, enquanto a linhagem e blocos foram considerados como efeito aleatório. As interações entre os efeitos fixo e aleatório foram incluídos no modelo como efeitos aleatórios.

Considerando uma série de testcrosses, onde N_g linhagens são testadas com N_t testadores, avaliados em N_e experimentos delineados em blocos aumentados, a forma geral do modelo linear misto foi:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\tau} + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_{gt}\mathbf{u}_{gt} + \mathbf{Z}_{ge}\mathbf{u}_{ge} + \mathbf{Z}_{gte}\mathbf{u}_{gte} + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e}$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações fenotípicas dos híbridos; $\boldsymbol{\tau}$ é o vetor de efeitos fixos de ambientes, testadores, testemunhas, interação testadores \times ambientes e interação testemunhas \times ambientes; \mathbf{u}_g é o vetor de efeitos genotípicos aleatórios de linhagens, com $\mathbf{u}_g \sim N(0, \mathbf{I}_g\sigma_g^2)$; \mathbf{u}_{gt} é o vetor de efeitos aleatórios da interação linhagens \times testadores, com $\mathbf{u}_{gt} \sim N(0, \mathbf{I}_{gt}\sigma_{gt}^2)$; \mathbf{u}_{ge} é o vetor de efeitos aleatórios da interação linhagens \times ambientes, com $\mathbf{u}_{ge} \sim N(0, \mathbf{I}_{ge}\sigma_{ge}^2)$; \mathbf{u}_{gte} é o vetor de efeitos aleatórios da interação linhagens \times testadores \times ambientes, com $\mathbf{u}_{gte} \sim N(0, \mathbf{I}_{gte}\sigma_{gte}^2)$; \mathbf{u}_b é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de testadores e dentro de ambientes, com $\mathbf{u}_b \sim N(0, \mathbf{I}_b\sigma_b^2)$; \mathbf{e} é o vetor de erros aleatórios, com $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I}_n\sigma_e^2)$; \mathbf{X} , \mathbf{Z}_g , \mathbf{Z}_{gt} , \mathbf{Z}_{ge} , \mathbf{Z}_{gte} e \mathbf{Z}_b são as matrizes de incidência associadas aos efeitos $\boldsymbol{\tau}$, \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_{gt} , \mathbf{u}_{ge} , \mathbf{u}_{gte} e \mathbf{u}_b .

Os componentes de variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML); (PATTERSON e THOMPSON, 1971). Os valores genéticos das linhagens, testadores e da interação linhagens \times testador, entre os ambientes, foram preditas utilizando a melhor predição linear não-viesada (BLUPs); (PIEPHO et al., 2008). Os efeitos aleatórios foram testados utilizando o modelo *likelihood ratio test* (LRT) contrastando o modelo completo com os modelos reduzidos (RESENDE, 2007). A herdabilidade no sentido amplo (h_x^2) para cada caractere foi estimada baseada no estimador de herdabilidade generalizada (CULLIS et al., 2006; PIEPHO e MÖHRING, 2007): $h_x^2 = 1 - \frac{\bar{v}_{BLUP}}{2\sigma_g^2}$, em que \bar{v}_{BLUP} é a variância média da diferença entre dois BLUPs e σ_g^2 é a variância genotípica estimada do testcross.

Os coeficientes de correlação de Spearman, entre todos os híbridos testcrosses dos testadores, par a par, foram estimados para os caracteres com efeito significativo para genótipos. Esses foram florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), número de nós abaixo da espiga (NNAB),

diâmetro de colmo (DC, mm), área foliar (AF, cm²), diâmetro de espiga (DE, mm) comprimento de espiga (CE, cm), número de fileiras (NF), número total de grãos (NGT) e produtividade de grãos (PG). Os coeficientes de correlação foram estimados com emprego do pacote R “Hmisc” (HARRELL JR e DUPONT, 2023).

A abordagem de efeito principal do genótipo e a interação genótipo por ambiente (GGE) foi utilizada para estimar os efeitos das capacidades de combinação das linhagens e os efeitos dos testadores. Foi utilizado o GGE biplot para análise bidirecional dos dados, no qual linhagens foram tratadas como linhas e os testadores como colunas (YAN, 2001; YAN e HUNT, 2002). Quando o GGE biplot é utilizado para analisar dados de linhagem por testador, a média de produtividade e estabilidade dos genótipos correspondem à capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) das linhagens parentais, respectivamente. O GGE biplot foi construído a partir dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) derivados de dados de PG centrados no testador por meio de decomposição de valor singular (DVS). A capacidade de combinação das linhagens foi visualizada graficamente através da coordenada média do testador (CMT) no GGE biplot (YAN e HUNT, 2002). O comprimento do vetor médio do testador é uma medida da importância relativa da CGC versus a interação linhagem por testador. Além disso, as projeções das linhagens na ordenada CMT aproximam-se dos seus efeitos de CEC, uma indicação da tendência das linhagens em produzir híbridos superiores com testadores específicos (YAN e HUNT, 2002; YAN e KANG, 2003).

O modelo de GGE biplot utilizado foi:

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

em que Y_{ij} é a média ajustada da produtividade de grãos das linhagens i no testador j , β_j é o valor médio de todas as combinações com o testador j , λ_1 e λ_2 são os valores singulares do primeiro e segundo componentes principais, PC1 e PC2, respectivamente, ξ_{i1} e ξ_{i2} são os PC1 e PC2 vetores próprios para linhagens i , respectivamente, η_{j1} e η_{j2} PC1 e PC2 vetores próprios para testador j , respectivamente, e ε_{ij} é o resíduo do modelo associado à linhagem i e testador j . As análises de GGE biplot foram realizadas utilizando os pacotes R “GGEBiplots” (DUMBLE, 2017) e “gge” (WRIGHT e LAFFONT, 2017).

4 RESULTADOS

4.1 Amplitude e estimativas de média dos híbridos testcrosses por testador

Não houve variação expressiva na média dos caracteres entre os conjuntos de híbridos para cada testador (Tabela 1). Os híbridos mais precoces foram provenientes do cruzamento com o testador GEMN-0249 com valores médios de FF e FM de 65,47 e 66,46 dias. Para altura de planta os híbridos com GEMS-0002 foram os mais baixos com AP de 227,95 cm. Entretanto, os híbridos com espigas mais baixas foram aqueles cruzados com o testador GEMN-0249 com AE de 114,86 cm. No geral, foi observada elevada amplitude nos valores genotípicos dos híbridos testcross para os caracteres avaliados, o que evidencia a existência de variabilidade entre os materiais testados. As maiores amplitudes de valores genotípicos, para os caracteres NGF, NGT, DE, CG e AF, foram observadas nos híbridos dos cruzamentos com testadores tropicais VML022 e VML083. Por outro lado, para o caractere CE, maiores amplitudes foram observadas em híbridos com os testadores temperados GEMN-0249 e GEMS-0002. Quando comparado com os demais conjuntos híbridos, os híbridos testcross com o testador VML022 apresentaram maiores amplitudes para os caracteres AF (547,38 a 2069,22 cm²), NGT (204,75 a 762 grãos) e M1000 (170,95 a 500 g). Maiores amplitudes de valor para os caracteres AP (117,50 a 306,67cm) e AE (57,50 a 190 cm) foram observadas no conjunto de híbridos com o testador VML083. Para os híbridos provenientes do cruzamento com os testadores temperados foi observada maior amplitude para o caractere DC (16,20 a 32,50 mm) com o testador GEMS-0002 e CE (12 a 23,63 cm) com o testador GEMN-0249. Para o caractere PG observou-se elevada amplitude de valores genotípicas entre todos os conjuntos de híbridos, variando de 1.172 a 15.878 kg ha⁻¹ para GEMN-0249, 3.483 a 14.133 kg ha⁻¹ para GEMS-0002, 1.382 a 15.589 kg ha⁻¹ para VML022 e de 2.024 a 17.173 kg ha⁻¹.

Tabela 1. Média geral e amplitude da média dos híbridos testcrosses de milho para todos os caracteres avaliados

Caractere	Temperado						Tropical					
	GEMN-0249			GEMS-0002			VML022			VML083		
	Min.	Média	Máx.	Min.	Média	Máx.	Min.	Média	Máx.	Min.	Média	Máx.
FM (dias) ¹	59,00	65,47	73,00	58,00	68,22	76,00	60,00	67,61	76,00	59,00	67,25	75,00
FF (dias)	59,00	66,46	76,00	59,00	69,91	79,00	59,00	67,97	78,00	59,00	67,20	76,00
AP (cm)	135,00	241,35	300,00	132,50	227,95	300,00	150,00	239,02	306,67	117,50	231,80	306,67
AE (cm)	58,75	114,86	171,67	68,75	124,72	191,67	71,25	124,10	190,00	57,50	127,73	190,00
NNAC	5,00	7,26	9,67	5,67	8,07	11,00	5,67	7,66	10,33	5,50	8,01	10,67
NNAB	4,50	6,71	9,00	4,67	6,56	9,75	5,00	6,47	9,00	4,67	6,54	9,25
DC (mm)	14,93	22,82	28,80	16,20	24,12	32,50	16,45	23,60	31,43	15,80	22,69	29,07
AF (cm ²)	486,28	862,43	1.336,11	414,00	844,59	1.338,33	547,38	947,47	2069,22	407,81	836,68	1.356,22
DE (mm)	40,38	46,07	51,50	37,27	47,53	53,05	33,00	47,43	53,57	34,18	46,28	52,47
CE (cm)	12,00	16,05	23,63	9,93	15,13	19,50	12,00	16,11	21,00	10,50	14,89	18,33
NF	12,00	15,69	20,00	12,67	16,26	22,00	10,67	14,90	20,00	12,00	15,20	20,00
NGF	28,25	36,66	44,50	22,25	33,17	42,00	15,75	34,87	44,67	18,00	33,60	44,50
NGT	381,38	574,78	771,56	367,13	538,17	702,44	204,75	518,43	762,00	261,00	510,47	709,33
CG (mm)	8,08	10,70	15,18	6,00	10,63	13,93	3,10	11,17	14,55	7,20	10,72	15,45
PRL	0,75	1,05	5,00	0,81	1,06	1,60	0,57	1,05	1,80	0,75	1,10	1,89
M1000 (g)	165,43	328,18	470,00	210,53	340,02	480,00	170,95	383,66	500,00	175,44	339,82	470,00
PG (kg ha ⁻¹)	1.172	8.344	15.878	3.483	8.483	14.133	1.382	9.530	15.589	2.024	8.558	17.173

¹ Dias para o florescimento masculino (FM, dias), dias para o florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), número de nós acima da espiga (NNAC), número de nós abaixo da espiga (NNAB), diâmetro de colmo (DC, mm), área foliar (AF, cm²), prolificidade (PRL), diâmetro de espiga (DE, mm), comprimento de espiga (CE, cm), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGF), número total de grãos (NGT), comprimento de grão (CG, mm), massa de 1000 sementes (M1000, g) e produtividade de grãos (PG).

4.2 Componentes de variâncias e quadráticos, herdabilidade e coeficiente de variação

Os valores de CV variaram de 1,13% (FF) à 20,56% (M1000; Tabela 2). Os maiores valores de CV foram para M1000 seguido de PRL (18,31%) e NGT (15,21%). Para PG, o valor de CV foi de 13%, e é considerado baixo para experimentos realizados com milho em condições de campo (FRITSCHÉ NETO et al., 2012).

Os componentes de variância para linhagem ($\hat{\sigma}_l^2$) foram significativos ($P < 0,01$) para quase todos os caracteres, a exceção de NNAC, PRL, CG e M1000 (Tabela 2). Houve efeito ($P < 0,01$) do componente quadrático para ambientes ($\hat{\phi}_a^2$) em todos os caracteres avaliados, indicando que os ambientes testados são diferentes. O componente de variância da interação linhagens \times ambientes ($\hat{\sigma}_{la}^2$), foi significativo para os seguintes caracteres: AP, AE, NNAC, NNAB, NF, NGT, CG e M1000. Entretanto, não houve significância do componente para os demais caracteres, o que mostra que não há interação entre linhagem e ambiente para eles. O componente quadrático de testador ($\hat{\phi}_t^2$) foi significativo para quase todos os caracteres, exceto para PRL, indicando que os testadores utilizados são diferentes para quase todos os caracteres. Para os caracteres FM, FF, AP, AE, e PG o componente de variância da interação linhagem \times testador ($\hat{\sigma}_{lt}^2$) foi significativo, assim, para esses caracteres houve divergência genética entre os testadores e linhagens.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram de alta magnitude ($\hat{h}_x^2 > 0,70$) para os caracteres FM, FF, AP, AE e PG em todos os testadores (Tabela 2). Para o caractere PG as herdabilidades variaram de 0,74 (VML083) a 0,82 (GEMN-0249). No geral, as estimativas de herdabilidade para os testcrosses derivados do testador VML083 ($\hat{h}_{x\text{VML083}}^2$) foi de moderada a alta magnitude para todos os caracteres, exceto para NNAC e DC. Para os caracteres NNAC, NNAB, DC, AF, DE, CE, NF, NGT, CG e M1000 a magnitude das estimativas de herdabilidade foram de baixa ($\hat{h}_x^2 < 0,35$) a moderada ($0,35 < \hat{h}_x^2 < 0,70$) para os testcross provenientes dos testadores GEMN-0249, GEMS-0002 e VML022.

Tabela 2. Estimativa dos componentes de variância para linhagem ($\hat{\sigma}_l^2$), bloco dentro de ambiente ($\hat{\sigma}_{b/a}^2$), interação linhagens x ambientes ($\hat{\sigma}_{la}^2$), interação linhagens x testadores ($\hat{\sigma}_{lt}^2$) e interação linhagens x testadores x ambientes ($\hat{\sigma}_{lta}^2$), componente quadrático para testador ($\hat{\phi}_t^2$), testemunha ($\hat{\phi}_c^2$), ambiente ($\hat{\phi}_a^2$), interação testadores x ambientes ($\hat{\phi}_{ta}^2$) e interação testemunhas x ambientes ($\hat{\phi}_{ca}^2$), estimativa da variância residual ($\hat{\sigma}^2$), coeficiente de variação (CV%) e estimativas de herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_x^2) para os 16 caracteres agrônômicos mensurados em híbridos testcross de milho.

Parâmetros	FM (dias) ^{1/}	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	NNAC	NNAB	DC (mm)	AF (cm ²)
Média	66,37	66,65	192,17	100,48	5,22	6,19	18,49	727,80
$\hat{\sigma}_l^2$	1,82* ^{2/}	2,04*	51,52*	51,98*	4,87x10 ⁻⁰³	0,08*	0,26*	951,48*
$\hat{\sigma}_{b/a}^2$	0,04	0,25*	21,51*	12,63*	0,01*	0,02*	0,01	451,35*
$\hat{\sigma}_{la}^2$	1,02	1,03	27,84*	19,17*	1,03x10 ^{-07*}	0,01*	0,08	133,40
$\hat{\sigma}_{lt}^2$	0,25*	0,24*	29,67*	23,62*	0,03	0,03	0,06	361,92
$\hat{\sigma}_{lta}^2$	3,28*	3,75*	1,93x10 ⁻⁰⁵	7,04x10 ⁻⁰⁶	8,84x10 ⁻⁰⁹	0,01	0,10	5,78x10 ⁻⁰⁴
$\hat{\phi}_a^2$	1.168,45*	1.127,50*	1.077.352,95*	314.442,20*	1.575,47*	1.958,63*	37.812,04*	31.241.220,37*
$\hat{\phi}_t^2$	78,83*	102,60*	1.148,58*	1.031,54*	0,99*	12,34*	63,49*	233.854,79*
$\hat{\phi}_c^2$	93,33*	115,90*	1.910,50*	2.440,09*	0,60*	3,15*	20,85*	61.732,83*
$\hat{\phi}_{ta}^2$	4,86*	5,35*	360,70*	486,35*	0,94*	2,07*	11,23*	22.981,81*
$\hat{\phi}_{ca}^2$	7,82*	7,01*	302,41*	249,12*	0,24	0,64*	5,41*	16.589,67*
$\hat{\sigma}^2$	1,58	1,76	105,38	69,57	0,18	0,24	2,60	5.712,33
CV%	1,89	1,13	5,34	8,30	8,14	7,88	8,72	10,38
\hat{h}_x^2 GEMN0249	0,92	0,91	0,72	0,76	2,31x10 ⁻⁰⁶	0,58	0,53	1,05x10 ⁻⁰⁵
\hat{h}_x^2 GEMS0002	0,84	0,86	0,81	0,80	2,22x10 ⁻⁰⁵	0,64	0,64	0,54
\hat{h}_x^2 VML022	0,80	0,77	0,69	0,78	0,32	0,59	0,62	0,70
\hat{h}_x^2 VML083	0,89	0,87	0,77	0,78	1,38x10 ⁻⁰⁵	0,66	0,23	0,51
	PRL	DE (mm)	CE (cm)	NF	NGT	CG (mm)	M1000 (g)	PG (kg ha ⁻¹)
Média	0,64	28,49	9,78	9,34	330,00	6,81	212,86	10.203
$\hat{\sigma}_l^2$	1,19x10 ⁻⁰⁴	0,53*	0,10*	0,30*	360,63*	0,04	70,71	633.481,51*
$\hat{\sigma}_{b/a}^2$	3,31x10 ⁻⁰⁶	3,99x10 ⁻⁰⁷	0,01	0,02	42,60	0,01	133,82*	149.159,30*
$\hat{\sigma}_{la}^2$	1,01x10 ⁻⁰³	0,71	0,11	0,34*	519,13*	0,10*	150,28*	512.811,08
$\hat{\sigma}_{lt}^2$	4,77x10 ⁻⁰⁴	0,21	0,10	0,03	86,85	0,01	47,32	146.034,43*
$\hat{\sigma}_{lta}^2$	0,01*	3,03*	0,29	0,41*	243,16	3,63x10 ⁻⁰⁷	2,82x10 ⁻⁰⁴	427.648,90
$\hat{\phi}_a^2$	71,45*	158.869,69*	19.274,53*	12.167,05*	17.868.731,35*	8.945,81*	6.284.762,34*	784.195.352,93*
$\hat{\phi}_t^2$	0,02	96,45*	30,17*	30,06*	65.859,67*	6,21*	24.339,38*	17.941.609,26*
$\hat{\phi}_c^2$	0,08*	44,07*	10,76*	5,24*	9.147,32*	11,34*	7.745,03*	88.898.337,51*
$\hat{\phi}_{ta}^2$	0,04*	57,48*	15,81*	8,73*	30.159,98*	4,97*	6.364,58*	7.857.166,05*
$\hat{\phi}_{ca}^2$	0,06*	19,27*	4,58*	2,83*	6.015,79*	3,03*	2.950,52	8.704.726,42*
$\hat{\sigma}^2$	0,01	7,08	1,47	1,04	2.519,14	0,98	1.914,84	1.684.432,08
CV%	18,31	9,34	12,42	10,93	15,21	14,51	20,56	13,00
\hat{h}_x^2 GEMN0249	0,74	6,62x10 ⁻⁰⁷	0,45	4,58x10 ⁻⁰³	0,48	2,53x10 ⁻⁰⁵	1,16x10 ⁻⁰⁵	0,82
\hat{h}_x^2 GEMS0002	9,97x10 ⁻⁰⁷	1,53x10 ⁻⁰⁶	9,17x10 ⁻⁰⁶	0,30	0,25	8,68x10 ⁻⁰⁶	3,01x10 ⁻⁰⁵	0,75
\hat{h}_x^2 VML022	1,00x10 ⁻⁰⁶	0,42	0,58	0,27	0,48	0,33	0,62	0,75
\hat{h}_x^2 VML083	0,56	0,75	0,69	0,68	0,61	0,65	0,50	0,74

¹ Dias para o florescimento masculino (FM, dias), dias para o florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), número de nós acima da espiga (NNAC), número de nós abaixo da espiga (NNAB), diâmetro de colmo (DC, mm), área foliar (AF, cm²), prolificidade (PRL), diâmetro de espiga (DE, mm), comprimento de espiga (CE, cm), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGF), número total de grãos (NGT), comprimento de grão (CG, mm), massa de 1000 sementes (M1000, g) e produtividade de grãos (PG). * significativo a 1% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhança

4.3 Correlações Genéticas

Os coeficientes de correlações de Spearman estimados entre o comportamento dos testadores com base na média de três safras, foi significativa ($P < 0,05$) para poucos caracteres e variou muito entre os pares de testadores (Figura 1). Em geral, as estimativas de correlações entre os testcrosses derivados de GEMN0249 e GEMS0002 foram significativas ($P < 0,05$) e positivas para todos os caracteres, e apresentaram valores superiores a 0,45. Houve correlação significativa e positiva, porém, de baixa magnitude entre os testcrosses derivados de GEMN0249 e de VML083 para os caracteres PG ($\hat{\rho} = 0,23$) e FM ($\hat{\rho} = 0,25$). Não houve correlação significativa entre GEMN0249 e VML022, VML022 e VML083 e GEMS0002 e VML022 para quase todos os caracteres, exceto entre os testcrosses derivados de GEMS0002 e de VML022 para PG. Entretanto, houve associação negativa entre o desempenho produtivo dos testcrosses de GEMS0002 e de VML022 ($\hat{\rho} = -0,24$). Além disso, houve associação positiva e significativa ($P < 0,05$) entre o comportamento dos testcrosses de GEMS0002 e de VML083 para FM ($\hat{\rho} = 0,33$) e FF ($\hat{\rho} = 0,42$).

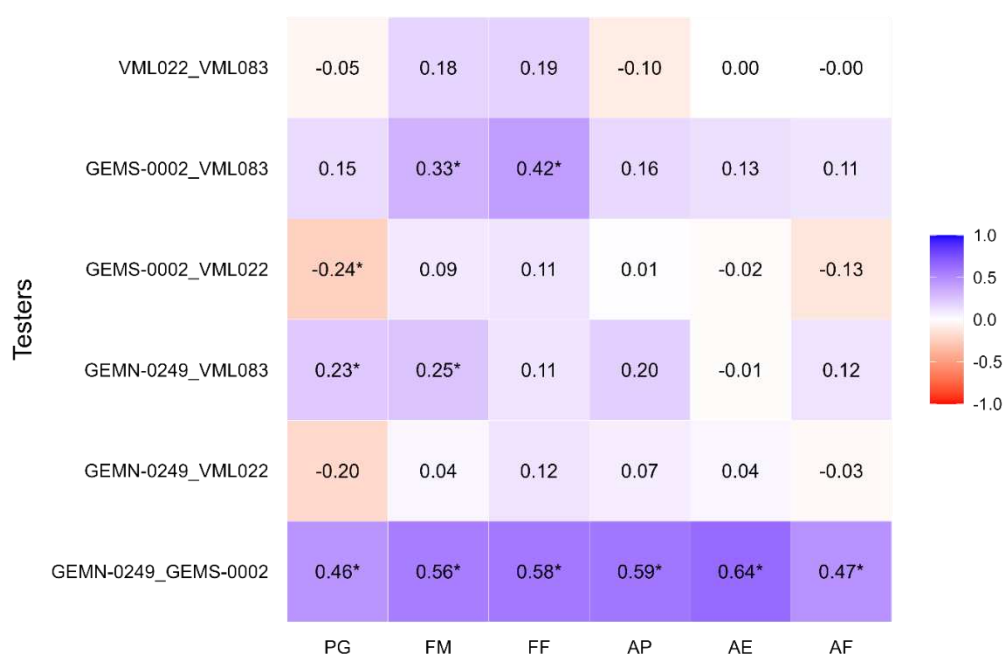


Figura 1. Heatmap dos coeficientes de correlação de Spearman baseado nos valores genotípicos dos caracteres produtividade de grãos (PG), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e área foliar (AF) entre todos os testadores com base nos dados de 3 safras e 5 ambientes. As cores no Heatmap indicam a intensidade da correlação entre os testadores para cada caractere. O nível de correlação é indicado pelas cores, sendo azul para correlações positivas e vermelho para as correlações negativas. *Significância $P \leq 0,05$.

4.4 Análise “line by tester” com emprego do método GGE biplot

Com base nos resultados do GGE biplot, os dois componentes principais (CP) explicaram 86,25% da variação total para PG dos híbridos testcross com os quatro testadores (Figuras 3, 4 e 5). A partir do método GGE biplot, é possível avaliar os padrões de combinação entre as linhagens e os testadores além da melhor combinação com cada testador ou grupo de testadores (Figura 3). As linhagens em cada vértice do polígono, em cada setor, são consideradas as melhores combinações para o testador que está no mesmo setor. Da mesma forma, as linhagens que estão no vértice, porém não há testador no mesmo setor, não tiveram bom desempenho produtivo em cruzamento com os testadores utilizados.

O biplot foi dividido em seis setores, entretanto, os quatro testadores foram alocados em três setores. Para o testador VML022 a linhagem VML103 é a melhor combinação, já o testador GEMS-0002 combinou bem com a linhagem VML118 e VML165. Os testadores VML083 e GEMN-0249 foram alocados no mesmo setor, no qual a linhagem VML075 se encontrava no vértice do polígono, sendo, portanto, a melhor combinação para ambos os testadores. As linhagens VML031 e VML040 estavam em vértices nos quais não havia nenhum testador no setor, indicando que não combinaram bem com os testadores avaliados.

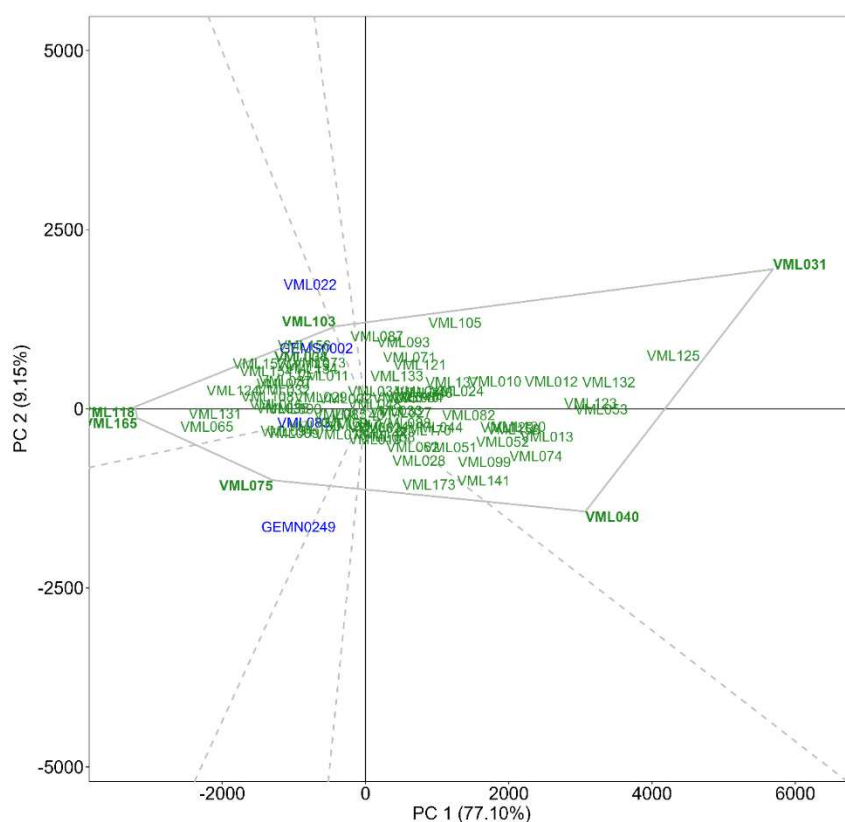


Figura 3. Gráfico de polígono GGE biplot para dados de line by tester com as melhores combinações híbridas para produtividade de grãos para os quatro testadores.

A visualização das coordenadas CMT do GGEbiplot para PG foi utilizada para avaliação do efeito de CGC das linhagens entre os testadores (Figura 4). O efeito da CGC de cada linhagem foi determinado com base em suas projeções sobre o CMT e a direção da seta na reta indica a direção dos maiores valores baseado na performance média das linhagens entre todos os testadores. As linhagens dispostas à esquerda do eixo CMT possuem valores positivos de CGC, enquanto as do lado direito do eixo das abscissas da CMT possuem valores negativos. Portanto, as linhagens com maiores efeitos de CGC foram VML118, VML165, VML065 e VML131. As linhagens VML031, VML125 e VML040 mostraram valores elevados e negativos de CGC. Todos os testadores estavam à direita do eixo CMT, portanto, todos possuem efeito de CGC positivo.

A projeção das linhagens na ordenada CMT aproxima-se do efeito de CEC (MOMENI et al., 2020). Além disso, o maior comprimento da projeção na ordenada CMT indica maiores valores de CEC. Outro ponto está relacionado com a direção da projeção, se está abaixo ou acima do eixo das ordenadas, isso vai indicar com quais testadores o efeito de CEC pode ser associado. Se o testador se encontra na mesma direção que a linhagem significa que o efeito CEC visualizado corresponde ao dessa combinação. A associação do comprimento e a direção na qual as projeções se encontram, indicam com qual testador a progênie combina melhor, e com que magnitude (YAN e HUNT, 2002; BADU-APRAKU et al., 2019). Os maiores efeitos de CEC entre as linhagens, com efeito positivo de CGC, para os testadores VML083 e GEMN-0249, abaixo do eixo CMT, foram VML075, seguido de VML065, VML131, VML165 e VML118. Em contrapartida, os maiores valores para os testadores VML022 e GEMS-0002, acima do eixo CMT, foram VML103, VML087, VML156 e VML038.

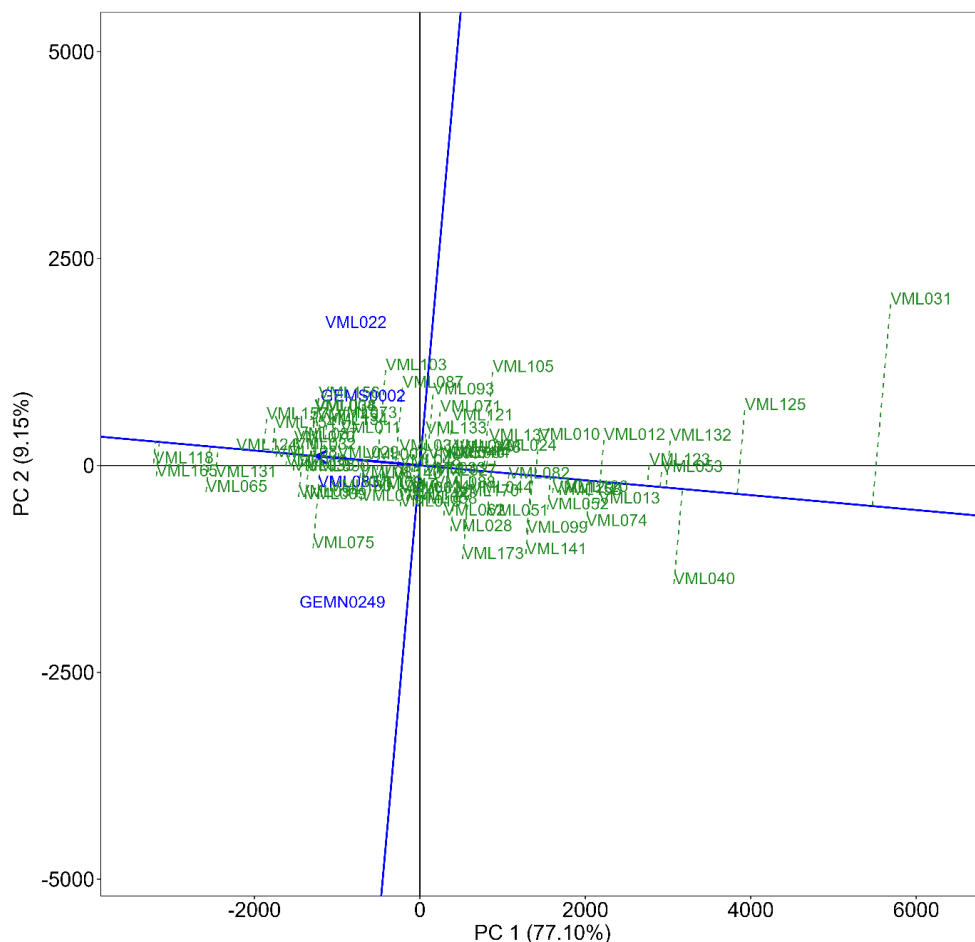


Figura 4. Gráfico GGE biplot de média versus estabilidade, evidenciando os efeitos de capacidade de combinação para produtividade de grãos de linhagens endogâmicas e quatro testadores, dois tropicais e dois temperados.

O biplot de discriminação *versus* representatividade permite a seleção de testadores que melhor discriminem as linhagens em grupos heteróticos. Vetores mais longos indicam que o testador tem maior poder discriminante. Nos dados avaliados os testadores que apresentaram vetores mais longos foram VML022 e GEMN-0249, sendo, portanto, os melhores testadores para alocar as linhagens em grupos heteróticos (Figura 5). Por outro lado, os testadores VML083 e GEMS-0002 tiveram vetores mais curtos, oferecendo menos informações sobre as diferenças entre as linhagens. Os vetores dos testadores VML022, GEMS-0002 e VML083 formaram ângulos agudos entre si, o que indica que proporcionam informações similares para classificar as linhagens em grupos heteróticos. De forma contrária, foi observado ângulo próximo a 90° entre os vetores dos testadores VML022 e GEMN-0249, o que indica correlação nula ou próxima a zero na classificação de linhagens em grupos heteróticos. Além disso, esses mesmos testadores tiveram uma maior projeção na ordenada CMT, sendo assim os testadores mais representativos. O testador com menor representatividade foi VML083.

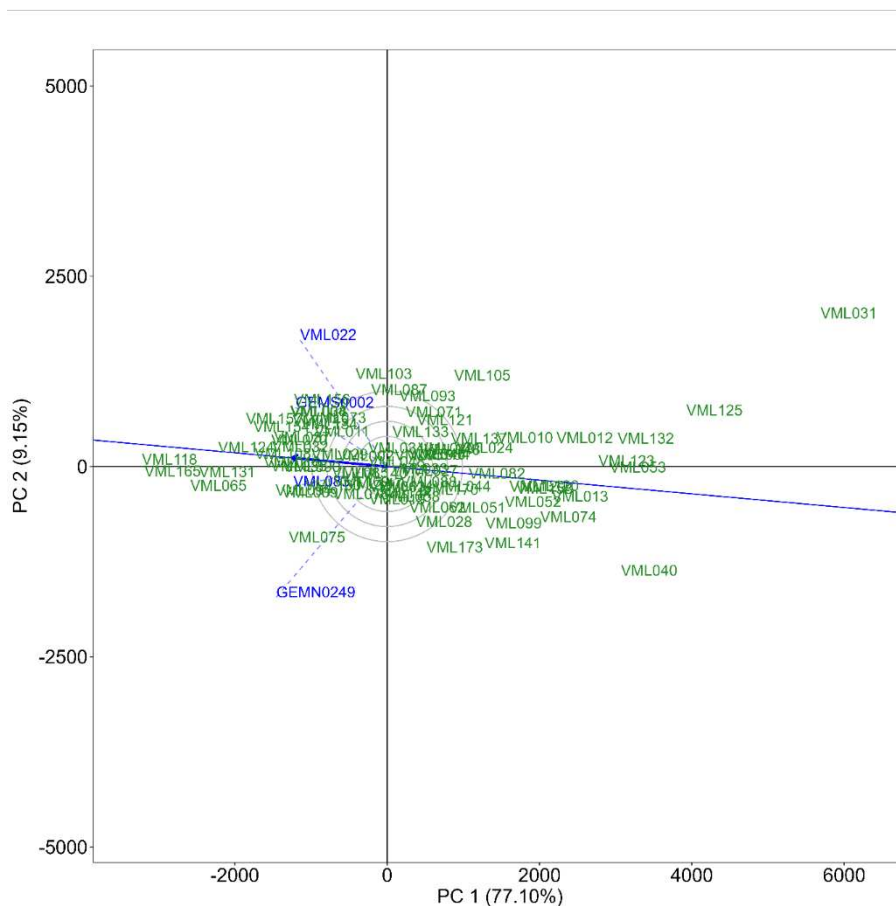


Figura 5. Gráfico de discriminação versus representatividade GGE biplot para mostrar a capacidade dos testadores para diferenciar e representar as linhagens.

4.5 Alocação das linhagens em grupos heteróticos com base nas estimativas de CEC

As estimativas do efeito de CEC entre as linhagens e os testadores podem ser utilizadas para classificar as linhagens em diferentes grupos heteróticos (FAN et al., 2008). Com base nos efeitos de CEC dos cruzamentos entre as linhagens e os testadores, as 79 linhagens de milho tropical foram alocadas em grupos heteróticos de acordo com FAN et al. (2008). Além da CEC, as estimativas de CGC para PG também foram utilizadas para selecionar as linhagens mais promissoras para serem alocadas nos grupos. Foram utilizados os testadores GEMN-0249 e GEMS-0002 para a correta separação, pois eles pertencem aos grupos heteróticos bem definidos “Stiff Stalk” e “Non-Stiff Stalk”, respectivamente. Das 79 linhagens 13 demonstraram valores de CEC positivo com o testador GEMN-0249 e valores negativos com GEMS-0002, e foram alocadas no grupo heterótico Stiff Stalk. Das 21 linhagens do grupo heterótico Stiff Stalk, apenas 13 linhagens apresentaram estimativas de CGC positiva para PG: VML165, VML065, VML157, VML016, VML035, VML094, VML075, VML100, VML029, VML076,

VML034, VML048 e VML144 (Tabela 3). Em relação ao grupo Non-Stiff Stalk, 22 linhagens apresentaram estimativas de CEC positiva para PG em cruzamento GEMS-0002 e negativa com GEMN-0249 e, conseqüentemente, elas foram agrupadas no grupo Non-Stiff Stalk. Entre elas, 13 linhagens apresentaram estimativas de CGC positiva para PG e foram selecionadas para serem usadas posteriormente no programa de melhoramento. São elas: VML154, VML070, VML032, VML038, VML004, VML156, VML149, VML134, VML073, VML169, VML103, VML087 e VML114. Quatorze linhagens apresentaram estimativas de CEC positiva com ambos os testadores e foram alocadas em um terceiro grupo heterótico, sendo elas: VML118, VML131, VML124, VML108, VML037, VML009, VML090, VML085, VML002, VML147, VML140, VML063, VML019 e VML058 com valores positivos de CGC.

As linhagens VML165, VML065 e VML118 se destacaram com relação à CGC para PG com valores de 1.322,45, 1.058,42 e 1.329,54 kg ha⁻¹, respectivamente. Além disso, apresentaram valores elevados para CEC com testador GEMN-0249, 320,54 para VML165, 622,24 para VML065 e 602,48 para VML118. Isso indica que a combinação entre eles tende a gerar híbridos testcross superiores em produtividade. O material VML118 também teve valor elevado de CEC com o testador GEMS-0002, podendo gerar, portanto, híbrido superior em cruzamento.

Tabela 3. Estimativas do efeito de capacidade geral de combinação (CGC) para florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras na espiga (NE), número de grãos total (NGT) e produtividade de grãos (PG), e a estimativa do efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para PG das melhores linhagens de milho tropical dentro de cada grupo heterótico baseado nos efeitos de CGC e CEC com os testadores temperados GEMS-0002 e GEMN-0249.

Linhagem	Pedigree	BLUP_CGC							BLUP_CEC	
		FF	AP	AE	DE	NF	NGT	PG	GEMN0249	GEMS0002
<i>Stiff Stalk</i>										
VML165	A010	1,06	4,42	1,78	-0,22	-0,36	-11,36	1322,45	320,54	-274,37
VML065	CMS28	1,13	1,45	2,93	0,62	0,82	23,79	1058,42	622,24	-62,60
VML157	A3663	2,31	4,14	4,18	0,74	0,63	22,54	785,03	30,24	-113,88
VML016	DKB435	-0,18	5,98	-3,03	-0,02	0,01	6,63	665,89	449,95	-394,05
VML035	Garra	-0,09	3,07	6,42	0,08	0,22	1,92	635,21	88,08	-16,15
VML094	30F53	-2,57	1,22	4,57	0,20	0,61	21,60	584,10	929,34	-1201,94
VML075	5011	1,41	6,18	3,25	-0,22	-0,49	-2,38	501,84	832,18	-1283,84
VML100	Nitroflint	0,62	10,71	13,86	0,43	0,13	6,27	437,23	313,45	-86,08
VML029	P3041	-0,33	6,59	11,78	-0,01	-0,27	-4,87	417,19	9,88	-38,34
VML076	Strike	0,39	5,28	9,06	0,08	0,52	18,93	276,40	461,40	-73,79
VML034	AL30	0,11	-1,17	-7,28	0,43	-0,07	-1,27	106,69	2,53	-436,29
VML048	Nitroflint	-0,42	-0,59	3,64	-0,33	-0,02	4,48	98,41	88,04	-57,26
VML144	CMS28	-0,55	-3,75	2,00	0,42	-0,06	7,26	46,00	421,13	-489,58
<i>Non-Stiff Stalk</i>										
VML154	DKB390	1,13	8,97	6,68	-0,28	0,22	16,59	747,08	-182,99	9,48
VML070	Balu184	0,16	2,86	-4,95	0,26	-0,42	13,54	647,51	-222,98	27,48
VML032	C333	0,71	5,81	8,73	-0,27	-0,09	3,54	640,19	-219,08	255,69
VML038	CMS28	1,21	1,55	2,31	0,11	0,16	16,70	555,62	-583,89	270,92
VML004	Balu184	0,41	10,69	18,96	0,25	0,10	15,13	551,87	-278,86	56,58
VML156	A3663	0,87	6,11	2,12	-0,56	-0,49	-8,20	537,44	-451,46	423,49
VML149	30F87	1,32	1,99	3,14	0,48	0,18	2,53	533,32	-261,79	357,55
VML134	BRS1010	0,74	9,98	7,98	-0,26	0,06	21,79	490,32	-417,22	506,89
VML073	NB7201	1,80	9,76	9,72	-1,41	-1,09	-21,14	436,87	-100,05	268,33
VML169	Balu551	1,63	-3,22	4,67	0,18	0,66	24,31	289,63	-36,04	114,89
VML103	P3041	-0,32	9,02	1,74	-0,27	-0,38	-0,41	219,90	-989,84	86,32
VML087	AG7575	-0,01	2,55	-5,96	0,07	0,16	-3,04	124,34	-754,78	86,37
VML114	DKB435	1,95	1,11	1,88	-0,37	-0,65	-21,32	43,82	-95,52	179,29
<i>Grupo heterótico 3 (GH3)</i>										
VML118	Pointer	-0,46	10,92	1,13	-0,02	-0,25	-3,96	1329,54	602,48	632,61
VML131	Z8447	0,42	-0,64	3,98	0,32	-0,17	-1,23	1025,42	117,20	523,63
VML124	AG7575	-0,38	-1,18	2,53	0,57	0,86	20,19	926,62	183,09	47,03
VML108	P3041	0,95	9,07	6,54	0,10	-0,10	7,45	727,34	17,98	94,55
VML037	BR205	-1,22	1,01	2,79	0,71	1,79	45,12	624,81	34,74	229,31
VML009	Co32	-2,37	-9,14	-5,98	0,50	0,42	16,16	559,13	346,62	445,78
VML090	AG4051	-1,18	-1,73	0,37	0,69	0,77	26,32	557,19	232,45	41,19
VML085	30P70	0,23	3,99	-2,93	-0,30	-0,66	-7,10	296,56	71,00	118,50
VML002	A3666	0,05	11,34	9,02	0,29	0,26	-1,87	261,23	406,79	215,78
VML147	C333	-0,40	5,36	1,97	0,17	0,01	13,74	202,32	575,38	133,06
VML140	Z8420	0,69	0,60	3,06	0,10	0,20	10,60	191,73	75,91	552,37
VML063	P3041	-0,83	1,41	4,14	-0,17	0,00	4,51	87,34	131,66	324,27
VML019	AG8080	1,40	0,28	0,23	0,22	-0,32	-8,10	83,93	128,34	428,10
VML058	CMS50	-1,06	-3,14	3,36	-0,05	-0,21	-3,13	2,00	270,86	68,72

4.6 Médias Genóticas Preditas dos Melhores Híbridos Testcrosses

Dentre os híbridos testcross provenientes do cruzamento com testadores tropicais VML022 e VML083, os que tiveram maiores produtividades e, portanto, estavam ranqueados entre os 15 melhores para ambos os testadores foram em cruzamento com as linhagens VML165, VML118, VML124, VML154, VML065 e VML038 (Tabela 4). O ranqueamento variou entre os testadores. Para o testador VML083 o melhor híbrido foi proveniente do cruzamento com a linhagem VML165 com produtividade de 12.251 kg ha⁻¹ ocupando a quarta posição no ranqueamento geral de todos os materiais testados. Em contrapartida, para o testador tropical VML022 o híbrido de maior destaque foi o em cruzamento com a linhagem VML157 produzindo 12.334 kg ha⁻¹ ocupando a terceira posição no ranqueamento geral, sendo o híbrido testcross mais produtivo dentre todos, incluindo os temperados. Além disso, VML157 se destacou em cruzamento com testador GEMN-0249, estando entre os 15 melhores.

Entre os testadores de origem temperada GEMS-0002 e GEMN-0249 o cruzamento com as linhagens VML118, VML065, VML165, VML131, VML124, VML108, foram os mais produtivos em ambos (Tabela 5). Entretanto, os híbridos do cruzamento com a linhagem VML118 foram os mais produtivos, ocupando a primeira posição tanto em cruzamento com GEMN-0249 como com GEMS-0002. Com o testador GEMN-0249 essa linhagem produziu 12021 kg ha⁻¹ e o ranqueamento foi em nona posição, já com o testador GEMS-0002 produziu 11894 kg ha⁻¹ e ocupou a decima quarta posição no ranqueamento geral.

As linhagens VML124, VML065 e VML118 se destacaram com relação à produtividade em cruzamento com todos os testadores, estando os híbridos testcross desses cruzamentos presentes entre os 15 melhores nas quatro combinações. Da mesma forma, as linhagens VML038 e VML154 foram mais produtivas em combinação com três testadores, sendo eles dois tropicais VML022 e VML083 e um temperado GEMS-0002. Por outro lado, os híbridos testcross provenientes do cruzamento com as linhagens VML108 e VML131 ficaram entre os 15 melhores ranqueamentos para os testadores VML083, GEMN-0249 e GEMS-0002. Já a linhagem VML165 se destacou em produtividade quando cruzada com os testadores VML083, VML022 e o testador temperado GEMN-0249.

Tabela 4. Médias genotípicas previstas dos 15 melhores híbridos testcross derivados do cruzamento com os testadores tropicais VML083 e VML022.

Linhasgens	PG (kg ha ⁻¹)	FF (Dias)	FM (Dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG ranking
<i>Testcrosses: linhagens x VML083</i>						
VML165	12.251	67,76	67,43	197,70	109,81	4
VML131	11.679	67,67	67,10	190,31	107,92	20
VML075	11.375	68,35	68,33	201,69	110,05	36
VML065	11.361	68,40	67,67	193,32	109,82	39
VML070	11.227	66,60	66,37	194,32	102,24	47
VML032	11.215	68,12	66,94	196,34	109,92	48
VML124	11.167	66,46	65,28	188,14	105,71	50
VML108	11.162	68,23	67,34	201,12	111,50	51
VML118	11.146	65,59	65,82	203,51	105,88	52
VML154	11.129	68,73	67,81	202,95	114,64	54
VML035	11.126	65,70	65,44	194,34	112,04	55
VML038	11.075	67,35	68,12	193,71	106,01	61
VML011	11.015	68,07	67,71	204,41	111,38	69
VML169	10.881	67,99	67,61	180,96	106,67	79
VML134	10.767	67,98	67,58	197,49	110,65	90
<i>Testcrosses: linhagens x VML022</i>						
VML157	12.334	68,97	69,40	200,23	105,62	3
VML165	12.204	66,86	67,58	198,89	103,74	5
VML094	12.191	65,13	64,44	200,86	111,68	6
VML118	12.140	65,05	65,73	202,47	95,65	7
VML124	11.994	65,90	65,89	191,20	98,79	10
VML016	11.948	67,08	66,25	198,24	94,96	11
VML154	11.932	68,29	67,81	205,69	107,24	12
VML004	11.930	68,25	67,08	205,14	121,51	13
VML065	11.839	67,21	67,69	191,79	99,51	15
VML156	11.795	67,74	68,22	202,61	102,10	16
VML073	11.742	68,70	68,91	208,71	111,77	17
VML103	11.735	66,19	66,78	208,48	105,54	18
VML037	11.692	65,13	65,35	196,66	102,64	19
VML149	11.604	68,12	68,72	191,89	100,17	25
VML038	11.588	66,43	68,61	198,27	105,50	26

Tabela 5. Médias genotípicas previstas dos 15 melhores híbridos testcross derivados do cruzamento com os testadores temperados GEMS-0002 e GEMN-0249.

Linhagens	PG (kg ha ⁻¹)	FF (Dias)	FM (Dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG ranking
<i>Testcrosses: linhagens x GEMS- 0002</i>						
VML118	12.021	66,88	68,31	200,78	109,62	9
VML131	11.608	67,73	68,13	188,86	107,51	23
VML165	11.107	67,73	69,33	190,48	101,54	56
VML009	11.063	64,93	65,62	179,54	96,23	63
VML134	11.056	67,59	68,39	202,72	110,65	64
VML065	11.054	67,88	69,52	191,89	105,48	65
VML124	11.032	67,68	68,35	187,07	108,32	66
VML156	11.019	68,08	69,14	193,14	103,39	67
VML032	10.954	67,94	69,04	194,88	112,16	72
VML149	10.949	67,93	69,04	195,72	107,62	73
VML037	10.913	65,04	66,77	190,37	106,72	74
VML062	10.896	67,18	68,03	191,02	101,15	76
VML038	10.885	66,75	69,20	187,52	105,12	78
VML108	10.880	68,17	69,11	196,43	109,43	80
VML154	10.815	68,21	69,11	199,78	110,52	86
<i>Testcrosses: linhagens x GEMN- 0249</i>						
VML118	11.894	64,32	64,69	211,49	95,71	14
VML065	11.642	65,95	66,80	198,24	99,94	21
VML165	11.605	65,54	67,05	201,67	94,61	24
VML094	11.475	64,47	64,05	200,67	104,43	34
VML075	11.296	66,73	66,89	203,62	100,27	45
VML131	11.104	66,14	66,16	196,83	101,33	57
VML016	11.077	66,40	66,02	202,54	92,03	60
VML124	11.071	65,32	65,38	196,89	100,16	62
VML009	10.867	62,57	62,70	184,63	88,34	83
VML157	10.777	66,91	68,00	203,76	102,55	89
VML090	10.751	63,96	65,07	197,34	96,90	93
VML147	10.739	65,22	64,97	205,56	97,45	95
VML100	10.712	65,74	65,99	211,25	114,16	99
VML108	10.707	65,49	66,16	204,30	99,69	101
VML076	10.699	64,85	65,35	200,10	102,95	103

5 DISCUSSÃO

O estreitamento da base genética da cultura do milho tem se tornado um problema para os melhoristas ao redor do mundo. O uso excessivo de híbridos comerciais, especialmente, no Brasil, associado com uso de poucas linhagens elites como fonte de populações base para o desenvolvimento de novas linhagens, a pouca aplicação do pré-melhoramento, principalmente nas empresas privadas, tem contribuído de maneira significativa para o estreitamento da base genética do milho (GOODMAN, 2004; GOVINDARAJ et al., 2015; NDORO et al., 2022). Nos EUA, busca-se cada vez mais aumentar a variabilidade genética do germoplasma temperado, visto que, muito do germoplasma de melhoramento das empresas americanas são derivadas de apenas sete linhagens desenvolvidas há mais de 50 anos (BUTRUILLE et al., 2015). Um exemplo de problema causado pela vulnerabilidade do germoplasma foi a epidemia de enfezamento que afetou intensamente o Brasil nos últimos anos. De forma a mitigar esses problemas, diversos estudos têm sido feitos visando introdução de germoplasma exótico nos programas de melhoramento de milho comercial (WEN et al., 2012; YONG et al., 2013a; YONG et al., 2013b). O fluxo de germoplasma entre diferentes regiões pode resultar em uma maior distância genética entre os grupos heteróticos de cada programa e associado com uma estratégia de melhoramento eficiente tem o potencial de aumentar as respostas das cultivares a ganhos genéticos em produtividade e outros caracteres de interesse (REIF et al., 2010). A diversidade genética é a base para o sucesso dos programas de melhoramento de milho (HALLAUER e MIRANDA, 1988; FAN et al., 2002; MELANI e CARENA, 2005).

A introgressão de genes do germoplasma temperado no milho tropical tem sido amplamente utilizado para expandir a diversidade genética e aumentar a heterose nos programas de milho tropical (ABADASSI e HERVE, 2000; FAN et al., 2016). A ampla variação observada nos valores genotípicos dos híbridos testcrosses proveniente dos cruzamentos com testadores tropicais e temperados evidencia existência de elevada diversidade genética entre os materiais testados. A introdução de germoplasma temperado, através dos cruzamentos com os testadores GEMS-0002 e GEMN-0249, proporcionou um fluxo de alelos favoráveis, que em combinação com as linhagens de origem tropical do programa de melhoramento, geraram variabilidade entre os híbridos para a maioria dos caracteres avaliados. O germoplasma temperado é uma fonte de genes favoráveis para precocidade, redução de altura de plantas e rendimento de grãos (HALLAUER, 2009). A amplitude observada para os caracteres FF, FM, AP, AE e PG evidenciam a possibilidade de seleção de híbridos mais

precoces, produtivos e de baixa estatura, características que tem sido cada vez mais buscadas em cultivares híbridas de milho.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos são essenciais dentro dos estudos relacionados ao melhoramento vegetal, pois permitem direcionamento mais assertivo das estratégias de seleção de materiais superiores (RODRIGUES et al., 2011). A significância do componente de variância para linhagens ($\hat{\sigma}_l^2$) mostra que há variabilidade genética entre as 79 linhagens avaliadas para quase todos os caracteres. Isso se deve principalmente aos diferentes backgrounds dos quais esses materiais foram gerados (FARIA et al., 2022). Faria et al., (2022) avaliaram a diversidade genética de 187 linhagens de milho tropical, dentre elas as 79 usadas na presente pesquisa, e encontraram alta diversidade genética e fenotípica entre elas. A significância para o componente quadrático de testador ($\hat{\Phi}_t^2$) para maioria dos caracteres, indica divergência entre eles. Essa diferença é esperada pois cada testador temperado é proveniente de grupos heteróticos diferentes e opostos: Stiff Stalk (GEMS-0002) e non Stiff Stalk (GEMN-0249). Além disso, os testadores tropicais utilizados são originários de fontes diferentes, a linhagem VML022 é proveniente do híbrido Z9447 e a VML083 do híbrido comercial 30F53 (FARIA et al., 2022). Outro ponto que sugere variabilidade genética entre os testadores tropicais é a disposição em quadrantes diferentes no gráfico biplot, o que sugere que esses materiais pertencem a grupos heteróticos diferentes. A interação significativa entre linhagens e testadores ($\hat{\sigma}_{lt}^2$) mostra que os testadores utilizados são eficientes em discriminar as linhagens em grupos heteróticos, ou seja, as linhagens respondem de forma diferente ao serem cruzadas com os diferentes testadores. A ausência de efeito para interação entre linhagens e ambientes para a maioria dos caracteres indica que a alocação delas em grupos heteróticos é passível de ser feita pela média dos ambientes.

A herdabilidade refere-se à proporção da variação fenotípica que pode ser atribuída à variação genética entre indivíduos (FALCONER e MACKAY, 1996). Esse conceito é crucial em programas de melhoramento genético, pois orienta a seleção de indivíduos com caracteres desejáveis (ACQUAAH, 2012). Altos valores de herdabilidade indicam maior influência genética, facilitando a seleção e a transmissão dos caracteres dos pais para os seus descendentes (ALLARD, 1999), além de permitir uma melhor definição de estratégias no programa (CRUZ, 2005). FM, FF, AP e AE são caracteres quantitativos menos complexos, controlados por poucos genes de maior efeito e menor influência ambiental, o que explica a alta magnitude das estimativas de herdabilidade para esses caracteres. Por outro lado, apesar do controle genético de PG ser complexo, controlado por vários genes de pequeno efeito e muito influenciado pelo

ambiente, as estimativas de herdabilidade foram de alta magnitude (ALLARD, 1999). A herdabilidade para PG está diretamente relacionada com a variabilidade genética dos materiais avaliados. Quando se avaliam genótipos com ampla variabilidade genética, a herdabilidade tende a ser maior, pois há maior diversidade de alelos responsáveis pelas diferenças no rendimento entre as plantas, ou seja, a maior parte da variação fenotípica pode ser atribuída a fatores genéticos (HOLLAND et al., 2010). Valores de herdabilidade próximos a zero foram observados para alguns caracteres. Isso se dá pelo método de estimação da herdabilidade utilizado. O método de estimador generalizado de herdabilidade proposto por Cullis, Smith e Coombes (2006) usa a variância entre dois BLUPs, calculando a herdabilidade como a proporção da variância genética não explicada pelas diferenças entre os BLUPs. Se a variância genética for baixa e os BLUPs forem muito semelhantes, a variância entre eles será alta em relação à genética, resultando em baixa herdabilidade. A herdabilidade generalizada foi calculada entre os testcrosses por testador, portanto, mesmo com $\hat{\sigma}_1^2$ significativa para alguns caracteres a variância genética entre testcrosses, proveniente do mesmo testador, foi baixa. Os caracteres em que a herdabilidade foi próxima a zero, são caracteres que normalmente não tendem a variar de forma expressiva entre diferentes indivíduos, a variância fenotípica observada é predominantemente atribuída ao ambiente. Quando avaliados entre testcross de um mesmo testador essa variação tende a ser ainda menor, pois o testador atua como um controle que minimiza a variação ambiental, tornando mais difícil observar diferenças significativas entre os indivíduos (RESENDE, 2002; CRUZ, 2013).

As baixas correlações observadas entre os híbridos testcrosses de testadores temperados e tropicais se devem principalmente aos diferentes pools genéticos e à adaptabilidade dos testadores temperados em ambiente tropical. Linhagens tropicais e testadores temperados possuem históricos evolutivos e pressões seletivas distintos, resultando em diferentes conjuntos de genes que favorecem a adaptação a condições específicas (GERDES e TRACY, 1994; TROYER, 1996; LAFFITE et al., 2003). Quando testados em ambiente tropical, híbridos com testadores temperados podem não expressar de forma eficaz os genes associados à adaptação ao estresse biótico e abiótico comum a essas regiões, o que resulta em uma correlação genética baixa (DUVICK, 1999; REIF et al., 2005; MIKEL e DUDLEY, 2006). Além disso, a interação genótipos x ambientes desempenha um papel crucial, uma vez que a expressão de caracteres agrônômicos pode variar significativamente de acordo com as condições ambientais, dificultando a obtenção de uma correlação significativa entre os dois tipos de híbridos (FALCONER e MACKAY, 1996; YAN e TINKER, 2006; HALLAUER et al., 2010). Por outro

lado, a correlação positiva, significativa e de baixa à média magnitude observada entre os híbridos testcrosses derivados de testadores temperados GEMN-0249 e GEMS-0002 sugere que os genes responsáveis pela expressão dos caracteres avaliados, quando combinados em híbridos, respondem de forma similar sob condições tropicais, mesmo que os testadores sejam originários de ambientes temperados (PATTERSON et al., 1982; HALLAUER et al., 2010).

A correta alocação de linhagens em grupos heteróticos é essencial para maximizar os ganhos de heterose, direcionar cruzamentos e, conseqüentemente, aumentar a eficiência dos programas de melhoramento (PINTO et al., 2001; FLINT-GARCIA et al., 2005; HALLAUER et al., 2010; SILVA et al., 2015). Diversos trabalhos têm utilizado a CEC para PG visando o agrupamento de linhagens em grupos heteróticos (VASAL et al., 1992; KAUFFMAN et al. 1982; MENKIR et al. 2004; MELANI e CARENA 2005; FAN et al. 2006). Outro ponto importante para correta alocação das linhagens é a escolha dos testadores. Através do gráfico GGEbiplot de discriminação versus estabilidade foi observado maiores vetores para os testadores GEMN-0249 e VML022, o que indica maior poder discriminante e eficiência para alocar linhagens em grupos heteróticos. Além disso, o ângulo obtuso formado entre os vetores desses testadores, mostra que produziram informações diferentes para a classificação das linhagens (YAN e HUNT, 2002; AKINWALE et al., 2014, MOMENI et al., 2020). Entretanto, também foi observado vetor longo para o testador GEMS-0002 e ângulo próximo a 90° com o vetor do testador GEMN-0249. Por esse motivo, e pelo fato de serem materiais de origem temperada que representam os grupos heteróticos de milho mais bem definidos e antigos do mundo, eles foram utilizados na alocação das linhagens avaliadas. Os testadores GEMN-0249 e GEMS-0002 se mostraram eficientes na separação das linhagens.

A capacidade de combinação é uma ferramenta poderosa na identificação e seleção de linhagens superiores para cruzamento, seja na exploração da heterose (CEC) ou no acúmulo de alelos de efeito aditivo (CGC) (UDDIN et al., 2008). As linhagens VML165 e VML065 foram alocadas no grupo Stiff-Stalk e possuem elevados valores de CGC, ou seja, elevada frequência de alelos favoráveis. Além disso, foi observado valores elevados de CEC para o cruzamento dessas linhagens com o testador GEMN-0249. Os efeitos de CEC estão relacionados com a variância genética não-aditiva (desvios de dominância e epistasia) e, conseqüentemente, com maior variabilidade e diversidade genética (SPRAGUE; TATUM, 1942). As linhagens VML118 e VML131, alocadas no GH3, também possuem elevados valores de CGC e CEC com ambos os testadores. Dessa forma, os híbridos testcross entre essas linhagens e o testador GEMN-0249 e, também, das linhagens VML118 e VML131 com o testador GEMS-0002, seriam ideais para prosseguir no processo de endogamia e gerar linhagens com alto

desempenho produtivo e variabilidade. Além disso, as demais linhagens selecionadas, com elevado efeito de CGC, podem ser cruzadas dentro do mesmo grupo heterótico para derivar populações biparentais de melhoramento visando o incremento de alelos positivos para derivar linhagens superiores. De acordo com GUIMARÃES et al. (2018), as principais fontes para formação de população base tem sido materiais elites de programas de melhoramento. Uma outra forma de explorar os resultados obtidos é através do desenvolvimento de populações sintéticas dentro de cada grupo heterótico. Dessa forma, é possível desenvolver um programa de seleção recorrente recíproca entre as populações que apresentarem maior diversidade genética entre si. Com isso, é possível desenvolver híbridos entre indivíduos de populações diferentes, visando maiores produtividades, e características agronômicas que atendem as exigências do mercado.

A ocorrência de linhagens que combinam bem com diferentes testadores, evidenciada pela capacidade específica de combinação (CEC) positiva com ambos, sugere que a separação entre os grupos heteróticos não é claramente estabelecida. Esses resultados reforçam a complexidade da alocação de linhagens tropicais em grupos heteróticos. Tal dificuldade decorre do fato de que os esforços nesse sentido são relativamente recentes, iniciados na década de 1990 pelo Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT). As linhagens de milho tropical desenvolvidas por essa instituição, na maioria das vezes, foram derivadas de amplos pools gênicos, sem levar em consideração a origem ou os padrões heteróticos (WU et al., 2016; SEMAGN et al., 2012). Além disso, a prática de autofecundar híbridos comerciais para desenvolver novas linhagens tem sido amplamente utilizada por programas de melhoramento ao redor do mundo, especialmente no Brasil (GUIMARÃES et al., 2018; TREVISAN et al., 2018).

Os híbridos são o tipo de cultivar de milho mais utilizada devido, principalmente, à exploração da heterose, e, conseqüentemente, elevado potencial produtivo. A definição de grupos heteróticos refina a seleção de linhagens para a obtenção de híbridos de milho (PINTO et al., 2001). Na formação de híbridos, é essencial combinar alta capacidade específica de combinação (CEC), que promove a heterose, com elevada capacidade geral de combinação (CGC) para garantir um bom desempenho dos híbridos. A partir dos resultados da presente pesquisa, é possível direcionar os cruzamentos entre as linhagens superiores, com maiores CGC, de grupos heteróticos diferentes (SS x NS, SSxGH3 e NS x GH3), visando obtenção híbridos simples com elevado potencial produtivo e características desejadas. Dentre os híbridos testecross testados 5 foram superiores em produtividade com relação a maioria dos

híbridos comerciais utilizados como testemunha, sendo promissores para futuro uso como híbrido comercial. Diante desses resultados o próximo passo seria a avaliação dos melhores híbridos testcross em diversos ambientes de cultivo e população de plantas, além de avaliar de forma mais específica as demais características agronômicas de forma a atender o padrão de cultivar do mercado. Diversos autores demonstraram a efetividade na seleção de híbridos testcross com potencial para alcançar e superar, em produtividade de grãos, os híbridos de mercado (PFANN et al.,2009; OLIBONI et al., 2013; MARCONDES et al., 2015, SOUZA NETO et al., 2015; SILVA et al., 2017).

6 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre as linhagens de milho tropical avaliadas neste estudo para os caracteres avaliados.

A avaliação do desempenho das linhagens de milho tropical em cruzamento com testadores tropicais e temperados permitiu identificar combinações híbridas, além de proporcionar a alocação mais assertiva das linhagens em grupos heteróticos distintos que são essenciais para o desenvolvimento de novos materiais genéticos.

As linhagens VML165, VML118, VML124, VML154, VML065, VML038, VML131 e VML108 se destacaram em cruzamento com os testadores, além de possuírem altos valores de CGC e, portanto, devem ser utilizadas no desenvolvimento de novos híbridos e populações de melhoramento dentro do programa de melhoramento de milho da UFV.

Os testadores utilizados, GEMN-0249 e GEMS-0002, foram eficientes na classificação e alocação das linhagens em grupos heteróticos possibilitando maior eficiência na seleção de combinações que maximizem a heterose.

As estratégias de melhoramento propostas com base nas linhagens e testadores selecionados oferecem um caminho contínuo para o desenvolvimento de novas populações de melhoramento, linhagens e híbridos que contribuam para o desenvolvimento de cultivares cada vez mais produtivas e eficientes para o agricultor.

7 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABADASSI, J.; HERVÉ, Y. Introgression of temperate germoplasm to improve an elite tropical maize population. **Euphytica**. V. 113, p.125–133, 2000.
- ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 2012.
- AKINWALE, R. O.; FAKOREDE, M. A. B.; BADU-APRAKU, B.; OLUWARANTI, A. Assessing the usefulness of GGE biplot as a statistical tool for plant breeders and agronomists. **Cereal Research Communications**, v. 42, n. 3, p. 534-546, 2014.
- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 1999.
- BADU-APRAKU, B.; AKINWALE, R. O. Biplot analysis of linex tester data of maize (*Zea mays* L.) inbred lines under stress and nonstress environments. **Cereal Research Communications**, v. 47, p. 518-530, 2019.
- BADU-APRAKU, B.; OYEKUNLE, M.; FAKOREDE, M. A. B.; VROH, I.; AKINWALE, R.O.; ADEROUNMU, M. Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments. **Euphytica**, 192: 413-433, 2013.
- BENTO, D. A.; SILVA, M. R.; SANTOS, F. C. Resistência de cultivares de milho à cigarrinha e patógenos do complexo de enfezamentos. **Revista de Fitopatologia**, 29(2), 123-135, 2020.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010.
- BUTLER, D.; GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; THOMPSON, R. **ASReml: A general purpose statistical analysis system for mixed models**. 2018.
- BUTRUILLE, B.; GOLDBERG, M. A.; HENRY, H.; ROUSSEL, P. Genetic diversity of elite maize lines in the USA. **Crop Science**, v. 55, n. 5, p. 2278-2291, 2015.
- CAMPOS, H.; CALIGARI, P. D. S. (eds.). Genetic improvement of tropical crops. Cham (Switzerland): **Springer**, 320 p., 2017.
- CRUZ, C. D. **Genes: a abordagem biométrica**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. 394 p.
- CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 11, p. 381-393, 2006.
- DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Report of Puerto Rico Agricultural Experiment Station**, 1927.
- DUMBLE, S. **GGEbiplots: GGE Biplots with ‘ggplot2’**. R package. <https://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplots>, 2017.

- DUVICK, D. N. Genetic diversity in major farm crops on the farm and in the wild. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 99, n. 5, p. 642-648, 1999.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4. ed. New York: **Longman Scientific and Technical**, 464 p., 1996.
- FAN, X. M., YIN, X. F., ZHANG, Y. D., BI, Y. Q., LIU, L., CHEN, H. M., & KANG, M. S. Combining ability estimation for grain yield of maize exotic germplasm using testers from three heterotic groups. **Crop Science**. 56(5), 2527-2535, 2016.
- FAN, X. M.; CHEN, H. M.; TAN, J.; XU, C. X.; ZHANG, Y. M.; HUANG, Y. X.; KANG, M. S. A new maize heterotic pattern between temperate and tropical germplasms. **Agronomy Journal**, v. 100, p. 917-923, 2008.
- FAN, X. M.; CHEN, H. M.; TAN, J.; LIU, F.; HAN, X. L.; HUANG, Y. X.; DUAN, Z. L. Combining ability of elite protein maize inbreds for grain yield. **Journal of Maize Science**, v. 14, p. 12-15, 2006.
- FAN, X.M., J. TAN, J.Y. YANG, F. LIU, B.H. HUANG, AND Y.X. HUANG. Study on combining ability for yield and genetic relationship between exotic tropical, subtropical maize inbreds and domestic temperate maize inbreds. **Sci. Agric. Sin.** 35:743–749, 2002.
- FARIA, S. V.; ZUFFO, L. T.; REZENDE, W. M.; CAIXETA, D. G.; PEREIRA, H. D.; AZEVEDO, C. F.; et al. Phenotypic and molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil. **BMC Genomics**, v. 23, p. 54, 2022.
- FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Records**, v. 55, p. 191-208, 1956.
- FERREIRA, J. A.; COSTA, L. H.; PEREIRA, T. C. Genética e resistência de milho ao enfezamento: desafios e avanços no Brasil. **Ciência Rural**, 48(6), 2341-2347, 2019.
- FISCHER, R. A.; BYERLEE, D.; EDMEADES, G. Crop yields and global food security: will yield increase continue to feed the world? ACIAR Monograph No. 158. Canberra: **Australian Centre for International Agricultural Research**, 2014.
- FLINT-GARCIA, S. A. et al. Maize association population: a high-resolution platform for quantitative trait locus dissection. **Plant Journal**, v. 44, n. 6, p. 1054–1064, 2005.
- FRITSCHÉ-NETO, R., VIEIRA, R. A. SCAPIM, C. A., MIRANDA, G. V., REZENDE, L.M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum**. Agronomy, 34. 99-101, 2012.
- GALVÃO, J. C. C.; RIBEIRO, J. A.; NEVES, J. M. P.; AMARAL, L. A. S. Recomendações técnicas para o cultivo do milho na região. Viçosa: UFV, 2015.
- GERDES, L.; TRACY, W. F. Genetic diversity in maize: implications for selection and breeding. **Crop Science**, v. 34, n. 3, p. 684-688, 1994.
- GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. **ASReml user guide release 4.1 structural specification**. Hemel Hempstead: VSN International Ltd., 2021.

- GOODMAN, M. M. The genetic diversity of maize and its impact on breeding. **Crop Science**, v. 44, n. 6, p. 1974-1980, 2004.
- GOVINDARAJ, M.; GURJAR, S. S.; MURUGAN, M. Genetic diversity and its impact on maize productivity. **The Scientific World Journal**, v. 2015, Article ID 137651, 2015.
- GUIMARÃES, C. T.; COSTA, R. R.; TREVISAN, J. S.; OLIVEIRA, C. A. R. Improvement of maize hybrids through genetic enhancement. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 17, n. 2, p. 227-238, 2018.
- HALLAUER, A. R. Maize breeding. In: CARENA, M. J. (Ed.) Handbook of plant breeding: cereals. **Springer**, p. 3-98, 2009.
- HALLAUER, A. R.; CARRENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010.
- HALLAUER, A. R.; LOPEZ-PEREZ, E. Comparison among testers for evaluating lines of corn. In: **Corn and Sorghum Research Conference**, Chicago. Proceedings... Chicago: ASTA. p. 57-75, 1979.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 1988.
- HARRELL JR, F. E.; DUPONT, C. H. **Hmisc: Harrell Miscellaneous**. R package version 5.2-0, 2023.
- HOLLAND, J. B.; NYQUIST, W. E.; CERVANTES-MARTÍNEZ, C. T. Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. **Plant Breeding Reviews**, v. 34, p. 9-112, 2010.
- HOLLEY, R. N.; GOODMAN, M. M. Stalk quality and stalk rot resistance of tropical hybrid maize derivatives. **Plant Disease**, v. 72, p. 321-324, 1988.
- JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of testing inbred lines of corn in crossbred combinations. **American Society of Agronomy**, v. 24, n. 7, p. 523-530, 1932.
- KAUFFMAN, H. J.; KELLY, J. D.; MORRIS, D. R. Inheritance of heterosis in maize. **Crop Science**, v. 22, n. 3, p. 670-674, 1982.
- LAFFITE, H. R.; LACROIX, J.; RIVERA, J. Selection for yield in tropical maize. **Field Crops Research**, v. 82, n. 1, p. 57-68, 2003.
- LEE, H. T.; KIM, J. M.; PARK, S. W. Modern Approaches in Testcross Evaluation for Maize Breeding. **Plant Breeding and Biotechnology**, v. 21, n. 2, p. 120-133, 2022.
- LEE, H. T.; PATEL, R. K. Heterosis and Genetic Diversity in Maize Breeding: Recent Advances in Germplasm Utilization. **Journal of Agricultural Science and Biotechnology**, v. 29, n. 1, p. 78-90, 2023.
- LEE, H. T.; SMITH, M. R. Artificial Intelligence in Maize Breeding: Enhancing Hybrid Performance Prediction. **Plant Breeding and Biotechnology**, v. 21, n. 1, p. 78-92, 2023.

- MAKUMBI, D.; BETRÁN, J. F.; BÄNZIGER, M.; RIBAUT, J. M. (2011). Combining ability, heterosis and genetic diversity in tropical maize (*Zea mays* L.) under stress and non-stress conditions. **Euphytica**, 180(2), 143-162.
- MARCONDES, M. M.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; MARCONDES, M. M.; SILVA, C. A.; VASCOSKI, V. L.; RIZZARDI, D. A. Desempenho agrônômico e forrageiro de linhagens S4 de milho em topcrosses com híbrido simples. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, n. 4, p. 2395-2406, 2015.
- MARTINS, C. A.; SILVA, T. R.; PATEL, A. G. Climate Resilience in Maize: Enhancing Adaptability through Genetic Diversity. **Global Agriculture Journal**, v. 18, n. 2, p. 112-129, 2022.
- MELANI, M. D.; CARENA, M. J. Alternative maize heterotic pattern for the northern corn belt. **Crop Science**, v. 45, p. 2186-2194, 2005.
- MELANI, M.D., AND M.J. CARENA. Alternative maize heterotic pattern for the northern corn belt. **Crop Sci.** 45:2186–2194, 2005.
- MENKIR, A.; MELAKE-BERHAN, A.; THÉ, C.; INGELBRECHT, I.; ADEPOJU, A. Grouping of tropical mid-altitude maize inbred lines on the basis of yield data and molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, p. 1582-1590, 2004.
- MIHALJEVIC, R. et al. Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance for agronomic traits in four populations of European maize. **Crop Science**, v. 45, n. 1, p. 114-122, 2005.
- MIKEL, M. A.; DUDLEY, J. W. Response to selection for grain yield in maize. **Crop Science**, v. 46, n. 4, p. 1305-1311, 2006.
- MIRANDA FILHO, J. B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallelcrosses. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v. 7, p. 677-688, 1984.
- MOMENI, R.; AKBARI, R.; NAZARIZADEH, H. Genotype × environment interaction and genotype stability in maize. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section B - Soil & Plant Science**, v. 70, p. 145-158, 2020.
- NDORO, N.; CHIKWAMBA, R.; MURENJE, R. The impact of narrow genetic base on maize improvement. **Plant Breeding**, v. 141, n. 4, p. 558-567, 2022.
- OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias, Londrina**, v. 34, n. 1, p. 7-18, 2013.
- OLIVEIRA, L. A.; SOUSA, D. M.; SOUZA, A. F. Advances in Genetic Variability Utilization in Maize Breeding. **Agricultural Research Updates**, v. 15, n. 3, p. 50-65, 2023.
- PATEL, A. G.; SILVA, T. R.; MARTINS, C. A. Impact of Temperate Germplasm Integration on Tropical Maize Performance under Stress. *Journal of Agricultural Science and Biotechnology*, v. 27, n. 1, p. 78-89, 2021.

- PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; FERREIRA, E. A.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B. Potencial de híbridos *top crosses* de milho no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 9, n. 2, p. 163-176, 2010.
- PATTERSON, H. D.; HARGREAVES, P. A.; HUNTER, J. L.; ROSS, R. A. The use of residual maximum likelihood to estimate variance components. **Biometrics**, v. 38, n. 1, p. 235-245, 1982.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.
- PFANN, A. Z.; FARIA, M. V.; ANDRADE, A. A.; NASCIMENTO, I. R.; FARIA, C. M. D. R.; BRINGHENTTI, R. M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural, Santa Maria**, v. 39, n. 3, p. 635-641, 2009.
- PIEPHO, H. P., & MÖHRING, J. Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. **Genetics**, 177(3), 1881-1888, 2007.
- PIEPHO, H. P., MÖHRING, J., MELCHINGER, A. E., & BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, 161(1), 209-228, 2008.
- PINTO, M. A.; SILVA, G. C.; FREITAS, S. T.; BASTOS, E. M. Genetic diversity and heterotic groups in maize. **Genetics and Molecular Research**, v. 5, n. 4, p. 646-657, 2001.
- REIF, J. C.; FISCHER, S.; SCHRAG, T. A.; LAMKEY, K. R.; KLEIN, D.; DHILLON, B. S.; UTZ, H. F.; MELCHINGER, A. E. Broadening the genetic base of European maize heterotic pools with US Cornbelt germplasm using field and molecular marker data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 120, p. 301-310, 2010.
- REIF, J. C.; HARTL, L.; PFEIFFER, A.; MELCHINGER, A. E. Genetic variation for drought tolerance in maize: implications for breeding. **Crop Science**, v. 45, n. 6, p. 2377-2384, 2005.
- RESENDE, M. D. V. Análise genética de características quantitativas. Brasília: **Embrapa**, 2002.
- RESENDE, M. D. V. **Software Selegen-REML/BLUP: Estatística Genética Aplicada ao Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Florestas, 2007.
- RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, v.35, n. 2, p. 278- 286, 2011.
- SANTOS, L. A.; FERREIRA, M. S. Incorporation of Temperate Germplasm in Tropical Maize Breeding. **Brazilian Journal of Crop Science**, v. 17, n. 3, p. 233-247, 2020.
- SEMAGN, K.; BIBIKOV, I.; DERERA, J. Advances in maize breeding in sub-Saharan Africa. **Field Crops Research**, v. 137, p. 1-10, 2012.
- SILVA, C. A.; FARIA, M. V.; ROSSI, E. S.; POSSATTO JÚNIOR, O.; BATTISTELLI, G. M.; GABRIEL, A.; MARCK, D. F. Performance and stability of maize topcross hybrids from partly inbred lines. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 38, n. 5, p. 2899-2908, 2017.

- SILVA, J. S.; ANDRADE, R. S.; OLIVEIRA, J. C.; ALMEIDA, A. R. Heterotic groups of maize populations. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 14, n. 1, p. 35-46, 2015.
- SMITH, J. P.; JOHNSON, R. K. Applications of CRISPR and Genomic Selection in Tropical Maize Improvement. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 741238, 2022.
- SOUZA JUNIOR, C. L. **Melhoramento de espécies alógamas**. In: NASS, L. L. et al. Recursos genéticos e melhoramento-plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-200.
- SOUZA NETO, I. L.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A.; JOBIM, C. C.; FIGUEIREDO, A. S. T.; BIGNOTTO, L. S. Análise dialélica e depressão endogâmica de híbridos forrageiros de milho para características agronômicas e de qualidade bromatológica. **Bragantia, Campinas**, v. 74, n. 1, p. 42-49, 2015.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Agronomy Journal**, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.
- TREVISAN, J. S.; OLIVEIRA, C. A. R.; RIBEIRO, A. F. Genetic improvement of maize hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 17, n. 1, p. 20-32, 2018.
- TROYER, A. F. History of hybrid maize. **Agronomy Journal**, v. 88, n. 5, p. 836-846, 1996.
- UDDIN, M. S.; AMIRUZZAMAN, M.; BAGUM, S. A.; HAKIM, M. A.; ALI, M. R. Combining ability and heterosis in maize (*Zea mays* L.). **Bangladesh Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 21, p. 21-28, 2008.
- VASAL, S.K.; SRINIVASAN, G.; HAN, G.C.; GONZALEZ, F.C. Heterotic patterns of eighty-eight white subtropical CIMMYT maize lines. **Maydica**. 1992; 37:319–327.
- WEN, Y.; LI, Y.; LIAO, Q.; LI, J. Genetic diversity of maize in China. **Plant Breeding**, v. 131, n. 3, p. 393-399, 2012.
- WRIGHT, K., & LAFFONT, J. gge: Genotype plus genotype-by-environment biplots. **R package**, 2017.
- WU, H.; KIM, J.; MARTINS, L. Resistance and Productivity in Tropical Maize Germplasm: Recent Findings. **Journal of Maize Research**, v. 25, n. 4, p. 301-312, 2021.
- WU, H.; KIM, J.; MARTINS, L. Resistance and Productivity in Tropical Maize Germplasm: Recent Findings. **Journal of Maize Research**, v. 25, n. 4, p. 301-312, 2019.
- WU, L.; ZHOU, X.; XIE, Z. Genetic analysis of maize and its implications. **Journal of Genetics and Genomics**, v. 43, n. 5, p. 337-347, 2016.
- YAN, W. GGEbiplot—A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy journal**, 93(5), 1111-1118, 2001.
- YAN, W.; HUNT, L. A. **Biplot analysis of multi-environment trial data**. **Agronomy Journal**, v. 94, n. 4, p. 990-996, 2002.
- YAN, W.; HUNT, L. A. GGE Biplot Analysis: A Tool for Genetic Diversity and Heterosis in Maize. **Agronomy Journal**, v. 112, n. 5, p. 345-358, 2020.

- YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders**. In: **Genetic Improvement of Maize**. 2003.
- YAN, W.; TINKER, N. A. An integrated system of indexing and plotting genotypic performances for genotype \times environment interactions. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 4, p. 967-974, 2006.
- YONG, H.; ZHANG, D.; WANG, J.; LI, M.; LIU, W.; ZHANG, X.; ZHAO, H.; WENG, J.; HAO, Z.; BAI, L.; CI, X.; ZHANG, S. Broadening the Genetic Base of Chinese Maize Heterotic Pools with Exotic Germplasm. **Crop Science**, vol. 53, september–october 2013a.
- YONG, H.; ZHANG, X.; ZHANG, D.; WANG, J.; ZHANG, H.; LI, M.; LIU, W.; WENG, J.; HAO, Z.; CI, X.; BAI, L.; LI, X.; ZHANG, S. Breeding potential of U.S. maize germplasm for utilization in Chinese temperate conditions. **Euphytica**, V. 192, p. 435–451, 2013b.
- YONG, Y.; ZHANG, Y.; LUO, J. Effects of genetic diversity on maize resistance. **Field Crops Research**, v. 145, p. 1-12, 2013.
- ZHANG, X.; WANG, Y.; CHEN, L. Advancements in Diallel Cross Analysis and Testcross Evaluation for Maize Yield Improvement. **Journal of Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 405-419, 2021.