

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

FLAVIANE DE OLIVEIRA RIBEIRO

**ALOCÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL EM GRUPOS
HETERÓTICOS**

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2021

FLAVIANE DE OLIVEIRA RIBEIRO

**ALOCÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL EM GRUPOS
HETERÓTICOS**

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

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2021

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

T

R484a
2021
Ribeiro, Flaviane de Oliveira, 1994-
Alocação de linhagens de milho tropical em grupos
heteróticos / Flaviane de Oliveira Ribeiro. – Viçosa, MG, 2021.
48 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui anexo.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 35-38.

1. *Zea mays*. 2. Milho híbrido. 3. Heterose. 4. Milho -
Melhoramento genético. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.152

FLAVIANE DE OLIVEIRA RIBEIRO

**ALOCAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL EM GRUPOS
HETERÓTICOS**

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

APROVADA: 12 de janeiro de 2021.

Assentimento:

Flaviane de Oliveira Ribeiro

Flaviane de Oliveira Ribeiro
Autora

Rodrigo

Rodrigo Oliveira de Lima
Orientador

Aos meus pais João e Nilcéia, exemplos de vida, de amor e de entrega!

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus pela oportunidade que me foi dada, por guiar meu caminho e por fazer com que essa conquista fosse possível.

Aos meus pais, João e Nilcéia, por todo amor, dedicação, ensinamentos, por não medirem esforços para que os meus sonhos sejam realizados e por serem exemplos de pais e pessoas.

À minha irmã, Luciene, por todo amor, suporte, exemplo, ensinamentos e amizade.

Ao meu namorado, Alencar, por todo amor, companheirismo, paciência e lealdade.

À Maria Luiza e ao Daniel por serem luz na minha vida.

A todos meus familiares, pelo apoio e ajuda durante todas as etapas da minha formação.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela estrutura concedida para o desenvolvimento do trabalho.

Ao meu orientador, Prof. Rodrigo Oliveira de Lima, pela oportunidade, ensinamentos, companheirismo, por ser exemplo de profissional e por sempre me motivar na busca pelos meus sonhos.

Aos membros da comissão avaliadora, Professor Tiago Marçal, Professor Carlos Nick, Professora Naine e Dra. Lisandra Moura, por terem aceitado participar da banca e pelas sugestões.

Aos professores dos departamentos de Biologia Geral, Fitotecnia e Estatística que colaboraram em minha formação acadêmica.

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

Ao CNPq, FAPEMIG E CAPES pelo apoio financeiro durante a realização destes trabalhos.

Aos integrantes do Grupo Programa Milho pela convivência, amizade, companheirismo, ensinamentos e ajuda na condução dos experimentos.

A todos os meus amigos pela parceria, pelos bons momentos e também por me apoiarem nos momentos difíceis.

A todos que de alguma forma contribuíram para o meu crescimento profissional e pessoal.

MUITO OBRIGADA!

BIOGRAFIA

Flaviane de Oliveira Ribeiro, filha de João Batista Ribeiro e Maria Nilcéia Oliveira Ribeiro, nasceu em Ilícínea - MG, em 19 de dezembro de 1994.

Em 2009, iniciou o curso de Técnico em Agropecuária no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais – Campus Machado, obtendo o título em dezembro de 2011.

Em março de 2009, iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Lavras, onde obteve o título em setembro de 2016.

Em setembro de 2016, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Lavras, submetendo-se à defesa de dissertação em julho de 2018.

Em agosto de 2018, iniciou o Doutorado no Programa de Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa de tese em janeiro de 2021.

“A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu, mas pensar o que ninguém ainda pensou sobre aquilo que todo mundo vê.”

(Arthur Schopenhauer)

RESUMO

RIBEIRO, Flaviane de Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, janeiro de 2021. **Alocação de linhagens de milho tropical em grupos heteróticos.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

A alocação de linhagens em grupos heteróticos é importante para direcionar cruzamentos no melhoramento de milho, o que proporciona aumento da eficiência do programa. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de linhagens de milho do programa de melhoramento de milho da UFV, Programa Milho®, com base no comportamento per se e em cruzamento com testadores de base genética ampla e estreita, visando alocar as mesmas em grupos heteróticos, bem como selecionar um conjunto de linhagens para cada grupo heterótico. Para isso, foram avaliadas 185 linhagens parentais (LP) e os seus híbridos testcross (TC) obtidos dos cruzamentos com os testadores de base genética ampla, BR105 e BR106, e com os testadores de base genética estreita VML090, VML024 e VML144. Os experimentos foram avaliados em cinco ambientes, os quais foram obtidos pela combinação de safras e locais. Em todos os experimentos foi utilizado o delineamento experimental de blocos aumentados, com híbridos comerciais de milho utilizados como testemunhas comuns. O caráter avaliado foi produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Os parâmetros genéticos e os valores genéticos das linhagens e híbridos testcrosses foram estimados por meio da análise de modelos mistos. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de quatro metros, espaçadas em 0,8 metros. O coeficiente de variação experimental foi de 13,31% (TC base genética ampla), 14,12% (TC base genética estreita) e 35,24% (LP). Os híbridos apresentaram bom desempenho produtivo. Os efeitos da interação Testadores × Linhagens foram significativos para os TC's com testadores de base genética ampla e estreita. Esse fato indica que foi possível discriminar as linhagens em grupos heteróticos. Conclui-se que as linhagens de milho do programa de melhoramento de milho da UFV, Programa Milho, apresentaram bom desempenho em cruzamento com testadores de base genética ampla e estreita. A alocação de linhagens tropicais de milho em grupos heteróticos é complexa, contudo, foi possível selecionar um conjunto de linhagens com base no comportamento dessas em cruzamentos para direcionar o programa de melhoramento de milho da UFV.

Palavras-chave: *Zea mays*. Milho híbrido. Heterose. Milho - melhoramento genético.

ABSTRACT

RIBEIRO, Flaviane de Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, January, 2021.
Allocation of tropical maize lines in heterotic groups. Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

The allocation of lines in heterotic groups is crucial in order to direct crosses in maize breeding, which provides an increase in the efficiency of the program. Thus, this work aimed to evaluate the performance of maize lines from the UFV maize breeding program, *Programa Milho*®, based on the per se behavior and in cross with broad and narrow genetic base testers, aiming to allocate them in heterotic groups, as well as to select a set of lines for each heterotic group. For this, 185 parental lines (PL) were evaluated and their testcross hybrids (TC) obtained from crosses with broad genetic base testers, BR105 and BR106, and narrow genetic base testers VML090, VML024 and VML144. The experiments were evaluated in five environments, resulting from the combination of crop years and locations. For all experiments, it was used an augmented randomized complete block design, with commercial maize hybrids used as controls. The evaluated character was grain yield (GY kg ha⁻¹). The genetic parameters and the genetic values of the testcross lines and hybrids were estimated through mixed models analysis. Each experimental unit consisted of a four-meter row, with 0.8 meters between rows. The coefficient of experimental variation was 13.31% (TC broad genetic base), 14.12% (TC narrow genetic base) and 35.24% (PL). The hybrids showed high yield performance. The effects of interaction Testers × Lines were significant for TCs with testers with a broad and narrow genetic basis. This fact indicates that it was possible to discriminate the lines in heterotic groups. It is concluded that the maize lines from the UFV maize breeding program, *Programa Milho*®, presented a good performance in crosses with testers of broad and narrow genetic basis. The allocation of tropical maize lines to heterotic groups is complex, however, it was possible to select a set of lines based on their behavior in crossings, in order to direct the UFV maize breeding program.

Keywords: *Zea mays*. Hybrid maize. Heterosis. Maize – genetic breeding.

SUMÁRIO

1	Introdução.....	10
2	Referencial teórico.....	12
2.1	Importância do milho.....	12
2.2	Tipos de cultivares.....	13
2.3	Grupos heteróticos.....	14
2.4	Testcross.....	16
3	Objetivos.....	18
4	Material e Métodos.....	19
4.1	Material genético.....	19
4.2	Execução experimental.....	20
4.3	Caractere avaliado.....	20
4.4	Análises genético-estatísticas.....	21
5	Resultados.....	23
6	Conclusões.....	34
7	Referências.....	35
8	Anexo.....	39

1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é um dos principais cereais cultivados no mundo. Isso se deve às suas características nutricionais e sua versatilidade. Esse cereal pode ser utilizado tanto na alimentação humana quanto animal, bem como em vários seguimentos da indústria como a produção de embalagens biodegradáveis. O milho pode ser utilizado também como matéria-prima na produção de etanol (MORO; FRISTSCHE-NETO, 2015).

Devido à importância da cultura do milho e os desafios da agricultura para atender às demandas da crescente população, estimada em 9,6 bilhões de pessoas em 2050, muitos melhoristas se dedicam à cultura do milho. Nos programas de melhoramento, o principal objetivo é desenvolver cultivares superiores para atender a produção econômica com adequação a sistemas comerciais de cultivo e que apresentem vantagens em relação a cultivares pré-existentes (BROWN; CALIGARI, 2011).

Metade dos incrementos na produtividade das culturas nos últimos cinquenta anos se deve ao melhoramento genético (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). No caso do milho, os incrementos em produtividade se devem em grande parte à descoberta e exploração do vigor híbrido pela obtenção de híbridos por East (1909) e Shull (1909) no século XX.

Atualmente, mais de 80% da área plantada com milho no mundo é composta por cultivares híbridas. O desenvolvimento de híbridos de milho com bom desempenho está condicionado a cruzamentos entre linhagens que expressem o máximo de heterose (ZHANG et al., 2016). A estratégia utilizada pelos melhoristas para maximizar a exploração da heterose é realizar cruzamentos entre linhagens que pertencem a grupos heteróticos distintos. Grupo heterótico é definido como uma coleção de germoplasma que, quando cruzada com germoplasma de outro grupo, tende a exibir maiores níveis de heterose do que quando cruzada com membros de seu próprio grupo (LEE, 1995).

A alocação de linhagens em grupos heteróticos reduz o número de cruzamentos e avaliações desnecessárias. Isto porque há maior probabilidade de se encontrar combinações híbridas mais promissoras do cruzamento entre linhagens de diferentes grupos. Portanto, o principal objetivo da alocação de linhagens em grupos heteróticos é aumentar a eficiência do melhoramento pela redução de tempo e recursos (FAN et al., 2014). Para a alocação das linhagens em grupos heteróticos, vários métodos têm sido propostos: análise da diversidade genética (BECKETT et al., 2017; GRASSI et al., 2015; MORALES et al., 2010), uso de

testadores (GUIMARÃES et al., 2011) e análises dialélicas (PINTO et al., 2001). Quando se dispõe de uma grande quantidade de linhagens para serem avaliadas e alocadas, Pinto et al. (2001) sugerem a utilização dos testcrosses. O testcross é um delineamento genético proposto por Davis (1927) em que linhagens são avaliadas em cruzamentos com um testador comum.

O Programa Milho, programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa, possui em seu germoplasma muitas linhagens de milho, as quais ainda não se têm informações sobre grupos heteróticos. Assim, o objetivo deste trabalho foi alocar as linhagens do Programa Milho – UFV em grupos heteróticos utilizando cruzamentos testcrosses.

2 Referencial teórico

2.1 Importância do milho

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal de grande importância econômica, cultural e social. De acordo com Shiferaw et al. (2011), o milho fornece cerca de 30% das calorias alimentares para mais de 4,5 bilhões de pessoas em 94 países. O milho é também muito usado na alimentação animal, seja em forma de forragem ou em rações (DADO, 1999; MURDIA et al., 2016). Parte da produção de grãos é destinada à indústria de fabricação de inúmeros produtos derivados desse cereal (PAES, 2006). Atualmente, ele tem também grande importância na produção de etanol, principalmente em países desenvolvidos como os Estados Unidos. Estima-se que cerca de 39% da produção total de milho nos EUA, seja destinada para produção de etanol (USDA, 2019).

Os principais países produtores são os Estados Unidos, China e Brasil (USDA, 2020). A estimativa da produção brasileira na safra 2019/2020 foi de aproximadamente 102 milhões de toneladas, numa área plantada de cerca de 18,5 milhões de hectares, e produtividade média em torno de 5.500 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020). Embora o Brasil seja um dos principais produtores, a baixa produtividade média é baixa. Essa produtividade é reflexo da escolha/posicionamento inadequado de cultivares pelos produtores, emprego inadequado de tecnologias de cultivo, uso insatisfatório de fertilizantes, uso de sementes não certificadas, uso de populações de plantas inadequadas. Além disso, a ocorrência de estresses abióticos, como estresse hídrico, temperaturas extremas, deficiência de nutrientes, toxidez por alumínio, salinidade, prejudicam drasticamente o desempenho da lavoura (MUNDIM et al., 2018).

Apesar das dificuldades, a produtividade brasileira tem aumentado. Nos últimos 20 anos, o incremento no rendimento de grãos foi expressivo devido ao melhoramento genético associado à adoção e uso consciente de novas tecnologias. Entre as principais responsáveis pelo aumento da produtividade, destacam-se três: híbridos mais responsivos ao uso de tecnologias e mais tolerantes ao aumento de população de plantas, adoção de cultivares transgênicas e aumento na dose de nitrogênio (N) aliada a níveis equilibrados de outros nutrientes.

2.2 Tipos de cultivares

As cultivares de milho podem ser Variedades de Polinização Aberta (VPAs) ou híbridos. As VPAs são obtidas pela livre polinização ou acasalamento ao acaso de um grupo de indivíduos selecionados. Os indivíduos de uma VPA são altamente heterozigóticos e heterogêneos. As VPAs estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg e, portanto, na ausência de mutação, seleção ou migração as frequências alélicas e genotípicas se mantêm constantes, permitindo aos produtores salvarem sementes sem a redução do potencial produtivo das lavouras (SOUZA JUNIOR, 2001; BORÉM; MIRANDA, 2013).

Os híbridos são resultantes do cruzamento entre linhagens (plantas com aproximadamente 100% dos loci em homozigose), geneticamente distintas. O principal objetivo de obter híbridos é explorar a heterose ou vigor híbrido (BORÉM; MIRANDA, 2013). Algumas estimativas de heterose para produtividade de grãos em milho são reportadas na literatura, tais como de 124,82% a 314,4% (MARTIN; HALLAUER, 1976), e de 29,67% a 62,23% (HASSAN et al., 2019).

Devido à exploração da heterose, e conseqüentemente elevado potencial produtivo, os híbridos são o tipo de cultivar mais utilizado. Atualmente, o milho híbrido é responsável por mais de 95% da área de produção de milho no Brasil. Eles são indicados para sistemas de produção de média a alta tecnologia, pois apesar do maior potencial produtivo, demandam maiores investimentos em insumos, como na aquisição de sementes, no uso de fertilizantes e no controle de pragas e doenças (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO et al., 2015).

Os híbridos são descendentes do cruzamento entre duas, três ou quatro linhagens, o que origina os híbridos simples, triplos ou duplos, respectivamente. Devido a isso, os híbridos possuem uma base genética estreita. A diferença entre os tipos de híbridos é o aumento da variabilidade genética que ocorre em virtude do maior número de linhagens utilizadas para obtenção do híbrido. O aumento da variabilidade possibilita aos híbridos uma maior adaptação às condições desfavoráveis, entretanto reduz o seu potencial produtivo. Portanto, o híbrido simples apresenta o maior potencial produtivo, no entanto, menor adaptabilidade às condições desfavoráveis de cultivo (SOUZA, 2018).

Os principais fundamentos de um programa de melhoramento de milho visando obtenção de híbridos são: i) escolha do germoplasma e melhoramento populacional, ii) desenvolvimento de linhagens, iii) seleção das melhores linhagens com base em seu desempenho *per se* e testcross, iv) cruzamento entre linhagens puras selecionadas de

grupos heteróticos distintos, v) identificação de híbridos com bom desempenho em vários ambientes e, vi) produção comercial dos híbridos selecionados (DELIMA; BOREM, 2018).

2.3 Grupos heteróticos

A máxima heterose é explorada quando se efetua o cruzamento entre duas linhagens contrastantes pertencentes a grupos heteróticos distintos. Grupo heterótico é definido como uma coleção de germoplasma que, quando cruzada com germoplasma de outro grupo, tende a exibir maiores níveis de heterose do que quando cruzada com indivíduos de seu próprio grupo (REIF et al., 2005). Dessa forma, linhagens que apresentam elevada heterose em cruzamento são alocadas em grupos heteróticos distintos, enquanto linhagens que não apresentam elevada heterose são alocadas no mesmo grupo (HALLAUER et al., 2010).

Os grupos heteróticos são formados pelo distanciamento genético causado pelo isolamento reprodutivo e seleção natural ou assistida entre duas populações no tempo ou no espaço (DARWIN, 1859). As raças de milho Northern Flints e Southern Dents, por exemplo, são distantes geneticamente devido ao isolamento geográfico por cerca de 2.500 anos em condições climáticas diferentes (TROYER, 2006). Anderson e Brown (1952) relatam que pode ser esperada uma maior expressão da heterose em cruzamentos destas raças. Por volta de 1850, o cruzamento Flint x Dent já era explorado em todos os programas de melhoramento dos EUA.

A definição dos grupos heteróticos tem como objetivo direcionar os cruzamentos entre linhagens para que não sejam realizados de forma aleatória. A alocação de linhagens em grupos heteróticos reduz consideravelmente o número de cruzamentos e avaliações desnecessárias. Como o êxito de um programa de melhoramento de milho depende diretamente da identificação dos cruzamentos mais promissores, a alocação correta de linhagens aumenta a eficiência nos programas de melhoramento. Dessa forma, os cruzamentos são orientados para explorar de forma eficaz a heterose entre os genótipos de grupos heteróticos distintos (PINTO et al., 2001).

De acordo com Reif et al. (2005), já são conhecidos alguns grupos heteróticos nos germoplasmas de milho no mundo. Os grupos heteróticos no milho são determinados mais claramente em regiões temperadas. Nos Estados Unidos e Canadá os principais grupos heteróticos são Stiff Stalk (SS) e Non-Stiff Stalk (NSS).

Em regiões tropicais existe um consenso de que o padrão heterótico mais explorado pelos melhoristas é Flint x Dent (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). No germoplasma tropical os grupos propostos são: Tuxpeño e não-Tuxpeño. Esse último engloba as raças de milho: Cuban Flint, Coastal Tropical Flint (Caribbean Flint), Tuson e ETO Composite. A primeira classificação dos grupos heteróticos brasileiros de milho foi sugerida por Parentoni et al. (2001).

A eficiência dos programas de melhoramento está relacionada também com o número de grupos heteróticos definidos no programa. Ceccarelli (2015) define a eficiência de programas de melhoramento com base em critérios, como o número de cultivares lançadas, adoção das cultivares, o ganho com seleção a cada ciclo e o custo-benefício. Para um programa de desenvolvimento de híbridos, ele usa duas medidas de eficiência: i) razão do número de cultivares lançadas pelo número de cruzamentos feitos; e ii) custo-benefício.

Portanto, se um programa de melhoramento de milho é mais eficiente se obtém maior porcentagem de híbridos comerciais por número de cruzamentos, teoricamente, quanto menor o número de grupos heteróticos mais eficiente será o programa (FAN et al., 2014). Contudo, alguns genótipos muitas vezes não podem ser classificados em grupos heteróticos amplamente conhecidos. Isto ocorre devido ao fato de que grupos heteróticos não existem naturalmente; eles são uma classificação feita pelos melhoristas (FAN et al., 2014).

Fan et al. (2014) classificaram linhagens de milho em três grupos heteróticos, ao invés do sistema clássico Reid e Non Reid, pois elas combinaram bem com os testadores dos dois grupos heteróticos. Caso eles alocassem as linhagens dentro de um dos grupos, seriam perdidos 20% dos melhores híbridos. Segundo os autores, perder esse número de híbridos superiores é inaceitável. Neste estudo estabeleceu-se um novo grupo heterótico na China, o Suwan-1.

Para alocação das linhagens em grupos heteróticos vários métodos são propostos na literatura: análise da diversidade genética (BECKETT et al., 2017; GRASSI et al., 2015; MORALES et al., 2010), testcross (GUIMARÃES et al., 2011) e análises dialélicas (PINTO et al., 2001).

Análises de diversidade genética utilizando marcadores moleculares têm sido amplamente adotadas visando prever o desempenho dos híbridos (PINTO; TEIXEIRA; GUIMARÃES, 2016). Isso porque a heterose ocorre em função da divergência genética entre genitores. Contudo, os marcadores moleculares identificam divergência em todo o genoma e muitas vezes, as regiões em que se detecta polimorfismo não estão relacionadas a genes que controlam caracteres de interesse. De acordo com Barrios et al. (2009), o uso de marcadores

moleculares para a alocação de linhagens em grupos heteróticos tem sido bastante eficiente para populações de milho de germoplasma temperado, onde a genealogia das linhagens é bem conhecida e a base genética é estreita.

Nos casos em que há poucas linhagens, é aconselhável a realização de cruzamentos dialélicos, em que é possível extrair muitas informações. Entretanto, havendo muitas populações e genitores os dialelos são inviáveis. Nesse caso, Pinto et al. (2001) sugerem a utilização de testcrosses.

2.4 Testcross

O testcross foi proposto por Davis (1927) e consiste na avaliação de linhagens em cruzamentos com um testador comum. No método proposto por Davis, as linhagens eram utilizadas como fêmeas e o testador era uma variedade de polinização aberta. Jenkins e Brunson (1932) propuseram a avaliação de híbridos simples no esquema testcross, pois obtiveram resultados mais consistentes. Atualmente, a avaliação de híbridos testcrosses é um processo padrão em programas de melhoramento.

A importância dos testcrosses se deve à baixa correlação entre o desempenho das linhagens e de seus respectivos híbridos, ou seja, não é possível utilizar o desempenho produtivo das linhagens “per se” para prever o desempenho dos híbridos (HALLAUER; LOPES-PEREZ, 1979; MIHALJEVIC et al., 2005). Além disso, o grande número de linhagens a serem avaliadas nos programas de melhoramento limita o uso dos cruzamentos dialélicos para obtenção das Capacidades de Combinação (MIRANDA FILHO; GERALDI, 1984).

Os testadores utilizados nos testcrosses devem ser representativos dos grupos heteróticos já existentes, devem possuir elevada Capacidade de Combinação (CGC) e serem bons produtores de pólen. Contudo, isso é possível apenas quando o programa já possui testadores representativos de cada um dos grupos heteróticos. No caso de programas nos quais o germoplasma ainda não está agrupado, uma alternativa é utilizar como testadores, genótipos que apresentem estimativas de alta magnitude da capacidade específica de combinação (PINTO et al., 2001), ou testadores de base genética ampla que já são sabidamente discriminadores eficientes para cada grupo heterótico.

Em programas de melhoramento genético o uso de híbridos simples ou linhagens elites tem 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).

Para alocação de linhagens em grupos heteróticos, Melchinger (1999) propôs o uso do testcross quando um grande número de linhagens está disponível e existem testadores comprovados. Menkir et al. (2004) cruzaram trinta e oito linhagens tropicais de milho com duas linhagens testadoras, uma representando o grupo heterótico duro e a outra o grupo dentado. As linhagens testadoras classificaram 23 das 38 linhagens em dois grupos heteróticos. E o excelente desempenho dos híbridos testcrosses das 15 linhagens restantes indicou a presença de diversidade genética significativa para a formação de outros grupos heteróticos.

3 Objetivos

Avaliar o comportamento de linhagens de milho do programa de melhoramento de milho da UFV, Programa Milho®, em cruzamento com testadores de base genética ampla e estreita.

Alocar linhagens de milho do Programa Milho® em grupos heteróticos com base no comportamento em cruzamento com testadores.

Selecionar um conjunto de linhagens com base no comportamento dessas em cruzamentos.

4 Material e Métodos

4.1 Material genético

Foram avaliadas linhagens e seus híbridos testcross provenientes do cruzamento com cinco testadores, dois de base genética ampla (populações - BR105 e BR106) e três de base genética estreita (linhagens - VML024, VML090 e VML144). Todas as linhagens pertencem ao Banco Ativo de Germoplasma do Programa Milho®, Programa de Melhoramento de Milho da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Departamento de Agronomia.

O desempenho das linhagens *per se* e em cruzamentos (testcrosses) com cada testador foram avaliados em experimentos separados. Os testcross foram plantados em sequência e unidos pelas mesmas testemunhas, que são híbridos comerciais de milho disponíveis no mercado. Essas foram cinco híbridos simples (2B810PW, 30F53VYHR, BM709PRO2, DKB230PRO3 e DKB390PRO3), um híbrido triplo (BG7049) e um híbrido duplo (BM207).

Nos experimentos de avaliação do desempenho *per se* foram avaliadas 185 linhagens; nos testcross de base genética ampla 183 híbridos; e nos testcross de base genética estreita 181 híbridos.

Os testadores de base genética ampla adotados no presente estudo são importantes representantes dos grupos heteróticos de regiões tropicais. A população BR106 (Tuxpeño) apresenta grãos do tipo Dent e a população BR105 (Suwan-1) grãos do tipo Flint. Os testadores de base genética estreita são linhagens elite do Programa Milho® que foram selecionadas para serem testadores devido ao tipo de grão bem definido, VML024 de grãos duros e, VML090 e VML144 de grãos dentados. Além disso, eles tem capacidade geral de combinação alta para produtividade de grãos e são boas produtoras de pólen, característica desejável para um testador.

Os híbridos testcrosses foram obtidos na safra 2016/2017. Os cruzamentos realizados foram manuais onde os grãos de pólen, oriundos do testador, foram direcionados ao estilo-estigmas das linhagens. Para obtenção dos híbridos com os testadores de base genética ampla foi feito *bulk* de pólen das plantas do testador para polinizar pelo menos doze plantas de cada linhagem a ser testada. No caso dos híbridos obtidos com os testadores de base genética estreita, para polinizar uma planta das linhagens a serem testadas era necessário coletar pólen de um único indivíduo do testador. Isso porque todas as plantas de uma linhagem possuem o mesmo genótipo e o pólen coletado de apenas um indivíduo já representa os alelos daquele testador.

4.2 Execução experimental

As linhagens e os TC foram avaliados nas safras 2017/2018 e 2018/2019. Na safra 2017/2018 foram avaliados na Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão (UEPE) de Coimbra (20°49'46,5" S, 42°45'51,1" O, altitude 715m), UEPE Clibas Vieira (20°44' 41"S, 42°50'31" O, altitude 659m) e UEPE Horta Nova (20°45'14"S e 42°52'55"W, a altitude 648m), e na safra 2018/2019 na UEPE de Coimbra e UEPE Horta Nova, todas pertencentes ao Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1956). O erro experimental foi estimado pelas testemunhas que eram repetidas ao longo dos blocos. Como comentado, as testemunhas dos experimentos de testcross eram híbridos comerciais. No caso dos experimentos de avaliação do desempenho *per se*, seis linhagens foram repetidas para ser possível estimar o erro experimental.

Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros de comprimento, espaçadas entre elas em 0,80 m, com área útil de 3,2 m². A semeadura foi realizada na segunda quinzena de novembro de 2017 e de 2018. Por precaução foi semeada uma quantidade de 50% a mais de sementes que o estande desejado. Aproximadamente 25 dias após o plantio, realizou-se desbaste nas parcelas a fim de obter uma população de aproximadamente 62,5 mil plantas ha⁻¹.

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

4.3 Caractere avaliado

O caractere avaliado nos experimentos foi a produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), sendo obtida por meio da colheita manual de todas as espigas que compõem a parcela, separadamente, e debulha em debulhadores elétricos. Os grãos das parcelas foram pesados e imediatamente após a pesagem foi mensurada a umidade. Os dados de produção por parcela foram extrapolados para um hectare e expressos em quilograma por hectare, com umidade corrigida para 14,5%.

4.4 Análises genético-estatísticas

Após a obtenção e tabulação dos dados fenotípicos, os valores genotípicos e os parâmetros genéticos dos híbridos testcrosses e das linhagens 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). Para testar os componentes de variância foi utilizado o método *likelihood ratio test* (LRT) contrastando o modelo completo com os modelos reduzidos.

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 é apresentada na Eq. [1].

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\tau} + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_{gt}\mathbf{u}_{gt} + \mathbf{Z}_{ge}\mathbf{u}_{ge} + \mathbf{Z}_{gte}\mathbf{u}_{gte} + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad [1]$$

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 .

Considerando a avaliação das linhagens em experimentos delineados em blocos aumentados, a forma geral do modelo linear misto é apresentada na Eq. [2].

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\tau} + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_{ge}\mathbf{u}_{ge} + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad [2]$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações fenotípicas dos híbridos; $\boldsymbol{\tau}$ é o vetor de efeitos fixos de 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}_{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}_b é o vetor de efeitos aleatórios de blocos 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}_{ge} , e \mathbf{Z}_b são as matrizes de incidência associadas aos efeitos $\boldsymbol{\tau}$, \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_{ge} e \mathbf{u}_b .

Nos modelos acima, os efeitos aleatórios foram testados com emprego da análise de deviance (RESENDE et al., 2007). O coeficiente de variação experimental ($CV_{e\%}$) foi calculado de acordo com a (Eq. [3]):

$$CV_{e\%} = \frac{\sqrt{\widehat{\sigma}_e^2}}{\mu} * 100 \quad [3]$$

Em que $\widehat{\sigma}_e^2$ é a variância residual e μ a média geral do caractere.

Em função do notável desbalanceamento, optou-se pelo estimador generalizado de herdabilidade (Eq. [4]) proposto por Cullis, Smith e Coombes (2006) e citado por Piepho e Möhring (2007). A herdabilidade obtida foi no sentido amplo para cada testador no caso do testcross, e para as linhagens.

$$H^2 = 1 - \frac{\bar{v}_{BLUP}}{2\sigma_g^2} \quad [4]$$

em que \bar{v}_{BLUP} é o erro médio de comparação entre dois BLUPs.

Todas as análises foram realizadas utilizando o software R e o pacote ASReml-R (BUTLER et al., 2009).

5 Resultados e discussão

A amplitude dos valores genotípicos evidencia a existência de variação genética (Tabela 1). O valor médio de produtividade de grãos dos híbridos experimentais foi maior com o testador de base genética estreita VML090 (11.114,01 kg ha⁻¹). O menor valor médio foi obtido com o testador de base genética ampla BR105 (9.666,52 kg ha⁻¹). O híbrido menos produtivo foi obtido com BR105 (6.268,97 kg ha⁻¹) (Tabela 1). Os híbridos com os testadores de base genética estreita obtiveram maiores produtividades devido à maior exploração da heterose comparado com os híbridos obtidos com os testadores de base genética ampla.

Tabela 1. Valores genotípicos mínimos, médios e máximos, da produtividade de grãos (kg ha⁻¹) dos híbridos testcross, obtidos do cruzamento de linhagens experimentais com dois testadores de base genética ampla (BR105 e BR106), e três testadores de base genética estreita (VML024, VML090 e VML144), avaliados em três ambientes (Coimbra, Horta Nova e Clibas Vieira) na safra 2017/2018 e dois (Coimbra e Horta Nova) na safra 2018/19.

Testador	Mínimo	Média	Máximo
BR 105	6.268,97	9.666,52	11.461,38
BR106	6.380,83	10.021,21	12.303,77
VML024	7.471,53	10.592,04	12.067,76
VML090	7.944,84	11.114,01	12.998,65
VML144	7.990,20	10.597,21	12.117,31

Dos híbridos com o testador BR105, 6,56% apresentaram média superior à média de seis das sete testemunhas utilizadas no experimento. Com o testador BR106, 7,10% dos híbridos apresentaram desempenho superior a todas as sete testemunhas. No caso dos testcrosses com os testadores de base genética estreita, 6,63% dos híbridos com a VML024 superaram o desempenho de cinco das testemunhas, 7,18% dos híbridos com a VML090 superaram o desempenho de todas as testemunhas e 3,31% dos híbridos com a VML144 superaram a produtividade de seis das testemunhas. Esses resultados evidenciam o elevado potencial produtivo dos híbridos provenientes das linhagens do Programa Milho® da Universidade Federal de Viçosa.

A análise conjunta entre os cinco ambientes para os testadores de base genética ampla indica que os efeitos de Blocos/Testadores/Ambientes, Testadores × Linhagens e Ambientes × Testadores × Linhagens foram significativos (P<0,01) (Tabela 2). Na análise conjunta para os testadores de base genética estreita os efeitos de Testadores × Linhagens e Ambientes ×

Testadores × Linhagens foram significativos ($P < 0,01$) (Tabela 2). Os efeitos Testadores × Linhagens significativos indicam que esses testadores são eficientes em discriminar as linhagens em grupos heteróticos. As interações triplas Ambientes × Testadores × Linhagens significativas indicam que há um comportamento diferencial nos diferentes ambientes avaliados. Entretanto, essas interações estão associadas a um menor valor de LRT comparadas às interações Testadores × Linhagens (Tabela 2). Esses resultados indicam que a alocação de linhagens em grupos heteróticos pode ser realizada na média dos ambientes.

A análise conjunta entre os cinco ambientes para as linhagens indica que os efeitos de Blocos/Ambientes, Linhagens e Ambientes × Linhagens foram significativos ($P < 0,01$) (Tabela 3). O efeito de linhagens significativo indica que há variabilidade genética entre as linhagens para produtividade de grãos.

As estimativas de CV foram de 13,31% para os testadores de base genética ampla e de 14,12% para os testadores de base genética estreita (Tabela 2). De acordo com os critérios de classificação de CV% propostos por FRITSCHÉ NETO et al. (2012) para a cultura do milho, para produtividade de grãos, CV's entre 8,25 a 15,49 são considerados intermediários. Portanto, os resultados obtidos no presente estudo evidenciam uma boa precisão experimental. A estimativa de CV para a avaliação das linhagens foi de 35,24%. Esse resultado é considerado muito alto de acordo com os critérios propostos por FRITSCHÉ NETO et al. (2012) para produtividade de grãos na cultura do milho. Contudo, é um resultado esperado, visto que em experimentos de avaliação de linhagens de milho são encontrados valores mais elevados de CV. Isso ocorre devido aos efeitos negativos da endogamia que acarretam maior variância residual e menores médias.

As estimativas de herdabilidade (H^2) para os testcrosses variaram de 0,46 (VML024) a 0,76 (BR106). Essas estimativas são consideradas satisfatórias tendo em vista que para o caractere produtividade de grãos, em geral, são encontrados valores mais baixos de herdabilidade. Isso porque o controle genético da produtividade de grãos é complexo, ou seja, resulta da atuação de vários genes de pequeno efeito sobre o fenótipo (ALLARD, 1971). Além disso, o delineamento de blocos aumentados é um delineamento menos robusto, o que pode acarretar maior variância residual, conseqüentemente, menores estimativas de herdabilidade. As maiores estimativas de H^2 foram obtidas para os testadores BR105 e BR106, o que é coerente, visto que se espera maior variabilidade genética entre os híbridos obtidos do cruzamento com testadores de base genética ampla. A estimativa de H^2 para as linhagens foi de 0,76, superior às herdabilidades encontradas para os testcrosses. Segundo

Smith (1986), a utilização de um testador com desempenho superior reduz a variância genética nos testcrosses, consequentemente, reduz a H^2 .

Tabela 2. Análise de *deviance* (ANADEV) e estimativas de médias, coeficientes de variação experimental ($CV_{e\%}$) e herdabilidades (H^2) para a produtividade de grãos dos híbridos testcrosses, obtidos do cruzamento de linhagens experimentais com dois testadores de base genética ampla (BR105 e BR106), e três testadores de base genética estreita (VML024, VML090 e VML144), avaliados em três ambientes (Coimbra, Horta Nova e Clibas Vieira) na safra 2017/2018 e dois (Coimbra e Horta Nova) na safra 2018/19.

Efeitos	Base Genética Ampla			Base Genética Estreita		
	<i>Deviance</i>	LRT	p-valor	<i>Deviance</i>	LRT	p-valor
Blocos/Ambientes	30.338,36 ⁺	23,69	< 0,01	40.481,27 ⁺	2,91	0,09
Linhagens	30.319,89 ⁺	5,21	0,20	40.478,40 ⁺	0,03	0,85
Testadores × Linhagens	30.426,59 ⁺	111,92	< 0,01	40.567,36 ⁺	89,00	< 0,01
Ambientes × Linhagens	30.315,11 ⁺	0,43	0,51	40.479,13 ⁺	0,77	0,38
Ambientes × Testadores × Linhagens	30.323,49 ⁺	8,81	< 0,01	40.494,82 ⁺	16,45	< 0,01
Modelo completo	30.314,68 ⁺⁺			40.478,36 ⁺⁺		
Média	9.843,87			10.767,75		
$CV_{e\%}$	13,31			14,12		
H^2_{BR105}	0,70					
H^2_{BR106}	0,76					
H^2_{VML024}	0,46					
H^2_{VML090}	0,57					
H^2_{VML144}	0,47					

LRT, *likelihood ratio test*; ⁺*Deviance* do modelo sem o referido efeito; ⁺⁺*Deviance* do modelo completo; *Deviance* = $-2 \times \log L$; $\log L$, ponto de máximo da função de verossimilhança residual.

Tabela 3. Análise de *deviance* (ANADEV), estimativa de média, coeficiente de variação experimental ($CV_{e\%}$) e herdabilidade (H^2) para a produtividade de grãos de linhagens parentais avaliadas em três ambientes (Coimbra, Horta Nova e Clibas Vieira) na safra 2017/2018 e (Coimbra e Horta Nova) na safra 2018/19.

	<i>Deviance</i>	LRT	p-valor
Blocos/Ambientes	14.849,98 ⁺	26,20	< 0,01
Linhagens	14.931,56 ⁺	107,78	< 0,01
Ambientes × Linhagens	14.865,13 ⁺	41,35	< 0,01
Modelo completo	14.823,78 ⁺⁺		
Média	2329,13		
CV (%)	35,24		
H^2	0,76		

LRT, *likelihood ratio test*; ⁺*Deviance* do modelo sem o referido efeito; ⁺⁺*Deviance* do modelo completo; *Deviance* = $-2 \times \log L$; $\log L$, ponto de máximo da função de verossimilhança residual.

Para visualização do comportamento das linhagens nos testcrosses, nas Figuras 1, 2, 3 e 4 estão apresentadas as dispersões das linhagens de acordo com as previsões dos híbridos obtidos do cruzamento com a população BR105 e BR106, VML024 e VML090, VML024 e VML144, VML090 e VML144, respectivamente. A linha tracejada na horizontal indica a média geral dos híbridos com o testador da ordenada e a linha tracejada na vertical indica a média geral dos híbridos com o testador da abscissa. Os híbridos destacados em verde indicam que a linhagem parental combina bem com o testador da ordenada, mas nem tanto com o testador da abscissa. Por outro lado, os híbridos destacados em azul indicam que a linhagem parental combina bem com o testador da abscissa, mas nem tanto com o da ordenada. Em vermelho são os híbridos provenientes de linhagens que combinam bem com ambos os testadores e em amarelo os híbridos que apresentam um desempenho abaixo da média para os dois testadores.

Figura 1. Dispersão dos híbridos provenientes dos testcrosses com os testadores BR105 e BR106 quanto ao desempenho para o caractere produtividade de grãos (kg ha^{-1}) e estimativa de correlação de Spearman entre os dois testadores.

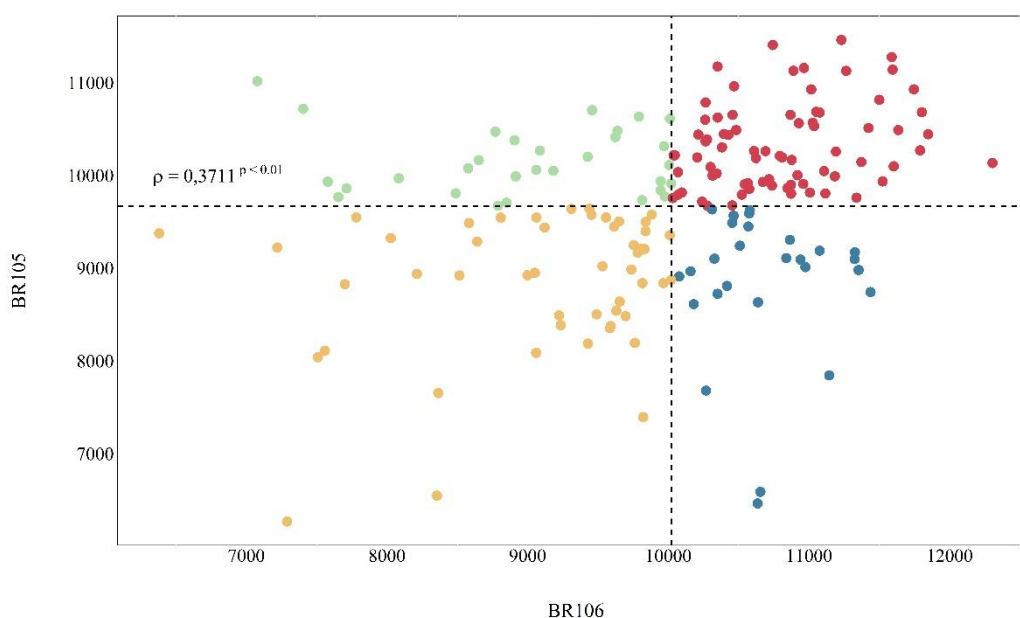


Figura 2. Dispersão dos híbridos provenientes dos testcrosses com os testadores VML024 e VML090 quanto ao desempenho para o caractere produtividade de grãos (kg ha^{-1}) e estimativa de correlação de Spearman entre os dois testadores.

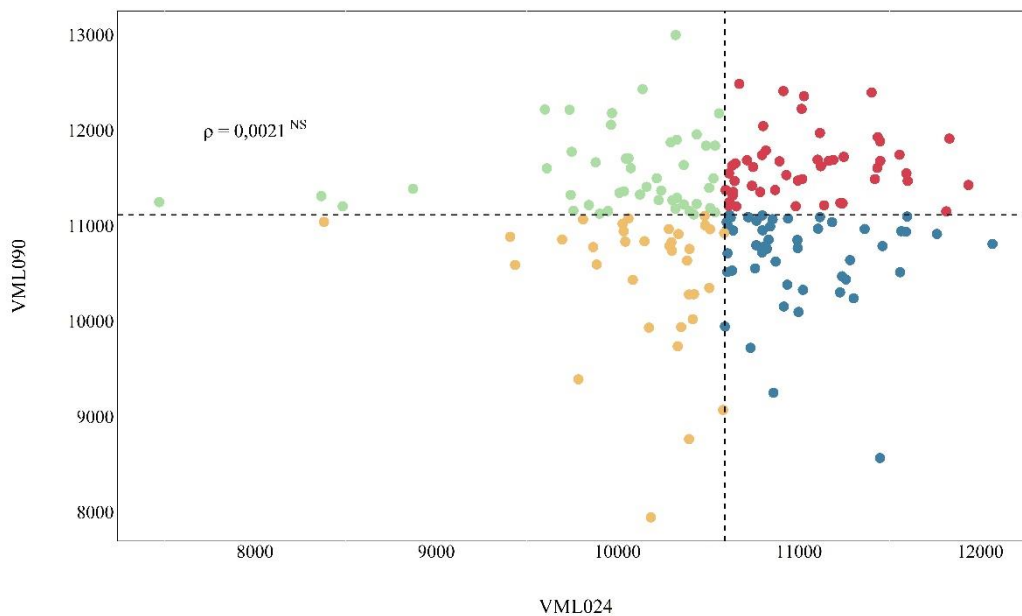


Figura 3. Dispersão dos híbridos provenientes dos testcrosses com os testadores VML024 e VML144 quanto ao desempenho para o caractere produtividade de grãos (kg ha^{-1}) e estimativa de correlação de Spearman entre os dois testadores.

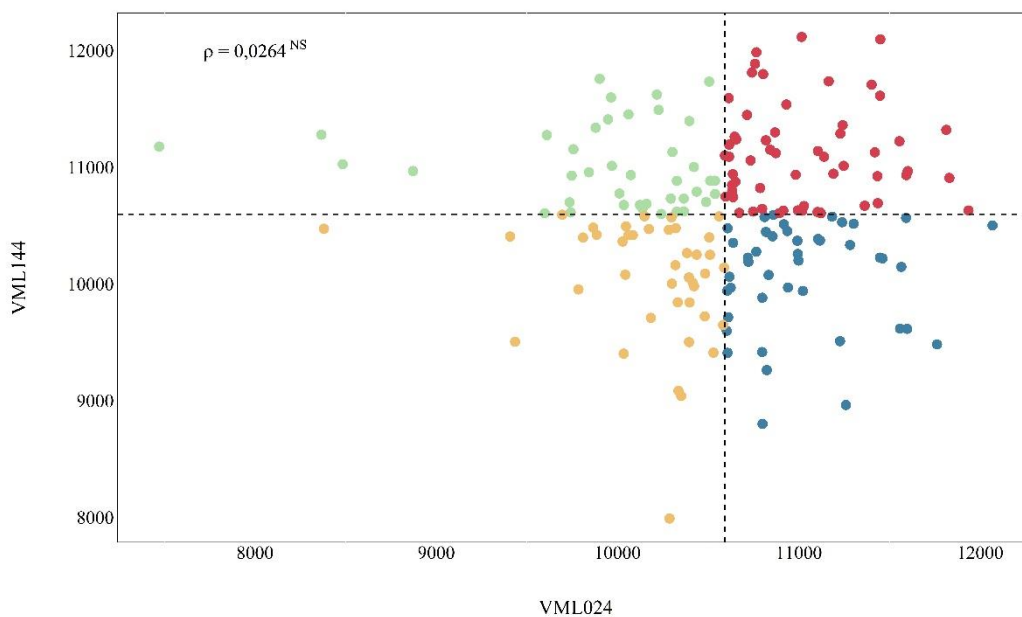
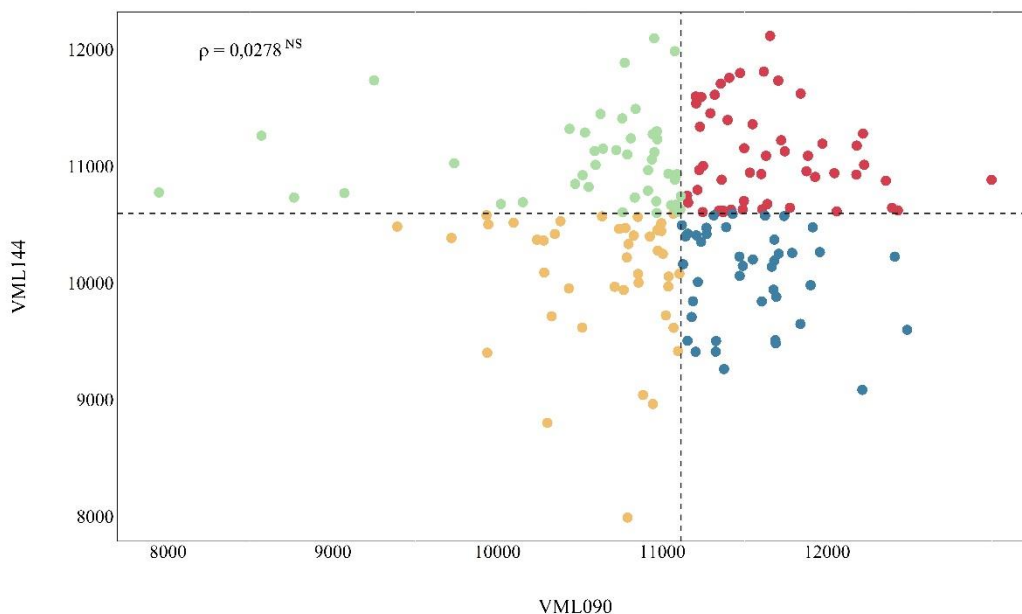


Figura 4. Dispersão dos híbridos provenientes dos testcrosses com os testadores VML090 e VML144 quanto ao desempenho para o caractere produtividade de grãos (kg ha^{-1}) e estimativa de correlação de Spearman entre os dois testadores.



A comparação entre os testcrosses com os testadores de base genética ampla apresentaram um maior número de linhagens destacadas em vermelho (40,98%). Na comparação entre os testcrosses de base genética estreita o percentual reduziu para 26,52%, 31,49% e 28,73% entre VML024 e VML090, VML024 e VML144, VML090 e VML144, respectivamente. Esses resultados ocorrem devido à importância da Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC) dependendo do tipo de testador. A CGC está diretamente relacionada a efeitos aditivos e epistasias do tipo AA. A CEC corresponde aos efeitos de genes não aditivos (dominância e epistasia) ou efeitos de complementação intragênico e intergênico e está relacionada à divergência gênica entre os parentais (SPRAGUE; TATUM, 1942). A CGC apresenta maior importância nos testcrosses com os testadores de base genética ampla e a CEC com os de base genética estreita. Portanto, devido à maior CGC dos testcrosses com os BR105 e BR106 há um maior número de linhagens que combinam bem com ambos os testadores.

A ocorrência de linhagens que combinam bem com os diferentes testadores e que não combinam bem com nenhum indica que a separação dos grupos heteróticos não é bem definida. Esses resultados confirmam o fato de que a alocação de linhagens tropicais em grupos heteróticos é complexa. Isso ocorre porque os trabalhos com esse intuito são recentes, com início na década de 1990 no Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo

(CIMMYT), e a maioria das linhagens de milho tropical desenvolvidas por eles foram inicialmente derivadas de grandes pools gênicos, independentemente da origem ou padrão heterótico (WU et al., 2016; SEMAGN et al., 2012). Além disso, a autofecundação de híbridos comerciais para obtenção de novas linhagens tem sido uma prática muito comum na maioria dos programas de melhoramento em todo o mundo, principalmente no Brasil (GUIMARÃES et al., 2018; TREVISAN et al., 2018). O uso de germoplasma comercial é permitido no Brasil, pois de acordo com a Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997, que institui a Lei de Proteção de Cultivares, utilizar a cultivar como fonte de variação no melhoramento genético ou na pesquisa científica não fere o direito de proteção sobre a cultivar protegida (BRASIL, 1997). Os híbridos comerciais são uma importante fonte para extração de linhagens, pois eles apresentam muitos alelos favoráveis para as condições da agricultura moderna. Isso dificulta a alocação de linhagens de milho tropical em grupos heteróticos resultando na mistura de pools heteróticos.

No caso dos testadores de base genética ampla (Figura 1), outro aspecto que pode ser considerado para explicar esses resultados é que como os testadores são populações que apresentam variabilidade, pode acontecer erro de amostragem dos alelos, o que pode dificultar a alocação das linhagens em grupos heteróticos.

As correlações de Spearman entre os híbridos obtidos nos testcrosses com os testadores de base genética estreita foram não significativas (Figuras 2, 3 e 4). Embora a correlação entre híbridos obtidos com os testadores de base genética ampla tenha sido significativa ($P < 0,01$), ela foi de baixa magnitude (Figura 1). A correlação entre o desempenho *per se* das linhagens e dos seus híbridos testcrosses foi significativa apenas para os testadores BR105 ($\rho = 0,20$) e VML090 ($\rho = 0,15$) e, mesmo significativa, foi de baixa magnitude. Portanto, as linhagens mais produtivas não irão necessariamente originar os híbridos mais produtivos; e linhagens não selecionadas em um testcross podem ser selecionadas em outro. Com isso, a seleção de linhagens de milho não deve ser baseada apenas no comportamento *per se* e devem ser utilizados diferentes testadores, pois o testador influencia na seleção de linhagens.

Mesmo com a dificuldade da alocação de linhagens tropicais em grupos heteróticos, os estudos realizados com essa finalidade são importantes para auxiliar os melhoristas na definição dos cruzamentos no programa. O ideal é alocar as linhagens que apresentam efeitos negativos e de alta magnitude no mesmo grupo do testador que proporciona esses resultados e alocar em outro(s) grupo(s) heterótico(s) as linhagens que apresentam efeitos positivos e de alta magnitude para aquele testador (ANEXO 1).

Os testadores de base genética ampla são importantes representantes dos grupos heteróticos de regiões tropicais, população BR106 (Tuxpeño) e BR105 (não-Tuxpeño). Para as linhagens que apresentam bom desempenho para ambos os testadores, híbridos em vermelho, pode ser escolhido um dos grupos para alocá-las. Fan et al. (2014) comentam ser uma prática comum precisar alocar algum genótipo dentro de grupo em estudos de classificação, mesmo que os resultados não informem claramente qual o melhor grupo. Isso ocorre, pois grupos heteróticos não existem naturalmente, eles são uma classificação feita pelo homem para aumentar a eficiência do melhoramento. Porém, com a adoção desse procedimento, muitos híbridos com potencial para se tornarem comerciais podem ser perdidos. Fan et al. (2014) classificaram linhagens de milho em três grupos heteróticos, ao invés do sistema tradicional duplo (Reid e Non Reid), pois elas combinaram bem com os testadores destes dois grupos heteróticos. Caso ele forçasse estas linhagens dentro de um destes dois grupos, em ambos os casos seriam perdidos 20% dos melhores híbridos interpopulacionais. Segundo os autores, perder esse número de híbridos superiores não é aceitável, especialmente quando estavam entre os mais bem ranqueados. Nesse estudo estabeleceu-se um novo grupo heterótico na China, o Suwan-1.

Com um maior número de grupos heteróticos, mais cruzamentos terão que ser realizados. Contudo, se mais híbridos com elevado potencial de se tornarem comerciais foram encontrados, a razão custo benefício será semelhante. Portanto, para aumentar a eficiência do programa de melhoramento em longo prazo, considerar a utilização de três grupos heteróticos, quando for adequado, possibilita o lançamento de maior número de híbridos ao longo do tempo. As linhagens que se destacaram nos testcrosses (Tabelas 4 e 5) podem ser utilizadas em análises dialélicas para avaliação das suas capacidades de combinação. Estas são fundamentais para formação de populações de melhoramento para extração de novas linhagens. O ideal é que os genitores que irão formar a população tenham boa CEC, importante para conferir variabilidade para a população, e que pelo menos um dos genitores apresente boa CGC, que está associada ao bom desempenho agrônomo da população. Atualmente, as fontes preferenciais para a extração de linhagens têm sido populações biparentais ou sintéticos formados a partir de materiais-elite (GUIMARÃES et al., 2018). Para a formação de populações de melhoramento os cruzamentos devem ser realizados entre genótipos do mesmo grupo heterótico.

Tabela 4. Estimativas dos efeitos genotípicos e o ranking das 15 linhagens selecionadas com base no testcross com BR105 e com BR106 e respectivos efeitos para os demais testadores.

Linhagem	BR105	BR106	VML024	VM090	VML144
VML008	1565,84 (1°)	-2536,49 (171°)	-252,82 (111°)	137,96 (80°)	355,90 (48°)
VML131	1262,17 (2°)	-2215,65 (170°)	NA	536,78 (38°)	1473,52 (1°)
VML029	1164,07 (3°)	335,77 (76°)	655,53 (23°)	-455,10 (145°)	530,54 (36°)
VML118	1113,68 (4°)	716,86 (43°)	-2112,58 (164°)	139,76 (78°)	1008,30 (11°)
VML005	1053,89 (5°)	65,12 (105°)	787,83 (18°)	812,50 (17°)	268,22 (60°)
VML063	922,95 (6°)	561,83 (57°)	8,87 (85°)	3,78 (101°)	62,41 (79°)
VML070	911,87 (7°)	508,47 (62°)	194,83 (63°)	697,00 (23°)	-359,29 (125°)
VML030	894,73 (8°)	1041,44 (21°)	941,90 (11°)	429,69 (47°)	715,12 (22°)
VML147	860,02 (9°)	201,47 (91°)	-255,31 (112°)	549,21 (37°)	62,93 (78°)
VML090	849,57 (10°)	-560,94 (137°)	99,91 (79°)	NA	317,47 (54°)
VML022	838,36 (11°)	809,92 (32°)	344,56 (48°)	99,71 (87°)	906,63 (15°)
VML174	796,79 (12°)	-1068,08 (154°)	-77,40 (90°)	1073,12 (11°)	297,89 (57°)
VML065	784,30 (13°)	1073,15 (18°)	829,22 (14°)	-312,34 (137°)	476,40 (40°)
VML160	760,01 (14°)	72,22 (104°)	14,84 (83°)	-553,17 (150°)	679,70 (24°)
VML113	728,74 (15°)	-279,94 (126°)	101,87 (78°)	502,52 (43°)	1172,21 (5°)
	BR106	BR105	VML024	VM090	VML144
VML058	1840,65 (1°)	-164,22 (110°)	-3098,33 (167°)	210,10 (71°)	439,23 (44°)
VML178	1414,89 (2°)	-1114,79 (167°)	905,04 (12°)	625,59 (27°)	485,40 (39°)
VML169	1412,21 (3°)	174,81 (68°)	148,65 (72°)	-31,44 (102°)	56,69 (80°)
VML032	1399,66 (4°)	46,42 (79°)	535,08 (32°)	582,89 (35°)	-251,17 (118°)
VML003	1353,85 (5°)	-1779,53 (173°)	-1715,77 (163°)	332,45 (55°)	-102,69 (100°)
VML103	1330,13 (6°)	374,44 (51°)	297,68 (51°)	431,06 (46°)	319,05 (53°)
VML080	1300,85 (7°)	-906,69 (156°)	312,43 (50°)	-918,47 (163°)	93,65 (74°)
VML127	1282,72 (8°)	-54,94 (95°)	NA	126,64 (82°)	-197,67 (113°)
VML158	1254,71 (9°)	-805,85 (150°)	119,15 (75°)	327,78 (56°)	12,69 (84°)
VML102	1251,37 (10°)	-171,47 (113°)	646,72 (24°)	-745,99 (159°)	-1772,53 (169°)
VML024	1240,96 (11°)	-747,00 (148°)	-2212,67 (166°)	264,79 (67°)	6,22 (85°)
VML093	1236,00 (12°)	584,54 (24°)	1183,63 (3°)	799,00 (18°)	-162,69 (107°)
VML139	1232,59 (13°)	252,25 (61°)	-72,62 (89°)	63,53 (92°)	-204,86 (115°)
VML150	1214,45 (14°)	-2792,07 (178°)	147,03 (73°)	-525,99 (149°)	218,15 (65°)
VML044	1205,51 (15°)	-2695,28 (177°)	-218,50 (109°)	-435,22 (144°)	-24,04 (90°)

NA: genótipo não avaliado.

Tabela 5. Estimativas dos efeitos e ranking das 10 linhagens selecionadas com base no testcross com VML024, VML090 e VML144 e respectivos efeitos para os demais testadores.

Linhagem	VML024	BR105	BR106	VM090	VML144
VML081	1423,01 (1°)	NA	-85,23 (118°)	-303,75 (135°)	600,80 (30°)
VML045	1293,19 (2°)	-97,45 (102°)	720,59 (42°)	316,90 (57°)	-43,94 (92°)
VML093	1183,63 (3°)	584,54 (24°)	1236,00 (12°)	799,00 (18°)	-162,69 (107°)
VML002	1174,98 (4°)	614,26 (20°)	252,24 (86°)	45,12 (93°)	116,88 (72°)
VML134	1125,14 (5°)	610,22 (22°)	106,23 (100°)	-190,30 (124°)	336,80 (49°)
VML064	987,06 (6°)	NA	36,79 (109°)	17,82 (98°)	-1187,63 (164°)
VML050	972,73 (7°)	524,23 (31°)	725,22 (41°)	374,05 (53°)	-560,09 (138°)
VML142	965,11 (8°)	572,25 (27°)	-774,76 (144°)	-124,30 (114°)	-1629,27 (168°)
VML019	955,19 (9°)	-321,90 (124°)	477,40 (66°)	-166,67 (123°)	429,24 (45°)
VML006	954,56 (10°)	-735,82 (147°)	945,90 (26°)	-557,21 (151°)	-979,05 (155°)
	VM090	BR105	BR106	VM024	VML144
VML157	1884,54 (1°)	404,09 (47°)	743,21 (38°)	-326,02 (123°)	244,28 (61°)
VML055	1397,41 (2°)	381,59 (49°)	-858,62 (148°)	49,37 (81°)	-1016,89 (156°)
VML034	1333,40 (3°)	254,41 (60°)	517,01 (61°)	-491,12 (133°)	NA
VML186	1308,32 (4°)	-262,62 (119°)	471,40 (68°)	279,76 (53°)	-403,49 (128°)
VML105	1276,91 (5°)	-608,02 (140°)	451,59 (70°)	750,72 (20°)	NA
VML071	1242,59 (6°)	-924,31 (159°)	NA	380,97 (44°)	235,40 (63°)
VML140	1154,47 (7°)	192,24 (66°)	236,68 (89°)	-856,78 (156°)	-1501,50 (166°)
VML062	1122,92 (8°)	437,55 (42°)	-73,62 (117°)	-1028,51 (160°)	658,66 (28°)
VML165	1110,25 (9°)	-1066,44 (166°)	NA	368,25 (46°)	371,65 (47°)
VML128	1081,31 (10°)	141,21 (72°)	685,75 (44°)	-662,50 (146°)	552,13 (33°)
	VML144	BR105	BR106	VM024	VML090
VML131	1473,52 (1°)	1262,17 (2°)	-2215,65 (170°)	NA	536,78 (38°)
VML115	1465,06 (2°)	-102,17 (104°)	-586,38 (139°)	NA	-154,71 (121°)
VML053	1349,47 (3°)	-131,88 (105°)	-941,01 (150°)	297,09 (52°)	-34,54 (105°)
VML016	1260,05 (4°)	NA	750,77 (36°)	184,71 (64°)	-329,67 (139°)
VML113	1172,21 (5°)	728,74 (15°)	-279,94 (126°)	101,87 (78°)	502,52 (43°)
VML112	1158,50 (6°)	271,19 (58°)	450,87 (71°)	346,84 (47°)	357,15 (54°)
VML094	1137,15 (7°)	533,26 (29°)	584,32 (52°)	253,29 (56°)	-1823,33 (172°)
VML004	1132,66 (8°)	541,33 (28°)	1060,06 (19°)	-471,73 (132°)	307,64 (59°)
VML172	1106,34 (9°)	-56,39 (96°)	-344,21 (129°)	-587,65 (142°)	601,94 (32°)
VML035	1077,48 (10°)	312,21 (56°)	1057,97 (20°)	NA	249,42 (69°)

NA: genótipo não avaliado.

A partir destes resultados também é possível direcionar cruzamentos nos dialelos para a obtenção de híbridos. A separação de grupos heteróticos mostra um refinamento na seleção das linhagens para a formação de híbridos de milho (PINTO et al., 2001). Para a formação de híbridos também é importante aliar elevada CEC, que irá conferir heterose, e elevada CGC para que os híbridos tenham bom desempenho. No atual cenário do melhoramento de milho, o objetivo é obter híbridos produtivos, de ciclo mais curto, altura de planta e de inserção de

espigas mais baixas, e que apresentem bom desempenho em densidades populacionais maiores. Para os caracteres em que o objetivo é reduzi-los, os melhores genitores são aqueles cujas estimativas de CGC são negativas, ou seja, contribuem para diminuir a média de seus descendentes. No caso dos caracteres em que se deseja aumentar a média, por exemplo, produtividade de grãos, busca-se genitores com CGC positiva.

Para a formação de híbridos, nos dialelos, os cruzamentos devem ser feitos entre genitores de diferentes grupos heteróticos. Uma alternativa com base nestes resultados é fazer um dialelo parcial com as linhagens que se destacaram com os testadores de base genética ampla e um dialelo completo com as linhagens que se destacaram com os testadores de base genética estreita (Tabelas 4 e 5). O número de genitores utilizados nos dialelos depende da capacidade de avaliação dos híbridos em campo.

6 Conclusões

As linhagens de milho do programa de melhoramento de milho da UFV, Programa Milho®, apresentaram bom desempenho em cruzamento com testadores de base genética ampla e estreita.

A alocação de linhagens tropicais de milho em grupos heteróticos é complexa, contudo, foi possível selecionar um conjunto de linhagens com base no comportamento dessas em cruzamentos para direcionar o programa de melhoramento de milho da UFV.

7 Referências

- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Lucher, 1971, 381p.
- ANDERSON, E.; BROWN, W. L. **Heterosis**. In: Origin of corn belt maize and its genetics significance. Ames: Iowa State University, p. 124-148, 1952.
- BARRIOS, S. C. L.; DUARTE, F. C.; SOUZA JR., C. L. **Alocação de linhagens de milho em grupos heteróticos baseando-se em marcadores moleculares e cruzamentos dialélicos**. In: 55º CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, Águas de Lindoia. Resumos, 2009.
- BECKETT, T. J. et al. Genetic relatedness of previously plant-variety-protected commercial maize inbreds. **PLoS ONE**, v. 12, n. 12, p. 1-23, 2017.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6ª Edição. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. rev. e ampl. Viçosa: Editora UFV, 2017. 523 p.
- BRASIL. Presidência da República, Casa Civil. **Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997**. Institui a Lei de Proteção de Cultivares e dá outras providências.
- BROWN, J; CALIGARI, P. **An introduction to plant breeding**. Oxford: John Wiley & Sons, 2011.
- BUTLER, D. et al. **ASReml-R reference manual**. Release 3.0. State Queensland, Dep. Prim. Ind. Fish., Brisbane, QLD, Australia, 2009.
- CECCARELLI, S. Efficiency of Plant Breeding. **Crop Science**, v. 55, p. 87-97, 2015.
- CONAB. **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos Safra 2019/20 - Décimo Segundo Levantamento**. 2020. Disponível em: <www.conab.gov.br>. Acesso em: 04 janeiro de 2020.
- CULLIS, B. R.; SMITH, A.; COOMBES, N. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 11, p. 381-393, 2006.
- DADO, R. G. Nutritional benefits of speciality corn grain hybrids in dairy diets. **Journal of Animal Science**, v. 77, n. 2, p. 197-207, 1999.
- DARWIN, C. R. **The origin of species**. London: John Murray, 1859.
- DAVIS, R. L. **Report of the plant breeder**. Rep. Puerto Rico: Agric. Exp. Sta., 1927.
- DELIMA, R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de milho**. Viçosa: Editora UFV. 2018.

EAST, E. M. The distinction between development and heredity in inbreeding. **American Naturalist**, v. 43, p. 173-181, 1909.

FAN, X. M. et al. Reciprocal diallel crosses impact combining ability, variance estimation, and heterotic group classification. **Crop Science**, v. 54, n. 1, p. 89-97, 2014.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Records**, v. 55, p. 191-208, 1956.

GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. (2015). **Milho do plantio à colheita**. Viçosa, MG Ed. UFV, 351 p.

GRASSI, P. G. M. et al. Divergência genética entre linhagens de milho utilizando microssatélites e correlação com desempenho de híbridos simples. **Revista de Ciências Agronômicas**, v. 24, n. 1, p. 1-16, 2015.

GUIMARÃES, L. J. M. et al. **Definição de grupos heteróticos de populações de milho por análise gráfica**. In: Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios. Panorama atual e perspectivas do melhoramento de plantas no Brasil.[Búzios]: SBMP, 2011.

_____. Desenvolvimento de linhagens. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de milho**. Viçosa: Editora UFV. 2018.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer-Verlag, 2010.

HALLAUER, A. R.; LOPEZ-PEREZ, E. **Comparación among tester for evaluating lines of corn**. In: Corn and Sorghum Research Conference, 34, 1979, Chicago. Proceedings... Chicago: ASTA, 1979. p. 57-75.

HASSAN, A. A. et al. Study on combining ability and heterosis in maize (*Zea mays* L.) using partial diallel analysis. **International Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 6, n. 2, p. 520-526, 2019.

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.

MARTIN, J. M.; HALLAUER, A. R. Relation between heterozygosity and yield for four types of maize inbred lines. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 5, p. 119-135, 1976.

MELCHINGER, A. E. **Genetic diversity and heterosis**. In: COORS, J. G.; PANDEY, S (eds) The genetics and exploitation of heterosis in crops. CSSA-SP, Madison, Wis., pp 99-118, 1999.

MENKIR, A. et al. 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.

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.

MORALES, M.; DECKER, V.; ORNELLA, L. A. Analysis of genetic diversity in Argentinian heterotic maize populations using molecular markers. **Ciencia Investigación Agraria**, v. 37, n. 1, p. 151-160, 2010.

MÔRO, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Importância e usos do milho no Brasil**. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C.; PIMENTEL, M.A. (Ed) *Milho do plantio à colheita*. Viçosa: Ed. UFV, 2015.

MUNDIM, G. B.; RODRIGUES, M. C.; DELIMA, R. O. **Melhoramento para Estresse Abióticos**. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds.). *Melhoramento de Milho*. Viçosa, MG: Editora UFV. p. 396, 2018.

MURDIA, L. et al. Maize utilization in India: an overview. **American Journal of Food and Nutrition**, v. 4, n. 6, p. 169-176, 2016.

PAES, M. C. D. **Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho**. Circular técnica 75. Embrapa. Sete Lagoas, MG, 2006.

PARENTONI, S. N. et al. Heterotic groups based on yield-specific combining ability data and phylogenetic relationship determined by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties. **Euphytica**, v. 121, p. 197-208, 2001.

PIEPHO, H-P.; MOHRING, J. Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. **Genetics**, v. 177, p. 1881-1888, 2007.

PINTO, R. M. C. et al. Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 3, p. 541-548, 2001.

PINTO, M. O.; TEIXEIRA, F. F.; GUIMARÃES, C. T. **Diversidade genética de milho doce utilizando marcadores microssatélites**. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 31., Bento Gonçalves. Anais [...]. Bento Gonçalves-RS, 2016.

REIF, J. C.; HALLAUER, A. R.; MELCHINGER, A. E. Heterosis and heterotic patterns in maize *Zea mays* L. **Maydica**, v. 50. n. 3, p. 215-223, 2005.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

SEMAGN, K. et al. Molecular characterization of diverse CIMMY maize lines using SNP. **BMC Genomics**, v. 13, n. 113, p. 1-11, 2012.

SHIFERAW, B. et al. Crops that feed the world 6. Past successes and future challenges to the role played by maize in global food security. **Food Security**, v. 3, p. 307-327, 2011.

SHULL, G. H. A pure line method of corn breeding. Washington: American Breeders Association Report, 1909.

SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, v. 26, n. 3, p. 540-543, 1986.

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, J. C. **Cultivares**. In: LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds). Melhoramento de milho. Viçosa - MG, p. 295-306, 2018.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn 1. **Agronomy Journal**, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

TREVISAN, W. L. The route of dissemination of maize around the world & heterotic patterns utilized in maize breeding around the world. In: Livro de palestras. Soluções integradas para os sistemas de produção de milho e sorgo no Brasil. 2018. Disponível em: http://www.abms.org.br/eventosanteriores/cnms2018/CNMS2018_livro_palestras.pdf. Acesso em: 04 de janeiro de 2021.

TROYER, A. F. Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. **Crop Science**, v. 46, p. 528-543, 2006.

USDA. Departamento de Agricultura dos Estados Unidos. **Safra Mundial de Milho 2018/19** – 12º Levantamento, 2020.

WU, Y. et al. Molecular characterization of CIMMYT maize inbred lines with genotyping-by-sequencing SNPs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, p. 753-765, 2016.

ZHANG, Y. D. et al. Diallel analysis of four maize traits and a modified heterosis hypothesis. **Crop Science**, v. 56, n. 3, p. 1115-1126, 2016.

8 Anexo

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML001	-859,70 (172°)	-379,52 (128°)	-38,14 (116°)	-693,37 (147°)	63,59 (91°)	-427,46 (130°)
VML002	435,77 (43°)	614,26 (20°)	252,24 (86°)	1174,98 (4°)	45,12 (93°)	116,88 (72°)
VML003	-337,79 (127°)	-1779,53 (173°)	1353,85 (5°)	-1715,77 (163°)	332,45 (55°)	-102,69 (100°)
VML004	670,81 (26°)	541,33 (28°)	1060,06 (19°)	-471,73 (132°)	307,64 (59°)	1132,66 (8°)
VML005	-55,86 (89°)	1053,89 (5°)	65,12 (105°)	787,83 (18°)	812,50 (17°)	268,22 (60°)
VML006	381,20 (48°)	-735,82 (147°)	945,90 (26°)	954,56 (10°)	-557,21 (151°)	-979,05 (155°)
VML007	-275,32 (114°)	246,84 (62°)	-1683,61 (165°)	-1159,51 (162°)	-472,91 (147°)	542,82 (34°)
VML008	101,96 (69°)	1565,84 (1°)	-2536,49 (171°)	-252,82 (111°)	137,96 (80°)	355,90 (48°)
VML009	1614,52 (5°)	-1169,46 (168°)	-93,14 (119°)	-261,25 (113°)	-1324,07 (169°)	439,25 (43°)
VML010	-149,36 (98°)	-2,54 (88°)	110,11 (99°)	58,53 (80°)	138,01 (79°)	-1179,60 (163°)
VML011	-332,13 (124°)	-684,25 (141°)	341,06 (75°)	228,45 (59°)	-218,95 (126°)	-521,02 (137°)
VML012	-747,15 (164°)	-719,81 (145°)	90,98 (102°)	-178,45 (102°)	-1040,86 (165°)	89,28 (76°)
VML013	-227,38 (110°)	-713,10 (144°)	287,30 (80°)	-841,43 (154°)	273,28 (64°)	-1164,34 (162°)
VML015	-271,98 (113°)	-885,94 (155°)	-317,00 (128°)	-845,20 (155°)	87,81 (89°)	91,45 (75°)
VML016	605,53 (28°)	NA	750,77 (36°)	184,71 (64°)	-329,67 (139°)	1260,05 (4°)
VML017	-291,57 (116°)	382,01 (48°)	-2778,09 (172°)	31,14 (82°)	385,89 (52°)	-382,51 (127°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML018	-175,69 (101°)	-702,62 (143°)	861,03 (29°)	468,68 (39°)	856,72 (15°)	552,39 (32°)
VML019	-897,79 (176°)	-321,90 (124°)	477,40 (66°)	955,19 (9°)	-166,67 (123°)	429,24 (45°)
VML020	419,30 (45°)	151,91 (70°)	921,41 (27°)	-188,52 (104°)	41,92 (94°)	-108,39 (101°)
VML021	461,55 (39°)	583,58 (25°)	-370,79 (132°)	-166,23 (100°)	-772,74 (160°)	-492,09 (134°)
VML022	446,87 (40°)	838,36 (11°)	809,92 (32°)	344,56 (48°)	99,71 (87°)	906,63 (15°)
VML023	-600,68 (154°)	151,50 (71°)	-898,18 (149°)	-178,37 (101°)	-2275,75 (174°)	165,13 (69°)
VML024	46,39 (80°)	-747,00 (148°)	1240,96 (11°)	-2212,67 (166°)	264,79 (67°)	6,22 (85°)
VML025	766,22 (21°)	460,58 (37°)	242,88 (88°)	-548,89 (136°)	630,03 (26°)	-351,41 (124°)
VML026	493,80 (37°)	-101,33 (103°)	-255,14 (125°)	620,00 (26°)	-614,99 (153°)	237,19 (62°)
VML027	-464,27 (142°)	-10,28 (91°)	567,34 (56°)	-221,55 (110°)	-329,87 (140°)	798,78 (19°)
VML028	180,30 (60°)	-274,47 (121°)	NA	-196,63 (106°)	93,42 (88°)	-1081,37 (157°)
VML029	12,99 (84°)	1164,07 (3°)	335,77 (76°)	655,53 (23°)	-455,10 (145°)	530,54 (36°)
VML030	-637,91 (158°)	894,73 (8°)	1041,44 (21°)	941,90 (11°)	429,69 (47°)	715,12 (22°)
VML031	67,86 (76°)	-1884,53 (174°)	377,24 (74°)	NA	-1979,63 (173°)	195,18 (66°)
VML032	589,77 (29°)	46,42 (79°)	1399,66 (4°)	535,08 (32°)	582,89 (35°)	-251,17 (118°)
VML033	-228,74 (111°)	-170,66 (112°)	441,09 (72°)	-19,19 (88°)	-150,55 (120°)	-202,45 (114°)
VML034	-347,16 (129°)	254,41 (60°)	517,01 (61°)	-491,12 (133°)	1333,40 (3°)	NA
VML035	-333,44 (125°)	312,21 (56°)	1057,97 (20°)	NA	249,42 (69°)	1077,48 (10°)
VML036	-752,18 (165°)	-0,31 (87°)	484,55 (64°)	NA	-83,58 (108°)	-157,25 (105°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML037	-367,45 (130°)	-54,72 (94°)	627,21 (48°)	177,70 (66°)	-367,39 (143°)	524,94 (37°)
VML038	-831,58 (169°)	-61,15 (97°)	967,17 (24°)	490,01 (35°)	524,90 (41°)	-47,64 (94°)
VML039	151,83 (65°)	127,29 (74°)	285,26 (81°)	-655,58 (145°)	971,10 (12°)	NA
VML040	328,72 (50°)	-588,32 (139°)	NA	-2185,42 (165°)	6,11 (100°)	-503,44 (135°)
VML041	48,66 (79°)	408,95 (46°)	-754,11 (143°)	375,91 (45°)	-232,63 (127°)	-42,60 (91°)
VML042	1165,65 (9°)	NA	894,44 (28°)	817,72 (15°)	580,15 (36°)	-434,35 (131°)
VML043	2813,49 (1°)	-195,82 (117°)	948,42 (25°)	-715,14 (148°)	-473,08 (148°)	418,79 (46°)
VML044	92,04 (73°)	-2695,28 (177°)	1205,51 (15°)	-218,50 (109°)	-435,22 (144°)	-24,04 (90°)
VML045	-597,17 (153°)	-97,45 (102°)	720,59 (42°)	1293,19 (2°)	316,90 (57°)	-43,94 (92°)
VML046	69,33 (75°)	490,09 (35°)	98,70 (101°)	-89,94 (91°)	117,91 (84°)	-751,30 (148°)
VML047	-330,63 (123°)	-150,80 (108°)	753,40 (35°)	795,91 (17°)	501,43 (44°)	NA
VML048	-223,57 (109°)	-138,31 (106°)	NA	329,90 (49°)	-691,74 (156°)	-70,27 (95°)
VML049	-609,46 (155°)	-153,50 (109°)	-172,07 (122°)	-750,78 (151°)	155,55 (76°)	-577,29 (140°)
VML050	614,02 (27°)	524,23 (31°)	725,22 (41°)	972,73 (7°)	374,05 (53°)	-560,09 (138°)
VML051	-367,96 (131°)	-4,77 (90°)	-652,94 (141°)	-406,86 (128°)	406,13 (49°)	538,02 (35°)
VML052	-180,69 (102°)	44,50 (80°)	-857,40 (147°)	158,18 (71°)	-279,80 (132°)	-266,15 (120°)
VML053	-425,85 (138°)	-131,88 (105°)	-941,01 (150°)	297,09 (52°)	-34,54 (105°)	1349,47 (3°)
VML054	785,06 (17°)	-974,10 (162°)	429,13 (73°)	429,65 (40°)	-732,02 (158°)	-871,43 (151°)
VML055	274,28 (54°)	381,59 (49°)	-858,62 (148°)	49,37 (81°)	1397,41 (2°)	-1016,89 (156°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML056	582,76 (30°)	-96,87 (101°)	261,15 (84°)	-90,78 (92°)	-716,11 (157°)	-170,20 (108°)
VML057	-198,88 (105°)	138,89 (73°)	-19,36 (115°)	-273,28 (115°)	-163,81 (122°)	187,93 (67°)
VML058	-133,51 (96°)	-164,22 (110°)	1840,65 (1°)	-3098,33 (167°)	210,10 (71°)	439,23 (44°)
VML059	363,77 (49°)	342,97 (54°)	7,65 (112°)	175,93 (67°)	-138,94 (118°)	503,93 (38°)
VML060	-872,51 (173°)	-342,24 (126°)	146,85 (96°)	164,59 (69°)	264,28 (68°)	5,68 (86°)
VML061	809,27 (15°)	-141,95 (107°)	301,90 (79°)	-285,83 (117°)	820,60 (16°)	-625,09 (143°)
VML062	84,95 (74°)	437,55 (42°)	-73,62 (117°)	-1028,51 (160°)	1122,92 (8°)	658,66 (28°)
VML063	777,95 (20°)	922,95 (6°)	561,83 (57°)	8,87 (85°)	3,78 (101°)	62,41 (79°)
VML064	-336,00 (126°)	NA	36,79 (109°)	987,06 (6°)	17,82 (98°)	-1187,63 (164°)
VML065	-708,22 (161°)	784,30 (13°)	1073,15 (18°)	829,22 (14°)	-312,34 (137°)	476,40 (40°)
VML066	-405,21 (134°)	26,73 (82°)	1088,69 (17°)	584,73 (29°)	125,68 (83°)	955,81 (14°)
VML067	-401,90 (133°)	635,34 (19°)	-372,15 (133°)	-467,15 (130°)	267,95 (66°)	-1082,05 (158°)
VML068	-171,30 (100°)	421,91 (45°)	153,81 (95°)	-499,02 (134°)	-617,25 (154°)	-622,47 (141°)
VML069	-877,46 (174°)	60,05 (78°)	NA	-372,54 (126°)	-3078,95 (176°)	225,65 (64°)
VML070	124,97 (67°)	911,87 (7°)	508,47 (62°)	194,83 (63°)	697,00 (23°)	-359,29 (125°)
VML071	5,07 (86°)	-924,31 (159°)	NA	380,97 (44°)	1242,59 (6°)	235,40 (63°)
VML072	-1062,16 (182°)	-23,93 (92°)	85,05 (103°)	NA	NA	NA
VML073	-298,74 (117°)	-327,87 (125°)	-1218,79 (158°)	633,57 (25°)	-657,03 (155°)	700,77 (23°)
VML074	-307,54 (120°)	11,24 (85°)	125,97 (98°)	-527,25 (135°)	535,61 (39°)	-752,58 (149°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML075	97,91 (71°)	41,15 (81°)	-1027,43 (153°)	106,49 (76°)	611,60 (28°)	-1090,98 (159°)
VML076	1706,16 (3°)	115,15 (75°)	265,62 (83°)	695,36 (22°)	-834,54 (162°)	-230,75 (117°)
VML078	-553,83 (150°)	-849,05 (152°)	NA	488,24 (36°)	-115,88 (112°)	-158,22 (106°)
VML079	-673,91 (160°)	-492,64 (135°)	-583,02 (138°)	-299,81 (118°)	197,31 (72°)	833,17 (17°)
VML080	-908,71 (177°)	-906,69 (156°)	1300,85 (7°)	312,43 (50°)	-918,47 (163°)	93,65 (74°)
VML081	433,25 (44°)	NA	-85,23 (118°)	1423,01 (1°)	-303,75 (135°)	600,80 (30°)
VML082	-517,95 (146°)	-927,41 (160°)	-105,10 (121°)	NA	-101,79 (110°)	-322,95 (121°)
VML083	1692,43 (4°)	727,03 (16°)	648,53 (47°)	850,72 (13°)	-2497,51 (175°)	672,29 (25°)
VML084	-304,71 (118°)	-808,08 (151°)	989,50 (23°)	494,01 (34°)	NA	-2,27 (88°)
VML085	1326,38 (6°)	-400,41 (129°)	-972,13 (152°)	-121,60 (97°)	-68,69 (107°)	-347,46 (122°)
VML086	-958,27 (179°)	-917,96 (158°)	543,02 (60°)	NA	NA	NA
VML087	-565,81 (151°)	5,42 (86°)	597,31 (51°)	245,12 (58°)	284,02 (62°)	-0,18 (87°)
VML088	-764,00 (167°)	514,13 (33°)	745,39 (37°)	554,52 (31°)	-58,41 (106°)	314,40 (55°)
VML089	-725,28 (162°)	19,32 (84°)	-1443,12 (160°)	NA	311,34 (58°)	-1326,72 (165°)
VML090	525,72 (35°)	849,57 (10°)	-560,94 (137°)	99,91 (79°)	NA	317,47 (54°)
VML091	-993,87 (180°)	512,36 (34°)	-1801,15 (166°)	-790,13 (153°)	NA	NA
VML092	440,29 (41°)	477,94 (36°)	305,24 (78°)	-120,15 (96°)	762,51 (21°)	-953,20 (153°)
VML093	784,55 (18°)	584,54 (24°)	1236,00 (12°)	1183,63 (3°)	799,00 (18°)	-162,69 (107°)
VML094	303,67 (52°)	533,26 (29°)	584,32 (52°)	253,29 (56°)	-1823,33 (172°)	1137,15 (7°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML095	530,99 (34°)	436,33 (43°)	158,33 (94°)	-0,98 (86°)	160,84 (75°)	-2,81 (89°)
VML096	121,40 (68°)	596,06 (23°)	-1921,60 (168°)	NA	28,34 (96°)	133,70 (71°)
VML097	53,28 (77°)	-862,09 (153°)	580,54 (53°)	-125,42 (99°)	298,59 (60°)	772,10 (20°)
VML098	-586,07 (152°)	-866,61 (154°)	-1583,71 (162°)	NA	-32,76 (103°)	-625,91 (144°)
VML099	92,90 (72°)	-195,50 (116°)	-18,27 (114°)	-198,40 (107°)	-780,12 (161°)	-222,44 (116°)
VML100	219,93 (59°)	317,62 (55°)	-1166,21 (157°)	390,28 (43°)	-305,34 (136°)	-656,68 (145°)
VML102	-200,87 (106°)	-171,47 (113°)	1251,37 (10°)	646,72 (24°)	-745,99 (159°)	-1772,53 (169°)
VML103	12,73 (85°)	374,44 (51°)	1330,13 (6°)	297,68 (51°)	431,06 (46°)	319,05 (53°)
VML104	-475,43 (144°)	-167,36 (111°)	858,67 (30°)	618,73 (27°)	144,60 (77°)	-264,00 (119°)
VML105	685,94 (24°)	-608,02 (140°)	451,59 (70°)	750,72 (20°)	1276,91 (5°)	NA
VML106	1157,76 (10°)	192,87 (64°)	61,61 (107°)	-864,38 (157°)	695,51 (24°)	39,54 (81°)
VML107	782,38 (19°)	102,59 (76°)	46,11 (108°)	-303,46 (120°)	-241,18 (130°)	-187,44 (111°)
VML108	-848,32 (170°)	-972,71 (161°)	-287,47 (127°)	-724,46 (149°)	592,81 (33°)	-457,36 (132°)
VML109	-184,13 (103°)	-983,05 (163°)	63,81 (106°)	211,00 (61°)	-321,04 (138°)	NA
VML110	-465,92 (143°)	-51,61 (93°)	503,98 (63°)	10,09 (84°)	-353,44 (142°)	-622,57 (142°)
VML111	163,15 (64°)	-1741,26 (172°)	681,31 (45°)	-307,00 (121°)	190,88 (74°)	-129,70 (103°)
VML112	322,05 (51°)	271,19 (58°)	450,87 (71°)	346,84 (47°)	357,15 (54°)	1158,50 (6°)
VML113	-409,73 (135°)	728,74 (15°)	-279,94 (126°)	101,87 (78°)	502,52 (43°)	1172,21 (5°)
VML114	179,20 (61°)	573,58 (26°)	-1103,80 (155°)	-549,00 (137°)	NA	281,89 (58°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML115	-781,00 (168°)	-102,17 (104°)	-586,38 (139°)	NA	-154,71 (121°)	1465,06 (2°)
VML116	-1154,87 (183°)	-264,07 (120°)	554,93 (58°)	-784,77 (152°)	-1645,48 (171°)	-79,18 (96°)
VML117	-279,20 (115°)	-1390,33 (171°)	-845,79 (145°)	254,54 (55°)	NA	-978,41 (154°)
VML118	581,58 (31°)	1113,68 (4°)	716,86 (43°)	-2112,58 (164°)	139,76 (78°)	1008,30 (11°)
VML119	-255,95 (112°)	-531,34 (137°)	569,85 (55°)	-101,55 (94°)	-116,27 (113°)	94,20 (73°)
VML120	-163,46 (99°)	-191,41 (115°)	-189,42 (124°)	-578,64 (140°)	278,98 (63°)	277,73 (59°)
VML121	-529,47 (148°)	346,08 (53°)	NA	-334,58 (124°)	779,80 (19°)	336,21 (50°)
VML122	-760,71 (166°)	-518,88 (136°)	-173,04 (123°)	-889,71 (158°)	-195,63 (125°)	-575,00 (139°)
VML123	563,32 (32°)	-375,92 (127°)	578,22 (54°)	-653,78 (144°)	87,09 (90°)	-172,66 (109°)
VML124	800,66 (16°)	NA	-369,46 (130°)	-104,70 (95°)	729,46 (22°)	986,42 (12°)
VML125	-305,02 (119°)	-427,98 (132°)	31,18 (110°)	-560,00 (139°)	-33,40 (104°)	-859,18 (150°)
VML126	-529,76 (149°)	-1228,44 (170°)	173,69 (92°)	180,49 (65°)	23,33 (97°)	18,09 (82°)
VML127	1205,43 (8°)	-54,94 (95°)	1282,72 (8°)	NA	126,64 (82°)	-197,67 (113°)
VML128	685,62 (25°)	141,21 (72°)	685,75 (44°)	-662,50 (146°)	1081,31 (10°)	552,13 (33°)
VML129	-95,29 (94°)	446,40 (41°)	271,35 (82°)	-4,63 (87°)	-561,21 (152°)	320,40 (52°)
VML130	-80,75 (91°)	-481,44 (134°)	-545,81 (136°)	-183,34 (103°)	869,49 (14°)	-348,59 (123°)
VML131	556,30 (33°)	1262,17 (2°)	-2215,65 (170°)	NA	536,78 (38°)	1473,52 (1°)
VML132	-737,93 (163°)	378,01 (50°)	-655,25 (142°)	482,98 (37°)	604,22 (31°)	-731,58 (147°)
VML133	490,83 (38°)	94,97 (77°)	-2072,32 (169°)	-598,25 (143°)	268,49 (65°)	17,63 (83°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML134	-93,42 (93°)	610,22 (22°)	106,23 (100°)	1125,14 (5°)	-190,30 (124°)	336,80 (49°)
VML135	-884,84 (175°)	175,96 (67°)	625,78 (49°)	-1155,79 (161°)	-147,50 (119°)	-1516,83 (167°)
VML136	-420,59 (137°)	-4,10 (89°)	469,01 (69°)	-728,40 (150°)	-285,21 (133°)	-116,70 (102°)
VML137	21,00 (82°)	451,61 (38°)	-487,38 (135°)	-300,40 (119°)	-330,00 (141°)	-129,89 (104°)
VML138	-442,66 (139°)	527,87 (30°)	-1523,46 (161°)	204,42 (62°)	-288,10 (134°)	-380,63 (126°)
VML139	-410,85 (136°)	252,25 (61°)	1232,59 (13°)	-72,62 (89°)	63,53 (92°)	-204,86 (115°)
VML140	-527,80 (147°)	192,24 (66°)	236,68 (89°)	-856,78 (156°)	1154,47 (7°)	-1501,50 (166°)
VML141	498,47 (36°)	-912,90 (157°)	-1609,63 (164°)	275,83 (54°)	590,00 (34°)	-667,99 (146°)
VML142	257,90 (56°)	572,25 (27°)	-774,76 (144°)	965,11 (8°)	-124,30 (114°)	-1629,27 (168°)
VML143	-621,36 (156°)	-416,42 (130°)	NA	102,92 (77°)	7,64 (99°)	NA
VML144	1248,02 (7°)	434,80 (44°)	727,78 (40°)	-371,31 (125°)	288,66 (61°)	NA
VML145	172,85 (62°)	22,41 (83°)	-471,27 (134°)	-122,12 (98°)	33,20 (95°)	-516,93 (136°)
VML146	-319,73 (122°)	-2295,98 (176°)	-1440,33 (159°)	396,11 (42°)	-972,47 (164°)	-80,02 (97°)
VML147	857,09 (13°)	860,02 (9°)	201,47 (91°)	-255,31 (112°)	549,21 (37°)	62,93 (78°)
VML148	887,39 (12°)	450,55 (39°)	649,15 (46°)	-218,17 (108°)	-1099,37 (166°)	-1160,17 (161°)
VML149	-657,28 (159°)	-1049,98 (165°)	NA	-413,12 (129°)	-1120,85 (168°)	NA
VML150	-148,56 (97°)	-2792,07 (178°)	1214,45 (14°)	147,03 (73°)	-525,99 (149°)	218,15 (65°)
VML151	169,16 (63°)	346,54 (52°)	260,74 (85°)	575,43 (30°)	606,55 (30°)	-1125,97 (160°)
VML152	265,67 (55°)	-733,33 (146°)	248,12 (87°)	169,76 (68°)	644,98 (25°)	-47,19 (93°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (continua).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML153	-190,16 (104°)	206,27 (63°)	477,53 (65°)	-1001,12 (159°)	522,26 (42°)	328,61 (51°)
VML154	-57,21 (90°)	-276,70 (122°)	1136,03 (16°)	164,02 (70°)	937,39 (13°)	308,37 (56°)
VML155	-457,70 (141°)	-549,79 (138°)	843,90 (31°)	-380,69 (127°)	193,93 (73°)	-181,61 (110°)
VML156	290,73 (53°)	-82,99 (99°)	801,93 (33°)	-276,36 (116°)	115,20 (86°)	-879,82 (152°)
VML157	1051,15 (11°)	404,09 (47°)	743,21 (38°)	-326,02 (123°)	1884,54 (1°)	244,28 (61°)
VML158	398,17 (46°)	-805,85 (150°)	1254,71 (9°)	119,15 (75°)	327,78 (56°)	12,69 (84°)
VML159	-215,19 (108°)	-2279,50 (175°)	-636,95 (140°)	144,30 (74°)	-1336,55 (170°)	-196,84 (112°)
VML160	-856,68 (171°)	760,01 (14°)	72,22 (104°)	14,84 (83°)	-553,17 (150°)	679,70 (24°)
VML161	-996,07 (181°)	-317,13 (123°)	-1608,35 (163°)	-323,23 (122°)	-108,25 (111°)	NA
VML162	29,14 (81°)	267,01 (59°)	-4,53 (113°)	227,31 (60°)	-88,68 (109°)	-96,45 (99°)
VML163	395,74 (47°)	696,62 (17°)	-941,05 (151°)	-559,60 (138°)	-236,45 (128°)	136,17 (70°)
VML164	-456,56 (140°)	667,49 (18°)	-97,51 (120°)	474,39 (38°)	-129,37 (115°)	606,48 (29°)
VML165	224,41 (58°)	-1066,44 (166°)	NA	368,25 (46°)	1110,25 (9°)	371,65 (47°)
VML166	-627,59 (157°)	166,27 (69°)	-855,52 (146°)	-579,40 (141°)	-138,93 (117°)	668,90 (27°)
VML167	-200,97 (107°)	-749,98 (149°)	211,32 (90°)	-92,32 (93°)	406,91 (48°)	88,04 (77°)
VML168	-401,07 (132°)	-73,15 (98°)	733,48 (39°)	NA	215,03 (70°)	984,21 (13°)
VML169	-122,15 (95°)	174,81 (68°)	1412,21 (3°)	148,65 (72°)	-31,44 (102°)	56,69 (80°)
VML170	1859,14 (2°)	-419,16 (131°)	15,40 (111°)	398,54 (41°)	401,03 (50°)	-467,56 (133°)
VML171	-87,25 (92°)	-450,11 (133°)	NA	-468,17 (131°)	-246,72 (131°)	881,28 (16°)

Tabela 1A. Estimativas dos efeitos e o ranking das linhagens na avaliação do desempenho per se e nos testcrosses com os testadores BR105, BR106, VML024, VML090 e VML144 (conclusão).

Linhagens	Per se	BR105	BR106	VML024	VML090	VML144
VML172	-926,77 (178°)	-56,39 (96°)	-344,21 (129°)	-587,65 (142°)	601,94 (32°)	1106,34 (9°)
VML173	-489,66 (145°)	-1046,12 (164°)	792,14 (34°)	247,29 (57°)	-467,57 (146°)	829,74 (18°)
VML174	98,09 (70°)	796,79 (12°)	-1068,08 (154°)	-77,40 (90°)	1073,12 (11°)	297,89 (57°)
VML175	734,57 (23°)	447,42 (40°)	-1829,39 (167°)	601,18 (28°)	607,44 (29°)	583,51 (31°)
VML176	247,99 (57°)	-685,34 (142°)	1036,85 (22°)	797,99 (16°)	766,38 (20°)	446,09 (42°)
VML177	752,38 (22°)	192,42 (65°)	609,67 (50°)	726,47 (21°)	-137,95 (116°)	669,17 (26°)
VML178	817,47 (14°)	-1114,79 (167°)	1414,89 (2°)	905,04 (12°)	625,59 (27°)	485,40 (39°)
VML179	-315,49 (121°)	516,99 (32°)	-1146,90 (156°)	510,93 (33°)	117,55 (85°)	176,06 (68°)
VML180	439,03 (42°)	-238,01 (118°)	552,32 (59°)	NA	-1115,85 (167°)	-83,57 (98°)
VML181	141,89 (66°)	611,28 (21°)	173,41 (93°)	784,33 (19°)	386,05 (51°)	NA
VML184	-339,75 (128°)	293,81 (57°)	140,24 (97°)	NA	530,06 (40°)	464,58 (41°)
VML185	-46,86 (88°)	-90,37 (100°)	472,85 (67°)	-189,85 (105°)	134,74 (81°)	718,99 (21°)
VML186	49,68 (78°)	-262,62 (119°)	471,40 (68°)	279,76 (53°)	1308,32 (4°)	-403,49 (128°)
VML187	-5,98 (87°)	-1178,33 (169°)	-370,03 (131°)	-272,22 (114°)	-237,16 (129°)	-2562,31 (170°)
VML188	14,70 (83°)	-177,10 (114°)	333,62 (77°)	NA	467,00 (45°)	-408,00 (129°)

NA: genótipo não avaliado.