

LAURO JOSÉ MOREIRA GUIMARÃES

**AVALIAÇÃO DE TESTADORES E SELEÇÃO DE
LINHAGENS DE MILHO**

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 *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2004

LAURO JOSÉ MOREIRA GUIMARÃES

AVALIAÇÃO DE TEST ADORES E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO

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 "*Magister Scientiae*".

APROVADA: 17 de agosto de 2004.

Prof. João Carlos Cardoso Galvão
(Conselheiro)

Prof. Moacil Alves de Souza
(Conselheiro)

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Membro)

Maria José Granate
(Membro)

Prof. Glauco Vieira Miranda
(Orientador)

“Onde estiver o vosso tesouro,

ali estará também o vosso coração.”

Lucas 12, 34

A Deus e a Nossa Senhora.

Ofereço.

*Aos meus pais, Antônio e Vânia, e
aos meus irmãos, Leonardo, João Paulo, Gustavo e Alexandre.*

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar a Deus, pelo dom da vida, pela família que me deu e por tudo que me permitiu viver e aprender.

Aos meus queridos pais, Antônio Afonso Guimarães e Vânia Lúcia Moreira Guimarães, pelo carinho, pela amizade e pelas orações, sendo sempre um exemplo de vida para mim. Aos meus irmãos, Léo, João, Gustavo e Xande, pelo apoio e amizade.

Aos meus avós paternos, Tônico e Mariinha (*in memoriam*), e maternos, Renato e Tereza, a todos os meus tios e tias, por sempre acreditarem em nossos sonhos, pelos conselhos e amizade.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização deste curso e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Glauco Vieira Miranda, pela amizade, pela orientação e, principalmente, pela oportunidade de crescimento acadêmico e profissional, e à sua esposa Dra. Izabel Cristina dos Santos, pela amizade.

Aos professores João Carlos Cardoso Galvão, Moacil Alves de Souza e José Marcelo Soriano Viana, à pesquisadora Dra. Maria José Granate e ao professor Cosme Damião Cruz, pela amizade, pelos ensinamentos, pelas sugestões e contribuições durante a elaboração deste trabalho.

Aos grandes amigos e companheiros do Programa Milho, Flávia, Leandro, Aurélio, Marony, Fernanda, Cleiton, Ronaldo, Helber, Felipe, Birigui, Marcasso, Fidelis, Lucimar, Marília, Robert, Raimundo, José Roberto, Fernando, Marcelo, Joyce, Guta, Julien, Bárbara, Heraldo, Adilson, Ciro, Eder, Alessandro, Jorge, Daniele, Elder, Jéferson, Gustavo, Marcelo, Priscila e Michele, pelo apoio e pela certeza de tê-los sempre como amigos.

Aos amigos Luciano, Edgar, Rogério, Eugênio, Rafael (Pará), Rafael (Ximú), Rodrigo (Truvão), Paulão, Marcinho, Fernanda e Nicole, e aos meus queridos Compadre Vicente (*in memoriam*), Comadre Tereza e família, e a todos aqueles que não pude citar aqui, mas estão sempre em meu coração.

Muito obrigado.

BIOGRAFIA

LAURO JOSÉ MOREIRA GUIMARÃES, filho de Antônio Afonso Guimarães e Vânia Lúcia Moreira Guimarães, nasceu em 21 de março de 1978, em Sete Lagoas, Estado de Minas Gerais.

No ano de 1998 formou-se no curso de técnico em agropecuária da CEDAF (Central de Ensino e Desenvolvimento Agrário de Florestal), instituição vinculada à Universidade Federal de Viçosa (UFV).

Em 2002, graduou-se em Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, iniciando, em 2003, o curso de mestrado em Genética e Melhoramento, nesta mesma instituição, sob a orientação do professor Glauco Vieira Miranda, defendendo tese em agosto de 2004.

Em agosto de 2004 iniciou o Programa de Doutorado em Genética e Melhoramento, pela Universidade Federal de Viçosa.

ÍNDICE

	Página
RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
3. MATERIAL E MÉTODOS	15
3.1. Obtenção dos híbridos top-crosses	15
3.2. Condução dos ensaios experimentais.....	16
3.3. Análises genético-estatísticas.....	18
3.3.1. Análises de variância individuais	19
3.3.2. Análises de variância agrupadas.....	20
3.3.3. Análises de variância no modelo hierárquico	21
3.3.4. Análises dialélicas parciais.....	22
3.3.5. Análise de divergência genética.....	23
3.3.6. Predição do comportamento produtivo de híbridos.....	24
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
4.1. Análises de variância individuais	26
4.2. Análises de variância agrupadas.....	30
4.3. Análises de variância no modelo hierárquico.....	32
4.4. Análises dialélicas parciais.....	36
4.5. Análise de divergência genética.....	47
4.6. Predição do comportamento produtivo de híbridos	53
5. CONCLUSÕES.....	63
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64
Anexo – Tabelas 1 A até 10A.....	68

RESUMO

GUIMARÃES, Lauro José Moreira, M.S., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2004. **Avaliação de Testadores e Seleção de Linhagens de Milho.** Orientador: Glauco Vieira Miranda. Conselheiros: João Carlos Cardoso Galvão e Moacil Alves de Souza.

Os objetivos deste trabalho foram avaliar cultivares como testadores e selecionar linhagens geneticamente superiores do Programa Milho[®] (Programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa). Foram avaliados híbridos top-crosses, sintetizados a partir do cruzamento de quatro testadores com um conjunto de 162 linhagens. Foram conduzidos nove ensaios em látice 7 x 7, num total de 441 tratamentos, em Coimbra – MG, no ano agrícola de 2002/03. As características avaliadas foram: produtividade de grãos, florescimento masculino e feminino, altura de plantas, estande final e prolificidade. Foram feitas análises dos experimentos individuais e agrupadas, em delineamento com fatores hierárquicos, em que os efeitos de tratamentos foram decompostos em efeitos de híbridos top-crosses, testadores, linhagens dentro de testadores, testemunhas, bem como o contraste híbridos top-crosses vs testemunhas e análises dialélicas parciais, para verificação da existência de diferenças genéticas entre os grupos de genótipos e o tipo de ação gênica predominante. Foram estimados os efeitos de capacidade geral de combinação para as linhagens, em cada experimento, com informação de um único testador e no conjunto de linhagens que participaram em cruzamentos com os quatro testadores. Os testadores mais adequados para seleção de linhagens-elite do Programa Milho[®] foram o SynD, que é um cultivar sintético de polinização aberta com grãos dentados e o HS1 que é um híbrido simples de grãos duros. A população de híbridos top-crosses apresentou média de produtividade de grãos de 9.524 kg.ha⁻¹ e foi verificada variabilidade genética para todas as características. Os efeitos genéticos aditivos, para a produtividade de grãos, foram importantes em todas as análises dialélicas, bem como os efeitos genéticos não aditivos, que refletem o potencial heterótico na produtividade de

híbridos deste grupo de linhagens. Portanto, é possível a síntese de híbridos de alto potencial produtivo com a seleção e recombinação das melhores linhagens. Para a seleção de linhagens-elite, quanto maior o número de cruzamentos com testadores, em top-crosses, mais precisas serão as estimativas de capacidades de combinação e as estimativas do potencial produtivo de híbridos não sintetizados. Estimativas discrepantes de capacidade geral de combinação, para os testadores, permitem a discriminação de grupos de linhagens com grupos gênicos diferenciados e a utilização de informações sobre a divergência genética entre as linhagens-elite possibilitam a escolha de cruzamentos mais promissores.

ABSTRACT

GUIMARÃES, Lauro José Moreira, M.S., Universidade Federal de Viçosa, August 2004. **Evaluating the testers and selecting the maize lines.** Adviser: Glauco Vieira Miranda. Committee members: João Carlos Cardoso Galvão and Moacil Alves de Souza.

The objectives of this study were to evaluate four cultivars of maize as testers and to select the genetically superior lines of the Programa Milho[®] (UFV maize improvement program). Some top-cross hybrids synthesized from the crossing of four testers with a group of 162 lines were evaluated. Nine assays on a lattice design 7 x 7, as so totaling 441 treatments, were carried out in the agricultural year 2002/03, in Coimbra county-MG. The following traits were evaluated: kernel productivity, masculine and feminine flowerings, plant heights, final stand, and prolificacy. The individual, grouped and on a hierarchical factor design analyses of the experiments were performed, where the effects of the treatments were decomposed into effects from the top-cross hybrids, testers, lines within testers, controls, the top-cross hybrids vs control contrast, and partial diallelic analyses in order to verify the existence of genetic differences between the genotype groups and the kind of predominant gene action. In each experiment, the effects of the general combination ability were estimated for the lines, with a single tester's information and in the line groups participating into crossings with those four testers. The most appropriate testers for selection of the elite lines from the Programa Milho[®] were SynD, that is a synthetic open-pollinated cultivar with dent kernels, and HS1 that is a simple flint kernel hybrid. The top-cross hybrid population showed an average kernel productivity of 9,524 kg.ha⁻¹, and genetic variability was found for all the characteristics under study. The additive genetic effects for the productivity of kernels were important in all diallelic analyses, as well as the non-addictive genetic effects reflecting the heterotic potential into the productivity of hybrids of this line group. Therefore, the synthesis of hybrids provided with high productive potential is possible by the selection and recombination of the best lines. For selection of the elite lines,

as higher is the number of crossings with testers in top-cross , as more accurate will be the estimates of the combination abilities, and the estimates of the productive potential of no-synthesized hybrids as well. The discrepant estimates of the general combination ability for the testers allow for discrimination of the line groups with differentiated gene groups, whereas the use of information on the genetic divergence among the elite lines make possible the choice for more promising crossings.

1. INTRODUÇÃO

As populações a serem consideradas como genitoras, em programas de melhoramento de milho, podem ser escolhidas com base em seu desempenho *per se* no ambiente-alvo, que envolve a produtividade, comportamento quanto à adaptabilidade e estabilidade de produção, resistência a estresses bióticos e abióticos, bem como finalidade de uso e nível tecnológico. Quanto aos aspectos genéticos, deve-se considerar, principalmente, os efeitos gênicos aditivos e a heterose. Após definidas as populações, inicia-se o desenvolvimento de linhagens destes materiais para a formação de híbridos.

Para conseguir ganhos genéticos adequados, é necessária a estimação de variância genotípica, herdabilidade e capacidade de combinação das populações, em relação às características sob seleção. Análises de cruzamentos dialélicos são utilizadas para a obtenção de estimativas das capacidades gerais e específicas de combinação. Entretanto, o grande número de linhagens geradas de cada população torna-se uma dificuldade, porque o dialelo completo requer um grande número de cruzamentos. Desta forma, a primeira avaliação das linhagens é realizada em top-crosses, por meio de cruzamentos com testadores. Testadores são cultivares ou populações com os quais as linhagens ou famílias sob seleção são cruzadas, para avaliação do potencial agrônômico, sendo que os produtos desses cruzamentos são denominados “híbridos top-crosses”, ou o próprio experimento de avaliação é conhecido como ensaio top-cross, conforme definido por Davis (1927).

Vários estudos promovem diferentes conceitos teóricos a respeito do “melhor testador” para um programa de melhoramento de milho, visando à identificação de linhagens mais promissoras para síntese de híbridos comerciais.

Utilizam-se testadores, em programas de melhoramento de milho, para estabelecer grupos de cruzamentos heteróticos, melhoramento de populações, avaliação das capacidades de combinação e identificação de combinações híbridas específicas.

Os testadores são importantes para determinar o potencial relativo das linhagens de milho, ainda em gerações precoces. Obaidi et al. (1998) faz

referência à importância da seleção precoce de genótipos superiores em um programa de melhoramento de milho, em que os resultados são mais promissores quanto mais precoces e com maior pressão de seleção exercida sobre a população de linhagens. Informações sobre o desempenho e as capacidades de combinação das linhagens genitoras dos híbridos top-crosses podem ser úteis à seleção de linhagens superiores ainda em gerações precoces, com boa predição do desempenho dos híbridos em gerações avançadas.

Uma alternativa viável em programas de melhoramento é a realização do dialelo, em uma primeira fase, com os cultivares mais indicados para os objetivos do melhorista, sendo identificados os grupos heteróticos e descartadas as populações que apresentam menor potencial para formação de híbridos comerciais. Nesta fase, cada genótipo é testador de todos os outros.

O cultivar com melhor desempenho, na maioria das combinações híbridas de um grupo de populações, pode ser definido como testador deste grupo, ou podem ser produzidos sintéticos, pelo cruzamento de materiais superiores dentro de cada grupo, os quais serão testadores dos grupos definidos como complementares. Assim, uma seleção pode ser realizada em linhagens S_2 , eliminando aquelas com desempenho fraco em cruzamentos com o testador de seu grupo heterótico, utilizando-se alta pressão de seleção nesta etapa.

Em uma fase mais avançada, em que já se identificam linhagens-élite, os cultivares ou sintéticos, utilizados como testadores devem ser substituídos por estas. Desta forma, o testador é avaliado em testes de capacidade específica de combinação, como genitor de híbridos com potencial para serem lançados no mercado, procurando-se para ele o par perfeito, visando à exploração comercial da heterose. Assim, híbridos simples com bom desempenho e alta estimativa de CGC e CEC, também, podem ser ótimos testadores para formação de híbridos triplos e duplos com valor comercial. Pode-se, inclusive, usar mais de um testador nos top-crosses, realizando-se polinizações manuais, se necessário.

Enfatiza-se a importância do testador dentro de um programa de melhoramento de milho, pois, o sucesso deste depende da escolha do melhor ou mais conveniente testador, dentre as diferentes alternativas possíveis,

permitindo a discriminação e seleção de materiais genéticos superiores para formação de híbridos, com o mínimo gasto de recursos .

Portanto, os objetivos deste trabalho foram:

- Verificar a existência de variabilidade genética na população de híbridos top-crosses
- Escolher os testadores mais adequados para seleção de linhagens superiores do Programa de Melhoramento de Milho da Universidade Federal de Viçosa - Programa Milho[®] UFV
- Avaliar as linhagens do Programa Milho[®], quanto às capacidades de combinação, em cruzamentos com diferentes testadores
- Identificar grupos de linhagens, que possuam conjuntos gênicos diferenciados, com base em informações genéticas dos testadores
- Selecionar as linhagens mais promissoras quanto ao potencial para síntese de híbridos comerciais
- Predizer o comportamento produtivo de híbridos não sintetizados entre linhagens superiores

2. REVISÃO DE LITERATURA

A área cultivada com milho abrange cerca de 140 milhões de hectares em todo mundo, sendo que, deste total, 97 milhões de hectares localizam-se em países em desenvolvimento (Narro et al., 2003). Cultivares de polinização aberta chegam a ocupar 54 milhões de hectares, em países em desenvolvimento, e somente cerca de 25% desta área é plantada com cultivares melhorados, fato que associado ao baixo uso de tecnologias de cultivo, faz com que a média de produtividade fique abaixo de $3.000 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, enquanto nos Estados Unidos a produtividade média de milho é de $8.300 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, alcançada, principalmente, pelo cultivo da maior parte da área com híbridos simples e adoção de manejo mais tecnificado da cultura (CIMMYT, 1999).

No Brasil, a média de produtividade de grãos de milho está em torno de $3.350 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (Agrianual, 2004), refletindo a baixa utilização de tecnologias nas lavouras nacionais, tanto em termos de cultivares quanto técnicas de cultivo.

Castellanos et al. (1998) comentam que o desenvolvimento de híbridos de milho tem sido um importante fator no aumento da produtividade e que existem grandes esforços, por parte de programas de melhoramento, para o desenvolvimento deste tipo de cultivar, principalmente em países onde os híbridos ainda são pouco empregados.

A melhor e mais completa informação sobre o comportamento das linhagens em combinações híbridas é obtida por meio de análises de cruzamentos dialélicos, que promovem informações sobre as capacidades gerais e específicas de combinação. A vasta literatura disponível sobre cruzamentos dialélicos no milho permite afirmar que não existe outra espécie em que este tipo de delineamento genético seja tão utilizado (Hallauer & Miranda Filho, 1981), pois, esta metodologia é empregada no melhoramento de plantas para estudos básicos sobre a estrutura genética das populações e para avaliação de efeitos de heterose e das capacidades de combinação.

As análises de cruzamentos dialélicos permitem estimação de diferentes componentes da variância genotípica e a verificação da ação gênica predominante em um grupo de genótipos, proporcionando informações sobre o

controle genético das características estudadas, além de auxiliar o melhorista na escolha da melhor estratégia de melhoramento. Em cruzamentos dialélicos, o desempenho das combinações híbridas de um genitor, em relação à média, é relacionado ao efeito de capacidade geral de combinação (CGC) e está associado aos efeitos gênicos aditivos e à frequência de genes favoráveis deste genitor, enquanto os efeitos gênicos não aditivos, estimados pela capacidade específica de combinação (CEC), são associados à dominância e epistasia e relacionados aos desvios do que seria esperado em relação à capacidade geral de combinação de dois genitores em combinações híbridas específicas (Sprague & Tatum, 1942).

Existem várias metodologias para estudos de dialelos completos, que permitem estimação de capacidades gerais e específicas de combinação, efeitos de variedades e heteroses, além de outras informações valiosas para estudos genéticos de populações (Griffing, 1956; Gardner e Eberhart, 1966; Hayman, 1954). Uma dificuldade na realização de dialelos completos é a operacionalidade, quando se pretende avaliar grande número de linhagens. Os cruzamentos entre n linhagens em dialelo completo produzem $n(n-1)/2$ híbridos. Portanto, com o aumento do número de linhagens, o número de combinações híbridas aumenta drasticamente, o que torna difícil a obtenção de todas as combinações híbridas, devido à falta de sincronia nos ciclos das linhagens e à dificuldade na instalação de experimentos com precisão desejável.

Griffing (1956) examinou, detalhadamente, o conceito de capacidade de combinação, em relação aos sistemas de cruzamentos dialélicos e propôs metodologias, que podem ser adaptadas a diferentes situações, para a estimação dos efeitos de capacidade geral e específica de combinação. Assim, como base para classificação, existem quatro métodos experimentais que utilizam informações geradas a partir do cruzamento entre p genitores. O método 1 inclui a avaliação dos p genitores, seus híbridos F_1 e os híbridos recíprocos, totalizando de p^2 combinações na tabela dialélica. No método 2 são analisados os p genitores e os híbridos F_1 , porém, sem seus recíprocos, totalizando $p(p+1)/2$ entradas. No método 3, nas avaliações utilizam-se as informações dos híbridos F_1 e seus recíprocos, obtendo $p(p-1)$ combinações híbridas, sendo que neste método os genitores não são avaliados. No método

4, avaliam-se apenas os híbridos F_1 , faltando tanto seus recíprocos quanto os genitores, sendo que a tabela dialélica é completada com as $p(p-1)/2$ combinações híbridas. Cada um destes métodos pode ser analisado, considerando modelo fixo ou aleatório, dependendo da natureza amostral dos genitores.

A metodologia apresentada por Gardner e Eberhart (1966) permite obter informações a respeito do potencial genético das variedades e de seus respectivos cruzamentos. O modelo apresentado baseia-se nos componentes aditivos e de dominância. É estabelecido pelos efeitos de médias das variedades e do componente heterótico, que aparece nos cruzamentos, podendo ser desdobrado em heterose média, heterose de variedades e heterose específica.

O grande número de linhagens produzidas em programas de melhoramento de milho, que visam ao desenvolvimento de híbridos, torna muito difícil a avaliação de todas as combinações híbridas em dialelos completos. Além disso, a determinação do número apropriado de linhagens a serem retidas em um programa de melhoramento de milho é crucial para uma eficiente alocação de recursos (Obaid et al., 1998). Davis (1927), citado por Hallauer e Miranda Filho (1981), propôs uma alternativa para minimização desta dificuldade, ou seja, a utilização do teste de top-crosses.

A avaliação de híbridos top-crosses permite a seleção de linhagens superiores, conforme o comportamento médio de uma série de combinações híbridas, oriundas do cruzamento com um testador comum. Este procedimento possibilita a avaliação de um grande número de linhagens, pois, requer um pequeno número de cruzamentos. Desta forma, as linhagens podem ser avaliadas quanto à capacidade geral de combinação, em gerações precoces de autofecundação, e aquelas com maior potencial podem ser testadas novamente, em técnicas mais apuradas como os dialelos completos.

Existem, também, adaptações dos modelos dialélicos de Griffing (Geraldi & Miranda Filho, 1988) e de Gardner e Eberhart (Miranda Filho & Geraldi, 1984), que possibilitam estimar capacidades de combinação e efeitos de heteroses, respectivamente, em dialelos parciais que envolvem dois grupos de genitores preestabelecidos e suas combinações híbridas. Nestes métodos, os cruzamentos são realizados entre os dois grupos de genitores, mas, não

dentro do mesmo grupo, diminuindo o número de cruzamentos, para cada genitor, em relação aos dialelos completos.

O desenvolvimento de metodologias, para avaliar a capacidade de combinação de linhagens, permite que os melhoristas selecionem genótipos superiores, ainda em gerações precoces de endogamia, sendo que o desempenho das linhagens em cruzamentos com testadores fornece informações e subsídios adicionais ao entendimento da resposta genética destas para a manutenção e continuidade no processo de desenvolvimento de linhagens endogâmicas (Eathington et al., 1997; e Obaid et al., 1998).

Tanto em top-crosses quanto em dialelos parciais, não são sintetizadas todas as combinações híbridas possíveis, mas são realizados cruzamentos entre dois grupos de genitores. Os cruzamentos são realizados entre grupos, mas, não dentro do mesmo grupo. Um grupo é composto por testadores e o outro pelas linhagens ou famílias sob seleção.

Ensaio de top-crosses possibilitam a estimação das capacidades gerais de combinação das linhagens e, quando se utiliza mais de um testador, como em dialelos parciais, torna-se possível a estimação das capacidades gerais de combinação de linhagens e de testadores, bem como das capacidades específicas de combinação entre linhagens e testadores em cruzamentos específicos.

Câmara (2002) estimou os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) de famílias S_3 da população de milho-pipoca cultivar Beija-Flor, baseando-se nas médias das famílias de top-crosses ajustadas pela análise em látice, utilizando o cultivar Viçosa como testador, que é uma população de milho-pipoca de polinização aberta. Nas análises, o autor considerou o efeito de CGC da família i , em relação a uma característica, como sendo a diferença entre a média observada para a família i e a média geral do experimento, de tal modo que

$$CGC_{FS_3} = \bar{Y}_{(ixT)} - \bar{Y}_{(\bullet xT)} \quad (1)$$

em que

$\bar{Y}_{(ixT)}$ é a média do híbrido top-cross, da família i cruzada com o testador; e

$\bar{Y}_{(\bullet xT)}$ é a média de todos os híbridos top-cross do experimento.

Esse autor observou que entre as famílias de melhor desempenho *per se* estavam aquelas, que apresentaram as maiores estimativas para CGC, com relação à característica capacidade de expansão.

De acordo com Robertson (1963), existem duas linhas de pensamento relativas ao significado e utilidade das estimativas das capacidades gerais e específicas de combinação. A linha da genética quantitativa e estatística e a linha do melhoramento.

No primeiro caso, considera-se que as linhagens genitoras devem representar amostras aleatórias de populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg. O equilíbrio de Hardy-Weinberg ocorre quando uma população suficientemente grande está sob acasalamento ao acaso, na ausência de migração, mutação e seleção. Portanto, suas frequências gênicas e genotípicas tornam-se constantes, não apresentando alterações em sucessivas gerações de acasalamentos ao acaso, de modo que as frequências genotípicas são determinadas pelas frequências gênicas (Falconer & Mackay, 1996). Neste caso, as variâncias genéticas dos efeitos aditivos poderiam ser consideradas como estimativas dos efeitos da população.

Na segunda linha de pensamento, que visa ao desenvolvimento de cultivares superiores, sem a preocupação com estruturas predeterminadas em relação às populações-base, o interesse está mais direcionado para o tipo de ação genética dentro do grupo de linhagens selecionadas.

Em programas de melhoramento de milho, existe pouco interesse em uma amostra aleatória de linhagens. Segundo Sprague (1967), neste conjunto, faltam uma ou mais qualidades essenciais, que limitam sua utilidade comercial. O autor sugere que os objetivos do melhorista seriam mais facilmente alcançados, se fosse utilizado o grupo de linhagens selecionadas, pois, estas já concentrariam altas frequências de genes favoráveis, possibilitando, assim, a exploração de diferentes tipos de ação gênica. Tais informações podem ser bastante úteis na condução de testes ou na escolha de combinações, que, por sua vez, podem ser úteis no processo de condução das gerações de autofecundação e seleção das linhagens mais promissoras.

A capacidade de combinação de um genótipo não é uma propriedade genética fixa, pois, depende da constituição genética do testador com o qual este é cruzado (Kempthorne, 1966). Outro problema relacionado à avaliação de

linhagens refere-se ao estágio de teste para capacidade de combinação. Sprague (1946) sugeriu que as avaliações poderiam ser feitas em S_0 , observando-se a existência de diferenças quanto à produção das progênies top-crosses, o que permitiria a discriminação entre genótipos. O autor ressaltou, ainda, que a seleção baseada em capacidade de combinação em gerações precoces poderia ser promissora.

Vários autores criticam a seleção de famílias endogâmicas em gerações muito precoces, questionando a eficiência dos top-crosses na discriminação das capacidades gerais de combinação de plantas S_0 ou linhagens S_1 , levantando as hipóteses que a eliminação de linhagens S_1 poderia levar à perda de linhagens finais tão boas quanto aquelas selecionadas pelo top-cross, ou mesmo as selecionadas poderiam não desenvolver linhagens em gerações mais avançadas, pela depressão endogâmica causada por sucessivas autofecundações, e que não existem indicadores adequados da capacidade geral de combinação de linhagens antes que estas alcancem razoável homozigose (Singleton & Nelson, 1945; Richey, 1945 e 1947; Payne & Rayes 1949).

Entretanto, Lonquist (1950), estudando a capacidade de combinação de linhagens de milho em várias gerações de autofecundação, por meio de top-crosses, em relação à produção de grãos, concluiu que a utilização de teste precoce permite obter máxima eficiência em programas de melhoramento. O autor observou que, trabalhando com famílias com alta capacidade de combinação, pode-se praticar seleção mais intensa para outros caracteres agronômicos, uma vez que linhagens S_1 com alta capacidade de combinação resultam em linhagens finais com capacidade geral de combinação melhor que aquelas obtidas de S_1 com baixa capacidade de combinação.

Estes resultados estão de acordo com o exposto por Jenkins (1935), que relatou que as linhagens melhoradas adquirem muito precocemente sua identidade quanto à capacidade de combinação. Wellhausen e Wortman (1954) apresentam correlações positivas e de magnitudes adequadas, para fins de melhoramento, entre linhagens S_1 de alta capacidade de combinação e suas S_3 correspondentes.

Qualquer técnica para avaliação da capacidade de combinação requer a escolha de testadores apropriados. Vários estudos têm mostrado diferentes

definições quanto ao melhor testador. Matzinger (1953) relata que um testador conveniente é aquele que combina simplicidade de uso com o máximo de informação sobre as linhagens, quando elas são testadas em outras combinações ou em outros ambientes. Russell (1961) sugere que uma das principais características do testador ideal deve ser a expressão de grandes diferenças genéticas em suas progênes. Hallauer (1975) enfatizou que, além de facilitar avaliações, um bom testador deve promover informações, que classifiquem corretamente o mérito relativo das linhagens, permitindo a maximização dos ganhos genéticos. Smith (1986) concluiu que, se um testador com baixa frequência de genes favoráveis é usado na síntese de híbridos top-crosses, aquelas linhagens com altas frequências de genes favoráveis podem ser identificadas. Em concordância com esse autor, Hallauer e Miranda Filho (1988) sugerem que linhagens homozigotas e recessivas ou populações com baixa frequência de genes favoráveis para características importantes sob seleção, devem ser testadores efetivos em programas de melhoramento.

Existem várias alternativas para escolha dos testadores, como a amplitude da base genética, utilizando-se testadores de base genética larga ou estreita, a frequência de genes favoráveis, os efeitos de capacidade de combinação, o potencial produtivo e vários testadores ou um único testador.

Câmara (2002) relata que a base genética dos testadores impõe diferenças marcantes nas estimativas de capacidade geral e específica de combinação, citando que, segundo Hallauer e Miranda Filho (1981), essas diferenças são devidas às diferenças em frequências gênicas de testadores de bases genéticas estreita e ampla. Testadores de base genética estreita apresentam frequências fixas, considerando cada loco, sendo 0 ou 1 para linhagens e 0; 0,5 ou 1 para híbridos simples. Em testadores de base genética ampla, as frequências gênicas dos diferentes locos distribuem-se entre 0 e 1, sendo que, em top-crosses a superioridade relativa de uma combinação híbrida (linhagem x testador) é referente à capacidade geral de combinação da linhagem genitora.

Em sua revisão, Câmara (2002) ainda cita que, segundo Abel e Pollack (1991), deve-se usar mais de um testador para classificação de populações de milho analisadas em top-crosses, pois, existem diferenças, muitas vezes grandes, na classificação das linhagens por diferentes testadores.

Keller (1949) enfatizou que, para a escolha do testador, deve-se levar em conta o conjunto de linhagens a serem testadas. Sprague (1946) concluiu que grande variabilidade, observada entre e dentro de top-crosses, fornece indicativos sobre a precisão e estabilidade da capacidade geral de combinação. Segundo Federer e Sprague (1947), podem ser alcançados melhores resultados, com relação às estimativas de capacidade geral de combinação, com aumento no número de testadores, depois com aumento no número de linhagens e, por último, com aumento de repetições nos experimentos de avaliação.

Existem, na literatura, relatos sobre o uso de diferentes tipos de cultivares, como testadores, em programas de melhoramento de milho. Cultivares de polinização aberta poderiam ser utilizados como testadores para avaliar capacidade de combinação, identificar grupos heteróticos e avaliar o potencial de outras populações como genitores. Linhagens de uma população podem ser usadas como testadores de populações complementares, sob seleção recorrente recíproca. Linhagens-elite, usadas como testadores, permitem avaliar capacidade de combinação e identificação de combinações híbridas específicas para formação de híbridos simples e triplos com potencial comercial. O uso de híbridos simples como testadores proporcionam informações sobre capacidade de combinação e identificação de cruzamentos superiores, para formação de híbridos triplos e duplos.

Em trabalho de investigação sobre o desempenho de híbridos simples, como testadores de linhagens em top-crosses, Nurmberg (2000) verificou que o testador que apresentou a maior média mostrou-se mais eficiente para discriminação das linhagens testadas. Suas conclusões foram feitas a partir do desempenho *per se* das linhagens, baseando-se nas estimativas de herdabilidade, capacidade geral de combinação e desempenho médio dos híbridos top-crosses.

Para um programa de melhoramento de milho na Guatemala, Castellanos (1998) concluiu que um híbrido simples seria um testador ideal, pois, levou à expressão de grande variabilidade genética na população de híbridos top-crosses, apresentando alta correlação com a classificação de outros testadores, permitindo confiabilidade nas estimativas de capacidade geral de combinação e na seleção das linhagens superiores. Além disso, o uso

deste testador possibilitou a síntese de híbridos triplos com desempenho acima de algumas testemunhas, que eram híbridos triplos amplamente cultivados na Guatemala, podendo, portanto, ser uma alternativa para lançamento mais rápido de cultivares melhorados no mercado.

Gonçalves (1987) relata a utilização de técnicas alternativas de cruzamentos dialélicos, para estimação de efeitos de capacidades geral e específica de combinação. Apresenta, ainda, modelos reduzidos para predição do comportamento de combinações híbridas, em que a produtividade predita de um híbrido não sintetizado é obtida pela soma das estimativas das capacidades geral de combinação dos genitores, mais a média geral dos ensaios de avaliação dos dialelos parciais ou top-crosses.

Em experimentos para análises dialélicas, visando à estimação dos efeitos de capacidade de combinação de populações de milho, Melchinger (1999) relata que, quando existe predominância da variância da capacidade geral de combinação (CGC) sobre a variância da capacidade específica de combinação (CEC), os testes precoces tornam-se mais eficientes e híbridos promissores podem ser identificados, principalmente se forem selecionados com base nas estimativas dos efeitos de CGC de seus genitores, como acontece nos programas de obtenção de híbridos de milho mais eficientes. Para melhor exploração da heterose, a síntese de híbridos entre grupos genéticos divergentes apresenta a vantagem de considerar a mais favorável relação das variâncias das capacidades geral e específica de combinação.

A heterose na média dos pais em populações panmíticas, também definida como “panmictic midparent Heterosis (PMPH)” por Lamkey e Edwards (1999), expressa a diferença entre a média da população híbrida e a média das duas populações genitoras em equilíbrio de Hardy-Weinberg, podendo ser expressa como função do quadrado da distância de Rogers modificada. Conseqüentemente, com dominância no sentido de aumentar a expressão do caráter, espera-se que a população híbrida tenha um desempenho superior à média das duas populações genitoras, sendo esperado que a heterose aumente com o aumento da distância genética entre os genitores.

Quanto maior o grau de dominância e a diferença nas frequências gênicas ou divergência entre os genitores, maior será a heterose na população híbrida. No entanto, conforme exposto por Moll et al. (1962; 1965), existe um

ótimo nível de divergência genética, após o qual a heterose média e o desempenho dos híbridos diminuem devido à falta de adaptação das populações genitoras ou, até mesmo, problemas de fertilidade. Entretanto, nos estudos desses autores, foram usadas distâncias geográficas de origem das populações em vez de medidas de divergências genéticas, que seriam mais adequadas para obtenção de conclusões mais confiáveis.

Segundo Lamkey e Edwards (1999), a heterose expressa em uma população de híbridos é dada pela diferença entre as heteroses médias dos híbridos intergrupos e dos híbridos intragrupos, considerando-se duas populações parentais como grupos distintos de genitores. Então, a associação entre heterose e distância genética dos genitores pode ser estudada, comparando-se estes dois grupos.

De acordo com Melchinger (1999), a teoria da genética quantitativa indica que, em populações obtidas por acasalamentos ao acaso de duas populações, P_1 e P_2 , como acontece com sintéticos ou populações de polinização aberta, é possível explorar a metade da heterose.

Quando existe grande influência de heterose na produtividade de cada população, o desempenho do híbrido interpopulacional pode facilmente superar a média de produtividade da melhor população parental. Assim, no caso de populações de polinização aberta ou sintéticos, pode ser compensador manter os grupos heteróticos separados, para serem inter cruzados para produção de sementes de cultivares compostos. Este método é especialmente atrativo em programas de melhoramento, que combinam o desenvolvimento de híbridos, sintéticos e, ou seleção recorrente recíproca, em que os melhoristas já têm estabelecidos os distintos grupos heteróticos e estes estão integrados em amplo programa de melhoramento (Eberhart et al., 1967).

Melchinger (1999) apresenta uma forma teórica para organização do germoplasma em grupos heteróticos distintos, a fim de obter uma melhor exploração da heterose. Assumindo ausência de epistasia e presença de heterose (no sentido de aumentar a expressão do caráter), supondo uma série de linhagens homozigotas e subdividindo essas linhagens em dois subgrupos, com o mesmo tamanho. O autor conclui que a subdivisão do conjunto de linhagens em dois grupos, que apresentem as maiores diferenças em frequências gênicas, ou seja, quando a distância genética intergrupos é

máxima, promoverá a melhor forma de exploração da heterose, com máxima expressão da heterose média e máximo desempenho de híbridos .

Basicamente, os métodos utilizados na identificação de genitores promissores , quanto à expressão de heterose, dependem do germoplasma avaliado. Com um pequeno número de populações, é prática comum a avaliação de híbridos em dialelos completos. Este método tem sido aplicado, para identificar apropriados grupos heteróticos em várias culturas como milho e centeio. Os efeitos de capacidades geral e específica de combinação, bem como a heterose em relação à média dos pais , têm sido considerados, em vários trabalhos científicos, como os mais promissores para seleção de genitores. Segundo Melchinger (1999), pode ser mais interessante enfatizar o desempenho dos híbridos provenientes de cruzamentos interpopulacionais como principal critério de seleção.

Se um grande número de populações está disponível e são estabelecidos grupos heteróticos, ou existem testadores de prova eficientes na discriminação de linhagens, o desempenho dos híbridos top-crosses é, usualmente, considerado como o principal critério na escolha de grupos de linhagens para hibridação. Vasal et al. (1992e) promoveram a formação de grupos heteróticos entre 92 linhagens de milho tropical do CIMMYT, baseando-se no desempenho produtivo de seus híbridos top-crosses com duas linhagens de grãos duros e duas linhagens dentadas, como testadores. As linhagens que mostravam efeitos negativos para capacidade específica de combinação (CEC) com os testadores dentados, mas CEC positiva com os testados de grãos duros, eram classificadas em um grupo A. Quando o comportamento quanto à expressão dos efeitos de CEC eram o contrário do grupo A, as linhagens eram classificadas em um segundo grupo (B). Este método também tem sido aplicado para ampliar a base genética de grupos heteróticos já estabelecidos com germoplasma de resposta heterótica similar (Gutierrez-Gaitan et al., 1986).

Quando existe um grande número de populações, mas não estão estabelecidos os grupos heteróticos, primeiramente é necessária a identificação de grupos geneticamente similares, podendo-se utilizar estimativas de divergência genética por meio de técnicas multivariadas, ou com base no DNA, com marcadores moleculares. Posteriormente, pode-se avaliar cruzamentos dialélicos entre genótipos representativos de cada grupo ou,

alternativamente, avaliar cruzamentos entre compostos representantes de cada grupo. Finalmente, grupos promissores podem ser selecionados como grupos heteróticos ou genitores, baseado no desempenho médio dos híbridos e outros critérios já mencionados.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Para realização deste trabalho, foram avaliados híbridos top-crosses, sintetizados a partir do cruzamento de quatro diferentes testadores com um conjunto de 162 linhagens endogâmicas (S_5 e S_6) do programa de melhoramento de milho do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (Programa Milho[®]).

Os quatro testadores são, também, cultivares do Programa Milho[®]. O testador 1 é um cultivar sintético de polinização aberta, que apresenta grãos duros (Flint) e será identificado como SynF. O testador 2 é outro cultivar sintético de polinização aberta, mas com grãos dentados (Dent), que representa o mesmo background genético das linhagens avaliadas e que será, aqui, identificado como SynD. Os testadores 3 e 4 são híbridos simples, com grãos duros, que diferem apenas em uma linhagem parental, sendo, portanto, de estreita base genética. O testador 3 será identificado como HS1 e o testador 4 como HS2.

3.1. Obtenção dos híbridos top-crosses

Os híbridos top-crosses foram obtidos no ano agrícola 2001/02, na Estação Experimental Diogo Alves de Melo, em Viçosa - MG, pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa.

Foram realizados cruzamentos entre quatro testadores e centenas de linhagens endogâmicas, de modo a obter o máximo de cruzamentos possíveis. Os cruzamentos foram realizados de modo controlado e manualmente, sendo que as linhagens foram utilizadas como genitores femininos e os testadores

como genitores masculinos. A proteção das espigas das linhagens, foi feita, colocando-se saquinhos de plástico transparente antes da emissão dos estilo-estigmas, enquanto os pendões dos genitores doadores de pólen foram protegidos com sacos de papel. Cada testador foi representado por uma mistura de pólen proveniente de cinquenta plantas, pelo menos, sendo as polinizações realizadas quando as espigas das linhagens apresentavam estilo-estigmas com, dois centímetros de comprimento, pelo menos. Procurou-se amostrar quatro plantas dentro de cada família endogâmica (linhagens) nos cruzamentos. Devido a diferenças de ciclo ou à baixa capacidade de sobrevivência de algumas linhagens, alguns cruzamentos foram perdidos ou não realizados.

3.2. Condução dos ensaios experimentais

Os experimentos para avaliação dos híbridos top-crosses foram conduzidos na Estação Experimental de Coimbra, pertencente ao Departamento de Fitotecnia da UFV, localizada em Coimbra – MG, latitude 20°45' S, longitude 42°51' W e altitude de 720 m, que apresenta solo classificado como argissolo vermelho-amarelo distrófico, fase terraço e precipitação média anual de 1200 mm. Os ensaios foram conduzidos no ano agrícola 2002/03.

Os híbridos top-crosses foram avaliados em nove experimentos, no delineamento em látice quadrado 7x7, com duas repetições. Alguns experimentos continham tratamentos com híbridos comerciais, que foram utilizados como testemunhas. A parcela experimental foi constituída por uma linha com três metros de comprimento, com espaçamento de 0,90 m entre linhas, sendo realizado o plantio de oito sementes por metro linear.

Os ensaios foram instalados durante a primeira quinzena do mês de outubro de 2002. A adubação de plantio foi realizada de acordo com a análise de solo, aplicando-se 400 kg.ha⁻¹ da formulação 828-16, como fonte de N, P₂O₅ e K₂O e, em cobertura utilizou-se 100 kg.ha⁻¹ de nitrogênio, parcelados em duas aplicações, ou seja, a primeira quando a cultura alcançou o estágio de quatro folhas e a segunda no estágio de oito folhas completamente expandidas. Os tratos culturais foram realizados, quando necessário, de acordo

com as recomendações técnicas para a cultura do milho (Bull e Cantarella, 1993).

Foram coletados dados das seguintes características: florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), estande (EST), prolificidade (PRL) e produtividade de grãos (PG), conforme descrito a seguir.

- Florescimento masculino (dias) - número de dias entre a data da emergência das plantas e a data em que cinquenta por cento das plantas da parcela apresentavam pendões emitindo pólen.
- Florescimento feminino (dias) - número de dias entre a data da emergência das plantas e a data em que cinquenta por cento das plantas da parcela apresentavam espigas com estilo-estigmas visíveis fora da palha.
- Altura da planta (cm) – medida, em centímetros, após o florescimento masculino, do nível do solo à inserção da folha bandeira, em cinco plantas competitivas na parcela.
- Estande (plantas.ha⁻¹) – contagem de todas as plantas existentes na parcela, por ocasião da colheita e transformando para número de plantas por hectare.
- Prolificidade (espigas/planta) –todas as espigas das plantas da parcela foram contadas após a colheita e este número foi dividido pelo número de plantas da parcela.
- Produtividade de grãos (kg.ha⁻¹) – coletaram-se dados de peso de grãos de cada parcela, fez-se a correção para 13% de umidade, e estes foram transformados para kg de grãos por hectare .

A produtividade de grãos não foi corrigida para estande, pois, segundo Cruz e Carneiro (2003), esta correção somente deve ser realizada quando as diferenças de estande, entre as parcelas, são de causas aleatórias, não genéticas e não manifeste diferença significativa em análises estatísticas. Neste trabalho, cinco dos nove experimentos mostraram efeitos significativos para tratamentos, quando as análises de variâncias preliminares foram realizadas para a característica estande. Além disso, a característica estande final reflete a capacidade de germinação e o vigor das sementes, que foram colhidas de linhagens endogâmicas, sendo, portanto, importante a estimação e a verificação de variabilidade genética para esta característica.

3.3. Análises genético-estatísticas

Foram realizadas análises de variâncias individuais para os nove experimentos, instalados na Estação Experimental de Coimbra, para verificação da relação entre as estimativas dos erros experimentais em relação a cada uma das seis características. Posteriormente, realizou-se a análise agrupada desses experimentos, pois, foi verificada homogeneidade de variâncias residuais para todas as características.

Os experimentos foram instalados no delineamento em látice quadrado 7x7, com quarenta e nove tratamentos, e duas repetições. Os tratamentos foram numerados de 1 a 441, a partir do experimento 1 até o experimento 9, para a análise agrupada, de modo a identificar as linhagens e os testadores nos cruzamentos (Tabela 1A - em anexo).

A Tabela 1 apresenta, sucintamente, os esquemas dos experimentos, com o número de identificação de cada experimento, número de tratamentos, testadores utilizados, número de híbridos top-crosses e testemunhas.

Tabela 1 – Descrição dos experimentos, com o número de cada ensaio, número de tratamentos, testadores utilizados, número de híbridos top-crosses e de testemunhas avaliadas em cada experimento e no total

Exp	Nº de tratamentos	Testadores	Nº de híbridos top-crosses	Nº testemunhas
1	49	1 (SynF)	49	-
2	49	1 (SynF) e 2 (SynD)	49	-
3	49	1 (SynF) e 2 (SynD)	49	-
4	49	1 (SynF) e 2 (SynD)	44	5
5	49	3 (HS1)	49	-
6	49	4 (HS2)	49	-
7	49	4 (HS2)	42	7
8	49	3 (HS1) e 4 (HS2)	46	3
9	49	2 (SynD), 3 (HS1) e 4 (HS2)	49	-
Total	441	4	426	15

As análises genético-estatísticas foram realizadas, utilizando-se o Aplicativo Computacional em Genética e Estatística – Programa Genes versão Windows (Cruz, C. D., 2001).

3.3.1 . Análises de variância individuais

Foram realizadas análises de variâncias para cada experimento no delineamento em látice modificado, sendo as somas de quadrados de tratamentos obtidas a partir das médias ajustadas e as variações residuais dadas pelos quadrados médios dos erros efetivos. Este procedimento adota análise de variância em blocos ao acaso utilizando tratamentos ajustados pelo látice e o erro efetivo do látice, como resíduo, para realização do teste F.

O esquema da análise de variância para cada experimento (ANOVA), no delineamento em látice, considerando modelo fixo, é apresentado na Tabela 2.

Tabela 2 - Esquema da ANOVA para látice quadrado $k \times k$, com r repetições, em que k é o número de tratamentos em cada bloquinho dentro de uma repetição, sendo que o número t de tratamentos corresponde a k^2

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	$(r-1)$	SQR	QMR	
Blocos/Rep. _(aj.)	$r(k-1)$	SQB	QMB	
Tratamentos _(aj.)	(k^2-1)	SQT _(aj.)	QMT _(aj.)	QMT _(aj.) / QME
Erro intrabloco	$(k-1)(rk-k-1)$	SQE	QME	
Total	(rk^2-1)			

A estatística F testa a hipótese de que existe diferença entre médias de uma característica, para pelo menos dois tratamentos, na população de híbridos ($H_0: t_i = t_{i'} \quad \forall i \text{ e } i'$ vs $H_a: t_i \neq t_{i'}$, para, pelo menos, um par entre qualquer i e i' tratamentos), e é dada pela razão entre QMT_(aj) e QME.

3.3.2. Análises de variância agrupadas

As análises de variância agrupadas foram realizadas, a partir das médias ajustadas pelas análises em látice dos experimentos individuais, em que a homogeneidade das variâncias residuais foi verificada previamente, utilizando-se um teste prático que leva em consideração a relação de 7:1 entre a maior e a menor variância residual (Cruz & Regazzi, 2001). Uma vez que, para todas as análises, não foi verificada a superioridade da relação a esse limite, foi possível efetuar a análise agrupada para todas as características avaliadas.

O esquema da análise de variância agrupada (ANOVA) para o delineamento em látice, considerando modelo fixo, é apresentado na Tabela 3.

Tabela 3 - Esquema da ANOVA para a análise agrupada em látice $k \times k$, com e experimentos, r repetições em cada experimento, sendo que o número t de tratamentos dentro de cada experimento corresponde a k^2 , sendo k o número de tratamentos em cada bloquinho dentro de uma repetição

FV	GL	SQ	QM	F
Experimentos	$(e-1)$	SQEx	QMEx	
Repetições	$e(r-1)$	SQR	QMR	
Blocos/Rep.	$er(k-1)$	SQB	QMB	
Tratamentos (aj.)	$e(k^2-1)$	SQT _(aj.)	QMT _(aj.)	QMT _(aj.) / QME
Erro intrabloco	$e(k-1)(rk-k-1)$	SQE	QME	
Total	(grk^2-1)			

A estatística F para testar a hipótese de existência de diferenças entre médias de tratamentos da população de híbridos ($H_0: t_i = t_{i'} \quad \forall i \text{ e } i'$ vs $H_a: t_i \neq t_{i'}$, para, pelo menos, um par entre qualquer i e i' tratamentos) é dada pela razão entre QMT_(aj) e QME. Para a análise agrupada, o teste F foi realizado, utilizando-se, como resíduo, a média dos erros de todos os experimentos.

3.3.3. Análises de variância no modelo hierárquico

Para esta análise, os efeitos de tratamentos foram decompostos em efeitos de híbridos top-crosses e testemunhas, efeitos de testadores dentro de híbridos top-crosses, linhagens dentro de cada testador e no contraste entre testemunhas e híbridos top-crosses, de modo que os efeitos de tratamentos, híbridos top-crosses, testemunhas e o contraste entre híbridos top-crosses e testemunhas foram considerados fatores fixos, para verificação de diferenças entre médias nas diferentes fontes de variação, e os efeitos de testadores e de linhagens dentro de testadores foram considerados fatores aleatórios, para estimação de variâncias genéticas.

O esquema da análise de variância (ANOVA) para o modelo hierárquico é apresentado na Tabela 4.

Tabela 4 - Esquema da ANOVA, com decomposição dos efeitos de tratamentos em híbridos top-crosses e testemunhas, testadores dentro de híbridos top-crosses, linhagens dentro de testadores e o contraste híbridos top-crosses vs testemunhas

FV	GL	SQ	QM	F
(Tratamentos)	(Trat-1)	SQtrat	QMtrat = Q1	Q1/Q10
Híbridos top-crosses	HTC-1	SQHTC	QMHTC = Q2	Q2/Q10
Testadores	T-1	SQT	QMT = Q3	Q3/Q10
Linhagens / SynF	L/T1-1	SQL/T1	QML/T1 = Q4	Q4/Q10
Linhagens / SynD	L/T2-1	SQL/T2	QML/T2 = Q5	Q5/Q10
Linhagens / HS1	L/T3-1	SQL/T3	QML/T3 = Q6	Q6/Q10
Linhagens / HS2	L/T4-1	SQL/T4	QML/T4 = Q7	Q7/Q10
Testemunhas	testem-1	SQtestem	QMtestem = Q8	Q8/Q10
Topcross vs testem	1	SQHTCxt	QMHTCxt = Q9	Q9/Q10
Resíduo	441	SQRes	QMRes = Q10	

Para testar a hipótese de existência de diferença entre médias, em relação às fontes de variação consideradas como fatores fixos, a estatística F ($H_0: \mu_i = \mu_{i'} \forall i \text{ e } i'$ vs $H_a: \mu_i \neq \mu_{i'}$, para, pelo menos, um par entre qualquer i e i' efeitos) é dada pela razão entre Q_i e QMR , com $i = 1, 2, 8$ e 9 , para as fontes de variação tratamentos, híbridos top-crosses, testemunhas e o contraste entre híbridos top-crosses e testemunhas, respectivamente. A estatística F que testa a hipótese de nulidade da variância genética ($H_0: \sigma_g^2 = 0$ vs $H_a: \sigma_g^2 > 0$) é dada

pela razão entre Q_i e QMR, com i variando de 3 a 7, para as fontes de variação testadores, linhagens dentro do testador SynD, linhagens dentro do testador SynF, linhagens dentro do testador HS1 e linhagens dentro do testador HS2, respectivamente, pois, estas fontes de variação foram consideradas como fatores aleatórios.

3.3.4. Análises dialélicas parciais

Foram realizadas as análises dialélicas parciais, para a característica produtividade de grãos, utilizando-se as médias ajustadas pelo látice e o quadrado médio do resíduo da análise agrupada, para os conjuntos de linhagens que foram cruzadas com, pelo menos, dois testadores de modo balanceado, ou seja, onde as mesmas linhagens foram cruzadas com dois ou mais testadores.

A partir das médias ajustadas dos tratamentos, a análise dialélica foi realizada conforme metodologia de Griffing (1956), adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988). Foram avaliadas as combinações híbridas oriundas dos cruzamentos entre dois grupos de genitores (testadores - grupo 1 e linhagens - grupo 2), sendo “p” testadores e “q” linhagens endogâmicas, em cada conjunto de dados. Foi adotado o seguinte modelo genético-estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + e_j \quad (2)$$

em que

Y_{ij} é o valor médio ajustado da combinação híbrida entre o i -ésimo genitor do grupo 1 (testadores) e o j -ésimo genitor do grupo 2 (linhagens);

μ é a média geral;

g_i é o efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo genitor do grupo 1, testadores;

g_j é o efeito da capacidade geral de combinação do j -ésimo genitor do grupo 2, linhagens;

s_{ij} é o efeito da capacidade específica de combinação entre os genitores i e j , cruzamento entre os testadores e as linhagens; e

e_j é o erro experimental associado às médias dos híbridos.

O esquema da análise de variância do dialelo parcial ao nível de médias, envolvendo testadores e linhagens, para o estudo da capacidade de combinação, é apresentado na Tabela 5.

Tabela 5 - Esquema da análise de variância ao nível de médias para dialelo parcial (Griffing, 1956), adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988)

F.V.	G.L.	QM	F
Cruzamentos	pq-1		
CGC (G ₁)	p-1	QMG ₁	QMG ₁ /QMR
CGC (G ₂)	q-1	QMG ₂	QMG ₂ /QMR
CEC (G ₁ X G ₂)	(p-1)(q-1)	QMS	QMS/QMR
Resíduo	m	QMR	

A estatística F para o efeito de CGC testa a hipótese de nulidade da variância genética aditiva da população ($H_0: \sigma^2_{CGC} = 0$ vs $H_a: \sigma^2_{CGC} > 0$), e é dada pela razão entre QMG_i e QMR, com i variando de 1 a 2, para testadores e linhagens, respectivamente.

A estatística F para o efeito de CEC testa a hipótese de nulidade da variância genética não aditiva da população ($H_0: \sigma^2_{CEC} = 0$ vs $H_a: \sigma^2_{CEC} > 0$), e é dada pela razão entre QMS e QMR.

3.3.5. Análise de divergência genética

Como medida de divergência genética, adotou-se a distância euclidiana média padronizada ($d_{ii'}$), em que leva-se em consideração a padronização dos dados e o número de caracteres analisados (n), dada por

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2} \quad (3)$$

sendo x_{ij} a medida padronizada da observação do jésimo caráter (X_j) para o progenitor i, com

$$x_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)}, \quad (4)$$

em que $S(X_j)$ é o desvio padrão dos dados do j-ésimo caráter.

As características utilizadas no cálculo das distâncias euclidianas médias foram produtividade de grãos, florescimento masculino, altura de plantas e prolificidade. Para o conjunto de 45 linhagens que foram cruzadas com os quatro testadores, de modo balanceado, a distância euclidiana média foi calculada a partir das médias dos quatro híbridos top-crosses de cada linhagem, enquanto, para os testadores, as distâncias euclidianas foram calculadas a partir das médias dos 45 híbridos de cada testador.

3.3.6. Predição do comportamento produtivo de híbridos

Para prever o comportamento produtivo de híbridos não sintetizados entre as linhagens selecionadas como superiores, foram utilizados dois métodos.

No método 1, foram utilizadas a média populacional e as estimativas da capacidade geral de combinação das linhagens, conforme citado por Gonçalves (1987).

$$\hat{H}_{i i'} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_{i'}, \quad (5)$$

em que

$\hat{H}_{i i'}$ é a produtividade predita ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) para híbridos simples não sintetizados, envolvendo as linhagens i e i' , com $i \neq i'$

\hat{m} é a média geral;

\hat{g}_i é o efeito da capacidade geral de combinação da i -ésima linhagem; e

$\hat{g}_{i'}$ é o efeito da capacidade geral de combinação da i' -ésima linhagem.

O método 2, está sendo proposto no presente trabalho, e acrescenta, na equação 5, o estimador do potencial heterótico ($PH_{ii'}$) do cruzamento entre as linhagens i e i' . Desta forma, o desempenho produtivo de um híbrido pode ser predito como

$$\hat{H}_{ii'} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_{i'} + (\hat{PH}_{ii'}), \quad (6)$$

em que

$PH_{ii'}$ é estimado com base na distância genética entre as linhagens e no desvio padrão da capacidade específica de combinação do dialelo parcial, dado por

$$\hat{PH}_{ii'} = 0,5 \cdot (d_{ii'}^2 \cdot \hat{s}_s), \quad (7)$$

em que

$d_{ii'}^2$ é o quadrado da distância euclidiana média entre as linhagens i e i' ; e \hat{s}_s é o desvio padrão da capacidade específica de combinação, estimado em um dialelo parcial representativo para o conjunto de genótipos em estudo.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de variância individuais

As análises de variâncias preliminares são, resumidamente, apresentadas nas Tabelas 2A a 10A (em anexo), em que se observam os valores de significância dos efeitos de híbridos (tratamentos) para as características produtividade de grãos, florescimentos masculino e feminino, altura de plantas, estande e prolificidade, bem como as estimativas de variabilidades genotípica (σ_g) e fenotípica (σ_f), os coeficientes de determinação genotípicos médios (H^2), as médias, os coeficientes de variação ambientais (CVe) e genéticos (CVg) e a relação entre eles (CVg/CVe), em cada experimento.

Na Tabela 6 é apresentado o resumo das análises de variância no delineamento em látice modificado, para os todos os experimentos, bem como as estimativas de variabilidades genotípicas e fenotípicas, coeficientes de determinação genotípicos, médias, coeficientes de variação experimentais, coeficientes de variação genéticos e a razão entre CVg e CVe, para a característica produtividade de grãos (PG em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$).

A produtividade de grãos foi significativa a 1 ou 5% de probabilidade, pelo teste F, para sete dos nove experimentos, comprovando que existem diferenças entre as médias dos híbridos. Somente para os experimentos 5 e 6, em que as linhagens foram cruzadas com os testadores HS1 e HS2, respectivamente, não houve diferença entre as médias dos híbridos a 5% de probabilidade, pelo teste F (Tabela 6).

As médias de produtividade de grãos foram altas em todos os experimentos, com valores acima de $8.500 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (Tabela 6), enquanto, para o conjunto dos 15 melhores híbridos top-crosses a produtividade média foi de $12.730 \text{ kg ha}^{-1}$ de grãos (Tabela 8).

Nos ensaios nacionais de produtividade de milho para o ano agrícola de 2002/2003, coordenados pela EMBRAPA – Milho e Sorgo (EMBRAPA-CNPMS, 2004), as médias de produtividade de grãos de cultivares de ciclo normal foram de $5.861 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ em nível nacional, $6.064 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ em Minas Gerais e 6.516

kg.ha⁻¹ no ensaio conduzido em Viçosa – MG, com destaque para o cultivar DKB 333B, que apresentou média de 7.119 kg.ha⁻¹ de grãos.

Para cultivares de ciclo precoce, em relação à produtividade de grãos, a média nacional foi de 6.590 kg.ha⁻¹, sendo que, nos ensaios, em Minas Gerais, a média foi de 6.073 kg.ha⁻¹ e os cultivares mais produtivos foram P30F90 com 7.731 kg.ha⁻¹ e UFLA 2004 com 7.233 kg.ha⁻¹, respectivamente.

Para os cultivares de ciclo superprecoce, a média nacional de produtividade de grãos foi de 6.194 kg.ha⁻¹, em que a maior produtividade foi de 6.808 kg.ha⁻¹, verificada para o cultivar SHX 7004; em Minas Gerais, a média foi de 5.940 kg.ha⁻¹, destacando-se o cultivar CMS3C com 6.663 kg.ha⁻¹, enquanto no ensaio conduzido em Viçosa-MG a produtividade média foi de 6.643 kg.ha⁻¹, sendo que o cultivar CMS 2C apresentou a maior média, com 10.308 kg.ha⁻¹ de grãos.

Desta forma, verifica-se que existe valor comercial dos genótipos testados pelo Programa Milho UFV®, podendo contribuir para melhoria do potencial produtivo dos híbridos à disposição dos agricultores que, juntamente com a correta adoção de tecnologias de cultivo, pode proporcionar o aumento da média de produtividade das lavouras de milho.

Tabela 6 – Resultados das análises de variância no delineamento em látice modificado, para todos os experimentos, e estimativas de componentes de variação genotípicos (σ_g) e fenotípicos (σ_f), coeficientes de determinação genotípicos (H^2), médias, coeficientes de variação experimentais (CVe), coeficientes de variação genotípicos (CVg) e a razão entre CVg e CVe, para a característica produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹)

		Experimentos								
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
F.V.	G.L.	Quadrados médios para produtividade de grãos								
REP	1	78280,20	5145911,56	930920,38	8735298,34	438315,47	216870,39	1128270,23	740217,68	969818,58
BL/R(aj)	12	1716770,88	4802261,58	2148077,92	2044508,22	2025492,21	1621710,96	1871638,32	2265096,49	3617901,31
Trat (aj)	48	5397479,25**	8674285,16**	7641527,39*	6672660,13**	3203019,88 ^{ns}	3314622,61 ^{ns}	12712614,08**	8823693,21**	7689539,89**
Erro Ef	36	1679933,85	2804908,38	4171375,49	2023474,89	5090014,09	4656298,69	2213127,54	2456252,00	3075840,94
σ_g		1858772,70	2934688,39	1735075,95	2324592,62	0,00	0,00	5249743,27	3183720,60	2306849,48
σ_f		2698739,63	4337142,58	3820763,69	3336330,06	1601509,94	1657311,30	6356307,04	4411846,60	3844769,95
H ² %		69	68	45	70	00	00	83	72	60
Média geral		9322,67	8929,64	9523,09	10017,25	10190,02	9783,00	9652,85	9525,20	8777,13
CVe		13,90	18,76	21,45	14,20	22,14	22,06	15,41	16,45	19,98
CVg		14,62	19,18	13,83	15,22	0,00	0,00	23,74	18,73	17,30
CVg/CVe		1,05	1,02	0,64	1,07	0,00	0,00	1,54	1,14	0,87

** , * : significância a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; e ^{ns} é não significativo a 5% de probabilidade.

A razão CV_g/CV_e e as estimativas de coeficientes de determinação genotípicos e herdabilidades constituem medidas da influência do ambiente sobre a expressão dos fenótipos. O coeficiente de determinação genotípico, estimado quando o conjunto de genótipos é considerado de efeito fixo, e a herdabilidade, estimada quando o conjunto de genótipos é considerado de efeito aleatório, referem-se à proporção da variação fenotípica cujas causas são genéticas, permitindo inferir sobre a confiabilidade na seleção de genótipos superiores no conjunto avaliado. Onde existe menor interferência ambiental na expressão do caráter, as estimativas de coeficientes de determinação genotípicos ou herdabilidades, bem como as estimativas de CV_g/CV_e , serão maiores e mais confiáveis serão as estimativas dos componentes de variação genéticos, permitindo seleção de híbridos geneticamente superiores.

Na Tabela 6, observa-se que sete dos nove experimentos apresentam controle ambiental de bom a médio, em relação à produtividade de grãos, sendo possível a estimação de coeficientes de determinação genotípicos e verificação das amplitudes da relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental (CV_g/CV_e), em cada experimento. Foram encontradas estimativas de CV_g/CV_e acima de um, nos experimentos 1, 2, 4, 7 e 8, indicando maior confiabilidade na seleção de genótipos superiores para produtividade de grãos, sendo que o experimento 7 apresentou a maior relação CV_g/CV_e , com estimativa de 1,54. Entretanto, para os experimentos 3 e 9, as estimativas de CV_g/CV_e foram menores que 1, dificultando a seleção de genótipos geneticamente superiores, advindos destes experimentos isoladamente. As altas estimativas de coeficientes de determinação genotípicos e de CV_g/CV_e , para produtividade de grãos, permitem confiabilidade na seleção de genótipos, pois, aqueles apresentando maiores médias serão, realmente, os geneticamente superiores, uma vez que grande proporção da variação, observada para produtividade, é de causas genéticas.

Apesar das altas médias de produtividade de grãos, observadas nos experimentos 5 e 6 (Tabela 6), não houve bom controle ambiental para esta característica, nestes experimentos, sendo que as variâncias ambientais foram maiores que os quadrados médios de tratamentos e, desta forma, os efeitos de tratamentos foram não significativos, impossibilitando a estimação de coeficientes de determinação genotípicos e da relação CV_g/CV_e .

4.2. Análises de variância agrupadas

Na Tabela 7 é apresentado o resumo das análises de variâncias agrupadas, em que foi verificada, previamente, a homogeneidade de variâncias residuais para todas as características dos nove experimentos.

Na Tabela 7, constam os valores para o teste F e suas significâncias, os valores para a relação entre os maiores e os menores erros efetivos ($Rel >/< Erro$), as estimativas dos componentes de variabilidade genotípicos e fenotípicos, coeficientes de determinação genotípicos (h^2), médias, coeficientes de variação experimental (CVe), coeficientes de variação genético (CVg) e a relação entre CVg e CVe para as características produtividade de grãos, florescimentos masculino e feminino, altura de plantas, estande e prolificidade.

O resumo das análises de variância agrupadas mostrou, pelo teste F, que os efeitos de tratamentos foram significativos ao nível de 1% de probabilidade, para as seis características, evidenciando a existência de variabilidade genética no conjunto de genótipos, bem como, possibilidade de êxito na seleção de híbridos superiores.

Os coeficientes de variação experimental (CVe) foram muito baixos para as características FM, FF e AP (menores que 5%), para AE e PRL os valores foram intermediários (5 a 15%) e para PG e EST foram de 18,5 e 20,3%, respectivamente, sendo valores aceitáveis em experimentos agrônômicos.

A média geral de produtividade de grãos foi de 9.534,23 kg.ha⁻¹ (Tabela 7), sendo que a maior produtividade de um híbrido top-cross foi conseguida pelo cruzamento entre a linhagem 74 e o testador HS2, conforme observado na parcela 18 do experimento 7 (Tabela 1A - em Anexo), com 13.862,59 kg.ha⁻¹ de grãos; este cultivar apresentou estande médio de 61.111 plantas.ha⁻¹.

As maiores estimativas de coeficientes de determinação genotípicos foram verificadas para as características AP e PG, ou seja, 69% e 56%, respectivamente. As demais características apresentaram estimativas entre 35 e 45% nas análises agrupadas. Foram observados maiores valores para a relação CVg/CVe, para as características AP e PG, com estimativas de 1,04 e 0,79 respectivamente. Para FM, EST, FF e PRL, as estimativas da relação CVg/CVe foram de 0,62, 0,62, 0,55 e 0,54, respectivamente.

As estimativas de coeficientes de determinação genotípicos e da relação CVg/CVe refletem o índice de confiabilidade ou repetibilidade dos resultados. Portanto, quanto maiores forem estas estimativas, maiores serão as chances de que a seleção praticada sobre os valores fenotípicos leve aos genótipos superiores da população.

As características produtividade de grãos e altura de plantas apresentaram altas estimativas de coeficientes de determinação genotípicos e de CVg/CVe. Deste modo, torna-se confiável a seleção de híbridos top-crosses superiores no conjunto total de genótipos, pois, estes resultados indicam que grande parte das variações, observadas para estas características, são de causas genéticas.

Tabela 7 – Resultados das análises de variância agrupadas em látice modificado, para produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

FV	G.L	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
Exp	8	21096705,2	23,773	21,905	2883,667	2267710282,5	0,2782
Rep / Exp	9	2042655,9	1,812	4,986	320,070	155837494,4	0,0345
Bl / Rep / Exp	108	2457050,9	1,960	1,747	157,838	90933899,2	0,0283
Trat aj / Exp	432	7125493,5	2,514	2,180	365,055	259322670,2	0,0404
Erro efetivo	324	3130136,2	1,434	1,374	114,080	145632727,8	0,0253
Teste F Trat(aj)		2,276**	1,754**	1,587**	3,200**	1,781**	1,594**
Rel >/< Erro		3,03	2,23	2,32	3,32	2,98	5,46
CV e %		18,56	1,97	1,92	4,60	20,28	14,27
Ø g		1997678,65	0,5404	0,4030	125,4877	56844971,17	0,0075
Ø f		3562746,76	1,2572	1,0899	182,5276	129661335,08	0,0202
h ² %		56	43	37	69	44	37
Médias		9534,23	60,65	60,90	232,26	59515,41	1,12
CV g %		14,72	1,21	1,04	4,82	12,67	7,78
CVg/CVe		0,793	0,614	0,542	1,049	0,625	0,545

** significância ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

4.3. Análises de variância no modelo hierárquico

Na Tabela 8, apresenta-se o resumo das análises de variância no modelo hierárquico. Foram utilizadas as médias ajustadas pelo látice, procedendo-se a decomposição da fonte de variação tratamentos em efeitos de híbridos top-crosses, testemunhas e no contraste top-crosses vs testemunhas; testadores dentro de híbridos top-crosses; e, linhagens dentro de testadores; para as características produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST) e prolificidade (PRL), num modelo hierárquico com os 441 tratamentos.

São apresentados, também, os valores de significâncias dos quadrados médios dos efeitos deste modelo e médias gerais, médias dos híbridos top-crosses, médias das testemunhas, coeficientes de variação experimental (CVe), estimativas dos efeitos quadráticos fenotípicos (σ_f) e genotípicos (σ_g) nas médias dos híbridos top-crosses e variâncias ambientais, coeficientes de determinação genotípicos (h^2 %), coeficientes de variação genéticos (CVg) e a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CVg/CVe).

Com a decomposição dos efeitos de tratamentos em efeitos de híbridos top-crosses, verificou-se que, para os híbridos experimentais (top-crosses), também existe variabilidade genética para todas as características, pois, os quadrados médios desses efeitos foram significativos ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F.

Para o efeito de testadores, as características produtividade de grãos e estande apresentaram-se não significativas a 5% pelo teste F, indicando que não existe variância genética em relação a PG e EST, para o grupo de testadores. Para esta fonte de variação, em relação às características FM, FF, AP e PRL, foi verificada significância ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F, indicando a existência de variabilidade genética, o que promove influência dos testadores na expressão destas características, nos híbridos top-crosses.

Tabela 8 – Resultados das análises de variância no modelo hierárquico, a partir das médias ajustadas pelo látice, com decomposição da fonte de variação tratamentos em efeitos de híbridos top-crosses, testadores, linhagens dentro de testadores, testemunhas e o contraste top-crosses vs testemunhas para as características produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

FV	GL	PG	FM	FF	QM		
					AP	EST	PRL
(Tratamentos)	440	7.379.516,25**	3,026**	2,623**	409,801**	295.838.227,2**	0,0449**
Híbridos top-crosses	425	7.266.333,17**	3,020**	2,621**	403,598**	292.349.562,6**	0,0441**
Testadores	3	3.337.526,92 ^{ns}	45,953**	51,487**	2763,079**	678.809.057,3 ^{ns}	0,2282**
Linhagens / SynF	121	6.204.683,64**	3,052**	2,541**	297,168**	278.508.681,3**	0,0489**
Linhagens / SynD	93	8.457.303,48**	2,648**	2,144**	322,608**	339.083.954,7**	0,0540**
Linhagens / HS1	99	6.498.218,43**	2,843**	2,894**	504,231**	261.402.714,3**	0,0356*
Linhagens / HS2	109	8.234.490,37**	2,280**	1,526 ^{ns}	434,505**	285.311.101,1**	0,0328*
Testemunhas	14	3.813.239,08 ^{ns}	3,390**	2,857*	627,047**	215.232.739,1 ^{ns}	0,0718**
Topcros vs testemunhas	1	105.410.202,92**	0,618 ^{ns}	0,064 ^{ns}	4,724 ^{ns}	2.906.997.512,5**	0,0012 ^{ns}
Resíduo	441	2.905.876,932	1,517	1,4898	123,5862	132.445.356,9	0,02534
Média geral		9.524,54	60,73	60,95	232,28	59461	1,12
Média de todos os híbridos top-crosses		9.459,67	60,72	60,95	232,26	59120	1,12
Média dos 15 h. top-crosses superiores		12.730,03	60,57	60,73	244,35	68148	1,18
Média das testemunhas		11.366,86	60,87	61,00	232,67	69136	1,12
CVe(%)		17,90	2,03	2,00	4,79	19,35	14,27
Parâmetros genéticos							
Variância ambiental (média)		1.452.938,47	0,7585	0,7449	61,7931	66.222.678,4	0,01267
Ø f (média)		3.633.166,59	1,5100	1,3107	201,7990	146.174.781,3	0,02204
Ø g (média)		2.180.228,12	0,7515	0,5658	140,0059	79.952.102,9	0,00937
h ² %		60	50	43	69	55	43
CVg (%)		15,61	1,43	1,23	5,09	15,12	8,68
CVg/CVe		0,87	0,70	0,62	1,06	0,78	0,61

** , * significância a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; e ^{ns} é não significativo a 5% de probabilidade.

Para as fontes de variação linhagens dentro dos testadores (SynF, SynD, HS1 e HS2), verificou-se efeitos significativos ao nível de 1% probabilidade, pelo teste F, para as características PG, FM, AP e EST, indicando que, para estas características, os efeitos das linhagens são de grande importância na expressão da variabilidade genética, verificada para o efeito de híbridos top-crosses (Tabela 8). Estes resultados revelam, ainda, que todos os testadores permitem a expressão de variabilidade genética para estas características, uma vez que as linhagens cruzadas com cada testador constituem amostras aleatórias do conjunto total das linhagens.

Para a característica PRL, observou-se significância, ao nível de 1% de probabilidade, para os efeitos de linhagens dentro dos testadores SynF e SynD e de 5% para os testadores HS1 e HS2. Para a característica FF, os efeitos de linhagens dentro dos testadores SynF, SynD e HS1 foram significativos a 1%, enquanto para o testador HS2 foram não significativos a 5% de probabilidade, pelo teste F.

Foram avaliados 15 cultivares como testemunhas, no conjunto de 441 tratamentos, sendo que, com a decomposição das fontes de variação, verificou-se que para o efeito de testemunhas não houve significância, pelo teste F ao nível de 5% de probabilidade, para os quadrados médios de PG e EST, indicando que os cultivares testemunhas não apresentam variabilidade genética para estas duas características. Para FM, AP e PRL foi verificada significância, ao nível de 1% de probabilidade e para FF ao nível de 5%, sendo que, para estas características, os cultivares testemunhas exibem variabilidade genotípica.

O contraste top-crosses vs testemunhas revela que existem diferenças significativas entre médias, ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, para as características produtividade de grãos e estande. Para as características florescimento masculino e feminino, altura de plantas e prolificidade, entretanto, os efeitos do contraste entre estes dois grupos foram não significativos, como pode ser verificado com a observação das médias das características em relação aos grupos de testemunhas e de híbridos top-crosses (Tabela 8).

Quanto às médias, o grupo de testemunhas apresentou produtividade de 11.367 kg.ha⁻¹ e estande de 69.136 plantas.ha⁻¹, o grupo dos 15 híbridos top-crosses superiores apresentou produtividade média de grãos de 12.730 kg.ha⁻¹

e estande médio de 68.148 plantas.ha⁻¹, enquanto a média geral de produtividade foi de 9.524,54 kg.ha⁻¹ e o estande médio de 59.461 plantas.ha⁻¹.

Conforme observado na Tabela 8, a existência de variabilidade genotípica, ao nível de 1% de probabilidade, para os grupos de linhagens dentro de cada testador e para híbridos top-crosses, e verificando-se as altas médias de produtividade dos 15 híbridos top-crosses de melhor desempenho, que, inclusive, superaram as testemunhas, pode-se constatar que híbridos com valor comercial podem ser conseguidos com a seleção dos híbridos top-crosses superiores, ou com a recombinação de linhagens-elite.

As médias para florescimento masculino e feminino foram de, aproximadamente, 61 dias; para altura de plantas as médias aproximaram-se de 232 cm, enquanto para prolificidade as médias ficaram em torno de 1,12 espigas por planta, considerando o desempenho médio em geral, ou seja, para o total dos tratamentos, para testemunhas e para híbridos top-crosses (Tabela 8). Isso ocorreu por que as análises de variâncias mostraram que não havia significância para os efeitos do contraste testemunhas vs híbridos top-crosses em relação a estas características. Mesmo assim, existe possibilidade de se conseguir ganhos com seleção para qualquer uma destas características, pois, os efeitos de híbridos top-crosses foram, sempre, significativos e a maioria dos efeitos de linhagens dentro de testadores também o foram.

Os coeficientes de variação experimentais mostraram ótimo controle ambiental, pois para as características FM, FF e AP, os CVs foram menores que 5%, sendo que, para as características PG, EST e PRL, os CVs foram menores que 20%, o que é perfeitamente aceitável para experimentos agrônomicos em campo, visto que estas características são de controle genético mais complexo e são bastante influenciadas pelo ambiente.

Com relação aos parâmetros genéticos, estimados para o conjunto de híbridos top-crosses, verificou-se que boas proporções das variâncias fenotípicas de todas as características foram representadas pelas variâncias genotípicas, o que reflete em altas e médias estimativas de herdabilidades no sentido amplo. Além disso, os coeficientes de variação genéticos, também mostram-se relativamente altos. Para PG, a herdabilidade média foi estimada em 60% e a relação CVg/CVe foi de 0,87, indicando confiabilidade na seleção de genótipos superiores e possibilidade de obtenção de ganhos genéticos.

4.4. Análises dialélicas parciais

Na Tabela 9 é apresentada a análise de variância do dialelo parcial, realizado para o conjunto de 45 linhagens, que foram cruzadas com os quatro testadores, em relação à característica produtividade de grãos, com desdobramento do efeito de híbridos top-crosses em capacidade geral de combinação de testadores (CGC Testadores) e de linhagens (CGC Linhagens) e efeito da capacidade específica de combinação entre estes dois grupos (CEC Test x Linh).

Para o efeito de cruzamentos (híbridos top-crosses), observou-se significância ao nível de 1% de probabilidade (Tabela 9), pelo teste F, o que foi também verificado nas análises de variâncias agrupadas, confirmando a existência de variabilidade genética para esta característica, e foi verificada média de produtividade, de 9.337 kg.ha⁻¹ (Tabela 10), neste dialelo parcial.

O efeito de capacidade geral de combinação (CGC) dos testadores não apresentou significância pelo teste F, enquanto, para o grupo de linhagens, este efeito foi significativo ao nível de 1% de probabilidade, indicando que os efeitos genéticos aditivos são mais importantes no conjunto de linhagens do que no conjunto de testadores.

Os efeitos de CGC em relação aos quatro testadores foram de -103,90 para o testador SynF, -132,49 para o SynD, 284,59 para o HS1 e -48,19 para o testador HS2 (Tabela 10).

O efeito da capacidade específica de combinação entre os grupos de testadores e linhagens foi significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, mostrando que os efeitos genéticos não aditivos (dominância e epistasia) são, também, importantes neste conjunto gênico.

Os efeitos de CEC podem ser relacionados à heterose proporcionada pelos efeitos genéticos de dominância e pelos efeitos de interações genéticas epistáticas em combinações híbridas específicas, sendo relacionadas aos desvios do que seria esperado em relação às capacidades gerais de combinação dos genitores. O desvio padrão da CEC reflete a magnitude da heterose, expressa entre combinações híbridas com potencial heterótico. Foi obtida estimativa de 1.071,32 kg.ha⁻¹ para o desvio padrão da CEC neste dialelo parcial (Tabela 9), o que possibilita inferir que os híbridos mais

promissores podem ser sintetizados por meio de cruzamentos entre linhagens com conjuntos gênicos complementares, permitindo a melhor forma de exploração da heterose.

Tabela 9 – Resultado da análise dialélica parcial, para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), com desdobramento do efeito de híbridos top-crosses em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), em relação ao conjunto de 45 linhagens que foram cruzadas com os 4 testadores, e o desvio padrão da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij})

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Probab.
Híbridos top-crosses	179	6936593,2807	2,22**	0,00
CGC Testadores	3	3349942,8998	1,07 ^{ns}	0,36
CGC Linhagens	44	9708143,2228	3,10**	0,00
CEC Test x Linh	132	6094258,0814	1,95**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

$$\hat{s}_{ij} = 1.071,32$$

** , significância ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5% .

Na Tabela 10 é apresentada a classificação decrescente, quanto à produtividade de grãos, dos híbridos top-crosses, oriundos de 45 linhagens que foram cruzadas com os quatro testadores. São apresentadas, também, as médias, as variâncias de cada testador em relação à característica produtividade de grãos, para este conjunto de 45 linhagens, os efeitos de capacidade geral de combinação de cada testador (CGC) e a correlação entre as médias de produtividades de grãos dos híbridos das linhagens dentro de cada testador e na média dos quatro testadores.

Verifica-se que não houve grande concordância entre a classificação das linhagens por diferentes testadores, mas algumas linhagens apresentaram desempenho superior com todos os testadores. Por exemplo, as linhagens 4 e 26 aparecem representadas três vezes entre os dez melhores híbridos top-crosses, considerando-se os testadores separadamente, sendo que estas demonstraram ótimos desempenhos na média dos quatro testadores. As linhagens 23, 24, 122, 32 e 40, que também apresentaram excelentes performances na média dos quatro testadores, aparecem duas vezes entre os dez cruzamentos mais produtivos com testadores individuais.

Tabela 10 – Classificação decrescente das 45 linhagens com cada testador e na média dos quatro testadores, média de todos os top-crosses (Média) e dos 10 melhores (Média Top 10) dentro de cada testador, variâncias e CGC para cada testador e a correlação entre a médias de cada testador e média dos quatro testadores (r PG média 4T)

Rank	Testadores									
	SynF		SynD		HS1		HS2		4 Testadores	
	Linhagens / PG		Linhagens / PG		Linhagens /		Linhagens / PG		Linhag / PG	
1	52	11859	56*	12878	122*	12822	24*	12919	4*	11061
2	40*	11780	113*	12608	23*	12604	26*	12218	24*	10830
3	32*	11643	122*	11984	48	12299	4*	11782	45*	10827
4	159	11382	63	11970	42	12061	121	11383	26*	10810
5	56*	11366	26*	11714	120	11857	32*	11201	23*	10797
6	24*	11228	23*	11673	55	11830	131	11197	122*	10693
7	45*	10940	156	11346	4*	11699	29	11110	32*	10691
8	4*	10473	40*	11095	63	11560	52	11031	56*	10656
9	13	10451	104	11027	129	11043	120	10937	40*	10353
10	26*	10309	148	10799	84	11013	104	10904	113*	10352
11	121	10204	105	10798	29	10783	45*	10904	52	10329
12	29	10156	45*	10766	13	10713	112	10780	63	10320
13	161	9976	52	10390	45*	10697	125	10780	121	10227
14	120	9952	4*	10290	57	10541	113*	10751	29	10024
15	63	9910	41	10222	14	10535	57	10420	57	9975
16	122*	9882	142	10100	17	10521	33	10159	104	9944
17	14	9671	24*	9918	106	10491	42	9990	131	9841
18	104	9634	139	9762	41	10305	44	9957	105	9744
19	23*	9612	32*	9750	131	10266	148	9687	55	9620
20	48	9562	121	9714	32*	10170	14	9682	14	9608
21	150	9535	125	9566	107	9841	55	9584	125	9490
22	57	9525	57	9413	105	9645	41	9520	148	9416
23	125	9370	130	9402	121	9607	160	9440	48	9342
24	105	9327	42	9234	148	9512	23*	9298	33	9334
25	138	9275	138	9175	138	9509	105	9206	129	9280
26	142	9239	129	9122	56*	9438	129	9197	42	9278
27	131	9220	154	9087	40*	9408	40*	9129	13	9258
28	17	9074	33	9056	113*	9392	154	9099	120	9217
29	55	8962	17	8771	161	9383	161	9028	17	9198
30	33	8777	131	8682	33	9342	56*	8944	41	8911
31	44	8720	14	8543	24*	9256	84	8596	161	8905
32	113*	8657	48	8388	26*	9002	107	8573	156	8773
33	107	8618	13	8321	160	8508	17	8425	112	8727
34	112	8536	55	8103	139	8330	156	8172	107	8624
35	84	8494	29	8047	125	8244	106	8091	139	8363
36	139	8306	160	8010	104	8212	122*	8083	106	8342
37	106	8171	112	7601	142	8161	63	7841	138	8270
38	156	7841	107	7463	150	8077	13	7549	84	8229
39	129	7756	161	7233	52	8038	48	7117	160	8201
40	148	7666	44	7115	112	7991	159	7108	142	7889
41	154	7212	106	6616	130	7783	139	7053	154	7457
42	160	6848	150	5648	156	7733	150	6351	150	7403
43	42	5828	84	4815	159	6892	130	5926	159	7388
44	41	5599	159	4171	154	4432	138	5120	44	7380
45	130	4097	120	4120	44	3727	142	4055	130	6802
Média	9214		9211		9628		9295		9337	
Média Top 10	11143		11709		11878		11468		10707	
Variância	2.631.538		4.269.822		3.538.635		3.509.491		1.236.909	
CGC	-103,9		-132,49		284,59		-48,19		---	
r PG média 4T	0,57		0,61		0,56		0,64		---	

* linhagens classificadas entre as 10 superiores na média dos 4 testadores.

A produtividade média de grãos desses 180 híbridos top-crosses (45 linhagens x 4 testadores) chegou a 9.337 kg.ha⁻¹, mas as maiores produtividades foram de, aproximadamente, 12.900 kg.ha⁻¹, com os híbridos top-crosses oriundos dos cruzamentos das linhagens 24 com o HS2 e 56 com o SynD, como pode ser verificado na Tabela 10.

Para testadores, individualmente, a maior média foi verificada para o HS1, com 9.628 kg.ha⁻¹ de grãos, seguindo-se o HS2, que apresentou produtividade média de 9.295 kg.ha⁻¹, e os testadores SynF e SynD com 9.214 kg.ha⁻¹ e 9.211 kg.ha⁻¹, respectivamente. As produtividades médias dos dez melhores híbridos top-crosses dentro de cada testador foram bastante altas, de modo que, o HS1 proporcionou média de 11.878 kg.ha⁻¹, seguido pelo SynD, que apresentou 11.709 kg.ha⁻¹, e pelos testadores HS2 e SynF, que apresentaram médias de 11.468 kg.ha⁻¹ e 11.143 kg.ha⁻¹, respectivamente, neste conjunto. Na média dos quatro testadores, os híbridos top-crosses das linhagens 4 e 24 destacaram-se com produtividades de 11.061 kg.ha⁻¹ e 10.830 kg.ha⁻¹ de grãos.

Estes resultados demonstram o grande potencial das linhagens do Programa Milho UFV[®] para a síntese de híbridos, uma vez que os genótipos, avaliados nesta análise, são de natureza aleatória dentro do conjunto total de 162 linhagens e, portanto, as inferências podem ser extrapoladas para o conjunto total de linhagens do programa. Após a seleção, as linhagens superiores podem ser recombinadas, gerando híbridos de alto potencial genético, que, após avaliação em ensaios regionais e nacionais para seleção dos mais promissores, podem ser avaliados em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) para lançamento como híbridos comerciais.

Na Tabela 10, observa-se que os testadores SynD, SynF e HS2 apresentam estimativas negativas para capacidade geral de combinação, com valores de -132,49, -103,9 e -48,19. As estimativas de CGC para cada testador indicam que os testadores SynD, SynF e HS2 apresentam baixas frequências de genes favoráveis para a característica produtividade de grãos, em comparação com o HS1, que apresenta estimativa de 284,57 para CGC.

Neste trabalho, não foi verificada significância para os efeitos de CGC no grupo de testadores, sendo conveniente levar em conta, também, a variabilidade que estes proporcionam no conjunto de híbridos top-crosses e a

coincidência de genótipos superiores dentro de cada testador com a média dos quatro testadores, para avaliação e escolha dos testadores mais adequados.

Apesar da menor média de produtividade observada para o SynD (Tabela 10), este cultivar possibilitou a expressão de maior variabilidade genética em suas progênes, em relação à produtividade de grãos no conjunto de 45 híbridos top-crosses que foram cruzados com os quatro testadores, seguindo-se os testadores HS1 e HS2, que apresentaram estimativas de variâncias muito próximas, e por último, o SynF, com menor estimativa de variância.

Quanto à classificação de linhagens superiores por cada testador (Tabela 10), observa-se que o SynD apresentou maior concordância em relação à média dos quatro testadores, pois, entre seus 15 melhores híbridos top-crosses estavam representadas oito das linhagens superiores na classificação por todos os testadores. O SynF apresentou sete linhagens superiores dentro do conjunto de seus 15 híbridos top-crosses de melhor desempenho. Para o HS2, seis linhagens superiores foram representadas entre os 15 híbridos top-crosses superiores e o HS1 apresentou a maior discrepância quanto à classificação na média dos quatro testadores, com apenas quatro linhagens classificadas como genitoras entre os 15 melhores híbridos top-crosses.

As estimativas das correlações para produtividade de grãos dos híbridos top-crosses dentro de cada testador com a média dos quatro testadores foram de 0,64 para o HS2 e 0,61 para o testador SynD, enquanto, para os testadores SynF e HS1 as estimativas não atingiram a 0,60, conforme apresentado na Tabela 10.

Segundo relatos na literatura, a alta variabilidade observada nos híbridos top-crosses, a baixa frequência de alelos favoráveis e alta correlação da classificação das linhagens com a média de outros testadores são características desejáveis em um bom testador de linhagens de milho. Portanto, o testador SynD mostra-se mais adequado para seleção de linhagens com melhores desempenhos médios, pois, apresenta as maiores estimativas de variâncias para produtividade de grãos, tanto para o conjunto das 45 linhagens que foram cruzadas com os quatro testadores (Tabela 10) quanto para a estimativa do quadrado médio de linhagens dentro de testadores

(Tabela 8); apresenta, também, estimativa negativa e de maior magnitude para CGC, indicando baixa frequência de genes favoráveis, em relação aos outros testadores e boa concordância na classificação de linhagens superiores, em relação à média de todos os testadores (Tabela 10).

Nas Tabelas 11 a 20, são apresentadas as análises de variâncias dos dialelos parciais para os conjuntos de linhagens, que foram cruzadas, de modo balanceado, com pelo menos dois testadores, em relação à característica produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). Na Tabela 21, são apresentados os efeitos de CGC dos testadores, em cada dialelo parcial, assim como as médias de produtividade, em cada caso.

Pode-se verificar nas Tabelas 11 a 20 que as estimativas dos efeitos de híbridos top-crosses foram sempre significativos, ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, indicando a existência de variabilidade genética em todos os grupos de híbridos top-crosses testados. Os efeitos das capacidades gerais de combinação, para quaisquer dos grupos de linhagens, avaliadas nos diversos dialelos parciais e cruzadas com quaisquer dos grupos de testadores, também, foram sempre significativos a 1% de probabilidade pelo teste F, confirmando a existência de variância genética aditiva nas linhagens do Programa Milho[®], em todas as situações. Os efeitos das capacidades específicas de combinação também foram sempre significativos, indicando que a ação genética dos desvios da dominância e, ou epistasia são importantes na expressão da produtividade neste conjunto de genótipos. As estimativas dos efeitos de CGC dos testadores revelam ação genética diferenciada entre os testadores, de modo que a classificação das linhagens pelos testadores permite a distinção de grupos de linhagens com diferentes conjuntos gênicos.

Foram geradas quatro tabelas para apresentação dos resultados das análises de variâncias dos dialelos parciais, que tiveram a participação de três testadores (Tabelas 11, 12, 13 e 14).

Na Tabela 11, as estimativas referem-se ao conjunto de 156 híbridos top-crosses sintetizados a partir dos cruzamentos entre 52 linhagens e os testadores SynF, SynD e HS1. Para este conjunto de genótipos, a média de produtividade de grãos foi de $9.324 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, com estimativas de CGC de -74,57 para o testador SynF, -155,66 para o SynD e 230,24 para o HS1 (Tabela 21).

Tabela 11 – Resultados da análise dialélica parcial, para o conjunto de 52 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynF, SynD e HS1, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob
Híbridos top-crosses	155	6423838,4287	2,05**	0,00
CGC Testadores	2	4305684,5439	1,37 ^{ns}	0,25
CGC Linhagens	51	7524790,3402	2,40**	0,00
CEC Test x Linh	102	5914894,9021	1,89**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

** significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Na Tabela 12 são apresentados os resultados da análise dialélica parcial do conjunto de 171 híbridos top-crosses, oriundos do cruzamento entre o grupo dos testadores SynF, SynD e HS2 com um grupo formado por 57 linhagens endogâmicas. A produtividade média de grãos foi de 9.305 kg.ha⁻¹, com estimativas de 7,12, -89,95 e 82,84 para os efeitos de CGC dos testadores SynF, SynD e HS2, respectivamente (Tabela 21).

Tabela 12 – Resultados da análise dialélica parcial, para o conjunto de 57 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynF, SynD e HS2, em relação à característica PG (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob
Híbridos top-crosses	170	7217133,8140	2,31**	0,00
CGC Testadores	2	855232,4327	0,27 ^{ns}	100
CGC Linhagens	56	10173219,7448	3,25**	0,00
CEC Test x Linh	112	5852696,2304	1,87**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

** , significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Os resultados da análise dialélica, realizada para os cruzamentos entre os testadores SynF, HS1 e HS2 e um conjunto de 57 linhagens, são apresentados na Tabela 13. A produtividade média de grãos destes 171 híbridos top-crosses foi de 9.453 kg.ha⁻¹, sendo que as estimativas de CGC foram de -16,38 para o testador SynF, 140,62 para o HS1 e -124,24 para o HS2, conforme apresentado na Tabela 21.

Tabela 13 – Resultados da análise dialélica parcial, para o conjunto de 57 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynF, HS1 e HS2, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	170	6152707,4404	1,96**	0,00
CGC Testadores	2	2022217,5795	0,65 ^{ns}	100
CGC Linhagens	56	8244751,5813	2,63**	0,00
CEC Test x Linh	112	5180444,1175	1,65**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

**, significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Os resultados da análise de variância do dialelo parcial, realizada para estimação de parâmetros genéticos entre os testadores SynD, HS1 e HS2 e um grupo de 59 linhagens, são apresentados na Tabela 14. A produtividade média foi de 9.572 kg.ha⁻¹ e as estimativas dos efeitos de CGC dos testadores foram de -39,81, 205,73 e -165,92 para os testadores SynD, HS1 e HS2, respectivamente (Tabela 21).

Tabela 14 – Resultados da análise dialélica parcial, para o conjunto de 59 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynD, HS1 e HS2, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	176	6566539,6377	2,10**	0,00
CGC Testadores	2	4214989,3007	1,35 ^{ns}	0,26
CGC Linhagens	58	8409226,8931	2,69**	0,00
CEC Test x Linh	116	5685739,9813	1,82**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

**, significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Para estimação das capacidades de combinação entre os conjuntos de linhagens que foram cruzadas, de modo balanceado, com dois testadores, foram geradas seis tabelas (Tabelas 15, 16, 17, 18, 19 e 20).

Na Tabela 15, são apresentados os resultados das análise dialélica parcial para os 146 híbridos top-crosses, provenientes do cruzamento entre o grupo dos testadores SynF e SynD com 73 linhagens. A produtividade média de grãos dos híbridos top-crosses deste dialelo foi de 9.160 kg.ha⁻¹, sendo que o testador SynF apresentou CGC de 117,51, enquanto para o SynD a estimativa de CGC foi de -117,51 (Tabela 21).

Tabela 15 – Resultados da análise dialélica parcial, para o conjunto de 73 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynF e SynD, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	145	7320301,0646	2,34**	0,00
CGC Testadores	1	4031951,4172	1,29 ^{ns}	0,26
CGC Linhagens	72	8150654,2385	2,60**	0,00
CEC Test x Linh	72	6535619,4135	2,09**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

**, significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

São apresentados, na Tabela 16, os resultados da análise do dialelo parcial entre o cruzamento dos testadores SynF e HS1 com 74 linhagens, que deram origem a 148 híbridos top-crosses. Para este conjunto de híbridos top-crosses, a média de produtividade de grãos foi de 9.531 kg.ha⁻¹, sendo que o testador SynF apresentou estimativa de CGC de -65,25 e o HS1 65,25 (Tabela 21).

Tabela 16 – Resultados da análise dialélica parcial, para o conjunto de 74 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynF e HS1, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	147	5593727,1953	1,79**	0,00
CGC Testadores	1	1260353,3426	0,40 ^{ns}	100
CGC Linhagens	73	6849489,4082	2,19**	0,00
CEC Test x Linh	73	4397326,2682	1,40*	0,03
Resíduo	324	3130136,2080		

*, valores de significância a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; e ^{ns} é não significativo a 5 %.

Os resultados da análise dialélica parcial para o conjunto de 81 linhagens, que foram cruzadas com os testadores SynF e HS2 são apresentados na Tabela 17. Na Tabela 21, verifica-se que a produtividade média de grãos desses 162 híbridos top-crosses foi de 9.487 kg.ha⁻¹, com estimativas de 90,75 para CGC do testador SynF e -90,75 para CGC do HS2.

Tabela 17 – Resultados da análise dialélica parcial para o conjunto de 81 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynF e HS2 em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	161	7380375,3966	2,36**	0,00
CGC Testadores	1	2668641,6996	0,85 ^{ns}	100
CGC Linhagens	80	8174423,2342	2,61**	0,00
CEC Test x Linh	80	6645224,2302	2,12**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

**, significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Na Tabela 18, encontram-se os resultados referentes à avaliação dos 132 híbridos top-crosses, no dialelo parcial que envolveu os cruzamentos entre 66 linhagens e os testadores SynD e HS1. A produtividade média de grãos foi de 8.585 kg.ha⁻¹ (Tabela 21), com estimativas de -119,58 para a CGC do testador SynD e 119,58 para CGC do HS1.

Tabela 18 – Resultados da análise dialélica parcial para o conjunto de 66 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynD e HS1, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	131	6777722,8772	2,16**	0,00
CGC Testadores	1	3775413,2519	1,21 ^{ns}	0,27
CGC Linhagens	65	7482737,0844	2,39**	0,00
CEC Test x Linh	65	6118898,0488	1,95**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

**, significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Na Tabela 19, é apresentada a análise dialélica parcial para o conjunto de 150 híbridos top-crosses, sintetizados a partir do cruzamento entre o grupo de testadores SynD e HS2, e um conjunto de 75 linhagens. A média de produtividade de grãos foi de 9.431 kg.ha⁻¹ para este conjunto de genótipos, sendo que o testador SynD apresentou CGC de 10,58, enquanto a CGC do HS2 foi de -10,58 (Tabela 21).

Tabela 19 – Resultados da análise dialélica parcial para o conjunto de 75 linhagens que foram cruzadas com os testadores SynD e HS2, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	149	7229850,3517	2,31**	0,00
CGC Testadores	1	33588,5380	0,01 ^{ns}	100
CGC Linhagens	74	8941125,3967	2,86**	0,00
CEC Test x Linh	74	5615822,0880	1,79**	0,00
Resíduo	324	3130136,2080		

^{**}, significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Na Tabela 20, são apresentados os resultados da análise dialélica parcial, realizada para as 73 linhagens, que foram cruzadas com os testadores HS1 e HS2. Verificou-se produtividade média de 9.599 kg.ha⁻¹ de grãos, com estimativas de CGC de 155,03 e -155,03, para os testadores HS1 e HS2, respectivamente, conforme observado na Tabela 21.

Tabela 20 – Resultados da análise dialélica parcial para o conjunto de 73 linhagens que foram cruzadas com os testadores HS1 e HS2, em relação à característica produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)

F.V.	G.L.	Q.M.	F	Prob.
Híbridos top-crosses	145	5870291,3109	1,87**	0,00
CGC Testadores	1	7018288,7183	2,24 ^{ns}	0,13
CGC Linhagens	72	6747538,1327	2,15**	0,00
CEC Test x Linh	72	4977100,0806	1,59**	0,01
Resíduo	324	3130136,2080		

^{**}, significância a 1% de probabilidade, pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Na Tabela 21, são apresentados os efeitos de capacidade geral de combinação de cada testador nos diferentes dialelos parciais, revelando a existência de grupos gênicos diferenciados entre os testadores, pois, para o testador HS1, as estimativas de CGC foram positivas e de magnitudes altas sempre que participou em dialelos parciais com os testadores SynD, HS2 e SynF. Além disso, para o testador HS1, foi verificada a menor concordância na classificação das linhagens, em relação à média dos quatro testadores, para o conjunto das 45 linhagens que foram cruzadas com os quatro testadores

(Tabela 10). Desta forma, grupos de linhagens com conjuntos gênicos distintos podem ser formados, quando linhagens superiores são selecionadas, de modo diferenciado, por estes testadores, sendo esperada maior heterose para cruzamentos de linhagens-elite selecionadas por testadores mais divergentes e com estimativas de CGC de sinais contrários e que apresentem menores concordâncias na classificação de linhagens.

Tabela 21 – Efeitos da capacidade geral de combinação, para cada testador (CGC Testador) e médias de produtividade, em kg.ha⁻¹, em todas as combinações de testadores nos diferentes dialelos parciais

Testadores nos dialelos parciais	CGC Testador				Teste F	PG
	1 (SynF)	2 (SynD)	3 (HS1)	4 (HS2)	CGC Test	Média
1, 2, 3 e 4	-103,9	-132,49	284,59	-49,19	1,07	9.337
1, 2 e 3	-74,57	-155,66	230,24	---	1,37	9.324
1, 2 e 4	7,12	-89,95	---	82,84	0,27	9.305
1, 3 e 4	-16,38	---	140,62	-124,24	0,65	9.453
2, 3 e 4	---	-39,81	205,73	-165,92	1,35	9.572
1 e 2	117,51	-117,51	---	---	1,29	9.160
1 e 3	-65,25	---	65,25	---	0,40	9.531
1 e 4	90,75	---	---	-90,75	0,85	9.487
2 e 3	---	-119,58	119,58	---	1,21	9.585
2 e 4	---	10,58	---	-10,58	0,01	9.431
3 e 4	---	---	155,03	-155,03	2,24	9.599

4.5. Análise de divergência genética

As distâncias euclidianas médias, a partir de dados padronizados, em relação às características produtividade de grãos, florescimento masculino, altura de plantas e prolificidade, foram tomadas como medidas de divergência genética entre os genótipos. Na Tabela 22, são apresentados os valores das distâncias euclidianas médias padronizadas ($d_{ii'}$) entre os genótipos i e i' .

Tabela 22 – Distância euclidiana média (d_{ij}) entre linhagens e testadores, e os 10 genótipos menos similares às 45 linhagens e aos 4 testadores

i \ j	d_{ij}				Grupos dos 10 genótipos menos similares												
	SynF	SynD	HS1	HS2	150	139	130	154	159	160	142	84	131	106			
4	1,279	0,990	1,539	1,636	150	139	130	154	159	160	142	84	131	106			
13	0,438	0,619	0,911	0,604	130	150	106	84	154	161	142	139	160	44			
14	0,579	0,870	0,987	0,411	130	106	150	84	142	154	44	161	160	139			
17	0,840	0,871	1,301	0,778	130	150	106	84	161	154	142	160	139	148			
23	1,165	0,969	1,448	1,320	130	150	154	139	160	84	161	106	142	159			
24	1,157	1,095	1,408	1,190	130	150	154	106	84	160	142	139	161	44			
26	1,052	1,119	1,109	1,144	130	150	154	44	106	139	84	161	142	159			
29	0,840	0,661	1,336	0,983	150	130	154	160	106	84	139	142	161	131			
32	1,437	1,438	1,863	1,190	150	106	84	130	142	154	160	161	139	148			
33	0,260	0,793	0,655	0,421	130	106	150	44	142	84	4	55	32	154			
40	0,648	0,892	0,687	0,832	130	150	44	154	106	159	142	84	139	161			
41	0,434	0,315	0,861	0,957	130	139	150	154	161	131	160	32	159	106			
42	0,825	0,796	1,183	0,932	130	150	161	154	106	84	139	160	142	44			
44	1,333	1,184	1,819	1,643	122	113	131	26	32	24	121	23	139	160			
45	0,773	0,921	0,789	1,035	130	150	159	44	154	139	106	142	160	84			
48	0,909	0,566	1,374	1,164	130	150	139	154	160	161	84	106	131	142			
52	0,739	0,941	1,027	0,666	130	150	106	142	84	154	44	160	161	139			
55	1,125	0,674	1,292	1,717	130	139	159	154	131	160	150	32	161	113			
56	1,157	0,783	1,457	1,544	150	130	139	154	160	159	131	84	161	142			
57	0,665	1,128	0,284	0,892	130	44	159	32	4	56	150	106	55	48			
63	0,699	0,715	0,944	0,920	130	150	154	139	106	84	160	44	142	161			
84	1,312	1,509	1,033	1,800	32	130	24	23	159	4	26	29	17	56			
104	0,592	0,850	0,601	0,836	130	44	150	154	159	106	139	161	84	142			
105	0,428	0,914	0,477	0,731	130	44	32	159	106	150	142	23	4	55			
106	1,438	1,478	1,205	2,010	32	130	159	24	23	17	26	113	29	52			
107	0,425	0,791	0,920	0,495	130	106	4	150	84	142	56	55	161	32			
112	0,364	0,874	0,702	0,538	130	4	32	106	56	55	23	44	24	150			
113	1,040	1,382	0,928	0,941	130	44	150	106	154	142	84	161	159	55			
120	0,764	0,635	1,370	0,937	150	106	160	84	142	139	154	131	130	161			
121	0,848	1,041	0,822	0,978	130	44	150	154	106	159	SynF	139	84	142			
122	1,053	1,355	0,850	1,076	130	44	150	154	106	159	142	84	161	139			
125	0,317	0,436	0,869	0,685	130	150	106	154	139	84	160	142	161	159			
129	0,626	1,200	0,668	0,529	130	4	44	55	56	106	32	23	142	24			
130	2,219	2,117	2,716	2,362	122	113	26	121	131	24	23	40	104	45			
131	1,138	1,684	0,810	1,075	130	44	4	32	56	55	48	23	24	29			
138	0,772	1,135	0,660	1,085	130	32	4	56	23	24	44	29	55	26			
139	1,342	1,888	1,310	1,155	130	4	56	23	55	32	24	48	26	29			
142	1,315	1,416	1,114	1,840	32	130	24	23	159	4	26	29	56	52			
148	0,914	1,306	0,604	1,271	130	32	159	23	24	48	44	17	4	56			
150	1,490	1,816	1,311	1,794	32	23	24	4	130	56	26	29	48	17			
154	1,331	1,742	1,337	1,452	32	23	24	4	56	26	130	48	55	29			
156	0,648	0,891	1,190	0,735	106	130	142	150	84	122	26	113	24	23			
159	1,349	1,651	1,784	0,994	106	4	55	56	84	142	23	130	26	45			
160	1,266	1,728	0,974	1,436	130	32	4	23	56	24	48	29	55	26			
161	1,204	1,604	1,056	1,450	32	130	23	24	48	26	56	4	17	42			
SynF	0,000	0,575	0,632	0,644	130	150	106	32	159	139	44	154	142	84			
SynD	0,575	0,000	1,026	1,096	130	139	150	154	160	131	159	161	84	106			
HS1	0,632	1,026	0,000	1,024	130	32	44	159	4	56	23	24	48	120			
HS2	0,644	1,096	1,024	0,000	130	106	142	84	150	55	44	4	56	154			

Para estimação das distâncias genéticas no conjunto das 45 linhagens, que foram cruzadas de modo balanceado com os quatro testadores, cada linhagem foi representada pela média de produtividade de seus híbridos top-crosses com os quatro testadores. As distâncias genéticas para os quatro testadores foram feitas, utilizando-se as médias dos híbridos top-crosses das 45 linhagens cruzadas com cada um. Na Tabela 22 são apresentados, também, os conjuntos de dez genótipos menos similares às 45 linhagens e aos quatro testadores.

A maior distância genética foi observada entre as linhagens 122 e 130, com estimativa de 3,245 para d_{ij} , e a menor distância foi entre as linhagens 40 e 104, com d_{ij} igual a 0,235 (dados não apresentados). A linhagem 130 apresentou as maiores distâncias euclidianas médias, em relação aos testadores SynF, SynD, HS1 e HS2, com estimativas de d_{ij} iguais a 2,219, 2,117, 2,716 e 2,362, respectivamente. A linhagem 33 apresentou menor distância em relação ao SynF, com estimativa para d_{ij} de 0,26. Para o SynD, a linhagem 12 apresentou a menor estimativa de d_{ij} , com valor de 0,315. A linhagem 57 foi mais similar ao HS1, com distância de 0,284. A linhagem 3 foi a menos divergente em relação ao HS2, com d_{ij} estimado em 0,411. Para os testadores, a maior distância genética foi verificada entre os testadores SynD e HS2, com estimativa de 1,096 para d_{ij} , sendo que o SynD também apresentou grande divergência em relação ao HS1, com d_{ij} igual a 1,026.

Falconer e Mackay (1996) relatam que, quando existe dominância no sentido de aumentar a expressão do caráter, espera-se que a heterose expressa em híbridos aumente com o aumento da distância genética entre os genitores.

Desta forma, os testadores SynD e HS1 promovem a formação de grupos de linhagens geneticamente distintos, pela identificação de linhagens-elite com alta produtividade em top-crosses e que combinem bem com cada um, individualmente. A falta de concordância na classificação das linhagens por estes testadores (Tabela 10) e as discrepâncias nas estimativas de CGC (Tabela 21) indicam que diferentes conjuntos gênicos estão presentes nas linhagens, selecionadas pelos testadores SynD e HS1, podendo proporcionar uma melhor exploração da heterose, quando linhagens-elite selecionadas por estes testadores forem recombinadas. Além disso, as informações de

distâncias genéticas proporcionam a identificação de genótipos menos similares, conforme apresentado na Tabela 22, facilitando a escolha de cruzamentos, que possibilitem maior expressão da heterose nos híbridos.

Dentre as linhagens cruzadas com o testador HS1, que geraram os dez híbridos top-crosses mais produtivos, apenas as linhagens 122, 63 e 23 repetiram-se na seleção dos dez melhores híbridos top-crosses pelo testador SynD (Tabela 10). Desta forma, as linhagens 48, 42, 120, 55, 4, 129 e 84, selecionadas entre as dez melhores pelo testador HS1, podem formar um grupo geneticamente complementar às linhagens 56, 113, 26, 156, 40, 104 e 148, selecionadas pelo SynD. Além disso, na Tabela 22, observa-se que os pares de linhagens 55 e 113, 84 e 26, 84 e 56, 129 e 56 são bastante divergentes, sendo boas alternativas de cruzamentos para melhor exploração da heterose.

De modo similar, o testador HS1 promove a seleção de linhagens-élite, que podem formar grupos para cruzamentos com as linhagens selecionadas pelos testadores SynF e HS2. Estes três testadores são cultivares de grãos duros. Entretanto, na Tabela 10, observa-se que os testadores SynF e HS2 apresentam classificação das linhagens de forma distinta do HS1 e mostram estimativas de CGC contrárias àquelas observadas para o HS1 nos diferentes dialelos parciais (Tabela 21). Apenas as linhagens 120 e 4 repetiram-se entre as dez melhores selecionadas pelo testador HS1, em relação aos testadores SynF e HS2 (Tabela 10). Portanto, as linhagens 122, 23, 48, 42, 55, 63, 129 e 84, selecionadas pelo HS1, são geneticamente distintas das linhagens 52, 40, 32, 159, 56, 24, 45, 13, 26, 121, 131, 29 e 104, que foram selecionadas, conjuntamente, pelos testadores SynF e HS2, podendo formar grupos de cruzamentos heteróticos.

Além disso, na Tabela 22, observa-se que a linhagem 23 mostra-se divergente da 159, a linhagem 48 é pouco similar à 131, a 55 é divergente, em relação às linhagens 159, 131 e 32, a linhagem 84 é pouco similar às linhagens 32, 24, 159, 26, 29 e 56, a linhagem 122 é bastante distinta da 159 e a linhagem 129 apresenta alta divergência genética, em relação às linhagens 4, 32 e 24. A recombinação de linhagens superiores, o mais divergentes possível, selecionadas por estes diferentes testadores, pode levar a melhor exploração da heterose do que a recombinação de linhagens-élite selecionadas, apenas,

por um testador, possibilitando o acúmulo de conjuntos gênicos diferenciados nas combinações híbridas de modo mais promissor.

Foi realizado o teste de agrupamento de médias, pelo método de Scott-Knott (1974), utilizando-se nível de significância de 1% de probabilidade para o conjunto total de híbridos top-crosses, em relação à característica produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), possibilitando, assim, a discriminação de três grupos de genótipos.

O grupo 1 foi formado por 326 híbridos top-crosses, que apresentaram médias de produtividade de grãos entre 13.862,5 e 8.560,0 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, sendo que a maior produtividade foi alcançada com o genótipo sintetizado pelo cruzamento entre a linhagem 74 e o HS2.

No segundo grupo, foram incluídos 70 híbridos top-crosses com médias entre 8.536,0 e 6.369,5 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ de grãos, enquanto o terceiro grupo foi formado pelos 30 híbridos top-crosses com pior desempenho quanto à média de produtividade de grãos, que variou de 6.193,5 a 1.535,5 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$.

Só existe interesse, neste estudo, em linhagens genitoras de híbridos top-crosses incluídos no primeiro grupo, pois, devido às altas médias de produtividade e estimativas significativas de CGC e CEC das análises dialélicas parciais, estas são potenciais genitoras de híbridos comerciais.

Na Tabela 23, são apresentados os códigos das 35 linhagens genitoras dos híbridos top-crosses mais produtivos (aproximadamente 10% dos genótipos incluídos no grupo 1), selecionados entre os 426 híbridos top-crosses nos diversos experimentos e os respectivos códigos de seus testadores. A produtividade média de grãos dos 35 híbridos top-crosses selecionados foi de 12.133 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, sendo que os dez melhores atingiram 12.868 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. As linhagens 74, 117, 53, 24, 122, 56, 49, 34, 113 e 23 destacaram-se como genitoras dos dez híbridos top-crosses mais produtivos, sendo, portanto, potenciais genitoras de híbridos simples de alta produtividade.

Dentre os 35 híbridos top-crosses mais produtivos (Tabela 23) encontram-se, como genitoras, as linhagens 24, 122, 56, 113, 23, 26, 40, 4 e 32, identificadas pela média dos quatro testadores como sendo as mais promissoras (Tabela 10).

Tabela 23 – Identificação dos testadores e linhagens genitoras dos 35 híbridos top-crosses com melhor desempenho produtivo no conjunto total, média deste conjunto e dos 10 híbridos top-crosses superiores

Testador	Linhagem	PG (kg.ha ⁻¹)	Tratamento	Experimento
4	74	13862,50	18	7
4	117	13640,00	37	7
2	53	13028,50	45	4
4	24*	12919,50	9	6
3	122*	12821,50	45	5
2	56*	12762,50	24	9
4	49	12731,00	39	8
3	34	12701,00	45	8
2	113*	12607,50	8	4
3	23*	12604,00	8	5
1	133	12422,50	13	4
3	48	12299,00	24	5
3	11	12271,50	37	9
4	26*	12217,50	11	6
3	25	12062,00	10	5
3	42	12061,50	20	5
4	92	11989,50	4	7
3	83	11984,50	12	8
4	31	11964,00	25	8
4	116	11889,00	14	7
1	52	11881,00	23	1
3	120	11857,50	46	8
1	40*	11784,00	17	1
4	4*	11781,50	1	6
2	99	11766,50	14	4
1	32*	11640,00	15	1
4	6	11605,00	3	6
2	19	11549,00	46	3
4	98	11514,00	1	7
1	119	11489,50	28	3
2	63	11462,00	27	2
2	156	11418,50	11	9
1	22	11392,50	5	3
4	121	11383,50	44	6
2	110	11280,00	9	2
Média		12.132,67		
Média dos 10 superiores		12.868,39		

* linhagens-elite identificadas no dialelo parcial com os quatro testadores.

4.6. Predição do comportamento produtivo de híbridos

Na Tabela 24, são apresentados os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) das linhagens, nos experimentos 1, 2, 3, 4 e 5, individualmente. Na Tabela 25, são apresentados os efeitos de CGC das linhagens, nos experimentos 6, 7, 8 e 9. O efeito de CGC da linhagem foi obtido pela diferença entre a média do híbrido top-cross, em questão, e a média dos híbridos top-crosses do mesmo testador desta linhagem, no experimento individual em que a linhagem foi testada.

Como os efeitos genéticos aditivos foram sempre significativos nas análises dialélicas parciais, o comportamento produtivo de híbridos simples pode ser predito pela equação $H_{ii'} = \hat{\mu} + \hat{g}_i + \hat{g}_{i'}$, conforme Gonçalves (1987), em que, $H_{ii'}$ é a média predita do híbrido simples (não sintetizado), a partir do cruzamento das linhagens i e i' ; $\hat{\mu}$ é a média geral de todos os híbridos top-crosses; \hat{g}_i e $\hat{g}_{i'}$ são os efeitos estimados para CGC das linhagens i e i' , respectivamente.

Tabela 24 – Efeitos de CGC das linhagens nos experimentos de 1 a 5

Tratamento	Experimentos									
	1		2		3		4		5	
	Linh	CGC	Linh	CGC	Linh	CGC	Linh	CGC	Linh	CGC
1	3	-378	8	794	1	254	139	87	4	1509
2	4	1151	20	-572	6	349	134	5	5	676
3	8	330	33	283	71	1866	128	305	6	927
4	9	1083	60	1474	72	-2707	49	-1283	13	523
5	13	1128	76	-560	22	2000	111	1252	14	345
6	14	348	81	-437	24	1835	80	837	17	331
7	16	-421	82	1530	73	-2198	126	1901	19	-996
8	17	-249	101	483	27	3180	113	2933	23	2414
9	20	1287	110	2628	31	-813	34	-1358	24	-934
10	21	180	117	1615	64	630	111	183	25	1872
11	23	290	118	-1148	67	1818	36	82	26	-1188
12	26	986	123	436	68	2608	144	-1381	28	-862
13	28	-342	135	-101	69	1872	133	2355	29	592
14	29	833	142	1328	132	1401	99	2092	32	-20
15	32	2320	147	-5374	89	-4686	112	-2074	33	-848
16	33	-546	149	-6605	115	278	140	217	35	1095
17	40	2457	154	314	93	1118	103	-3726	36	-1068
18	41	-3724	65	-3127	96	1376	114	1027	40	-782
19	44	-602	3	-1536	100	-3448	114	921	41	115
20	45	1618	84	-3958	102	-65	91	831	42	1871
21	47	1296	4	1517	25	1355	79	566	45	507
22	48	239	104	2254	111	-952	50	138	46	746
23	52	2536	105	2025	22	1490	T	T	47	107
24	55	-360	95	873	112	-856	T	T	48	2109
25	56	2043	94	1071	113	-735	T	T	52	-2152
26	57	202	88	-3435	43	-272	T	T	53	241
27	60	-4799	63	3197	116	368	T	T	55	1640
28	63	587	150	1319	119	2097	160	-1665	56	-752
29	107	-704	161	612	121	812	66	637	57	351
30	130	-5225	156	-1523	124	-5079	70	201	59	228
31	106	-1152	146	-968	127	-418	80	54	66	-1482
32	105	4	148	-1698	136	-684	78	444	67	-1083
33	104	312	138	-88	74	2340	85	-30	77	-208
34	101	1810	110	-324	139	-1087	89	-3073	84	823
35	95	1279	117	1753	144	-501	57	-263	85	-1059
36	94	-492	118	-2277	145	1822	83	1917	91	1595
37	88	-2606	120	588	151	143	121	39	99	429
38	84	-829	122	519	155	-1549	159	-5505	104	-1978
39	82	1704	123	2082	159	1990	87	1187	105	-545
40	81	145	125	6	160	-2545	146	875	107	-349
41	76	-79	106	-2157	2	318	100	-293	109	-1815
42	65	-163	9	324	5	-1162	59	651	113	-798
43	154	-2111	13	-451	10	0	42	-441	115	-3094
44	149	1038	107	-1310	15	-1703	75	369	121	-583
45	147	-1769	14	-230	17	-1538	53	3351	122	2632
46	142	-83	21	1674	19	1240	90	-1367	125	-1946
47	135	1095	23	2900	35	2919	157	-4694	126	-682
48	131	-102	26	2941	42	-3564	141	286	128	692
49	129	-1566	16	1341	46	-917	77	1410	129	853

T parcela com tratamento testemunha.

Tabela 25 – Efeitos de CGC das linhagens nos experimentos de 6 a 9

Tratamento	Experimentos							
	6		7		8		9	
	Linh	CGC	Linh	CGC	Linh	CGC	Linh	CGC
1	4	1999	98	2148	153	-3517	130	101
2	5	430	9	954	138	351	131	-618
3	6	1822	136	506	152	1555	138	-125
4	13	-2234	92	2623	27	2082	120	-5180
5	14	-101	11	489	58	-216	122	2683
6	17	-1358	18	1778	43	2468	125	266
7	19	448	20	134	64	-1631	129	-178
8	23	-485	120	1571	51	-702	32	449
9	24	3136	112	1414	100	1114	148	1498
10	25	718	63	-1525	30	-1153	150	-3653
11	26	2435	90	-430	86	-5170	156	2045
12	28	1112	71	-7831	83	2826	158	1000
13	29	1327	76	1701	44	-5432	161	-2068
14	32	1418	116	2523	94	-1352	40	1794
15	33	376	135	-7107	3	-373	51	-136
16	35	-2307	137	1316	145	584	41	921
17	77	322	143	-4218	160	-650	44	-2185
18	70	-2362	74	4497	112	-1168	45	1465
19	66	130	80	918	134	-134	48	-913
20	59	-1097	82	529	140	261	52	1090
21	57	637	87	1045	102	2162	24	618
22	56	-839	96	1567	162	-1339	29	-1254
23	55	-199	27	500	44	-596	55	-1197
24	53	-260	22	493	30	-807	56	3577
25	52	1248	T	T	31	1411	131	3142
26	48	-2666	7	1622	157	-2789	139	-1001
27	47	609	1	-925	114	-48	148	1632
28	46	-1023	2	-525	127	-196	150	-1704
29	45	1121	8	106	T	T	151	-2590
30	42	207	111	-2262	142	-998	154	1044
31	41	-263	101	805	144	280	156	117
32	40	-654	118	-1082	54	-2144	158	1463
33	36	-1155	106	-1275	155	1070	159	-947
34	84	-1187	62	664	97	1639	161	973
35	85	572	64	1255	106	1332	16	591
36	91	-882	69	-2503	90	441	12	1692
37	99	-714	117	4274	34	-172	11	3874
38	104	1121	119	995	138	-5433	130	-2129
39	105	-577	134	1096	49	2178	156	-715
40	107	-1210	142	-5310	65	1499	154	-4015
41	108	-1188	147	-2607	68	1740	151	-2396
42	113	968	160	74	63	2402	150	-371
43	115	-789	79	1733	61	1546	148	1064
44	121	1600	T	T	21	-411	139	-117
45	122	-1700	T	T	34	3543	131	1819
46	125	997	T	T	120	2699	159	-1556
47	126	905	T	T	18	105	161	935
48	128	179	T	T	T	T	158	-142
49	129	-586	T	T	T	T	130	-664

T parcela com tratamento testemunha.

A média de produtividade de grãos de todos os híbridos top-crosses foi de 9.460 kg.ha⁻¹, conforme se observa na Tabela 8. Assim, para as linhagens 74 (tratamento 18 do experimento 7) e 117 (tratamento 37 do experimento 7), que apresentaram os melhores desempenhos em top-crosses, e estimativas de CGC individuais de 4.497 e 4.274, respectivamente, como observado na Tabela 25, a produtividade de grãos predita para seu híbrido simples é de 18.295 kg.ha⁻¹, estimada por meio da equação $\hat{H}_{ii'} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_{i'}$.

Estas linhagens não foram cruzadas com os quatro testadores, mas a linhagem 74 foi cruzada com os SynF e HS2, o que proporcionou estimativa de 3.310 para sua CGC; e a linhagem 117 foi cruzada com os testadores SynF, SynD e HS2, sendo que, destes cruzamentos, foi obtida estimativa para CGC de 2.409 (dados não mostrados). Utilizando estas estimativas, verifica-se que a produtividade de grãos predita para o híbrido simples entre as linhagens 74 e 117, com a equação $\hat{H}_{ii'} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_{i'}$, é de 15.244 kg.ha⁻¹, sendo que esta estimativa de produtividade é mais precisa que a primeira, pois, de acordo com Federer e Sprague (1947), estimativas mais confiáveis para CGC das linhagens podem ser conseguidas com aumento do número de testadores.

Assim, as estimativas de capacidade geral de combinação, por meio de top-crosses de um único testador, podem ser utilizadas para seleção de linhagens, evidenciando o potencial daquelas que apresentam altas freqüências de genes favoráveis. Entretanto, estas estimativas não são o meio mais adequado para predição do comportamento de híbridos não sintetizados, pois, pode haver grande interação do cruzamento da linhagem com o testador, devido ao efeito da capacidade específica de combinação não estimado.

O mais adequado é a predição do desempenho de híbridos, quando as linhagens são avaliadas com mais de um testador, pois, proporciona maior confiabilidade nas estimativas de CGC e, possibilita a verificação da significância dos efeitos de CEC, permitindo analisar a importância dos diferentes tipos de ação gênica no conjunto de genótipos.

Na Tabela 26, são apresentados os códigos das linhagens, que foram cruzadas com os quatro testadores, seus efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e as produtividades médias dos híbridos top-crosses das linhagens com cada testador.

Tabela 26 – CGC das linhagens e produtividade de grãos dos híbridos top-crosses das 45 linhagens que foram cruzadas com os quatro testadores

Linhagem	CGC Linhagem	PG dos híbridos top-crosses (Valores observados)			
		SynF	SynD	HS1	HS2
4*	1717,35	10473,25	10290,00	11699,30	11781,53
13	-85,24	10450,78	8321,49	10712,78	7548,66
14	264,13	9671,12	8542,96	10534,9	9682,24
17	-145,98	9073,61	8771,07	10520,88	8425,21
23*	1452,97	9612,41	11672,81	12603,65	9297,68
24*	1486,74	11227,63	9918,42	9256,20	12919,38
26*	1466,78	10308,51	11713,93	9001,79	12217,56
29	680,18	10156,11	8046,84	10782,5	11109,95
32*	1347,07	11642,94	9749,68	10169,78	11200,56
33	-10,14	8777,10	9055,73	9341,87	10159,41
40*	1009,24	11779,85	11094,61	9407,99	9129,19
41	-432,21	5599,08	10221,55	10305,27	9519,94
42	-65,35	5827,85	9234,28	12061,36	9989,80
44	-1963,74	8720,39	7115,46	3726,70	9957,16
45*	1483,06	10940,33	10765,59	10697,12	10903,88
48	-2,14	9562,08	8387,98	12298,76	7117,30
52	985,69	11858,62	10390,02	8037,97	11030,82
55	276,27	8962,31	8103,12	11830,27	9584,08
56*	1312,60	11365,59	12877,69	9437,89	8943,90
57	631,02	9524,74	9412,54	10541,37	10420,12
63	976,31	9909,59	11969,55	11559,97	7840,80
84	-1114,22	8494,07	4814,92	11012,75	8596,07
104	600,58	9634,27	11026,73	8211,68	10904,34
105	400,25	9326,81	10797,82	9645,18	9205,88
106	-1001,44	8171,03	6616,29	10490,50	8091,09
107	-719,83	8618,20	7462,97	9841,01	8573,17
112	-616,64	8535,95	7601,32	7990,52	10780,32
113*	1008,22	8656,82	12607,93	9391,96	10750,84
120	-126,99	9951,92	4120,20	11857,41	10937,18
121	883,47	10204,13	9714,12	9606,99	11383,33
122*	1348,99	9882,27	11983,72	12821,77	8082,88
125	146,41	9369,99	9566,11	8244,21	10780,02
129	-63,90	7756,33	9122,08	11043,35	9197,34
130	-2541,59	4097,29	9401,61	7783,20	5926,22
131	497,81	9220,44	8682,19	10266,30	11196,98
138	-1073,62	9275,32	9175,45	9509,37	5120,08
139	-980,88	8305,56	9761,97	8330,35	7053,29
142	-1454,72	9239,33	10100,47	8160,57	4055,45
148	72,07	7665,85	10798,65	9511,92	9686,54
150	-1654,39	10682,18	5647,54	8076,74	6350,65
154	-1886,34	7211,84	9086,64	4432,30	9098,53
156	-570,94	7841,05	11345,56	7732,57	8171,75
159	-1955,70	11381,78	4170,55	6891,88	7107,69
160	-1142,34	6847,54	8009,83	8508,19	9439,75
161	-438,80	9975,70	7232,97	9382,74	9028,06

* identificação das 10 linhagens superiores na média dos quatro testadores.

Para predição da produtividade de híbridos não sintetizados, toma-se como exemplo as dez linhagens superiores no conjunto de 45 linhagens que foram cruzadas com os quatro testadores (Tabela 26), a partir de suas estimativas de CGC, utilizando a equação $\hat{H}_{i\bar{i}} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_{\bar{i}}$.

A Tabela 27 apresenta os valores preditos de produtividade, em kg.ha⁻¹, para os 45 híbridos simples não sintetizados, a partir dos cruzamentos entre as 10 linhagens superiores selecionadas pelos quatro testadores, e verifica-se produtividades preditas entre 12.541 e 11.354 kg.ha⁻¹, evidenciando o alto potencial deste conjunto de linhagens.

Tabela 27 – Valores preditos de produtividade de grãos, em kg.ha⁻¹, a partir da equação $\hat{H}_{i\bar{i}} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_{\bar{i}}$, para os híbridos simples não sintetizados entre as dez linhagens superiores identificadas com os quatro testadores, em que os efeitos de g e g_i, são dados pela CGC das linhagens i e \bar{i} , respectivamente, e μ é a media de produtividade dos 180 híbridos top-crosses com os quatro testadores ($\mu = 9.337 \text{ Kg.ha}^{-1}$)

Linh	\bar{i}	4	24	45	26	23	122	32	56	40	113
i	CGC	1717	1487	1483	1467	1453	1349	1347	1313	1009	1008
4	1717		12541	12537	12521	12507	12403	12401	12367	12064	12063
24	1487			12307	12291	12277	12173	12171	12136	11833	11832
45	1483				12287	12273	12169	12167	12133	11829	11828
26	1467					12257	12153	12151	12116	11813	11812
23	1453						12139	12137	12103	11799	11798
122	1349							12033	11999	11695	11694
32	1347								11997	11693	11692
56	1313									11659	11658
40	1009										11354
113	1008										

Considerando que estas 45 linhagens representam uma amostra aleatória do conjunto de todas as linhagens, aquelas que não foram cruzadas com todos os testadores, mas apresentam altas estimativas individuais de CGC, com um, ou com mais de um testador, podem, também, ser genitoras de híbridos simples com alto potencial produtivo.

Quando se leva em consideração as informações de divergência genética, os melhores híbridos podem ser sintetizados, com maior exploração da heterose entre linhagens-elite, sendo possível o planejamento dos ensaios experimentais com os cruzamentos mais promissores, economizando tempo e recursos com os testes em campo. Por esta razão, propõe-se a utilização de informações de divergência genética e de heterose na predição da produtividade de híbridos de linhagens-elite.

A predição do potencial heterótico, proposto neste trabalho, leva em conta os quadrados das distâncias euclidianas médias entre as linhagens selecionadas e o desvio padrão da capacidade específica de combinação do conjunto de genótipos testados, como medida de heterose na população. Neste caso, foi considerado o desvio padrão da CEC no dialelo parcial entre as 45 linhagens, que foram cruzadas com os quatro testadores ($\hat{s}_s = 1.071,32$, como apresentado na Tabela 9). Na Tabela 28, são apresentadas as distâncias euclidianas médias entre 10 linhagens superiores selecionadas pelos quatro testadores.

Tabela 28 – Distâncias euclidianas médias ($d_{ii'}$) entre as 10 linhagens superiores selecionadas pelos quatro testadores

linhagens i \ i'	$d_{ii'}$									
	4	24	45	26	23	122	32	56	40	113
4	0	1,157	0,949	1,295	0,938	1,637	1,441	0,287	1,213	1,764
24		0	0,820	0,440	0,290	0,966	0,769	1,010	0,740	0,983
45			0	0,637	0,834	0,724	1,304	0,913	0,359	0,874
26				0	0,604	0,564	1,128	1,161	0,474	0,640
23					0	1,143	0,885	0,764	0,835	1,195
122						0	1,491	1,548	0,496	0,262
32							0	1,361	1,246	1,418
56								0	1,109	1,656
40									0	0,576
113										0

Deste modo, o potencial heterótico ($PH_{ii'}$) dos cruzamentos entre as linhagens-elite pode ser estimado com a equação $\hat{PH}_{ii'} = 0,5(d_{ii'}^2 \cdot \hat{s}_s)$, conforme descrito no item Material e Métodos.

São apresentadas, na Tabela 29, as estimativas do potencial heterótico para todos os cruzamentos entre as 10 linhagens superiores, selecionadas pelos quatro testadores. Observa-se que os pares de linhagens mais divergentes apresentam maiores estimativas para o potencial heterótico.

Tabela 29 – Potencial heterótico (PH_{ij}) entre as 10 linhagens superiores selecionadas pelos quatro testadores

linhagens i \ j	$\hat{P}H_{ij}$									
	4	24	45	26	23	122	32	56	40	113
4	0	717	482	898	471	1436	1113	44	788	1667
24		0	360	104	45	500	317	547	294	518
45			0	217	373	281	911	447	69	409
26				0	196	171	681	722	120	219
23					0	700	419	312	373	765
122						0	1190	1283	132	37
32							0	992	832	1077
56								0	658	1470
40									0	178
113										0

Com o acréscimo da estimativa do potencial heterótico na predição da produtividade de híbridos não sintetizados, a equação exposta por Gonçalves (1987) fica sendo $\hat{H}_{ij} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j + (\hat{P}H_{ij})$, de tal modo que a produtividade predita traz informações de divergência genética e de heterose advinda de genes que promovam resposta por efeitos de dominância e, ou epistasia, para seleção de linhagens a serem cruzadas com maior possibilidade de obtenção dos híbridos mais produtivos.

Na Tabela 30, são apresentadas as produtividades preditas para os 45 híbridos não sintetizados entre as 10 linhagens superiores selecionadas pelos quatro testadores, com o acréscimo do potencial heterótico (PH_{ij}) na equação $\hat{H}_{ij} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j$.

Tabela 30 – Predição da produtividade de grãos (kg.ha⁻¹) de híbridos simples não sintetizados entre as 10 linhagens superiores selecionadas pelos quatro testadores, a partir da equação

$$\hat{H}_{ii'} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_{i'} + (\hat{P}H_{ii'})$$

Linhagens i \ i'	Produtividade predita kg.ha ⁻¹									
	4	24	45	26	23	122	32	56	40	113
4		13258	13020	13419	12979	13839	13514	12411	12851	13730
24			12667	12394	12322	12673	12488	12683	12127	12350
45				12504	12646	12450	13078	12579	11898	12237
26					12452	12323	12832	12839	11933	12031
23						12839	12556	12415	12173	12563
122							13223	13282	11827	11731
32								12989	12525	12770
56									12317	13128
40										11532
113										

Observa-se que houve alteração na ordem dos híbridos mais produtivos sem e com a estimação do potencial heterótico (Tabelas 27 e 30, respectivamente).

Sem a estimação do potencial heterótico, os cruzamentos entre as linhagens, que apresentam as maiores estimativas de CGC, proporcionam os maiores valores preditos para produtividade dos híbridos. As combinações híbridas entre as linhagens 4 e 24 e entre as linhagens 4 e 45 mostram as maiores produtividades, com 12.541 e 12.537 kg.ha⁻¹ de grãos, respectivamente, sendo que quanto menores as estimativas de CGC das linhagens, menores são as produtividades preditas para os híbridos (Tabela 27).

Quando se utiliza o potencial heterótico na estimação de produtividade dos híbridos, não necessariamente ocorrerá a maior produtividade predita para o híbrido entre as linhagens com maiores estimativas de CGC. Na Tabela 30, observa-se que a maior produtividade foi predita para o híbrido entre as linhagens 4 e 122, com 13.839 kg.ha⁻¹ de grãos, seguindo-se o híbrido entre as linhagens 4 e 113, com 13.730 kg.ha⁻¹.

Outras combinações híbridas apresentam alto potencial produtivo, pois, valores preditos acima de $13.000 \text{ kg.ha}^{-1}$ foram alcançados quando se utilizou o potencial heterótico dos cruzamentos nas estimativas, com destaque para os cruzamentos entre as linhagens 4 x 32, 4 x 26, 56 x 122, 4 x 24, 32 x 122, 56 x 113, 32 x 45 e 4 x 45.

O melhoramento de plantas envolve fatores biológicos e ambientais. Sabe-se que a biologia e a biometria não são ciências exatas, sendo portanto, muito pretensioso dizer que esses valores preditos serão observados quando forem realizados os cruzamentos. Entretanto, no presente trabalho, a intenção é disponibilizar mais uma ferramenta, que auxilie na discriminação de linhagens superiores e no direcionamento de cruzamentos mais promissores, no caso em que é avaliado grande número de linhagens em dialelos parciais.

Como critério de seleção, a predição do potencial heterótico nos cruzamentos entre linhagens-elite pode ser vantajosa em programas de melhoramento, pois possibilitará ao melhorista a escolha de cruzamentos mais promissores, diminuindo o número de genótipos testados a cada temporada. Isso permite a alocação de recursos de modo mais eficiente, que é fator crucial em programas de melhoramento, pois, muitas vezes, existem dificuldades em relação a áreas em campos experimentais, mão-de-obra, tempo e dinheiro.

5. CONCLUSÕES

A população de híbridos top-crosses apresenta variabilidade genética para todas as características e alta produtividade média de grãos.

Os testadores mais adequados para seleção de linhagens-elite do Programa Milho[®]-UFV são o SynD (um cultivar sintético de polinização aberta com grãos dentados) e o HS1 (um híbrido simples com grãos duros).

Os efeitos genéticos aditivos e não aditivos para a característica produtividade de grãos foram importantes, o que permite a síntese de híbridos de alto potencial produtivo com a seleção e recombinação das melhores linhagens.

É possível a formação de grupos de linhagens com conjuntos gênicos diferenciados, com base nas estimativas de CGC dos testadores.

A utilização de informações de divergência genética e capacidade específica de combinação possibilita a estimação do potencial heterótico, permitindo predizer o comportamento de híbridos não sintetizados e escolher cruzamentos mais promissores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABEL, B. C.; POLLACK, L. M. Rank comparisons of unadapted maize populations by testers and per se evaluation. **Crop Science**, Madison, v.31: 650 – 656, 1991.

AGRIANUAL 2004. **Anuário da agricultura brasileira**. FNP Consultorias e AgrolInformativos. Itaim, São Paulo– SP. p 373 – 394.

BULL, L.T; CANTARELLA, H. **Cultura do Milho Fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: POTAFOS, 1993. 301 p.

CÂMARA, T. M. M. **Importâncias relativas do desempenho individual e em “topcross” na seleção de famílias S₃ de milho-pipoca**. Viçosa: UFV, 2002. 96p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.

CASTELLANOS, J. S.; HALLAUER, A. R.; CORDOVA, H. S. Relative performance of testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v.43, p.217 - 226, 1998.

CIMMYT, 1999. CIMMYT 1997/98. **World Maize Facts and Trends: Maize Production in Drought-Stressed Environments: Technical Options and Research Resource Allocation**. Mexico D. F.

COCHRAN, W. G; COX, G. M. **Experimental designs**. 2th ed. New York: John Wiley and Sons. 611p. 1957.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J., **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 1. 2ª ed Revisada. Viçosa, MG. UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S., **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 2. Viçosa, MG. UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: Aplicativo computacional em genética e estatística versão Windows. Viçosa - MG. UFV, 2001. 442 p. (software versão 2.1 - 2004).

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Reports of Puerto Rico Agricultural Experimental Station**, p.14-15, 1927.

EATHINGTON, S. R.; DUDLEY, J. W.; RUFENER II, G. K. Marker effects estimated from testcrosses of early and late generations of inbreeding in maize. **Crop Science**, Madison, USA, Nov-dec, v.37, n.6, p1679 (7). 1997.

EBERHART, S. A.; HARRISON, M. N.; OGADA, F. A comprehensive breeding system. **Züchter/Genet.Breed.Res.** 37:169 – 174. 1967.

EMBRAPA, 2004 - <http://www.cnpms.embrapa.br/ensaio.html>

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Longman Group Ltd., London. 1996.

FEDERER, W. T.; SPRAGUE, G. F. A comparison of variance components in corn yield trials. I. Error, tester x line and lines components in topcross experiments. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 39: 453 – 463. 1947.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Bio metrics**, 22: 439-152, 1966.

GERALDI, I. O. e MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**., Ribeirão Preto, v.11: 419 – 430. 1988.

GONÇALVES, P. S. **Esquema circulante de cruzamentos para avaliação de linhagens de milho (Zea mays L.) ao nível interpopulacional**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1987. 140p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Universidade de São Paulo, 1987.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Melbourne, v.9, p.463-493, 1956.

GUTIERREZ-GAITAN, M. A.; CORTEZ-MENDOZA, H.; WATHIKA, E. N. GARDNER, C. O.; OYERVIDES-GARCIA, M.; HALLAUER, A. R.; DARRAH, L. L. Testcross evaluation of Mexican maize populations. **Crop Science** . 26: 99 – 104. 1986 .

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in Maize breeding**. 2nd ed. Iowa State Univ. Press. Ames, IA. 1988.

HALLAUER, A. R. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. Proc. **Annu. Corn e Sorghum** Res. Conf. Washington, DC. 30: 150 – 165. 1975.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State Univ. Press, 1981. 468p.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, 39: 789-809, 1954.

JENKINS, M. T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State Col. Journ. Sci.** , v.6, p.429 – 450, 1935.

KELLER, K. R. A. A comparison involving the number of, and the relationship between, testers in evaluating inbred lines of maize. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41: 323 – 331. 1949.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistic**. New York: Jonh Wiley, 1966. 545p.

LAMKEY, K. R.; EDWARDS, J. W. Quantitative genetics of heterosis. In: **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Copyright © 1999 by American Society of Agronomy, Inc. ; Crop Science Society of América, Inc. and Soil Science Society of America, Inc. Madison, Wisconsin, USA. p., 31 – 48. 1999.

LONNQUIST, J. H. The effect of selecting for combining ability within segregating lines of corn. **Agronomy Journal**, Madison, 42: 503 – 85, 1950.

MATZINGER, D. F. Comparison of three types of testers for evaluation of inbred lines. **Agronomy Journal**, Madison, 45: 493– 95, 1953.

MELCHINGER, A. E. Genetic diversity and heterosis. In: **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Copyright © 1999 by American Society of Agronomy, Inc. ; Crop Science Society of América, Inc. and Soil Science Society of America, Inc. Madison, Wisconsin, USA. p., 99– 118. 1999

MIRANDA FILHO , J. B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.7, p.667-688, 1984.

MOLL, R. H.; LONGQUIST, J. H.; FORTUNA, J. V.; JOHNSON, E. C. The relation of heterosis and genetic divergence in maize. **Genetics** 52: 139 – 144. 1965.

MOLL, R. H.; SALHUANA, W., S.; ROBINSON, H. F. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. **Crop Science** , Madison, USA, v.2: 197 – 198. 1962.

NARRO, L.; PANDEY, S.; CROSSA, J.; DE LEÓN, C.; SALAZAR, F. Using Line x Tester Interaction for the Formation of Yellow Maize Synthetics Tolerant to Acid Soils. **Crop Science** , Madison, USA, v.43, p 1718 - 1728. 2003.

NURMBERG, P. L., **Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em top-crosses**. Lavras: UFLA, 2000. 69p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) – Universidade Federal de Lavras, 2000.

OBAIDI, M.; JOHNSON, B. E.; VAN VLECK, L. D.; KANCHMAN, S. D.; SMITH, O. S. Family per se response to selfing and selection in maize based on testcross performance: a simulation study. **Crop Science** , Madison, USA, March-April, v.38, n.2, p367 (6). 1998.

PAYNE, K. T.; RAYES, H. K. A comparison of combining ability in F₃ and F₂ lines of corn. **Agronomy Journal**, Madison, 41: 383 – 88, 1949.

RICHEY, F. D. Corn breeding gamete selection, the Oenothera method and related miscellany. **Agronomy Journal**, Madison, 39: 403 – 11. 1947.

RICHEY, F. D. Isolating better foundation inbreds for use in corn Hybrids. **Genetics**, Austin, 30: 455– 71, 1945.

ROBERTSON, A. Some comments on quantitative genetic theories. In: HANSON, W. D. e ROBINSON, H. F., ed. *Statistical genetics and plant breeding*. Washington, D. C., **National Academy of Sciences**, 1963. p 108 – 114.

RUSSELL, W. A. A comparison of five types of testers in evaluating the relationship of stalk rot in corn inbred lines and stalk strength of the lines in hybrids combinations. **Crop Science** . Madison, USA. v.1: 393– 397, 1961.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507 – 512, 1974.

SINGLETON, W. R.; NELSON, O. R. The improvement of naturally cross-pollinated plants by selection in self-fertilized lines. IV. Combining ability of successive generations of inbred sweet corn. **Connecticut Agric. Exp. Sta. Bull.** 490: 458– 98, 1945.

SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**. Madison, USA v.26: 540 – 543, 1986.

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

SPRAGUE, G. F. Early testing of inbred lines of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, 38: 107 – 17, 1946.

SPRAGUE, G. F. Quantitative genetics in plant improvement. In: FREY, K. J., ed. **Plant breeding**. Ames, Iowa State Univ. Press, 1967. p. 315– 354.

VASAL, S. K.; SRINIVASAN, G.; PANDEY, S.; CORDOVA, H. S.; HAN, C. G.; GONZALEZ, C. F. Heterotic patterns of ninety-two white tropical CIMMYT Maize lines. **Maydica** , 37: 259– 270. 1992e.

WELLHAUSEN, E. J.; WORTMAN, S. Combining ability in S_1 and derived S_3 lines of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v.46: 86 – 9, 1954.

Tabela 1A – Código geral dos tratamentos (N), número do experimento (EXP), Parcela, Linhagem, Testador (Test), códigos das linhagens em 441 tratamentos (Linh N), média de produtividade (PG) e estimativa da CGC nos experimentos individuais. T é a identificação de tratamentos testemunhas

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
1	1	1	513	SynF	3	8944,69	-377,98
2	1	2	514	SynF	4	10473,25	1150,58
3	1	3	527	SynF	8	9652,46	329,79
4	1	4	529	SynF	9	10406,13	1083,46
5	1	5	536	SynF	13	10450,78	1128,11
6	1	6	537	SynF	14	9671,12	348,45
7	1	7	541	SynF	16	8902,16	-420,51
8	1	8	542	SynF	17	9073,61	-249,06
9	1	9	545	SynF	20	10609,96	1287,29
10	1	10	546	SynF	21	9503,05	180,38
11	1	11	550	SynF	23	9612,41	289,74
12	1	12	555	SynF	26	10308,51	985,84
13	1	13	557	SynF	28	8980,33	-342,34
14	1	14	560	SynF	29	10156,11	833,44
15	1	15	563	SynF	32	11642,94	2320,27
16	1	16	566	SynF	33	8777,1	-545,57
17	1	17	571	SynF	40	11779,85	2457,18
18	1	18	572	SynF	41	5599,08	-3723,59
19	1	19	575	SynF	44	8720,39	-602,28
20	1	20	578	SynF	45	10940,33	1617,66
21	1	21	581	SynF	47	10618,92	1296,25
22	1	22	582	SynF	48	9562,08	239,41
23	1	23	596	SynF	52	11858,62	2535,95
24	1	24	607	SynF	55	8962,31	-360,36
25	1	25	608	SynF	56	11365,59	2042,92
26	1	26	609	SynF	57	9524,74	202,07
27	1	27	617	SynF	60	4523,37	-4799,3
28	1	28	632	SynF	63	9909,59	586,92
29	1	29	836	SynF	107	8618,2	-704,47
30	1	30	906	SynF	130	4097,29	-5225,38
31	1	31	835	SynF	106	8171,03	-1151,64
32	1	32	827	SynF	105	9326,81	4,14
33	1	33	826	SynF	104	9634,27	311,6
34	1	34	815	SynF	101	11132,28	1809,61
35	1	35	779	SynF	95	10602,09	1279,42
36	1	36	772	SynF	94	8830,97	-491,7
37	1	37	736	SynF	88	6716,44	-2606,23
38	1	38	714	SynF	84	8494,07	-828,6
39	1	39	705	SynF	82	11026,38	1703,71
40	1	40	703	SynF	81	9467,29	144,62
41	1	41	672	SynF	76	9244,12	-78,55
42	1	42	635	SynF	65	9159,68	-162,99
43	1	43	1404	SynF	154	7211,84	-2110,83
44	1	44	1397	SynF	149	10360,48	1037,81
45	1	45	1393	SynF	147	7553,73	-1768,94
46	1	46	1388	SynF	142	9239,33	-83,34
47	1	47	1377	SynF	135	10418,16	1095,49
48	1	48	908	SynF	131	9220,44	-102,23
49	1	49	900	SynF	129	7756,33	-1566,34
Média						9322,67	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
50	2	1	527	SynD	8	9566,55	793,6364
51	2	2	545	SynD	20	8201,14	-571,774
52	2	3	566	SynD	33	9055,73	282,8164
53	2	4	617	SynD	60	10246,67	1473,756
54	2	5	672	SynD	76	8213,05	-559,864
55	2	6	703	SynD	81	8336,4	-436,514
56	2	7	705	SynD	82	10302,69	1529,776
57	2	8	815	SynD	101	9255,54	482,6264
58	2	9	841	SynD	110	11401,23	2628,316
59	2	10	871	SynD	117	10387,88	1614,966
60	2	11	872	SynD	118	7624,55	-1148,36
61	2	12	881	SynD	123	9208,91	435,9964
62	2	13	1377	SynD	135	8672,37	-100,544
63	2	14	1388	SynD	142	10100,47	1327,556
64	2	15	1393	SynD	147	3398,77	-5374,14
65	2	16	1397	SynD	149	2168,28	-6604,63
66	2	17	1404	SynD	154	9086,64	313,7264
67	2	18	635	SynD	65	5646,32	-3126,59
68	2	19	513	SynD	3	7236,44	-1536,47
69	2	20	714	SynD	84	4814,92	-3957,99
70	2	21	514	SynD	4	10290	1517,086
71	2	22	826	SynD	104	11026,73	2253,816
72	2	23	827	SynD	105	10797,82	2024,906
73	2	24	779	SynD	95	9645,93	873,0164
74	2	25	772	SynD	94	9844,04	1071,126
75	2	26	736	SynD	88	5338,28	-3434,63
76	2	27	632	SynD	63	11969,55	3196,636
77	2	28	1398	SynF	150	10682,18	1318,535
78	2	29	1417	SynF	161	9975,7	612,0554
79	2	30	1406	SynF	156	7841,05	-1522,59
80	2	31	1392	SynF	146	8395,71	-967,935
81	2	32	1394	SynF	148	7665,85	-1697,79
82	2	33	1381	SynF	138	9275,32	-88,3246
83	2	34	841	SynF	110	9039,25	-324,395
84	2	35	871	SynF	117	11116,23	1752,585
85	2	36	872	SynF	118	7086,62	-2277,02
86	2	37	876	SynF	120	9951,92	588,2754
87	2	38	880	SynF	122	9882,27	518,6254
88	2	39	881	SynF	123	11445,29	2081,645
89	2	40	885	SynF	125	9369,99	6,345385
90	2	41	835	SynD	106	6616,29	-2156,62
91	2	42	529	SynD	9	9096,41	323,4964
92	2	43	536	SynD	13	8321,49	-451,424
93	2	44	836	SynD	107	7462,97	-1309,94
94	2	45	537	SynD	14	8542,96	-229,954
95	2	46	546	SynD	21	10446,89	1673,976
96	2	47	550	SynD	23	11672,81	2899,896
97	2	48	555	SynD	26	11713,93	2941,016
98	2	49	541	SynD	16	10114,24	1341,326
Média						8929,64	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
99	3	1	141	SynF	1	9645,92	253,7748
100	3	2	521	SynF	6	9741,36	349,2148
101	3	3	658	SynF	71	11258,48	1866,335
102	3	4	667	SynF	72	6684,69	-2707,46
103	3	5	547	SynF	22	11392,17	2000,025
104	3	6	551	SynF	24	11227,63	1835,485
105	3	7	669	SynF	73	7194,28	-2197,87
106	3	8	556	SynF	27	12572,07	3179,925
107	3	9	562	SynF	31	8579,21	-812,935
108	3	10	634	SynF	64	10022,43	630,2848
109	3	11	645	SynF	67	11210,34	1818,195
110	3	12	651	SynF	68	11999,67	2607,525
111	3	13	652	SynF	69	11264,22	1872,075
112	3	14	959	SynF	132	10793	1400,855
113	3	15	743	SynF	89	4705,99	-4686,16
114	3	16	869	SynF	115	9669,96	277,8148
115	3	17	771	SynF	93	10510,11	1117,965
116	3	18	780	SynF	96	10767,84	1375,695
117	3	19	802	SynF	100	5943,72	-3448,43
118	3	20	818	SynF	102	9326,95	-65,1952
119	3	21	552	SynD	25	11663,51	1354,749
120	3	22	856	SynF	111	8440,48	-951,665
121	3	23	547	SynD	22	11798,73	1489,969
122	3	24	862	SynF	112	8535,95	-856,195
123	3	25	866	SynF	113	8656,82	-735,325
124	3	26	574	SynF	43	9119,97	-272,175
125	3	27	870	SynF	116	9760,25	368,1048
126	3	28	873	SynF	119	11489,23	2097,085
127	3	29	878	SynF	121	10204,13	811,9848
128	3	30	883	SynF	124	4313,61	-5078,54
129	3	31	898	SynF	127	8974,51	-417,635
130	3	32	1378	SynF	136	8708,2	-683,945
131	3	33	670	SynF	74	11732,03	2339,885
132	3	34	1385	SynF	139	8305,56	-1086,59
133	3	35	1390	SynF	144	8890,89	-501,255
134	3	36	1391	SynF	145	11214,43	1822,285
135	3	37	1399	SynF	150	9535,08	142,9348
136	3	38	1405	SynF	155	7843,22	-1548,93
137	3	39	1415	SynF	159	11381,78	1989,635
138	3	40	1416	SynF	160	6847,54	-2544,61
139	3	41	511	SynD	2	10626,85	318,0886
140	3	42	519	SynD	5	9146,54	-1162,22
141	3	43	531	SynF	10	9392,56	0,414762
142	3	44	539	SynD	15	8605,62	-1703,14
143	3	45	542	SynD	17	8771,07	-1537,69
144	3	46	544	SynD	19	11549,01	1240,249
145	3	47	568	SynF	35	12311,22	2919,075
146	3	48	573	SynF	42	5827,85	-3564,3
147	3	49	579	SynF	46	8474,75	-917,395
Média						9523,09	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
148	4	1	1385	SynD	139	9761,97	86,73037
149	4	2	1376	SynD	134	9680,56	5,32037
150	4	3	899	SynD	128	9980,47	305,2304
151	4	4	583	SynF	49	8778,41	-1283,31
152	4	5	856	SynF	111	11314,09	1252,365
153	4	6	695	SynD	80	10512,02	836,7804
154	4	7	887	SynD	126	11576,56	1901,32
155	4	8	866	SynD	113	12607,93	2932,69
156	4	9	567	SynD	34	8316,82	-1358,42
157	4	10	856	SynF	111	10244,71	182,9853
158	4	11	569	SynD	36	9756,98	81,74037
159	4	12	1390	SynD	144	8294,27	-1380,97
160	4	13	1372	SynF	133	12416,86	2355,135
161	4	14	792	SynD	99	11766,83	2091,59
162	4	15	862	SynD	112	7601,32	-2073,92
163	4	16	1386	SynF	140	10279	217,2753
164	4	17	821	SynD	103	5948,96	-3726,28
165	4	18	868	SynD	114	10702,2	1026,96
166	4	19	868	SynF	114	10983,1	921,3753
167	4	20	759	SynD	91	10506,26	831,0204
168	4	21	688	SynD	79	10241,71	566,4704
169	4	22	587	SynF	50	10199,64	137,9153
170	4	23	DKB333B	-	166	12745,24	T
171	4	24	AG4051	-	164	11556,58	T
172	4	25	XB7012	-	168	10074,88	T
173	4	26	A4646	-	163	11726,29	T
174	4	27	P304 1	-	167	12461,52	T
175	4	28	1416	SynD	160	8009,83	-1665,41
176	4	29	643	SynD	66	10311,81	636,5704
177	4	30	653	SynD	70	9876,14	200,9004
178	4	31	695	SynF	80	10115,73	54,00529
179	4	32	678	SynF	78	10505,23	443,5053
180	4	33	719	SynF	85	10031,7	-30,024 7
181	4	34	743	SynF	89	6988,92	-3072,8
182	4	35	609	SynD	57	9412,54	-262,7
183	4	36	710	SynF	83	11979,05	1917,325
184	4	37	878	SynD	121	9714,12	38,88037
185	4	38	1415	SynD	159	4170,55	-5504,69
186	4	39	728	SynF	87	11248,47	1186,745
187	4	40	1392	SynD	146	10550,16	874,9204
188	4	41	802	SynD	100	9382,67	-292,57
189	4	42	616	SynD	59	10326,33	651,0904
190	4	43	573	SynD	42	9234,28	-440,96
191	4	44	671	SynF	75	10430,51	368,7853
192	4	45	599	SynD	53	13026,47	3351,23
193	4	46	755	SynF	90	8694,24	-1367,48
194	4	47	1410	SynF	157	5367,78	-4693,94
195	4	48	1387	SynD	141	9961,71	286,4704
196	4	49	676	SynF	77	11471,88	1410,155
Média						10017,25	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
197	5	1	514	HS1	4	11699,3	1509,277
198	5	2	519	HS1	5	10866,1	676,0767
199	5	3	521	HS1	6	11117,12	927,0967
200	5	4	536	HS1	13	10712,78	522,7567
201	5	5	537	HS1	14	10534,9	344,8767
202	5	6	542	HS1	17	10520,88	330,8567
203	5	7	544	HS1	19	9193,94	-996,083
204	5	8	550	HS1	23	12603,65	2413,627
205	5	9	551	HS1	24	9256,2	-933,823
206	5	10	552	HS1	25	12062,31	1872,287
207	5	11	555	HS1	26	9001,79	-1188,23
208	5	12	557	HS1	28	9328,03	-861,993
209	5	13	560	HS1	29	10782,5	592,4767
210	5	14	563	HS1	32	10169,78	-20,2433
211	5	15	566	HS1	33	9341,87	-848,153
212	5	16	568	HS1	35	11285,26	1095,237
213	5	17	569	HS1	36	9122,08	-1067,94
214	5	18	571	HS1	40	9407,99	-782,033
215	5	19	572	HS1	41	10305,27	115,2467
216	5	20	573	HS1	42	12061,36	1871,337
217	5	21	578	HS1	45	10697,12	507,0967
218	5	22	579	HS1	46	10935,72	745,6967
219	5	23	581	HS1	47	10297,25	107,2267
220	5	24	582	HS1	48	12298,76	2108,737
221	5	25	596	HS1	52	8037,97	-2152,05
222	5	26	599	HS1	53	10431,17	241,1467
223	5	27	607	HS1	55	11830,27	1640,247
224	5	28	608	HS1	56	9437,89	-752,133
225	5	29	609	HS1	57	10541,37	351,3467
226	5	30	616	HS1	59	10418,22	228,1967
227	5	31	643	HS1	66	8708,38	-1481,64
228	5	32	645	HS1	67	9106,67	-1083,35
229	5	33	676	HS1	77	9981,74	-208,283
230	5	34	714	HS1	84	11012,75	822,7267
231	5	35	719	HS1	85	9131,08	-1058,94
232	5	36	759	HS1	91	11784,59	1594,567
233	5	37	792	HS1	99	10619,14	429,1167
234	5	38	826	HS1	104	8211,68	-1978,34
235	5	39	827	HS1	105	9645,18	-544,843
236	5	40	836	HS1	107	9841,01	-349,013
237	5	41	839	HS1	109	8375,45	-1814,57
238	5	42	866	HS1	113	9391,96	-798,063
239	5	43	869	HS1	115	7096,02	-3094
240	5	44	878	HS1	121	9606,99	-583,033
241	5	45	880	HS1	122	12821,77	2631,747
242	5	46	885	HS1	125	8244,21	-1945,81
243	5	47	887	HS1	126	9508,42	-681,603
244	5	48	899	HS1	128	10881,9	691,8767
245	5	49	900	HS1	129	11043,35	853,3267
Média						10190,02	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
246	6	1	514	HS2	4	11781,53	1998,53
247	6	2	519	HS2	5	10213,2	430,2
248	6	3	521	HS2	6	11605,05	1822,05
249	6	4	536	HS2	13	7548,66	-2234,34
250	6	5	537	HS2	14	9682,24	-100,76
251	6	6	542	HS2	17	8425,21	-1357,79
252	6	7	544	HS2	19	10230,85	447,85
253	6	8	550	HS2	23	9297,68	-485,32
254	6	9	551	HS2	24	12919,38	3136,38
255	6	10	552	HS2	25	10501,38	718,38
256	6	11	555	HS2	26	12217,56	2434,56
257	6	12	557	HS2	28	10895,09	1112,09
258	6	13	560	HS2	29	11109,95	1326,95
259	6	14	563	HS2	32	11200,56	1417,56
260	6	15	566	HS2	33	10159,41	376,41
261	6	16	568	HS2	35	7476,47	-2306,53
262	6	17	676	HS2	77	10104,57	321,57
263	6	18	653	HS2	70	7421,16	-2361,84
264	6	19	643	HS2	66	9912,54	129,54
265	6	20	616	HS2	59	8685,64	-1097,36
266	6	21	609	HS2	57	10420,12	637,12
267	6	22	608	HS2	56	8943,9	-839,1
268	6	23	607	HS2	55	9584,08	-198,92
269	6	24	599	HS2	53	9523,01	-259,99
270	6	25	596	HS2	52	11030,82	1247,82
271	6	26	582	HS2	48	7117,3	-2665,7
272	6	27	581	HS2	47	10392,12	609,12
273	6	28	579	HS2	46	8759,53	-1023,47
274	6	29	578	HS2	45	10903,88	1120,88
275	6	30	573	HS2	42	9989,8	206,8
276	6	31	572	HS2	41	9519,94	-263,06
277	6	32	571	HS2	40	9129,19	-653,81
278	6	33	569	HS2	36	8627,72	-1155,28
279	6	34	714	HS2	84	8596,07	-1186,93
280	6	35	719	HS2	85	10354,73	571,73
281	6	36	759	HS2	91	8901,1	-881,9
282	6	37	792	HS2	99	9068,75	-714,25
283	6	38	826	HS2	104	10904,34	1121,34
284	6	39	827	HS2	105	9205,88	-577,12
285	6	40	836	HS2	107	8573,17	-1209,83
286	6	41	838	HS2	108	8594,61	-1188,39
287	6	42	866	HS2	113	10750,84	967,84
288	6	43	869	HS2	115	8994,17	-788,83
289	6	44	878	HS2	121	11383,33	1600,33
290	6	45	880	HS2	122	8082,88	-1700,12
291	6	46	885	HS2	125	10780,02	997,02
292	6	47	887	HS2	126	10688,3	905,3
293	6	48	899	HS2	128	9961,97	178,97
294	6	49	900	HS2	129	9197,34	-585,66
Média						9783,00	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Cultivar	Test	Linh N	PG	CGC exp
295	7	1	790	HS2	98	11514,11	2148,213
296	7	2	529	HS2	9	10320,06	954,1629
297	7	3	1378	HS2	136	9872,3	506,4029
298	7	4	762	HS2	92	11989,38	2623,483
299	7	5	532	HS2	11	9854,7	488,8029
300	7	6	543	HS2	18	11144,33	1778,433
301	7	7	545	HS2	20	9500,34	134,4429
302	7	8	876	HS2	120	10937,18	1571,283
303	7	9	862	HS2	112	10780,32	1414,423
304	7	10	632	HS2	63	7840,8	-1525,1
305	7	11	755	HS2	90	8935,75	-430,147
306	7	12	658	HS2	71	1535,26	-7830,64
307	7	13	672	HS2	76	11066,49	1700,593
308	7	14	870	HS2	116	11888,81	2522,913
309	7	15	1377	HS2	135	2259,15	-7106,75
310	7	16	1380	HS2	137	10682,14	1316,243
311	7	17	1389	HS2	143	5147,95	-4217,95
312	7	18	670	HS2	74	13862,59	4496,693
313	7	19	695	HS2	80	10283,88	917,9829
314	7	20	705	HS2	82	9895,16	529,2629
315	7	21	728	HS2	87	10410,78	1044,883
316	7	22	780	HS2	96	10933,03	1567,133
317	7	23	556	HS2	27	9865,56	499,6629
318	7	24	547	HS2	22	9858,44	492,5429
319	7	25	XB8010	-	169	9442,53	T
320	7	26	526	HS2	7	10988	1622,103
321	7	27	141	HS2	1	8440,61	-925,287
322	7	28	511	HS2	2	8840,51	-525,387
323	7	29	527	HS2	8	9472,14	106,2429
324	7	30	856	HS2	111	7103,52	-2262,38
325	7	31	815	HS2	101	10170,84	804,9429
326	7	32	872	HS2	118	8283,8	-1082,1
327	7	33	835	HS2	106	8091,09	-1274,81
328	7	34	622	HS2	62	10029,41	663,5129
329	7	35	634	HS2	64	10621,05	1255,153
330	7	36	652	HS2	69	6862,97	-2502,93
331	7	37	871	HS2	117	13639,56	4273,663
332	7	38	873	HS2	119	10360,96	995,0629
333	7	39	1376	HS2	134	10461,58	1095,683
334	7	40	1388	HS2	142	4055,45	-5310,45
335	7	41	1393	HS2	147	6759,25	-2606,65
336	7	42	1416	HS2	160	9439,75	73,85293
337	7	43	688	HS2	79	11098,94	1733,043
338	7	44	AG9010	-	165	9583,62	T
339	7	45	XB7011	-	168	9588,23	T
340	7	46	AG1051	-	164	14427,42	T
341	7	47	P30F88	-	166	11437,08	T
342	7	48	P30F80	-	167	11566,23	T
343	7	49	P30F33	-	163	11846,81	T
Média						9652,85	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
344	8	1	1403	HS1	153	5640,94	-3517,28
345	8	2	1381	HS1	138	9509,37	351,1543
346	8	3	1400	HS1	152	10713,59	1555,374
347	8	4	556	HS1	27	11240,21	2081,994
348	8	5	614	HS1	58	8942,27	-215,946
349	8	6	574	HS1	43	11625,87	2467,654
350	8	7	634	HS1	64	7527,38	-1630,84
351	8	8	589	HS2	51	9850,82	-702,128
352	8	9	802	HS2	100	11667,35	1114,402
353	8	10	561	HS2	30	9400,29	-1152,66
354	8	11	727	HS1	86	3988,13	-5170,09
355	8	12	710	HS1	83	11984,28	2826,064
356	8	13	575	HS1	44	3726,7	-5431,52
357	8	14	772	HS1	94	7805,88	-1352,34
358	8	15	513	HS1	3	8785,28	-372,936
359	8	16	1391	HS1	145	9742,35	584,1343
360	8	17	1416	HS1	160	8508,19	-650,026
361	8	18	862	HS1	112	7990,52	-1167,7
362	8	19	1376	HS1	134	9024,16	-134,056
363	8	20	1386	HS1	140	9419,21	260,9943
364	8	21	818	HS1	102	11319,84	2161,624
365	8	22	1597	HS1	162	7819,55	-1338,67
366	8	23	575	HS2	44	9957,16	-595,788
367	8	24	561	HS2	30	9745,47	-807,478
368	8	25	562	HS2	31	11964,16	1411,212
369	8	26	1410	HS1	157	6369,36	-2788,86
370	8	27	868	HS1	114	9110,26	-47,9557
371	8	28	898	HS1	127	8961,74	-196,476
372	8	29	BR201	-	163	10405,74	T
373	8	30	1388	HS1	142	8160,57	-997,646
374	8	31	1390	HS1	144	9437,89	279,6743
375	8	32	600	HS1	54	7014,34	-2143,88
376	8	33	1405	HS1	155	10227,89	1069,674
377	8	34	786	HS1	97	10796,8	1638,584
378	8	35	835	HS1	106	10490,5	1332,284
379	8	36	755	HS1	90	9599,03	440,8143
380	8	37	567	HS2	34	10380,89	-172,058
381	8	38	1381	HS2	138	5120,08	-5432,87
382	8	39	583	HS2	49	12731,12	2178,172
383	8	40	635	HS1	65	10656,98	1498,764
384	8	41	651	HS1	68	10898,42	1740,204
385	8	42	632	HS1	63	11559,97	2401,754
386	8	43	621	HS1	61	10703,89	1545,674
387	8	44	546	HS1	21	8747,67	-410,546
388	8	45	567	HS1	34	12700,99	3542,774
389	8	46	876	HS1	120	11857,41	2699,194
390	8	47	543	HS1	18	9263,38	105,1643
391	8	48	BRS3060	-	167	11213,62	T
392	8	49	DKB390	-	166	12427,17	T
Média						9525,20	

Tabela 1A - continuação

N	EXP	Parcela	Linhagem	Test	Linh N	PG	CGC exp
393	9	1	906	SynD	130	9401,61	101,1199
394	9	2	908	SynD	131	8682,19	-618,301
395	9	3	1381	SynD	138	9175,45	-125,037
396	9	4	876	SynD	120	4120,20	-5180,3
397	9	5	880	SynD	122	11983,72	2683,223
398	9	6	885	SynD	125	9566,11	265,6137
399	9	7	900	SynD	129	9122,08	-178,415
400	9	8	563	SynD	32	9749,68	449,19
401	9	9	1394	SynD	148	10798,65	1498,159
402	9	10	1398	SynD	150	5647,54	-3652,95
403	9	11	1406	SynD	156	11345,56	2045,063
404	9	12	1411	SynD	158	10300,64	1000,148
405	9	13	1417	SynD	161	7232,97	-2067,52
406	9	14	571	SynD	40	11094,61	1794,12
407	9	15	589	SynD	51	9164,15	-136,344
408	9	16	572	SynD	41	10221,55	921,0549
409	9	17	575	SynD	44	7115,46	-2185,04
410	9	18	578	SynD	45	10765,59	1465,094
411	9	19	582	SynD	48	8387,98	-912,51
412	9	20	596	SynD	52	10390,02	1089,525
413	9	21	551	SynD	24	9918,42	617,9265
414	9	22	560	SynD	29	8046,84	-1253,65
415	9	23	607	SynD	55	8103,12	-1197,37
416	9	24	608	SynD	56	12877,69	3577,194
417	9	25	908	HS2	131	11196,98	3142,221
418	9	26	1385	HS2	139	7053,29	-1001,47
419	9	27	1394	HS2	148	9686,54	1631,782
420	9	28	1398	HS2	150	6350,65	-1704,11
421	9	29	1399	HS2	151	5464,65	-2590,11
422	9	30	1404	HS2	154	9098,53	1043,764
423	9	31	1406	HS2	156	8171,75	116,9934
424	9	32	1411	HS2	158	9518,01	1463,249
425	9	33	1415	HS2	159	7107,69	-947,071
426	9	34	1417	HS2	161	9028,06	973,2945
427	9	35	541	HS1	16	9038,49	590,9767
428	9	36	533	HS1	12	10139,91	1692,398
429	9	37	532	HS1	11	12321,18	3873,667
430	9	38	906	HS2	130	5926,22	-2128,54
431	9	39	1406	HS1	156	7732,57	-714,939
432	9	40	1404	HS1	154	4432,30	-4015,21
433	9	41	1399	HS1	151	6051,70	-2395,81
434	9	42	1398	HS1	150	8076,74	-370,767
435	9	43	1394	HS1	148	9511,92	1064,406
436	9	44	1385	HS1	139	8330,35	-117,156
437	9	45	908	HS1	131	10266,30	1818,793
438	9	46	1415	HS1	159	6891,88	-1555,63
439	9	47	1417	HS1	161	9382,74	935,229
440	9	48	1411	HS1	158	8305,87	-141,641
441	9	49	906	HS1	130	7783,20	-664,314
Média						8777,13	

Tabela 2A – Resultados das análises de variância do Experimento 1, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	78280,201	0,041	0,255	281,184	270979200,000	0,065
BL/REP(AJ)	12	1716770,885	1,886	1,731	207,112	52818359,964	0,029
TRAT (AJ)	48	5397479,255**	3,899**	2,868*	295,806**	345790009,208**	0,046**
Erro efetivo	36	1679933,849	1,234	1,469	101,501	103657436,123	0,013
Ø g		1858772,703	1,333	0,700	97,153	121066286,543	0,016
Ø f		2698739,627	1,950	1,434	147,903	172895004,604	0,023
H² média		0,69	0,68	0,32	0,66	0,70	0,71
Média		9322,67	60,73	61,01	229,33	58730,14	1,18
CV e		13,903	1,829	1,986	4,393	17,336	9,840
CV g		14,624	1,901	1,371	4,298	18,735	10,893
CVg/CVe		1,052	1,039	0,690	0,978	1,081	1,107

** , * significância a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 3A – Resultados das análises de variância do Experimento 2, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REPE	1	5145911,558	1,235	4,500	259,106	125969261,878	0,065
BL/REP(AJ)	12	4802261,579	5,759	3,393	161,961	54777719,270	0,024
TRAT (AJ)	48	8674285,162**	2,570 ^{ns}	1,994 ^{ns}	306,765**	321558338,588**	0,042 ^{ns}
Erro efetivo	36	2804908,377	1,532	1,426	85,631	95983440,913	0,050
Ø g		2934688,392	0,519	0,284	110,567	112787448,837	0,000
Ø f		4337142,581	1,285	0,997	153,382	160779169,294	0,021
H² média		0,68	0,40	0,28	0,72	0,70	0,00
Média		8929,64	60,32	60,85	234,02	57974,35	1,14
CVe %		18,755	2,052	1,963	3,954	16,899	19,701
CVg %		19,184	1,195	0,876	4,493	18,319	0,000
CVg/CVe		1,023	0,582	0,446	1,136	1,084	0,000

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 4A – Resultados das análises de variância do Experimento 3, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	930920,379	1,469	13,224	7,439	503908793,153	0,108
BL/REP(AJ)	12	2148077,921	2,577	1,189	64,510	173216244,701	0,043
TRAT (AJ)	48	7641527,390*	2,292 ^{ns}	2,418**	307,922**	249762340,86 ^{ns}	0,054 ^{ns}
Erro efetivo	36	4171375,489	1,646	0,957	92,415	260907681,165	0,039
Ø g		1735075,950	0,323	0,730	107,753	0,000	0,008
Ø f		3820763,695	1,146	1,209	153,961	124881170,431	0,027
H² média		0,45	0,28	0,60	0,70	0,00	0,29
Média		9523,09	60,63	61,00	234,95	62584,97	1,09
CVe		21,447	2,116	1,604	4,092	25,809	17,953
CVg		13,832	0,937	1,401	4,418	0,000	8,036
CVg/CVe		0,645	0,443	0,874	1,080	0,000	0,448

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F,^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 5A – Resultados das análises de variância do Experimento 4, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	8735298,338	0,500	0,010	154,378	3497634,653	0,063
BL/REP(AJ)	12	2044508,220	0,976	2,022	339,009	43180262,403	0,019
TRAT (AJ)	48	6672660,127**	2,463 ^{ns}	1,663 ^{ns}	369,83 ^{ns}	221836352,49**	0,030*
Erro efetivo	36	2023474,886	2,063	1,651	243,484	87434963,903	0,017
Ø g		2324592,621	0,200	0,006	63,175	67200694,294	0,007
Ø f		3336330,064	1,231	0,831	184,917	110918176,245	0,015
H² média		0,70	0,16	0,01	0,34	0,61	0,44
Média		10017,25	60,85	61,17	236,21	67082,33	1,08
CVe		14,200	2,361	2,100	6,606	13,939	12,020
CVg		15,220	0,734	0,128	3,365	12,220	7,564
CVg/CVe		1,072	0,311	0,061	0,509	0,877	0,629

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F,^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 6A – Resultados das análises de variância do Experimento 5, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	438315,469	1,020	2,296	578,000	6859808,000	0,001
BL/REP(AJ)	12	2025492,212	1,461	1,332	86,476	43764524,250	0,016
TRAT (AJ)	48	3203019,881 ^{ns}	1,503 ^{ns}	2,042 ^{ns}	211,823**	188875449,726 ^{ns}	0,014 ^{ns}
Erro efetivo	36	5090014,094	1,707	1,728	73,247	145827745,222	0,009
Ø g		0,000	0,000	0,157	69,288	21523852,252	0,002
Ø f		1601509,940	0,751	1,021	105,912	94437724,863	0,007
H ² média		0,00	0,00	0,15	0,65	0,23	0,33
Média		10190,02	59,76	59,93	234,94	61866,96	1,05
CVe		22,140	2,186	2,194	3,643	19,519	9,119
CVg		0,000	0,000	0,660	3,543	7,499	4,575
CVg/CVe		0,000	0,000	0,301	0,973	0,384	0,502

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F,^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 7A – Resultados das análises de variância do Experimento 6, para as características: produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	216870,394	0,367	0,041	341,724	270992503,020	0,004
BL/REP(AJ)	12	1621710,955	1,522	1,481	119,927	108993388,175	0,031
TRAT (AJ)	48	3314622,606 ^{ns}	1,678*	1,414*	210,475 ^{ns}	200930678,472 ^{ns}	0,024**
Erro efetivo	36	4656298,692	0,938	0,764	130,213	200767044,219	0,011
Ø g		0,000	0,370	0,325	40,131	81817,127	0,007
Ø f		1657311,303	0,839	0,707	105,238	100465339,236	0,012
H ² média		0,00	0,44	0,46	0,38	0,001	0,55
Média		9783,00	61,31	61,49	236,19	63945,59	1,04
CVe		22,057	1,579	1,421	4,831	22,158	9,960
CVg		0,000	0,992	0,928	2,682	0,447	7,841
CVg/CVe		0,000	0,628	0,653	0,555	0,020	0,787

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F,^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 8A – Resultados das análises de variância do Experimento 7, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	1128270,230	3,306	11,796	28,663	171476680,500	0,001
BL/REP(AJ)	12	1871638,318	1,068	1,224	167,342	121333472,238	0,031
TRAT (AJ)	48	12712614,079**	2,584**	1,642 ^{ns}	436,024**	292835185,317**	0,030 ^{ns}
Erro efetivo	36	2213127,541	0,923	1,213	88,770	128735813,448	0,026
Ø g		5249743,269	0,830	0,215	173,627	82049685,934	0,002
Ø f		6356307,040	1,292	0,821	218,012	146417592,658	0,015
H ² média		0,83	0,64	0,26	0,80	0,56	0,13
Média		9652,85	61,14	61,31	230,52	56727,15	1,12
CVe		15,412	1,572	1,796	4,087	20,001	14,483
CVg		23,736	1,490	0,756	5,716	15,968	3,990
CVg/CVe		1,540	0,948	0,421	1,399	0,798	0,276

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 9A – Resultados das análises de variância do Experimento 8, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	740217,685	1,469	2,949	602,541	45353288,000	0,004
BL/REP(AJ)	12	2265096,489	1,184	1,866	204,422	96792676,619	0,031
TRAT (AJ)	48	8823693,207**	3,258**	2,904*	296,491**	235394063,154 ^{ns}	0,049 ^{ns}
Erro efetivo	36	2456251,998	1,259	1,383	92,902	143660403,183	0,033
Ø g		3183720,605	1,000	0,761	101,795	45866829,986	0,008
Ø f		4411846,604	1,629	1,452	148,246	117697031,577	0,025
H ² média		0,72	0,610	0,52	0,69	0,39	0,32
Média		9525,20	60,160	60,42	234,42	52532,16	1,19
CVe		16,454	1,865	1,946	4,112	22,816	15,418
CVg		18,732	1,662	1,444	4,304	12,892	7,437
CVg/CVe		1,138	0,891	0,742	1,047	0,565	0,482

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.

Tabela 10A – Resultados das análises de variância do Experimento 9, para as características produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹), florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), estande (EST, plantas.ha⁻¹) e prolificidade (PRL, espigas/planta)

F.V.	G.L.	QM					
		PG	FM	FF	AP	EST	PRL
REP	1	1722344,137	10,449	12,500	782,949	0,092	0,00023
BL/REP(AJ)	12	4332176,791	1,687	1,833	51,806	151872114,485	0,03
TRAT (AJ)	48	7185153,735**	2,352 ^{ns}	2,626*	885,940**	256427275,914*	0,075**
Erro efetivo	36	2991886,317	1,410	1,545	135,941	140535464,482	0,031
Ø g		2096633,709	0,471	0,541	374,999	57945905,716	0,022
Ø f		3592576,868	1,176	1,313	442,970	128213637,957	0,037
H² média		0,58	0,40	0,41	0,85	0,45	0,59
Média		8864,32	60,92	60,91	219,77	54195,03	1,16
CVe		19,513	1,950	2,041	5,305	21,874	15,140
CVg		16,335	1,127	1,207	8,812	14,046	12,825
CVg/CVe		0,837	0,578	0,592	1,661	0,642	0,847

** , * , significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} é não significativo a 5%.