



UFG

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE HÍBRIDOS
SIMPLES DE MILHO E INTERAÇÃO COM
ÉPOCAS DE PLANTIO**

LAÍS LOPES DE CASTRO

Orientadora:

Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende

Co-orientadores:

Prof. Dr. Márcio Lisboa Guedes

Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese

2. Nome completo do autor

Laís Lopes de Castro

3. Título do trabalho

“Capacidade de combinação de híbridos simples de milho e interação com épocas de plantio”

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação.

O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **LAIS LOPES DE CASTRO, Discente**, em 06/08/2020, às 08:20, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).

Documento assinado eletronicamente por **Marcela Pedrosa Mendes Resende, Professora do Magistério Superior**, em 14/08/2020, às 10:25, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1468158** e o código CRC **8549FC31**.

Referência: Processo nº 23070.032171/2020-21

SEI nº 1468158

LAÍS LOPES DE CASTRO

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES
DE MILHO E INTERAÇÃO COM ÉPOCAS DE PLANTIO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestra em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende

Co-orientadores:

Prof. Dr. Márcio Lisboa Guedes

Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo

Goiânia, GO - Brasil

2020

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do
Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Lopes de Castro, Laís

Capacidade de combinação de híbridos simples de milho e interação
com épocas de plantio [manuscrito] / Laís Lopes de Castro. - 2020.
LXXV, 75 f.: il.

Orientador: Profa. Dra. Marcela Pedroso Mendes Resende; co
orientadora Dra. Márcio Lisboa Guedes; co-orientador Dr. Patrícia
Guimarães Santos Melo.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola
de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e
Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2020.

Bibliografia. Anexos. Apêndice.

1. melhoramento de plantas. 2. Zea mays L.. 3. análise dialélica.
4. Griffing. 5. GxA. I. Pedroso Mendes Resende, Marcela, orient. II.
Título.

CDU 633



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº **142/2020** da sessão de Defesa de Dissertação de **Laís Lopes de Castro**, que confere o título de Mestre(a) em GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, na área de concentração em GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS.

Aos **trinta dias do mês de julho do ano de dois mil e vinte (30/07/2020)**, a partir das 14h00, realizou-se, por **vídeo-conferência**, a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada “**Capacidade de combinação de híbridos simples de milho e interação com épocas de plantio**”. Os trabalhos foram instalados pela **Prof.^a Marcela Pedroso Mendes Resende - orientadora (EA/UFG)** com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: **Prof.^a Patrícia Guimarães Santos Melo - coorientadora (EA/UFG)**, membro titular interno; **Prof. Edésio Fialho dos Reis - membro titular interno (UFJ)**; e **João Cândido de Souza - membro titular externo (UFLA)**. Durante a arguição os membros da banca **não fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido a candidata **aprovada** pelos seus membros. Proclamados os resultados pela **Prof.^a Marcela Pedroso Mendes Resende - orientadora (EA/UFG)**, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente Ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, aos **trinta dias do mês de julho do ano de dois mil e vinte (30/07/2020)**.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA



Documento assinado eletronicamente por **Marcela Pedroso Mendes Resende, Professora do Magistério Superior**, em 03/08/2020, às 10:50, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Patrícia Guimarães Santos Melo, Professor do Magistério Superior**, em 03/08/2020, às 17:28, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Edésio Fialho Dos Reis, Professor do Magistério Superior**, em 17/08/2020, às 09:58, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **João Cândido de Souza, Usuário Externo**, em 31/08/2020, às 16:04, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1445082** e o código CRC **81387259**.

Referência: Processo nº 23070.032171/2020-21

SEI nº 1445082

*“Deus nos ensinou a não aceitar
facilidades, mas a encontrar Vida na
dureza da Cruz; e até porque, jamais nos
faltarão cruzes.”*

Pe. Rodrigo Pereira

Aos meus pais Silvana e Cídio, aos meus
avós Irca, José, Francelina (*in memoriam*),
Jerônimo (*in memoriam*), ao meu irmão
Lucas,

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus pela minha vida, por todas as graças concedidas a mim durante minha estadia em Goiânia, me proporcionando conforto longe de casa, colocando em meu caminho pessoas amigas, e fez com que essa etapa em minha vida fosse um grande marco de crescimento pessoal e profissional. Sei que nada de mim seria sem a proteção divina d'Ele. Obrigada por me mostrar o quão grande és Tu, e quão grande são as obras que o Senhor tem reservadas para mim.

Aos meus pais, Silvana Lopes e Cídio de Castro pelo amor, confiança, aconselhamento e exemplo de honestidade, comprometimento e união familiar; por sempre terem estabelecido como prioridade em suas vidas proporcionar a mim e meu irmão a melhor educação, e por não medirem esforços em me ajudar a permanecer cursando o mestrado apesar das dificuldades enfrentadas ao longo do curso.

Aos meus avós Irca Maria, José Lopes, Francelina de Castro (*in memoriam*) e Jerônimo Soares (*in memoriam*), sempre presentes na minha educação, que deixam um legado para mim de amor, união, fé, trabalho e resiliência, e que também não mediram esforços em me ajudar a permanecer cursando o mestrado em outra cidade.

Ao meu irmão Lucas Lopes pela parceira, por muitas vezes acompanhar minhas atividades e compartilhar de muitos sonhos comigo.

A todos os meus familiares e noivo, pelo apoio, tenho a convicção que esta conquista é o reflexo do amor de vocês para comigo.

À Universidade Federal de Goiás, pela ótima estrutura física e corpo docente da Universidade e pela oportunidade de cursar o mestrado. À Fundação de Amparo e Pesquisa no Estado de Goiás (FAPEG), pela bolsa concedida.

Aos meus mestres, em especial à minha professora orientadora Marcela Mendes pela orientação, atenção para comigo e valiosos conhecimentos transmitidos. Aos meus co-orientadores Márcio Guedes e Patrícia Melo pelo auxílio no desenvolvimento do trabalho e ensinamentos. E a todos os demais professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGMP) da UFG pelas orientações, conhecimentos compartilhados, e competência no que fazem. Meu muito obrigada!

À minha amiga e colega de apartamento Nayana Valéria pela amizade, ajuda e companhia em Goiânia.

Aos meus colegas do (PPGGMP) em especial Flávio Pereira, Ailton Filho, Priscilla Neves, Luma Cascão, Nayana Valéria, Juliana, Antônia, Diogo, Angelina, Ikio Aline, Pedro Henrique, e aos colegas do Grupo de Estudos em Melhoramento de Plantas (GEMP), em especial Felipe, Alexandre, João Abrão, Marcos, Raoni, Eduardo, Luiz Pureza, Paulo Lino, Velma, Josivaldo, Jeová, Renara, Lucas, Lara, Marcela, Túlio, pela amizade, ótimo convívio, momentos de descontração e auxílio nos trabalhos de campo e análise de dados.

Aos funcionários do setor de Máquinas Agrícolas da Escola de Agronomia, Vicente, Paulo César, Bosco e Lamartine. Aos funcionários da Ridesa, Djavan, Gilmar e Antônio, pelo auxílio na condução, avaliação e colheita do experimento em campo.

Agradeço a todos que de alguma forma somaram forças comigo, para que este trabalho pudesse ser cumprido com êxito.

Muito Obrigada!

Sumário

RESUMO.....	6
ABSTRACT.....	7
1 INTRODUÇÃO.....	8
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	11
2.1 MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO.....	11
2.1.1 Heterose, tipos de híbrido e formação de populações.....	11
2.1.2 Cruzamentos dialélicos.....	14
2.2 INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES.....	17
2.3 REFERÊNCIAS.....	20
3 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO E INTERAÇÃO COM ÉPOCAS DE PLANTIO.....	24
3.1 INTRODUÇÃO.....	25
3.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	26
3.2.1 Genótipos.....	Erro! Indicador não definido.
3.2.2 Condução dos experimentos.....	26
3.2.3 Características Avaliadas.....	28
3.2.4 Análise dialélica.....	30
3.2.5 Análise da interação de genótipos com ambientes.....	33
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
3.3.1 Análises dialélicas conjuntas.....	33
3.3.2 Análises dialélicas individuais.....	37
3.3.3 GGE Biplot.....	58
3.4 CONCLUSÕES.....	Erro! Indicador não definido.
3.5 REFERÊNCIAS.....	64
APÊNDICES.....	70
ANEXOS.....	74

RESUMO

CASTRO, L. L. **Capacidade de combinação de híbridos simples de milho e interação com épocas de plantio.** 2020. 75 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2020.¹

As altas produtividades obtidas na cultura do milho e os incrementos em produção mundial são principalmente devidos aos avanços obtidos com o potencial produtivo. Dentro dos programas de melhoramento genético uma das tomadas de decisões mais importantes é a formação e escolha das populações-base usadas no melhoramento, pois são delas que serão extraídas as linhagens superiores, assim devem reunir alelos favoráveis para características de interesse, e para isso é necessário a inclusão de genitores na genealogia de uma população. Uma boa estratégia para a formação de populações-base é a identificação de híbridos simples de alto rendimento com capacidades de combinação altas para as características de interesse. O objetivo deste trabalho foi identificar genitores e cruzamentos promissores para formação de populações para o programa de melhoramento de milho da UFG, considerando quatro épocas de plantio. Para a identificação dos melhores genitores a compor a nova população-base foram avaliados em Goiânia-GO em quatro épocas de plantio durante a safra 2018/2019 sob delineamento genético dialélico completo, 6 genitores (híbridos simples) e 15 cruzamentos (híbridos duplos) totalizando 21 tratamentos no esquema dialélico e mais 5 testemunhas para fins de comparação de médias. Como o comportamento dos genótipos é muito influenciado pelas variações ambientais realizou-se a análise de interação de genótipos com ambientes tipo GGE Biplot. As características de altura de plantas e altura de espigas podem ser usadas para seleção nos quatro ambientes com base nos valores de CGC. Não houve padrão de comportamento das estimativas de coeficiente de determinação (R^2) ao longo dos quatro experimentos. O genitor G1 se mostrou melhor para diminuição do ciclo do milho com valores de GGC para FF e FM negativos, mas de maneira geral apresentou valores ruins para CGC e CEC. Os genitores G2, G3 e G4 se mostraram com os melhores valores de CGC para os componentes primários de produção, e o genitor G5 como o mais estável, ainda que com CGC inferior à média geral. O cruzamento G1 x G2 obteve maior CEC e ao mesmo tempo foi o mais instável. Os cruzamentos G1 x G4, G3 x G6 e G1 x G6 foram os mais estáveis e com valores de CEC maiores que a média geral.

Palavras-chave: melhoramento de plantas, *Zea mays* L., análise dialélica, Griffing, GxA, GGE Biplot.

¹Orientadora: Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende. EA-UFG.

¹Co-orientadores: Prof. Dr. Márcio Lisboa Guedes, EA-UFG.

Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG.

ABSTRACT

CASTRO, L. L. **Combining ability of simple maize hybrids and interaction with planting season.** 2020. 75 f. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2020.¹

The high yield obtained in the corn crop and the increases in world production are due to the advances obtained with the genetic breeding. The high productivity obtained in the corn crop and the increases in world production are due to the advances obtained with the genetic improvement. Within the breeding programs, one of the most important decision-making is the formation and choice of the base populations used in the breeding, as they are the ones that will extract the superior strains, so they must gather favorable alleles for characteristics of interest, and for that it is necessary to include several parents in the genealogy of a population. A good strategy for the formation of base populations is the identification of simple high-performance hybrids with high combining capacities for the characteristics of interest. The objective of this study was to identify promising parents and crosses for population formation for the UFG maize breeding program, considering four planting seasons. For the identification of the best parents to compose the new base population, they were evaluated in Goiânia-GO in four planting seasons during the 2018/2019 harvest under a complete diallel genetic design, 6 parents (simple hybrids) and 15 crosses (double hybrids) totaling 21 treatments in the diallel scheme and 5 other controls for comparison purposes. As the behavior of the genotypes is greatly influenced by environmental variations, the analysis of genotype interaction with environments like GGE Biplot was performed. The plant height and ear height characters can be used for selection in the four environments based on the CGC values. There was no pattern of behavior for the determination coefficient estimates (R^2) over the four experiments. Parent G1 was better for decreasing the corn cycle with negative flowering values, but in general it presented poor values for CGC and CEC. Parents G2, G3 and G4 showed the best CGC values for the primary production components, and parent G5 as the most stable, although with CGC below the general average. The G1 x G2 cross obtained the highest CEC and at the same time was the most unstable. The G1 x G4, G3 x G6 and G1 x G6 crosses were the most stable and with CEC values higher than the general average.

Keywords: plant breeding, *Zea mays* L., diallel analysis, Griffing, GxE, GGE Biplot.

¹Advisor: Prof. Dr. Marcela Pedroso Mendes Resende. EA-UFG.

¹Co- Advisors: Prof. Dr. Márcio Lisboa Guedes, EA-UFG.

Prof. Dr. Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG.

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma das plantas cultivadas de maior importância econômica e está entre os grãos que dominam o mercado agrícola mundial, junto com arroz, trigo e soja. É um dos cereais mais produzidos no mundo e apresenta o maior incremento em produtividade perante outras culturas graníferas (Garcia et al., 2006). O Brasil é o terceiro maior produtor deste cereal em quantidade e em área plantada, ficando atrás apenas dos Estados Unidos e da China (USDA, 2020).

A produção de milho no Brasil no ano agrícola 2019/2020 está estimada para 100,1 milhões de toneladas, algo semelhantes com a produção do ano agrícola de 2018/2019 com 100,04 milhões de toneladas. A produtividade do milho total (primeira, segunda e terceira safra) no ano agrícola 2019/2020 está estimada em 5.593 kg.ha⁻¹, cerca de 2,2 % menor que a observada na safra anterior (2018/2019) (Conab, 2020.). A queda na estimativa de produtividade do milho se deve ao atraso no plantio da soja pela desuniformidade das chuvas no início da primeira safra, que refletiu em atraso do plantio das áreas de milho, e pela pluviosidade que desacelerou o período de colheita da soja e conseqüentemente plantio do milho. A projeção da produção mundial de milho na safra 2019/2020 é de 1,1 bilhões de toneladas, sendo que 9,08% deste montante deve ser produzido pelo Brasil, assim como de 192,05 milhões de hectares plantados em todo o mundo com milho, 9,43% são em território brasileiro (USDA, 2020).

O melhoramento genético é o principal fator para o desenvolvimento da cultura do milho e aumento de produtividade desta cultura. O melhoramento genético ao longo de anos foi construindo, basicamente, genótipos mais produtivos e resistentes a doenças e condições climáticas adversas, fazendo uso das mais diversas técnicas de avanço de gerações, seleções, cruzamentos controlados, análise de dados entre outros. Neste sentido, o melhoramento de populações de milho visa aumentar a frequência de alelos favoráveis para características de interesse nestas populações, utilizando diferentes métodos de seleção (Paterniani & Viégas, 1987; Bueno et al., 2006).

Na implementação de um programa de melhoramento genético de milho necessita-se da formação de populações-base para servir de fontes de extração de linhagens.

Os métodos de seleção recorrente são usados para a formação dessas populações-base, mas é considerado moroso e dispendioso para ser praticado nas rotinas de programas modernos de melhoramento de milho. As fontes principais para extração de novas linhagens têm sido formadas a partir de genótipos-elite como populações biparentais ou sintéticos de linhagens-elite. Outra maneira permitida no Brasil pela Lei de Proteção de Cultivares é a de usar qualquer cultivar comercial para pesquisa e como fonte de variabilidade para desenvolvimento de novas cultivares, uma alternativa muito interessante para início de programas de melhoramento pequenos e com pouco capital disponível no início (Guimarães et al., 2018).

Uma ferramenta importante no processo de escolha e seleção de genitores para a formação desta população-base são os cruzamentos dialélicos, que consistem em um esquema de cruzamentos de linhagens e/ou híbridos, onde se obtêm informações dos híbridos específicos formados. Os cruzamentos dialélicos são amplamente utilizados no melhoramento de milho usando linhagens como genitores para gerar informações a cerca da formação de híbridos simples (Miranda Filho & Gorgulho, 2001). E uma oportunidade seria o uso de híbridos simples que já reúnem muitos alelos favoráveis para a composição de um esquema dialélico. Por meio deste esquema seriam extraídas informações a cerca da capacidade de combinação de híbridos simples que poderiam compor uma população-base para formação de uma variedade sintética.

A interação de genótipos com ambientes é uma inconsistência no desempenho esperado dos genótipos, quando avaliados em ambientes diferentes, e esta tende a dificultar o trabalho de seleção e posicionamento de cultivares, principalmente quando trata-se de características com baixa herdabilidade como é o caso da produtividade (Bernardo, 2010). Tendo isto em vista, o melhorista deve conhecer os efeitos da interação de genótipos com ambientes que sempre estarão presentes, e levar em consideração durante as seleções de genótipos e no posicionamento e zoneamento destes genótipos. O estudo da interação de genótipos com ambientes em esquema de dialelo completo permite conhecer a performance de cada combinação específica em diferentes ambientes, informando sobre o comportamento dos genótipos e se há interação genótipos com ambientes presente no fenótipo. Assim, é possível conhecer o comportamento de cada combinação em diferentes épocas de plantio, por exemplo, também é possível, selecionar o melhor híbrido duplo, com estabilidade produtiva entre diferentes épocas de plantio.

Objetivou-se com este trabalho avaliar o comportamento de híbridos duplos de milho oriundos de um cruzamento dialélico completo, identificar as melhores combinações entre eles, poder selecionar os melhores genitores para comporem uma variedade sintética e gerar dados para predizer esta variedade sintética, de modo que ela seja uma população-base para extração de linhagens no programa de melhoramento genético de milho da UFG.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea pertencente à família Poaceae, monoica, e que apresenta protandria, características que favorecem a alogamia desta espécie, que apresenta cerca de 95% de fecundação cruzada (Paterniani & Campos, 2005; Souza Júnior, 2001). De forma geral, o objetivo do melhoramento de milho, como qualquer outro programa de melhoramento, é acumular alelos favoráveis para características de interesse agrônomo em um indivíduo ou população. Algumas características fenotípicas importantes para o milho são altura de planta, altura de inserção da espiga, número de plantas cujo colmo apresenta-se quebrado ou acamado, prolificidade, resistência à pragas e doenças, além da produtividade e componentes da produção, como número de grãos na espiga, número de fileiras de grãos, entre outros (Granate et al., 2001; Hallauer, 2011).

O ideótipo do milho é descrito por Borém & Miranda (2013) com características que conferem o máximo potencial produtivo. São desejadas folhas verticais acima da espiga, e folhas horizontais abaixo da espiga; máxima eficiência fotossintética; eficiente transporte de produtos da fotossíntese para os grãos; pequeno intervalo de tempo entre a deiscência do pólen e a emergência dos estilo-estigmas; maior número de espigas; pequeno tamanho do pendão; insensibilidade à fotoperiodismo. Para genótipos cultivados em regiões de baixa temperatura, almeja-se tolerância das sementes e plântulas ao frio; período prolongado de enchimento dos grãos; e senescência compassada das folhas. Além disso, o genótipo deve apresentar as demais qualidades agrônomicas indispensáveis, tais como resistência a pragas e doenças, alta qualidade de grãos, alta produtividade, etc.

2.1.1 Heterose, tipos de híbrido e formação de populações

Um dos objetivos do melhoramento genético de milho é explorar ao máximo a heterose, ou seja, quando o resultado do cruzamento (híbrido) apresenta performance superior à média dos pais. Para que ocorra heterose, é necessário que os genitores sejam divergentes para locos que controlam o caráter de interesse, e que ocorra interação alélica de dominância nesses locos. O conhecimento desta característica do milho é que norteia as

decisões de aplicações de métodos de melhoramento e seleção, assim como o tipo de produto comercial que deve ser desenvolvido fazendo uso dos benefícios da heterose. A heterose corresponde a superioridade da geração F_1 em uma ou mais características quando comparada ao valor médio das genitores. Superioridade essa expressada por meio de aumento do vigor da planta, altura, produtividade, entre outros (Borém & Miranda, 2013). E a heterose pode ser explorada com a formação de milhos híbridos, que são o resultado do cruzamento de duas ou mais linhagens endogâmicas contrastantes para características de interesse (Fehr, 1987).

Diante das vantagens que a heterose proporciona, os dois maiores interesses em fazer uso da heterose, por meio da produção de híbridos, é pelo aumento na produtividade da cultura, e pela oportunidade comercial em se desenvolver um produto que é adquirido todo ano pelo produtor rural (Fehr, 1987; Bueno et al., 2006).

Os híbridos podem ser classificados em: “Top-cross”, híbrido simples, híbrido triplo, híbrido duplo, híbrido múltiplo e híbrido intervarietal (Bueno et al., 2006). Os híbridos top cross são oriundos do cruzamento de um conjunto de linhagens de um determinado conjunto (fixo ou aleatório) com um mesmo testador (Davis, 1927). Os híbridos simples são produto do cruzamento de duas linhagens endogâmicas, geralmente de grupos heteróticos diferentes. Os híbridos triplos são produto do cruzamento de um híbrido simples com uma terceira linhagem, e os híbridos duplos são oriundos do cruzamento de dois híbridos simples diferentes, ou seja, são necessárias quatro linhagens para obter um híbrido duplo (Souza Júnior, 2001).

Os híbridos duplos possuem a vantagem sobre os híbridos simples de que a obtenção dos parentais é feita a partir de híbridos simples, que são muito mais produtivos que as linhagens endogâmicas. Assim, o custo de produção da semente do híbrido duplo é, geralmente, menor que o custo de produção das sementes de híbridos simples. O mesmo acontece com o híbrido triplo, pois se utiliza um híbrido simples como genitor feminino, e a linhagem como genitor masculino (Souza Júnior, 2001).

Os híbridos múltiplos são aqueles oriundos de cruzamentos com mais de quatro linhagens envolvidas como genitores. O cruzamento entre um híbrido triplo e um híbrido simples seria um caso, em que teríamos mais que quatro linhagens envolvidas, neste caso cinco linhagens envolvidas, outro exemplo de híbrido múltiplo seria o cruzamento de dois híbridos triplos (Souza Júnior, 2001).

Os híbridos intervarietais são oriundos do cruzamento entre duas variedades de milho, com o intuito de explorar a heterose em nível interpopulacional. Este tipo de híbrido foi bastante utilizado no passado para as primeiras observações do fenômeno da heterose no milho, e em uso comercial no início da adoção de plantio de milho híbrido, uma vez que dispensava o trabalhoso processo de obtenção de linhagens. Os híbridos intervarietais ainda estão disponíveis no mercado brasileiro, ainda que em pequena porcentagem. Este tipo de híbrido pode ainda ser usado nas fases iniciais dos programas de melhoramento de milho (Souza Júnior, 2001; Souza, 2018).

Os híbridos supracitados podem ainda ser classificados como modificados, quando são utilizadas linhagens modificadas como genitoras. As linhagens modificadas são, na verdade, um cruzamento entre linhagens irmãs, oriundas da autofecundação da mesma planta. Com isso, as linhagens modificadas cruzadas com linhagens comuns tendem a serem um pouco mais produtivas que as linhagens comuns, pois expressam uma pequena heterose, fazendo com que o custo da semente do híbrido seja menor (Souza Júnior, 2001).

O mercado de sementes de milho gira em torno do comércio de sementes híbridas, por conta do teto produtivo que os genótipos possuem. Segundo levantamento realizado por Pereira Filho & Borghi (2018) na safra 2017/2018 havia 298 híbridos disponíveis no mercado de sementes de milho do Brasil, e apontam uma tendência de diminuição do número de híbridos comercializados, tendo em vista que entre as safras 2010/2011 e 2015/2016 o número de híbridos variou de 467 (2013/2014) a 498 (2010/2011), e na safra 2016/2017 houve uma queda nesse número, com 315 híbridos de milho disponíveis no mercado, número que diminuiu ainda mais para a safra 2017/2018 (298 híbridos). Dos híbridos disponíveis no mercado na safra 2017/2018, 65,43% eram cultivares com eventos transgênicos, e 34,56% híbridos convencionais.

Apesar de que a porcentagem de híbridos transgênicos disponíveis em relação aos convencionais não seja tão grande, constata-se em campo o grande uso da biotecnologia nos híbridos de milho, sendo que em 91,8% da área total de milho segunda safra, são utilizados híbridos transgênicos. Na safra 2017/2018 o tipo de cultivar de milho disponível no mercado em maior número foi o híbrido simples com 72,14%, ou seja, 215 híbridos do total de 298. Seguido dos híbridos simples, os híbridos triplos estão presentes no mercado com 10,74%, os híbridos duplos com 8,72%, e as variedades com 5,34% (Pereira Filho & Borghi, 2018). O custo de sementes quando compara-se cultivares pode variar bastante em razão basicamente do processo de produção de cada híbrido e do rendimento que cada tipo

proporciona; segundo Emygdio (2007) o custo médio de sementes de híbridos duplos é 46% inferior que sementes de híbridos simples. A adoção de híbridos simples no cultivo de milho é preconizada, em função do teto produtivo desse tipo de cultivar ser, em geral, maior que outros tipos de cultivares.

As populações alógamas são definidas como um grupo de indivíduos que constituem em conjunto de genes e são mantidas por meio de fecundação cruzada em um mesmo local e época. Essa população é formada por um grupo de plantas que podem se interacasalar livremente, e seus indivíduos compartilham um conjunto de genes. Essas características das populações alógamas são possíveis em razão do seu modo de reprodução, e pela história evolutiva da espécie, a qual delineou a origem da estrutura genética integrada de cada população, no caso de populações naturais. (Borém & Miranda, 2013).

Dentro dos programas de melhoramento genético uma das tomadas de decisões mais importantes é a formação e escolha das populações usadas no melhoramento, pois são delas que serão extraídas as linhagens superiores, sendo assim devem reunir alelos favoráveis para características de interesse. É a partir das populações-base que todo o melhoramento genético de milho se inicia. (Hallauer et al., 2010). Portanto as populações-base devem possuir variabilidade genética contidas em si, que propiciem a aplicação dos métodos de melhoramento, incluindo seleção de genótipos promissores, e assim os melhoristas consigam êxito com o programa de melhoramento.

A inclusão de diversos genitores na formação de uma população resulta em maior número de diferentes alelos para cada loco na população. É baseado neste princípio que as populações sintéticas são constituídas por vários genitores. E pelo modo de reprodução das populações de milho, ser ao acaso, na seleção de indivíduos é esperado que estes sejam heterozigotos para o loco sob seleção (Borém & Miranda, 2013). Assim, em seleções realizadas em populações uma boa estratégia para a formação de populações-base seria a identificação de populações promissoras, oriundas de híbridos simples de alto rendimento (Oliboni et al., 2013).

2.1.2 Cruzamentos dialélicos

A primeira etapa dos programas de melhoramento de milho geralmente consiste na formação da população base através da hibridação de genótipos superiores, permitindo a recombinação entre eles e a geração de variabilidade genética para o programa.

A escolha dos genótipos mais promissores para serem genitores nos programas é complexa, tendo em vista a grande quantidade de genótipos existentes à disposição dos melhoristas. A escolha assertiva de genitores garante direcionar esforços em genótipos potencialmente capazes de fornecer progênes superiores, essencial para a eficiência do programa de melhoramento.

A hibridação dos genitores pode ser realizada por meio de cruzamentos dialélicos, quando n genótipos são cruzados dois a dois visando obter o maior número de combinações possíveis. A partir da análise dialélica, é possível escolher os genitores que melhor se complementam, obter informações sobre o controle genético de características e prever compostos (Ramalho et al., 2012a). Miranda Filho (2018) considera que os esquemas dialélicos e top-crosses, os chamados delineamentos genéticos, foram essenciais no estudo e desenvolvimento de híbridos de milho.

O esquema de cruzamentos dialélicos pode ser completo, quando todos os n genótipos são cruzados dois a dois, podendo ser obtidas $n(n-1)/2$ combinações; ou parcial, quando n genótipos de um grupo é cruzado com m genótipos de outro grupo, obtendo-se mn combinações. Nesse caso, a vantagem é utilizar um maior número de genitores em um menor número de combinações (Miranda Filho, 2018; Ramalho et al., 1993; Ramalho et al., 2012a).

A análise dialélica pode ser realizada considerando ou não a informação dos genitores e dos híbridos recíprocos. Cruz et al. (2004) classificam os tipos de esquemas de dialelos em: a) dialelos balanceados (completos ou de meia-tabela); b) dialelos parciais; c) dialelos circulantes; d) dialelos incompletos; e) dialelos desbalanceados. Os dialelos balanceados incluem a informação dos híbridos (F_1 's) entre todos os pares de combinações dos genitores, sendo possível incluir na tabela, os genitores, os híbridos recíprocos, ou até outras gerações relacionadas, como F_2 's ou retrocruzamentos. Nos dialelos parciais, apenas uma amostra dos cruzamentos possíveis entre os genitores são realizados. Neste esquema, a avaliação é feita com os genitores dispostos em dois grupos, pertencentes ou não a um conjunto comum, sendo as inferências realizadas por grupo. Esse esquema foi proposto para viabilizar o estudo da capacidade combinatória quando há um grande número de genitores (Cruz et al., 2004).

Os dialelos circulantes são um tipo de dialelo parcial, que combina um grupo de genitores pertencentes a um conjunto comum, e que são representados em combinações híbridas por um número de vezes constante, ou seja, os genitores são representados por um mesmo número de cruzamentos, porém inferior que $n-1$. Nos dialelos incompletos os

genitores são representados por número variável de cruzamentos. Geralmente é usado quando há perda de tratamentos durante a condução dos ensaios ou ausência dele por outros motivos (insuficiência de sementes, incompatibilidade de cruzamentos, etc) (Cruz et al., 2004).

Nos dialelos desbalanceados todos os cruzamentos e demais gerações, como genitores e recíprocos estão representadas, porém em frequência variável, devido ao número diferente de repetições para cada tratamento. É importante salientar que, apesar dos dialelos completos ou balanceados serem muito úteis, possuem uma limitação no uso de um conjunto muito grande de genitores, em função do trabalho com as hibridações e com as avaliações de todas as combinações formadas (Cruz et al., 2004).

Alguns métodos foram propostos para o estudo de análise dialélica: o método de Hayman (1954), comumente usado quando os genitores representam uma amostra da população e se almeja obter dados sobre o controle genético do caráter; o método de Gardner & Eberhart (1966), útil na estimação da heterose; e o método de Griffing (1956). Este último é o mais frequentemente relatado, uma vez que são estimadas a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) (Hallauer et al., 2010; Ramalho et al., 2012a).

Espera-se que genitores com maiores estimativas de capacidade de combinação para o caráter avaliado possam dar origem à híbridos superiores, entretanto isto dependerá do valor genético de cada linhagem e da interação dos valores genéticos no híbrido formado por essas linhagens. Tal interação pode ser quantificada quando se dispõem de informações sobre a combinação específica formada. Utilizando o esquema dialélico, Tatum (1942) definiu os termos CGC e CEC. A CGC é o comportamento médio de cada genitor em cruzamento como as demais do grupo de genitores. A CEC é o efeito da expressão do híbrido que é adicional aos efeitos da capacidade geral de combinação dos pais, podendo melhorar ou piorar o caráter em estudo com relação ao que era esperado com base na CGC dos genitores (Miranda Filho e Gorgulho, 2001).

Os completos, podem ser estudados usando a metodologia desenvolvida por Griffing (1956) que os classifica em quatro métodos experimentais: a) método 1, que considera as informações dos híbridos, seus recíprocos e seus genitores, totalizando n^2 observações; b) método 2, que considera as informações apenas dos híbridos e genitores, totalizando $n(n+1)/2$ informações; c) método 3, que considera as informações dos híbridos e seus recíprocos, totalizando $n(n-1)$ observações; d) método 4, que considera apenas os

híbridos, totalizando $n(n-1)/2$ observações (Cruz et al., 2012; Ramalho et al., 2012a). Os cruzamentos dialélicos obtidos por meio do método de Griffing são delineamentos genéticos que estimam parâmetros úteis para o melhoramento. Os parâmetros que podem ser obtidos por meio do método de Griffing são: capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) e heterose média. A CGC do genitor indica o quanto este genitor se diferencia da média dos demais, sendo a interpretação deste parâmetro, relativa a sua magnitude negativa ou positiva conforme o caráter analisado, e assim poder identificar genitores superiores aos demais presentes no dialelo; ou seja, quando deseja-se reduzir a característica procura-se um genitor com menor CGC para tal caráter (negativo se possível). A CEC diz respeito aos efeitos gênicos não aditivos, e aqui são almejadas combinações com maior CEC, desde que esteja associado a um dos genitores com alta CGC (Coelho, 2019).

A identificação dos melhores híbridos simples, que serviriam de genitores para a formação da população-base, poderia ser feita fundamentada em informações de heterose e de capacidade geral e específica de combinação, informações estas, que podem ser obtidas com o esquema de cruzamento dialélico entre híbridos simples disponíveis no mercado de sementes (Oliboni et al., 2013). Este processo desenvolveria uma população-base para o programa de melhoramento da UFG, considerada como variedade sintética, uma vez que seria fruto do cruzamento entre mais de dois genitores. E o uso dos melhores híbridos simples como genitores na formação da nova população-base, faria com que a nova variedade reunisse muitos alelos favoráveis já compilados em outros programas de melhoramento.

2.2 INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES

O fenótipo (F) de um indivíduo é determinado pelo seu genótipo (G), pelo efeito do ambiente (A) em que está inserido, e pela interação de genótipos com ambientes (GA). Quando os genótipos são avaliados em vários ambientes, os valores da contribuição ambiental (A) tendem a se anularem e as médias fenotípicas podem ser consideradas estimativas dos valores genotípicos. Os desvios ambientais que influenciam o fenótipo dos indivíduos podem ser devidos a influência do microambiente (dentro do ambiente de avaliação) como diferenças na profundidade de semeadura, ataque de pragas, ou por macroambiente, podendo ser locais diferentes de plantios, plantio em safras e anos

diferentes, clima, entre outros. A interação de genótipos com ambientes ocorre quando os genótipos se expressam de maneira diferencial nos ambientes (Chaves, 2001).

Na interação de genótipos com ambientes, o termo ambiente pode ser tratado como biótico ou abiótico. O ambiente biótico engloba por exemplo a incidência de doenças, pragas no local de avaliação. O ambiente abiótico engloba locais e regiões de avaliação, épocas ou anos de plantio, entre outros. Pode ocorrer ainda outros cenários, como, por exemplo, diferentes tecnologias empregadas no cultivo (Garbuglio, 2018).

As características agronômicas, em sua maioria quantitativas, são avaliadas nos programas de melhoramento em parcelas experimentais. E quando conduzido em delineamento adequado, tendem a demonstrar a média geral dos genótipos como uma estimativa não viesada. A condução destes ensaios em várias localidades torna o programa mais oneroso, e qualquer ganho que se possa alcançar a partir dos estudos de interação de genótipos com ambientes, poderá contribuir para economia de recursos (Chaves, 2001). Isso porque a variação de seu comportamento seria mínimo entre os diferentes ambientes de avaliação, contudo, ainda não se conhece um genótipo com essa característica idealizada (Garbuglio, 2018).

A interação genótipos com ambientes deve ser entendida como um evento biológico e não meramente estatístico. A interação faz parte do processo evolutivo natural das plantas, com variabilidade de adaptação dos indivíduos, sendo beneficiados em alguns ambientes, e assim gerando indivíduos melhor adaptados a determinados locais (Chaves, 2001). A interação genótipos com ambientes é influenciada pela estabilidade de cada material avaliado. A estabilidade pode ser entendida por duas maneiras: homeostase individual, que é a capacidade tamponante em relação ao ambiente que cada indivíduo da população possui; ou ainda a homeostase populacional, quando cada indivíduo de uma dada população apresenta uma adaptação para faixas de variações ambientais. Entende-se que os resultados de interação genótipos com ambientes levando em conta o conceito de homeostase, são influenciados pela estrutura genética de cada população. Dessa maneira, espera-se que populações em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), por exemplo, apresentem maior homeostase populacional e conseqüentemente maior estabilidade quando comparado à híbridos. Contudo, este não é um conceito engessado, dado que genótipos de base genética estreita podem ser tão estáveis quanto genótipos de base genética ampla (Garbuglio, 2018).

Segundo Gama & Hallauer (1980) e Torres (1999), citados por Cruz et al. (2014), os processos para desenvolvimento de genótipos comerciais deveriam dar ênfase primeiramente em selecionar quanto às características de produção de grãos, e posteriormente quando se tivesse em mãos um grupo de genótipos elites, seriam feitos os estudos de adaptabilidade e estabilidade. Os controles genéticos para adaptabilidade e estabilidade devem ser independentes, tendo em vista a falta de correlação entre eles.

Um genótipo é considerado estável quando apresenta um desempenho o mais constante possível frente as variações ambientais. Já adaptabilidade é a capacidade de os genótipos assimilarem de forma vantajosa o estímulo ambiental. A identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica é uma das formas usadas para atenuar o efeito da interação genótipos com ambientes, e isso pode ser feito sob diferentes métodos desenvolvidos (Ramalho et al., 2012a).

O método de regressão linear não-segmentada de Eberhart e Russel (1966) pressupõe que a cultivar ideal é aquela com resposta positiva à melhoria das condições ambientais e comportamento altamente previsível (Ramalho et al., 2012a). O método de regressão linear bissegmentada de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) é um aperfeiçoamento da metodologia proposta inicialmente por Verma et al. (1978), onde tem-se a regressão linear bissegmentada, de forma que um segmento de reta seria ajustado à ambientes inferiores e outro segmento para ambientes superiores. Esta característica evita que genótipos ideais sejam descartados no caso de uma dupla inclinação quando avaliado em diferentes ambientes (Ramalho et al., 2012a).

O Método de Annichiarico (1992) estima o risco da adoção de uma nova cultivar em relação a outras cultivares avaliadas. Vemos esta questão sendo levantada por agricultores por exemplo, no momento da escolha de novas cultivares ou manter a cultivar usualmente plantada em lavouras comerciais (Ramalho et al., 2012a).

O emprego da Análise Multivariada especificamente a chamada AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative*) descrito por Gauch e Zobel (1988) associa em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais, que são genótipos e ambientes, e componentes multiplicativos para os efeitos da interação genótipos com ambientes. Esta análise pode auxiliar na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, e permite uma análise mais detalhada da interação genótipos com ambientes por meio da interpretação gráfica *biplot* resultante desta análise (Duarte & Vencovsky, 1999; Ramalho et al., 2012a).

O método GGE Biplot também permite estudar os genótipos e ambientes quando há presença de interações entre genótipos e ambientes, o que é muito comum em experimentos a campo, e pode ser realizado com auxílio de vários pacotes estatísticos com recurso especializado (disponível no software R) ou através de programação ou macros. Este método é realizado pela análise e interpretação gráfica da multiplicação de matrizes. O biplot é um gráfico de dispersão que aproxima e exhibe graficamente uma tabela bidirecional por seus fatores de linha e coluna, de modo que as relações entre os fatores de linhas, relações entre fatores de colunas, e as interações básicas entre os fatores de linha e coluna possam ser visualizados simultaneamente (Yan & Tinker, 2006).

O GGE é construído pela plotagem das pontuações do primeiro componente principal (PC1) dos genótipos e dos ambientes em relação às suas respectivas pontuações no segundo componente principal (PC2). O gráfico “which-won-where” é uma das expressões gráficas que podem ser feitas, o qual é muito eficaz para análise de mega-ambiente. Ele consiste em um polígono irregular e um conjunto de linhas desenhadas a partir da origem do biplot em várias direções pelo qual é possível identificar o melhor genótipo em cada ambiente (Yan et al., 2007). Assim como os gráficos “GGE Biplot” e “which-won-where”, outros importantes para o melhoramento de plantas também podem ser gerados a partir do banco de dados, como “mean vs. stability”, “ranking genotypes”, “ranking environments”.

2.3 REFERÊNCIAS

- ANDRADE, J. A. C.; DOURADO, M. C.; CANDIDO, L. S. Estabilidade e caracterização fenotípica de híbridos experimentais e comerciais de milho em quatro épocas de plantio. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 4, n. 3, p. 390-403, 2005.
- BALBINOT, A.; DELAI, R. M.; WERLE, A. J. K. Viabilidade do pólen do milho. **Cultivando o Saber**, Cascavel, v. 4, n. 2, p. 133-142, 2011.
- BENTO, D. A. V.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. Seleção massal para prolificidade em milho na época normal e na “safrinha”. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 2, n. 3, p. 78-87, 2003.
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. 2. Edition, Stemma Press, Woodbury, Minnesota, 2010.
- BIRCHLER, J. A. Heterosis: The genetic basis of hybrid vigour. **Nature Plants**, v. 1, 2015.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento Genético de Plantas: Princípios e Procedimentos**. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 673-713, 2001. 1183 p.

COELHO, I. F. **Análise dialélica multi-ambiente no melhoramento do milho**. 2019. 49 p. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2019.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira – grãos: Décimo segundo levantamento, setembro 2018 – safra 2017/2018**. : Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2018. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 18 set. 2018.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira – grãos: Sexto levantamento, março 2020 – safra 2019/2020**. : Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2020. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 31 mar. 2020.

COSTA, E. F. N.; SOUZA, J. C.; LIMA, J. L.; CARDOSO, G. A. Interação entre genótipos e ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 12, p. 1433-1440, 2010.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. Interação genótipos x ambientes. In: CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. v. 2, cap. 7, p. 436-530.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Análise Dialélica. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1, cap. 7.

DAVIS, R. L. **Report of the plant breeder. Rep. Puerto Rico: Agric. Exp. Sta.**, 1927. P. 14-15.

DUARTE, J. B. VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise ammi**. Sociedade Brasileira de Genética. 1999. 60 p. Série Monografias, Ribeirão Preto, 1999.

DUTRA, V. H. N. **Tendências da oferta e demanda mundial de milho e seus impactos na cadeia produtiva do agronegócio brasileiro**. 2013. 41 p. (Especialização em Agronegócio) – Departamento de Economia Rural e Extensão, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2013.

- FEHR, W. R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Macmillian Publishing Company, 1987. v. 1, 536 p.
- FIDELIS, R. R.; MIRANDA, G. V.; PELÚZIO, J. M.; GALVÃO, J. C. C. Classificação de populações de milho quanto à eficiência e resposta ao uso de fósforo. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 2, p. 241-246, 2010.
- GARBUGLIO, D. D. Implicações da Interação G x A no Melhoramento. In: LIMA, R.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018. p. 159-185.
- GARCIA, J. B.; MATTOSO, M. J.; DUARTE, J. O. Importância do milho em Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 233, p. 7 – 12, 2006.
- GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; CECON, P. R.; PACHECO, C. A. P. A análise de fatores na predição de ganhos por seleção em milho (*Zea mays* L.). **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 23, n. 5, p. 1271-1279, 2001.
- GUIMARÃES, L. J. M.; TRINDADE, R. S.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. Desenvolvimento de Linhagens. In: LIMA, R.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018. p. 104-129.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.
- HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 197-206, 2011.
- JONES, P. G.; THORNTON, P. K. The potencial impacts of climate change on maize production in Africa and Latin America in 2055. **Global Environmental Change**, v. 13, p. 51-59, 2003.
- MENEZES, O. B. **O Milho Híbrido**. Rio de Janeiro: Ministério de Agricultura, 1959. 56 p.
- MIRANDA FILHO, J. B. Testadores e Dialelos. In: LIMA, R.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018. p. 130-158.
- MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 649-671, 2001. 1183 p.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 491-552.
- PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e Produção de Milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1. 409p.

PIRES, M. O. Programas agrícolas na ocupação do cerrado. **Sociedade e Cultura**, Goiânia, v. 3, n. 1 – 2, p. 111 – 131, 2000.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Editora UFG, Goiânia, 271 p. 1993.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 159-199, 2001. 1183 p.

USDA. UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production** – Foreign Agricultural Service/USDA, march/2020. Disponível em: <<https://usda.library.cornell.edu/concern/publications/5q47rn72z?locale=en>>. Acesso em: 05 de abril de 2020.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P.; TOLEDO, F. H. R. B. Contribution and perspectives of quantitative genetics to plant breeding in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 2, p. 7 – 14, 2012.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. 1. ed. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplots analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, p. 623 - 645, 2006.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v. 47, p. 641 - 653, 2007.

3 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO E INTERAÇÃO COM ÉPOCAS DE PLANTIO

RESUMO

Uma das etapas mais importantes dos programas de melhoramento de milho é a formação de populações, pois delas são extraídas variedades ou linhagens para produção de híbridos, que se tornarão cultivares recomendadas para as diferentes épocas de cultivo do milho. O objetivo deste trabalho foi identificar genitores e cruzamentos promissores para formação de populações-base para o programa de melhoramento de milho da UFG, considerando quatro épocas de plantio. Seis híbridos simples foram cruzados em esquema de dialelo completo, para obtenção de 15 híbridos duplos. Os genitores e as populações foram avaliados com cinco testemunhas para diversas características de interesse agrônômica em quatro épocas de plantio, sendo duas na primeira safra e duas na segunda safra de 2018/2019. Os experimentos foram conduzidos na área experimental da Escola de Agronomia da UFG. Procedeu-se análise dialélica individual e conjunta, e análise da interação de genótipos com ambientes através da metodologia GGE Biplot. As características de altura de plantas e altura de espigas podem ser usadas para seleção nos quatro ambientes com base nos valores de CGC. Não houve padrão de comportamento das estimativas de coeficiente de determinação (R^2) ao longo dos quatro experimentos. O genitor G1 se mostrou melhor para diminuição do ciclo do milho com valores de florescimento negativos. Os genitores G2, G3 e G4 se mostraram com os melhores valores de CGC para os componentes primários de produção, e o genitor G5 como o mais estável, ainda que com CGC inferior à média geral. O cruzamento G1 x G2 obteve maior CEC, mas foi o mais instável. Os cruzamentos G1 x G4, G3 x G6 e G1 x G6 foram os mais estáveis e com valores de CEC maiores que a média geral.

Palavras-chave: melhoramento de plantas, *Zea mays* L., análise dialélica, Griffing, GxA, GGE Biplot.

3.1 INTRODUÇÃO

O aumento de produção de milho no Brasil está intimamente ligado ao desenvolvimento e expansão da agricultura na região do Cerrado, bem como aos ganhos obtidos com o melhoramento genético da espécie (Fidelis et al., 2010; Hallauer et al., 2010). As cultivares de milho, sejam elas variedades ou híbridos, são obtidas a partir de populações melhoradas que servem como contínuas fontes de matéria-prima para os programas de melhoramento (Paterniani & Viégas, 1987; Bueno et al., 2006).

Uma ferramenta importante para formação de populações são os cruzamentos dialélicos, pois possibilitam identificar os genitores mais promissores para formar populações de interesse, bem como as populações com maior potencial e variabilidade para o programa de melhoramento (Miranda Filho & Gorgulho, 2001). Os cruzamentos podem ser realizados entre linhagens, para geração de híbridos, ou entre híbridos ou populações, para formação de novas populações, fazendo-se as devidas interpretações de capacidade geral e específica de combinação em cada caso. A utilização de germoplasma comercial na formação de populações base tem a vantagem de aproveitar o melhoramento que estes já passaram, combinando genótipos com alta frequência de alelos favoráveis a fim de gerar variabilidade (Guimarães et al., 2018).

O estudo da interação genótipos com ambientes em esquema de dialelo completo permite conhecer a performance de cada genitor e cada combinação em diferentes épocas de plantio (Bernardo, 2010). No caso do milho, a interação genótipos com ambientes é particularmente importante por haver, no Brasil, períodos bem distintos de plantio. A recomendação de cultivares, dentre diversos aspectos, é realizada em função da época de plantio. Assim, é importante verificar se as populações são mais adaptadas a primeira ou a segunda safra, a fim de orientar o melhorista na condução, avaliação e seleção nessas populações durante o programa de melhoramento. Variações ambientais em função da época de cultivo ou da região podem fazer com que genótipos apresentem baixo rendimento e instabilidade (Andrade et al., 2005).

Objetivou-se, com este trabalho, avaliar a capacidade de combinação de híbridos simples, cruzados em esquema de dialelo completo, a fim de identificar genitores e

cruzamentos promissores para formação de populações base para o programa de melhoramento de milho da UFG, considerando quatro épocas de plantio.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Genótipos

Seis híbridos simples comerciais foram cruzados em esquema de dialelo completo na primeira safra de 2017/2018, na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, obtendo-se 15 híbridos duplos. Foram escolhidos híbridos simples amplamente plantados no estado de Goiás, com aptidão para produção de grãos, com tipo de grãos duro ou semi-duro. Para testemunhas, foram utilizados quatro híbridos duplos comerciais (BM 207, SHS 4080, SHS 4070 e AG 1051), e um híbrido triplo (BM 3061) (Tabela 1).

Tabela 1. Híbridos simples utilizados como genitores (G) e testemunhas (T)

Código	Empresa	Tipo de Híbrido ¹	Ciclo ²	Época ³	Uso ⁴
G1	Corteva	HS	P	P/S	G/SPI
G2	Dekalb	HS	SP	P/S	G/SPI
G3	Limagrain	HS	P	P/S	G/SPI
G4	Corteva	HS	P	P/S	G/SPI
G5	Corteva	HS	P	P/S	G
G6	Agroeste	HS	SP	P	G/SPI/SGU
T1	Biomatrix	HD	P	P/S	G/SPI
T2	Biomatrix	HT	P	P/S	SPI/MV
T3	Santa Helena	HD	P	P/S	G/SPI
T4	Santa Helena	HD	NI	P	G/SPI
T5	Agrocere	HD	SMP	P/S	G/SPI/MV

¹Tipo de híbrido: HS: híbrido simples; HD: híbrido duplo; HT: híbrido triplo; ²Ciclo: P: precoce; SP: superprecoce; SMP : semiprecoce; NI: não informado; ³Época de plantio: P : primeira safra; S : segunda safra; ⁴Recomendação de uso: G : grão; SGU : silagem de grão úmido; SPI : silagem de planta inteira; MV : milho verde.

3.2.2 Condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (UFG) em Goiânia-GO (16 °35'12"S, 49°21'14"O; 730m de altitude). O solo do local apresenta textura média (32% de argila). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados (DBC), com três

repetições, e 26 tratamentos. Cada parcela foi constituída por uma linha de 4 metros (m), espaçadas 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, totalizando 62.500 plantas por hectare.

Os experimentos foram implantados sob sistema convencional de plantio, ou seja, com preparo do solo (aragem, gradagem e nivelamento). Mediante análise de solo realizada previamente, não foi realizada aplicação de calcário na área em razão da saturação por bases estar 56% (ideal entre 50 e 60% para cultura do milho), e pelos níveis de Ca e Mg estarem 2,9 e 1,4 cmol dm^{-3} respectivamente, considerados satisfatórios (Alvarez V. et al., 1999a; Coelho, 2006). A adubação foi realizada no sulco de plantio com a dose de 300 kg.ha⁻¹ de N-P-K, formulação 5-25-15. A semeadura foi realizada manualmente com auxílio de matracas para distribuição de sistema dois/um sementes por cova (considerando o espaçamento entre plantas de 0,20 m). A adubação de cobertura foi realizada com ureia na dose de 200 kg.ha⁻¹, aos 40 dias após plantio (Alvarez V. et al., 1999b; Coelho, 2006). Foram realizadas capinas manuais e aplicações de inseticidas, fungicidas e herbicidas pré e pós-emergentes, de acordo com recomendações e necessidades da cultura. Aos 35 dias de plantio foram realizados os desbastes nas parcelas, visto que foram plantadas 30 sementes por parcela, de modo a atender o estande ideal de 20 plantas por parcela.

Os genótipos foram avaliados em quatro épocas de plantio na safra 2018/2019, denominados:

1. P1: primeiro plantio na primeira safra, plantio em 17/10/2018;
2. P2: segundo plantio na primeira safra, plantio em 28/11/2018;
3. S1: primeiro plantio na segunda safra, plantio em 15/01/2019;
4. S2: segundo plantio na segunda safra, plantio em 01/03/2019.

Ao longo da condução dos experimentos foram coletadas informações sobre o clima na estação meteorológica da UFG, próxima a área de cultivo do experimento. Foram acessados dados de precipitação (mm) coletados diariamente ao longo do período de condução dos experimentos nas quatro épocas de plantio (Figura 1) (UFG/EA, 2019).

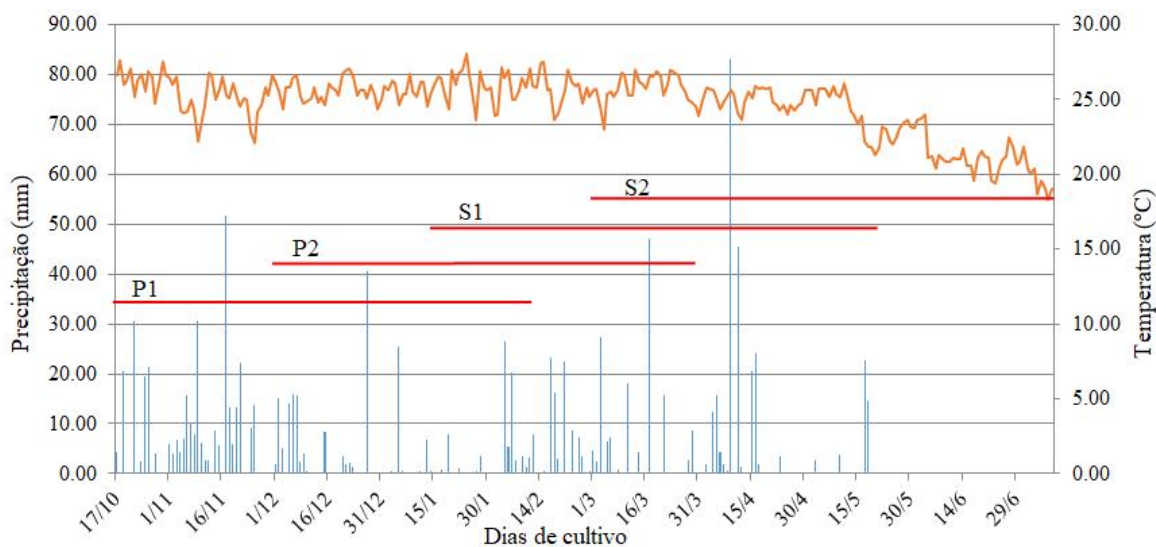


Figura 1. Precipitação pluviométrica (mm) e temperatura média do ambiente (°C). Totais diários, ocorridos ao longo do período de condução de híbridos de milho nas épocas de plantio P1, P2, S1 e S2, durante a safra de 2018/2019, em Goiânia-GO.

3.2.3 Características Avaliadas

Os genótipos foram avaliados para as seguintes características:

- a) Florescimento feminino (FF, dias): número de dias desde a data do plantio até quando 50% das plantas da parcela tiverem emitido o estilo-estigma;
- b) Florescimento masculino (FM, dias): número de dias desde a data do plantio até quando 50% das plantas da parcela estiverem liberando pólen;
- c) Intervalo de florescimento (IF, dias): obtido da diferença entre o florescimento feminino e o florescimento masculino ($IF=FF-FM$), em dias;
- d) Altura de plantas (AP, m): obtidas pela média da avaliação de cinco plantas amostradas aleatoriamente na parcela, do comprimento da base da planta até a inserção do limbo da última folha (folha bandeira), em metros;
- e) Altura de espigas (AE, m): obtidas da média da avaliação de cinco plantas amostradas aleatoriamente na parcela, do comprimento da base da planta até a inserção da espiga superior, em metros;
- f) Posição relativa das espigas (PRE): obtido pela relação entre altura de espigas e altura de plantas ($PRE=AE/AP$);
- g) Estande de plantas (ES): número total de plantas por parcela ao final do ciclo, na ocasião da colheita. Essa medida foi usada para cálculo da prolificidade, cálculo da

porcentagem de plantas acamadas e quebradas e correção de algumas características para estande ideal;

h) Prolificidade (PROL): obtido pela relação do número de espigas pelo estande de plantas da parcela ($PROL=NE/EST$);

i) Acamamento e quebramento de plantas (ACQ, %): porcentagem de plantas acamadas e quebradas em relação ao estande de plantas na ocasião da colheita, consideradas as plantas com ângulo menor que 45° em relação ao chão;

j) Stay-green (ST): avaliação realizada após a maturação fisiológica dos grãos aos 120 dias após plantio, por meio de uma escala de notas de 1 a 5 dada a partir da observação da parcela como um todo; a escala de notas correspondendo à: nota 1 (plantas com todas as folhas verdes), nota 2 (plantas com todas as folhas acima da primeira espigas verdes), nota 3 (plantas com até duas folhas acima da primeira espiga secas e as demais verdes), nota 4 (plantas com até duas folhas verdes acima da primeira espiga) e nota 5 (plantas com todas as folhas secas) (Andrade, 2012; Guei & Wasson, 1996); esta avaliação foi realizada em todas as épocas de plantio com exceção do ambiente S2;

k) Número de espigas (NE): contagem do número de espigas colhidas em toda área útil da parcela, e usada para o cálculo de prolificidade;

l) Diâmetro de espiga (DE, cm): obtido a partir da média do diâmetro de cinco espigas amostradas aleatoriamente na parcela, em centímetros;

m) Comprimento de espiga (CE, cm): obtido a partir da média do comprimento de cinco espigas amostradas aleatoriamente na parcela, em centímetros;

n) Diâmetro de sabugo (DS, cm): obtido a partir da média do diâmetro de cinco sabugos amostradas aleatoriamente na parcela (medida realizada após as espigas terem sido debulhadas), em centímetros;

o) Comprimento de grãos (CG, cm): obtido pela seguinte equação: $CG=(DE-DS)/2$, em centímetros;

p) Produção de espigas (PE, ton.ha^1): peso de espigas despalhadas de toda área útil da parcela, extrapolado para unidade de medida em toneladas por hectare;

q) Produção de grãos (PG, ton.ha^{-1}): peso de grãos colhidos de toda área útil da parcela, extrapolado para unidade de medida em tonelada por hectare;

r) Umidade de grãos (UG, %): umidade de grãos determinada a partir de amostras de grãos com o auxílio de medidor de umidade Gehaka Agri modelo G650, em porcentagem;

A produção de espigas (PE) e produção de grãos (PG) foram corrigidos para a umidade referência de 13%, usando a seguinte equação:

em que:

PC: peso obtido para a variável padronizado para 13% de umidade;

PS: peso original obtido para a variável;

UD: porcentagem de umidade observada.

Após a correção para umidade de referência, as características peso de espigas (PE) e produção de grãos (PG) tiveram os dados corrigidos para o estande plantas inicial/ideal de 20 plantas por parcela. Foi adotado o método descrito por Vencovsky & Cruz (1991) utilizando programa estatístico Genes.

3.2.4 Análise dialélica

A análise dialélica foi realizada utilizando o software Genes com os valores de médias extraídos das análises de variâncias individuais de cada ambiente. Foi realizado de acordo com esquema de dialelo completo segundo Método 2 proposto por Griffing (1956), no qual são incluídos $n(n+1)/2$ tratamentos, ou seja, os cruzamentos e seus genitores (excluindo os recíprocos). Assim, tem-se 21 tratamentos, que consistem nos seis híbridos simples (genitores) e nos 15 híbridos duplos resultantes dos cruzamentos entre os híbridos simples dois a dois (Ramalho et al., 2012a). Foram estimados os parâmetros genéticos e as capacidades específica (CEC) e geral (CGC) de combinação, conforme esquema de dialelo completo (Tabela 2).

Tabela 2. Esquema de cruzamento dialélico conforme método 2 de Griffing (1956), incluindo seis genitores e quinze cruzamentos

Genitor	1	2	3	4	5	6
1	Y ₁₁	Y ₁₂	Y ₁₃	Y ₁₄	Y ₁₅	Y ₁₆
2		Y ₂₂	Y ₂₃	Y ₂₄	Y ₂₅	Y ₂₆
3			Y ₃₃	Y ₃₄	Y ₃₅	Y ₃₆
4				Y ₄₄	Y ₄₅	Y ₄₆
5					Y ₅₅	Y ₅₆
6						Y ₆₆

Para as análises, foi adotado o modelo fixo, em que somente o efeito devido ao erro experimental é aleatório. O efeito de genótipo foi considerado fixo porque foram escolhidos híbridos simples cultivados no Estado de Goiás com base em suas características de interesse agrônomo em meio aos outros disponíveis no mercado. Desse modo, as informações obtidas com este trabalho não poderão ser extrapoladas para os demais híbridos simples existentes no mercado, pois não são uma amostra da espécie ou população.

As médias ajustadas de cada tratamento foram utilizadas para estimar as capacidades combinatórias diante do desdobramento do efeito de tratamentos em efeitos de capacidade específica e geral de combinação. As análises de variâncias do dialelo para cada caráter foi realizada segundo esquema apresentado no Anexo C (Cruz, 2006). Assim, segue o modelo estatístico adotado para a análise dialélica individual (Cruz et al., 2012; Ramalho et al., 1993):

$$y_{ii'} = m + g_i + g_{i'} + s_{ii'} + \epsilon_{ii'}$$

em que:

$y_{ii'}$: valor médio da combinação híbrida ($i \neq i'$) ou do genitor ($i = i'$);

m : média geral;

$g_i, g_{i'}$: efeitos fixos da capacidade geral de combinação do i -ésimo e do i' -ésimo genitor, respectivamente;

$s_{ii'}$: efeito fixo da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e i' , considerando $s_{ii'} = s_{i'i}$.

$\epsilon_{ii'}$: erro experimental médio.

Foram estimados os parâmetros do modelo dialélico: média geral (m), capacidade geral de combinação, CGC ($g_i + g_{i'}$) e capacidade específica de combinação, CEC ($s_{ii'}$), conforme equações (Cruz et al., 2012):

em que:

: estimação da média geral;

: estimação da capacidade geral de combinação do genitor i ;

: estimação da capacidade geral de combinação do genitor i' ;

: estimação da capacidade específica de combinação do híbrido;

p : número de genitores

:

:

Os quadrados médios e valor de F foram calculados para o efeito de tratamento e seu desdobramento em CEC e CGC (Cruz et al., 2012; Ramalho et al.; 1992) de modo a obter a significância. Também foi calculado o coeficiente de determinação (R^2) conforme realizado por Guedes (2014), obtendo-se a razão entre a soma de quadrados das capacidades de combinação e a soma de quadrados do efeito tratamento, medido em porcentagem, por meio das equações: R^2 (CGC) = $(SQ_{CGC}/SQ_{Trat}) \times 100$ e R^2 (CEC) = $(SQ_{CEC}/SQ_{Trat}) \times 100$, em que SQ é a soma de quadrados da análise de variância dialélica.

Foram estimados os componentes quadráticos () que expressam a variabilidade genética dos híbridos estudados em termos de capacidade geral e específica de combinação, por meio de modelos fixos conforme Cruz et al. (2012).

Os mesmos procedimentos descritos acima para análise dialélica individual (para cada ambiente) foram feitos para as análises dialélica conjunta para cada características, de acordo com esquema apresentado no Anexo D (Cruz, 2006). Foram realizadas três análises conjuntas: análise conjunta da primeira safra (ambiente P1 e P2), da segunda safra (ambiente S1 e S2), e análise conjunta primeira e segunda safra (ambiente P1, P2, S1 e S2). Também foram obtidos para análise dialélica conjunta os valores das capacidades específica e geral de combinação.

3.2.5 Análise da interação de genótipos com ambientes

As análises de interação de genótipos com ambientes foram realizadas pelo método GGE Biplot segundo descrito em Yan & Tinker (2006) e Yan et al. (2007), usando o programa estatístico R, por meio do pacote “GGEBiplotGUI” disponível no software. Neste trabalho foram gerados os gráficos “Mean vs. Stability” e “Which Won Where/What” para as capacidades geral e específica de combinação, usando no modelo de seleção do pacote o SVP como JK (Row Metric Preserving) para o gráfico “Mean vs. Stability”, e como GH (Column Metric Preserving) para o gráfico “Which Won Where/What”. Para ambos os gráficos o modelo de seleção foi centralizado no genótipo e a interação entre genótipos com ambientes; e analisados sem uma escala definida, uma vez que as médias inseridas estavam em uma mesma unidade de medida. Os gráficos foram gerados apenas para as características de produção de grãos.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 Análises dialélicas conjuntas

Os pressupostos das análises de variâncias individuais e conjuntas foram atendidos para a maioria das características; para aqueles em que os pressupostos não foram atendidos, foi realizada a transformação de dados por meio do método Box-Cox (1964) ou usando raiz quadrada por meio da equação \sqrt{X} , onde X é o valor observado (Box & Cox, 1964; Ferreira, 2018; Pimentel-Gomes, 1990). Para fins didáticos, serão apresentadas inicialmente as análises conjuntas dos ambientes e posteriormente, as análises individuais.

Os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) apresentaram diferença significativa ($p < 0,05$) para todas as características na média dos quatro ambientes, exceto para as características relacionadas ao florescimento (Apêndice A), indicando que os genitores apresentam variabilidade quanto à frequência de alelos favoráveis para essas características. As características relacionadas ao florescimento são muito influenciadas pela época de plantio (Shioga & Gerage, 2010) e, quando se considera todas as épocas em conjunto, é possível que as diferenças entre os genitores para essas características não sejam identificadas. Nesse caso, melhor interpretação poderá ser realizada das análises individuais (Aguilar et al., 2004).

Foram observadas diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) apenas para altura de plantas, altura de espigas,

diâmetro de espigas, comprimento de grãos, peso de espigas e produção de grãos (Apêndice A), o que indica que, para essas características, os genitores contribuem de modo diferente nos cruzamentos em que estão presentes e o desempenho dos cruzamentos diferiu quando comparado ao que era esperado com base na capacidade geral de combinação dos genitores (Miranda-Filho & Gorgulho, 2001).

Houve interação entre as capacidades gerais de combinação e as épocas de plantio ($p < 0,05$) para quase todas as características, exceto altura de espiga, posição relativa da espiga e comprimento de espiga; assim, a contribuição dos genitores foi diferente entre as épocas de plantio. Pfann et al. (2009) também observaram efeito significativo para a interação de CGC e locais para os componentes de produção, e não significativo para as características altura de plantas e altura de espiga; neste caso, é possível observar as estimativas de efeitos aditivos dos genes obtidas para cada ambiente separadamente, em um segundo momento. Por outro lado, foram observadas poucas interações entre as capacidades específicas de combinação e as épocas de plantio, sendo significativas ($p < 0,05$) apenas para as características relacionados ao florescimento, prolificidade e comprimento de espigas (Apêndice A), indicando que não houve resposta diferenciada nas combinações híbridas frente às épocas de plantio para a maioria das características e que os efeitos não aditivos dos cruzamentos se mantiveram nas diferentes épocas de plantio para a maioria das características (Aguiar et al., 2004).

Os coeficientes de determinação (R^2) (Apêndice A) indicaram que, para a maioria das características, a capacidade geral de combinação foi o componente que mais contribuiu para a soma de quadrados dos tratamentos, ou seja, a contribuição dos efeitos aditivos foi maior que a contribuição dos efeitos não aditivos ou de dominância para expressão dessas características (Coelho, 2019; Guedes, 2014). Isso só não ocorreu para as características relacionadas ao florescimento, em que a contribuição da capacidade específica de combinação foi maior que a contribuição da capacidade geral de combinação (Apêndice A). Maiores discussões dos efeitos aditivos e não aditivos na expressão das características serão realizadas mais a frente, nas interpretações das análises dialélicas por época de plantio.

Os coeficientes de determinação para as variáveis que foram mais influenciadas pela CGC em suas somas de quadrados, variaram de 58,90%, para altura de plantas, e 88,10%, para comprimento de espigas (Apêndice A). Deve-se destacar sete variáveis que apresentaram valores de coeficientes de determinação para CGC maiores que

80%, sendo elas altura de plantas, acamamento e quebramento, diâmetro de espigas, comprimento de espigas, comprimento de grãos, peso de espigas e produção de grãos, indicando que nesses casos os efeitos aditivos foram mais importantes que os efeitos não aditivos ou de dominância para a variabilidade encontrada entre esses genitores. Coelho (2019) em uma análise dialélica de milho em multi-ambientes, encontrou resultados similares com o cálculo de coeficiente de determinação do efeito de dominância, pois para todas as características o coeficiente de determinação de dominância não superou 0,5, indicando que no referido trabalho com os genitores em estudo, os efeitos gênicos aditivos ou CGC influenciaram mais na composição da soma de quadrados dos genótipos. E contradizendo este trabalho e o de Coelho (2019), temos o conduzido por Oliboni et al. (2013), que observou o componente quadrático da CEC sendo 9,7 vezes maior que o da CGC.

A fim de verificar se a performance dos genótipos se mantém dentro da mesma safra, mesmo em diferentes épocas de plantio, foram realizadas as análises dialélicas conjuntas entre as duas épocas da primeira safra, e entre as duas épocas da segunda safra.

Na análise conjunta das duas épocas de plantio na primeira safra, não foram observadas diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os efeitos de capacidade geral e específica de combinação para a maioria das características (Apêndice B), indicando que, para a maioria das características, na média das duas épocas de plantio na primeira safra, os genitores contribuem igualmente para os cruzamentos, e os cruzamentos apresentam performance esperada igual a soma das CGC dos genitores. Diferenças significativas ($p < 0,05$) só foram observadas entre os efeitos de CGC para florescimento masculino e altura de espiga, e entre os efeitos de CEC para florescimento feminino e masculino.

Foram observadas interações significativas ($p < 0,05$) entre os efeitos de capacidade geral e específica de combinação e as épocas de plantio para quase todas as características, com exceção de florescimento masculino, intervalo de florescimento, altura de planta e de espiga, para a interação CGC com épocas de plantio, e de florescimento masculino e feminino, altura de planta e de espiga, e acamamento e quebramento, para a interação CEC com épocas de plantio (Apêndice B). Isso indica que, para a maioria das características, mesmo que as épocas de plantio tenham sido realizadas no mesmo ano e na mesma safra, os efeitos de capacidade geral e específica de combinação foram diferenciais entre as duas épocas, confirmando que o efeito da interação genótipos com ambientes é expressivo na cultura do milho.

Assim como na análise conjunta das quatro épocas de plantio, os valores do coeficientes de determinação (R^2) indicaram que, para a maioria das características, a capacidade geral de combinação contribuiu mais para a soma de quadrados dos tratamentos, ou seja, a contribuição dos efeitos aditivos foi maior que a contribuição dos efeitos não aditivos para expressão dessas características na média dos dois ambientes. Os efeitos não aditivos foram mais expressivos apenas para florescimento feminino, intervalo de florescimento e acamamento e quebramento de plantas (Apêndice B).

Na análise conjunta das duas épocas de plantio da segunda safra, observou-se maior número de características com efeito significativo ($p > 0,05$) para capacidade geral de combinação, comparada à análise conjunta das épocas na primeira safra. Os efeitos de CGC foram significativos para ($p < 0,05$) as características relacionados à altura e todos os componentes de produção, exceto prolificidade (Apêndice C), indicando que os genitores se diferem quanto à frequência de alelos favoráveis para a maioria das características, considerando a média das duas épocas. Foi identificado efeito significativo ($p < 0,05$) de capacidade específica de combinação apenas para acamamento e quebramento, diâmetro de espiga, comprimento de grão, peso de espigas e produtividade de grãos (Apêndice C).

Das quatorze características avaliadas, apenas quatro apresentaram efeito significativo ($p < 0,05$) da interação entre capacidade geral de combinação com épocas de plantio, sendo eles intervalo de florescimento, prolificidade, produtividade de grãos e peso de espigas (Apêndice C), sendo esses dois últimos as características mais relevantes para o programa de melhoramento. Assim, mesmo que poucos caracteres tenham apresentado interação de CGC com épocas de plantio, o fato de ter havido interação para produtividade de grãos e peso de espigas já é suficiente para se considerar a análise das épocas individualmente, ao invés de considerar a média das épocas. Foi observada interação entre capacidade específica de combinação com épocas de plantio apenas para florescimento masculino e prolificidade (Apêndice C).

Assim como na análise conjunta das quatro épocas e na análise conjunta das duas épocas na primeira safra, a CEC foi mais importante para os caracteres relacionados ao florescimento, indicando que houve predominância dos efeitos não aditivos no controle genético desses caracteres. Para os demais caracteres, de forma geral, a CGC contribuiu mais para a soma de quadrados dos tratamentos (Apêndice C).

De forma geral, observou-se que, para a maioria dos caracteres, foi possível identificar variância nos efeitos de CGC e CEC, e efeito das interações entre CGC e CEC

com épocas de plantio (Apêndices A, B e C). Esse resultado indica que a interpretação das estimativas dos efeitos de capacidade geral e específica de combinação, bem como a identificação dos melhores genitores ou melhores cruzamentos, deve ser realizada considerando a época de plantio, podendo variar de uma safra para outra, ou mesmo de épocas diferentes dentro de uma mesma safra, dependendo do caráter em questão. Esse resultado mostra a importância da condução de programas de melhoramento específicos para primeira e segunda safra e também a expressiva interação entre genótipos e ambientes para a cultura do milho, sugerindo que os genótipos devem ser selecionados especificamente para cada safra mas que, mesmo assim, poderá haver variação na expressão dos genótipos em função das diferenças ambientais que ocorrem dentro da safra, ou mesmo em anos diferentes. Diante disso, o foco desse trabalho será dado nas análises individuais das quatro épocas de plantio.

3.3.2 Análises dialélicas individuais

Nos programas de melhoramento de milho, geralmente são avaliados inúmeros caracteres de interesse agrônômico. Eles estão relacionados ao florescimento, ao porte da planta e aos componentes de produção que, em conjunto, indicam qual o melhor genótipo. Isso porque a maioria desses caracteres tem controle genético complexo, controlados por um grande número de genes e altamente influenciados pelo ambiente, o que pode diminuir a eficiência da seleção. Assim, mesmo a produtividade de grãos sendo o caráter de maior importância para o programa, a avaliação dos outros caracteres é essencial para respaldar as decisões do melhorista. Nesse estudo, a ênfase será dada à produtividade de grãos e ao peso de espigas, sendo os demais caracteres discutidos de forma a contribuir na seleção dos genitores para formação de populações base, que é o objetivo do trabalho.

Foram observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) para os efeitos de capacidade geral de combinação para peso de espigas e produtividade de grãos em todas as épocas de plantio, o que indica que há variação na contribuição de alelos favoráveis dos genitores para esses caracteres. Diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os efeitos de capacidade específica de combinação foram observadas apenas na primeira época da segunda safra para peso de espigas, e para as duas épocas da segunda safra para produtividade de grãos (Tabela 2). A capacidade específica de combinação se refere à contribuição dos efeitos não aditivos na expressão do caráter, sendo que a média de um

cruzamento será diferente daquela esperada com base nas capacidades gerais dos genitores (Vencovsky & Barriga, 1992).

Tabela 2. Resumo das análises dialélicas individuais, coeficientes de determinação (R^2), médias gerais e componentes quadráticos para peso de espigas (PE, t.ha⁻¹) e produção de grãos (PG, t.ha⁻¹) avaliados na primeira (P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

FV	GL	Quadrados Médios							
		PE				PG			
		P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
Trat	20	10,31**	6,35**	12,0**	11,39**	5,29**	3,26**	5,34**	7,37**
CGC	5	27,26**	17,62**	35,79**	37,68**	13,03**	8,22**	16,3**	23,95**
CEC	15	4,66	2,60	4,07**	2,63	2,71	1,60	1,68**	1,84*
Resíduos	40	2,43	1,77	0,62	1,47	1,57	0,98	0,25	0,95
R ² (CGC)		66,08	69,32	74,55	82,68	61,58	63,06	76,41	81,27
R ² (CEC)		33,92	30,68	25,45	17,32	38,42	36,94	23,59	18,73
Média		10,51	3,82	3,60	4,84	7,74	2,39	1,95	3,57
Componentes quadráticos									
g (Fixo)		1,03	0,66	1,46	1,51	0,48	0,30	0,67	0,96
s (Fixo)		0,74	0,28	1,15	0,39	0,38	0,21	0,48	0,30
g/s		1,39	2,36	1,27	3,87	1,26	1,43	1,4	3,2

** , * : significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; g: componentes quadráticos da capacidade geral de combinação; s: componentes quadráticos da capacidade específica de combinação.

A produtividade de grãos é sabidamente um caráter controlado por efeitos aditivos e não aditivos, sendo que a contribuição dos efeitos não aditivos é de grande relevância, o que faz com que o melhorista procure obter combinações divergentes para explorar ao máximo a heterose (Sibov, 2002). A maioria dos estudos envolvendo cruzamentos dialélicos em milho são realizados utilizando o cruzamento entre linhagens, preferencialmente de grupos heteróticos distintos. Nesse estudo, foram utilizados híbridos simples comerciais que, quando cruzados, não expressam heterose como ocorre no cruzamento entre linhagens. Além disso, os híbridos comerciais passam por um longo processo de melhoramento e podem não ser tão contrastantes entre si. Mesmo assim, foi possível identificar diferença nos efeitos de CEC para as épocas de plantio na segunda safra (Tabela 2) que, por ser um ambiente com maior variação climática (Figura 1), pode ter contribuído para expressão diferencial dos alelos com efeitos não aditivos.

Em todas as épocas de plantio, a CGC contribuiu mais para a soma de quadrados dos tratamentos (Tabela 2), o que indica que os efeitos aditivos foram mais importantes para a expressão desses caracteres que os efeitos não aditivos. A predominância dos efeitos aditivos sobre os de dominância também foi identificada em avaliação de milho superdoce por Lemos et al. (2002) em esquema de cruzamentos dialélico. Estes comportamentos,

segundo Allard (1971), podem ser justificados pela heterogeneidade do conjunto de híbridos usados no dialelo como genitores, uma vez que foram selecionados híbridos comerciais de diferentes empresas, ou seja, provenientes de diferentes bancos de germoplasma, indicando uma possível heterogeneidade entre os genótipos.

As estimativas dos efeitos quadráticos do presente trabalho, as quais expressam a variabilidade genética dos genótipos estudados, também permitem fazer inferências da ação gênica predominante para cada uma das características. Para peso de espigas e de grãos, nas quatro épocas de plantio, os efeitos aditivos predominaram (Tabela 2), sendo as relações (g_s) entre componentes quadráticos que expressam a variabilidade em termos de capacidade geral de combinação (g) e componentes quadráticos que expressam a variabilidade genética em termos de capacidade específica de combinação (ϕ), ficando todos acima de 1,26. Nihei & Ferreira (2012) obtiveram resultados similares em relação a predominância dos efeitos aditivos em suas avaliações. Tendo em vista que os efeitos aditivos foram mais importantes na expressão da maioria dos caracteres avaliados, os efeitos de capacidade geral de combinação serão priorizados na identificação dos genótipos para formação de populações base.

Os caracteres peso de espigas e produção de grãos são considerados componentes primários de produção, pois são os que possuem maior importância no processo de seleção e formação de novas populações. Para estas variáveis, os genitores G2, G3 e G4 foram os que mais contribuíram para o desempenho dos cruzamentos. Destacando-se o genitor G4 como maiores estimativas de capacidade geral de combinação em três dos quatro experimentos com valores de CGC para peso de espigas em P1, S1 e S2 variando de 1,44 a 1,79, e peso de grãos variando de 0,98 a 1,29 (Tabela 3), o que indica que esse genótipo é o que apresenta maior frequência de alelos favoráveis para esses caracteres.

Os genitores G2 e G3 também apresentaram boas estimativas, podendo ser considerados como potenciais genitores na formação de populações base. O genitor G3, na época de plantio P2, apresentou o melhor desempenho para capacidade geral de combinação para peso de espigas (1,04) e produção de grãos (0,80). Os genitores G1, G5 e G6 foram os que apresentaram as piores estimativas de capacidade geral de combinação, contribuindo para diminuir a média dos cruzamentos dos quais fizeram parte (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas da capacidade geral de combinação (g) para os seis genitores, capacidade específica de combinação (ϕ) dos cruzamentos e desvio padrão (DP) dessas estimativas para peso de espigas (PE, t.ha⁻¹) e produção de grãos (PG, t.ha⁻¹) avaliados na primeira

(P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

Estimativas da capacidade geral de combinação								
Efeitos	PE				PG			
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
	-1,66	-1,51	-1,70	-1,75	-1,19	-0,99	-1,06	-1,41
	0,42	0,22	0,28	0,95	0,32	0,20	0,23	0,84
	0,57	1,04	0,43	0,61	0,32	0,80	0,25	0,44
	1,44	0,45	1,79	1,59	0,98	0,15	1,29	1,22
	-0,27	0,01	0,21	-0,71	-0,07	0,00	-0,01	-0,55
	-0,50	-0,22	-1,03	-0,69	-0,36	-0,15	-0,70	-0,55
DP ()	0,29	0,25	0,15	0,23	0,23	0,18	0,09	0,18
DP (-)	0,45	0,38	0,23	0,35	0,36	0,29	0,14	0,28
Estimativas da capacidade específica de combinação								
Efeito	PE				PG			
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
	2,37	0,11	-0,54	-0,88	1,64	0,11	-0,34	-0,84
	-0,15	-1,24	-0,65	-0,45	-0,08	-0,96	-0,41	-0,29
	0,01	0,82	-0,71	-0,94	0,11	0,40	-0,55	-0,72
	-1,20	-0,19	-0,54	-0,28	-1,26	-0,06	-0,29	-0,41
	0,35	0,61	0,37	0,27	0,11	0,52	0,30	0,27
	-1,32	0,33	0,15	-0,20	-1,01	0,22	0,10	-0,14
	-0,92	0,58	-0,31	-0,54	-0,81	0,47	-0,79	-0,43
	-0,87	-0,91	-1,14	-0,21	-0,52	-0,71	-0,60	-0,14
	-0,21	-1,46	0,25	-0,84	-0,16	-0,98	0,90	-0,72
	-0,88	-0,68	0,26	-1,53	-0,87	-0,42	0,14	-1,23
	-1,04	-1,00	-0,75	0,12	-0,65	-0,78	-0,42	0,12
	0,26	0,19	-0,19	0,24	0,05	0,09	-0,09	0,15
	-1,20	0,26	-1,74	0,31	-0,83	0,41	-1,02	0,33
	0,22	-1,12	0,05	-0,21	0,24	-0,90	-0,28	-0,27
	0,42	-0,27	-1,40	-0,87	0,35	-0,63	-0,60	-0,70
DP ()	0,66	0,56	0,33	0,51	0,53	0,42	0,21	0,41
DP ()	0,80	0,68	0,40	0,62	0,64	0,51	0,25	0,50
DP (-)	0,90	0,77	0,46	0,70	0,72	0,57	0,29	0,56
DP (-)	1,19	1,02	0,60	0,93	0,96	0,76	0,38	0,74
DP (-)	1,10	0,94	0,56	0,86	0,89	0,70	0,35	0,69

Para discussão, serão consideradas as estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação apenas para as épocas de plantio S1, para peso de espigas, e S1 e S2, para produtividade de grãos, pois foram os ambientes que apresentaram diferença significativa para os efeitos de CEC. Nas demais épocas, os efeitos não se diferem estatisticamente (Tabela 2). Considerando a época de plantio S1, observa-se que o cruzamento entre os genitores G3 e G4 apresentou estimativa positiva para o efeito de CEC para peso de espigas (= 0,26) e produtividade de grãos (= 0,14) (Tabela 3), o que é extremamente favorável, pois esses genitores apresentariam duas condições desejáveis, ou seja, altas estimativas de CGC, priorizadas nesse trabalho, como discutido anteriormente, e estimativa positiva para CEC. Essa condição não seria suprida apenas na época S2 para produtividade de grãos, em que o cruzamento entre os genitores G3 e G4 apresentou

estimativa negativa para CEC ($= -1,23$) (Tabela 3). Entretanto, as estimativas positivas de CEC para esse ambiente são aquelas envolvendo os genitores G1, G5 e G6 (Tabela 3), que possuem baixas estimativas de CGC e, portanto, não apresentam potencial em comparação aos demais genitores. Entre os cruzamentos que não apresentaram bons valores de capacidade específica de combinação para peso de espigas e produção de grãos na época P1, estão o G2 x G3 ($-1,32$ e $-1,01$, respectivamente) e o G4 x G5 ($-1,20$ e $-0,83$, respectivamente) (Tabela 3).

É importante salientar que o objetivo de um dialelo de híbridos não é obter cruzamentos para, posteriormente, lançar novos híbridos no mercado, como acontece em um dialelo de linhagens, principalmente se tratando de um dialelo de híbridos comerciais. O objetivo, nesse caso, é avaliar o potencial desses genitores em formar populações-base para os programas de melhoramento de milho. Essas populações podem ser fonte de linhagens ou originar programas de seleção recorrente intra ou interpopulacionais. Uma população de melhoramento deve ter boa frequência de alelos favoráveis e variabilidade suficiente para se obter ganhos com a seleção (Crispim-Filho, 2018). A vantagem de originar populações a partir de híbridos comerciais é que estes genitores já passaram por um longo processo de melhoramento, o que lhes confere alta frequência de alelos favoráveis. Dentre os híbridos avaliados nesse estudo, os genitores G2, G3 e G4 apresentaram melhores estimativas de CGC que os demais (Tabela 3).

Esses genitores podem ser utilizados de algumas formas. Cada um pode originar uma população base que, por sua vez, poderia ser conduzida em esquema de seleção recorrente intrapopulacional. Uma preocupação que pode ocorrer, nesse caso, é a pequena variabilidade existente nessas populações, já que elas seriam originadas, cada uma, a partir de apenas um híbrido simples (duas linhagens). Neste caso existiria uma variabilidade genética suficiente, mas Souza-Júnior (2001) indica que deve-se sempre buscar a diminuição da variância fenotípica para seleções assertivas que aproveitem bem o pool-gênico encontrado nestas populações, e isso pode ser feito fazendo uso de delineamento adequado, aumentando sempre que possível locais e ambientes de avaliação, e escolher bem o tipo de progênie a ser trabalhada conforme as vantagens e desvantagens de cada uma.

Uma alternativa, nessa situação, é utilizar o cruzamento desses genitores, gerando populações com maior variabilidade genética. Cruzando os três genitores dois a dois, seria possível obter três populações base (G2 x G3, G2 x G4 e G3 x G4), que seriam provenientes de quatro linhagens. De forma geral, as médias desses cruzamentos foram

superiores às demais, indicando que as populações formadas a partir desses três cruzamentos podem apresentar altas médias de produtividade de grãos (Tabela 4).

Tabela 4. Médias e teste de média Scott-Knott para os caracteres peso de espigas (PE, t.ha⁻¹) e produtividade de grãos (PG, ton.ha⁻¹) de 6 híbridos simples (genitores) e 15 cruzamentos avaliados em quatro épocas de plantio, no início da primeira safra (P1), final da primeira safra (P2), início da segunda safra (S1) e final da segunda safra (S2) de 2018/2019 em Goiânia-GO.

Genótipos	PE				PG			
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
G1	6,51c	3,59b	1,25e	2,49d	5,10b	0,39b	0,47e	1,74d
G2	11,83b	4,94a	4,97c	8,09a	8,82a	3,23a	3,18b	6,40a
G3	13,23a	7,11a	5,06c	6,98b	9,66a	4,91a	2,79c	5,16b
G4	14,79a	4,80a	8,41a	9,49a	10,78a	2,71a	5,78a	7,18a
G5	11,91b	4,91a	6,81b	3,89c	9,06a	3,27a	3,40b	2,88c
G6	8,99c	4,41a	2,00e	4,18c	6,74b	3,03a	0,84e	3,11c
G1 x G2	11,64b	2,64b	1,65e	3,17d	8,51a	1,70b	0,77e	2,17d
G1 x G3	9,27c	2,12b	1,69e	3,26d	6,78b	1,23b	0,72e	2,32d
G1 x G4	10,30c	3,59b	2,99d	3,74c	7,63a	1,94b	1,62d	2,66c
G1 x G5	7,38c	2,14b	1,57e	2,11d	5,23b	1,34b	0,58e	1,21d
G1 x G6	8,70c	2,70b	1,25e	2,68d	6,30b	1,76b	0,49e	1,88d
G2 x G3	10,19c	5,42a	4,47c	6,21b	7,38a	3,60a	2,53c	4,72b
G2 x G4	11,46b	5,07a	5,36c	6,85b	8,23a	3,21a	2,69c	5,20b
G2 x G5	9,79c	3,15b	2,94d	4,87c	7,48a	1,88b	1,57d	3,73c
G2 x G6	10,22c	2,37b	3,10d	4,28c	7,54a	1,45b	1,57d	3,15c
G3 x G4	11,65b	4,63a	6,08c	5,52b	8,17a	2,92a	3,63b	4,00b
G3 x G5	9,77c	3,87a	3,49d	4,87c	7,34a	2,41a	1,77d	3,59c
G3 x G6	10,84b	4,83a	2,82d	5,02c	7,75a	3,12a	1,41d	3,62c
G4 x G5	10,48c	4,55a	3,86d	6,04b	7,82a	2,95a	2,21c	4,57b
G4 x G6	11,68b	2,94b	4,42c	5,54b	8,60a	1,48b	2,26c	3,97b
G5 x G6	10,16c	3,34b	1,38e	2,58d	7,67a	1,60b	0,64e	1,78d
Média Geral	10,51	3,96	3,60	4,85	7,74	2,88	1,95	3,57
Média Geral	7,24		4,22		5,06		2,76	

O genitor G4, além de apresentar as maiores estimativas de CGC (Tabela 3), foi o único que apresentou maior média em todas as épocas de plantio (Tabela 4). Assim, outra opção para formar uma população base, é o cruzamento (G2 x G3) x G4. A obtenção de uma população base nesse esquema permite que ela tem maior proporção de alelos do G4.

A importância das estimativas de CEC seria se o objetivo for formar populações para seleção recorrente interpopulacional, em que é desejável que as populações sejam contrastantes. Nesse caso, uma opção seria a formação de duas populações a partir dos genitores G3 e G4 que, como discutido anteriormente, apresentaram estimativas de CEC positivas na época S1. Entretanto, os resultados desse estudo indicam que as populações originadas desses genitores não serão contrastantes o suficiente para obter progressos com a seleção recorrente recíproca. É interessante observar que os genitores G2, G3 e G4 são de empresas diferentes (Tabela 1), o que poderia indicar maior contraste entre eles.

O baixo desempenho dos genótipos na segunda época da primeira safra (P2), em relação a primeira época (P1) (Tabela 4), foi em decorrência de uma estiagem de 38 dias com precipitação acumulada nesse período de apenas 47,8 mm (Figura 1), afetando as plantas de milho no período pré-florescimento, pendoamento e início de enchimento de grãos, os quais são estádios críticos para a cultura do milho (Bergamashi et al., 2004). E este mesmo estresse hídrico atingiu a primeira época da segunda safra (S1), prejudicando o estabelecimento inicial de plantas e assim afetando a média de produção dos híbridos. Comparando a primeira e a segunda safra, de forma geral, Forsthofer et al. (2006) indica que o potencial produtivo do milho é mais baixo na segunda safra em razão da menor quantidade de radiação solar ao longo do período de enchimento de grãos e da maior influência de doenças foliares e de colmo. Farinelli et al. (2003) também observaram baixos valores médios para segunda safra em caracteres estudados em cultivares de milho recomendadas para o Estado de São Paulo.

Dentre os componentes de produção, foram observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) para os efeitos de capacidade geral de combinação para a maioria dos caracteres (Tabela 5). No ambiente P1, entretanto, três caracteres não se mostraram significativos para CGC, entre eles diâmetro de espigas, diâmetro de sabugos e comprimento de grãos, caracteres intimamente ligados, pois são medidas tomadas na espiga. O ambiente P1 foi o melhor ambiente de cultivo, ou seja, com melhores condições climáticas. Assim, esse resultado pode ser entendido como se em ambientes com condições de cultivos mais estáveis, como é o caso da época P1, não há diferenciação de genótipos por meio da capacidade geral de combinação para medidas tomadas na espiga. A prolificidade também não apresentou diferença significativa para CGC em P2 e S1. Observação semelhante à anterior pode ser realizada com o efeito da capacidade específica de combinação. Foram observadas diferenças significativas para os efeitos de capacidade específica de combinação nos caracteres de diâmetro de espigas, diâmetro de sabugos e comprimento de espigas na época S1 (Tabela 5), o que pode indicar que, em ambientes desfavoráveis, como no caso da época S1, as capacidades específicas de combinação podem ser usadas como maneira de distinguir genótipos, ou seja, há diferença de CEC entre os genótipos estudados.

Levando em consideração que, nas análises dos valores de capacidade geral e específica de combinação para produção de grãos e peso de espigas, os genitores G2, G3 e G4 foram os que mais se destacaram para CGC e CEC, considerando os demais componentes

de produção, confirma-se que estes realmente foram os genitores com maiores valores de CGC (Tabela 6).

Os caracteres diâmetro de espigas, comprimento de espigas e diâmetro de sabugos foram os únicos caracteres na época de plantio S1 que apresentaram diferença significativa para os efeitos de CEC. Nas demais épocas de plantio, os efeitos não se diferem estatisticamente (Tabela 5). Sendo assim, analisando as estimativas de CEC, é possível destacar o cruzamento G3 x G5 pelos altos valores de CEC para diâmetro de espigas e comprimento de espigas (Tabela 6), ou seja, é um cruzamento que possui efeito de dominância alto em sua composição para que haja espigas maiores dentro da população formada, seja no diâmetro quanto no comprimento.

Tabela 5 Resumo das análises dialélicas individuais, coeficientes de determinação (R^2), médias gerais e componentes quadráticos para os caracteres de produção: prolificidade (PROL), diâmetro de espigas (DE, cm), comprimento de espigas (CE, cm), diâmetro de sabugos (DS, cm) e comprimento de grãos (CG, cm), avaliados na primeira (P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

FV	GL	Quadrados médios																			
		PROL				DE				CE				DS				CG			
		P1	P2	S1 ¹	S2	P1	P2	S1 ¹	S2	P1	P2	S1 ¹	S2	P1	P2	S1 ¹	S2	P1	P2	S1 ¹	S2
Tratamentos	20	0,02	0,11	0,35	0,03	0,23	0,3**	0,8**	0,4**	3,6**	10,5*	8,2**	4,9**	0,16	0,1**	0,4**	0,1**	0,01	0,02	0,03*	0,03*
CGC	5	0,03*	0,14	0,63	0,1*	0,20	1,0**	2,5**	1,4**	10,1*	21,8*	22,5*	16,0*	0,15	0,3**	0,9**	0,4**	0,01	0,08*	0,1**	0,1**
CEC	15	0,02	0,09	0,26	0,02	0,24	0,04	0,2**	0,04	1,40	6,81	3,5*	1,15	0,17	0,02	0,2**	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01
Resíduos	40	0,01	0,1	1,00	0,02	0,27	0,11	0,08	0,05	1,06	5,12	1,37	1,16	0,19	0,03	0,06	0,02	0,01	0,01	0,02	0,01
R ² (CGC)		33,42	33,2	44,2	46,3	21,4	88,7	80,4	92,7	70,65	51,6	68,3	82,30	22,8	81,0	67,1	85,6	25,5	80,2	75,5	84,8
R ² (CEC)		66,58	66,8	55,8	53,7	78,6	11,3	19,6	7,3	29,35	48,4	31,7	17,70	77,2	19,0	32,9	14,4	74,5	19,8	24,5	15,2
Média Geral		0,99	0,88	0,96	0,86	4,59	4,30	3,93	4,2	17,37	16,1	14,4	14,65	2,86	2,78	2,48	2,6	0,87	0,76	0,73	0,8
Componentes quadráticos																					
g (Fixo)		0,00	0,00	-0,01	0,00	-0,00	0,04	0,1	0,06	0,38	0,7	0,88	0,62	-0,00	0,01	0,04	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
s (Fixo)		0,00	-0,00	-0,25	-0,00	-0,01	-0,02	0,04	-0,01	0,11	0,6	0,70	0,00	-0,01	-0,00	0,03	-0,00	0,00	-0,00	-0,00	-0,00

** , * : significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F_g: componentes quadráticos da capacidade geral de combinação; s: componentes quadráticos da capacidade específica de combinação;¹: Grau de Liberdade dos Resíduos igual a 35 em função da perda de parcelas experimentais.

Tabela 6. Estimativas da capacidade geral de combinação () para os seis genitores, capacidade específica de combinação () dos cruzamentos e desvio padrão (DP) dessas estimativas para os caracteres de produção: prolificidade (PROL), diâmetro de espigas (DE, cm), comprimento de espigas (CE, cm), diâmetro de sabugos (DS, cm) e comprimento de grãos (CG, cm), avaliados na primeira (P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

Efeitos	Estimativas da capacidade geral de combinação																			
	PROL				DE				CE				DS				CG			
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
	-0,03	-0,13	-0,12	-0,08	-0,09	-0,38	-0,55	-0,38	-0,58	-1,44	-0,95	-0,74	-0,06	-0,20	-0,34	-0,21	-0,02	-0,09	-0,10	-0,08
	0,03	-0,02	-0,04	0,07	0,01	0,11	0,17	0,13	0,63	0,26	0,65	0,35	-0,06	0,02	0,09	0,01	0,04	0,05	0,04	0,06
	0,01	0,03	0,024	0,03	0,04	0,21	0,23	0,18	-0,29	0,13	0,35	0,45	0,03	0,07	0,19	0,12	0,01	0,07	0,02	0,03
	0,00	0,10	0,011	0,00	0,13	0,01	0,35	0,27	1,00	1,51	1,42	1,02	0,10	0,05	0,17	0,13	0,02	-0,02	0,09	0,07
	0,04	-0,00	0,294	0,01	0,03	0,08	-0,05	-0,11	-0,38	-0,23	-1,00	-1,19	0,08	0,07	-0,04	0,01	-0,03	0,01	-0,01	-0,06
	-0,05	0,027	-0,17	-0,02	-0,11	-0,02	-0,15	-0,10	-0,38	-0,23	-0,47	0,10	-0,08	-0,01	-0,08	-0,06	-0,02	-0,01	-0,03	-0,02
DP ()	0,02	0,06	0,186	0,03	0,10	0,06	0,05	0,04	0,19	0,42	0,22	0,20	0,08	0,03	0,05	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02
DP (-)	0,03	0,09	0,289	0,04	0,15	0,10	0,08	0,07	0,30	0,65	0,34	0,31	0,13	0,05	0,07	0,04	0,03	0,03	0,04	0,02
Efeitos	Estimativas da capacidade específica de combinação																			
	PROL				DE				CE				DS				CG			
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
	0,17	0,13	-0,11	0,05	0,17	-0,06	-0,03	-0,06	0,86	-1,35	-2,29	0,01	-0,02	-0,07	0,08	0,04	0,09	0,01	-0,06	-0,05
	0,08	0,07	-0,01	-0,03	-0,24	0,02	0,024	-0,05	-0,23	-0,75	-1,45	-0,10	-0,07	0,08	0,05	0,08	-0,09	-0,03	-0,01	-0,06
	0,02	0,13	0,118	0,01	0,79	0,14	0,128	0,11	-0,53	4,85	0,74	-0,54	0,76	-0,05	0,13	0,02	0,02	0,1	0,002	0,04
	0,00	-0,14	-0,46	-0,13	-0,27	0,07	-0,71	-0,15	0,59	0,70	-0,18	-0,62	-0,21	0,120	-0,55	-0,08	-0,03	-0,02	-0,08	-0,04
	-0,03	0,16	-0,08	-0,04	-0,03	0,08	0,063	0,01	0,12	-0,59	0,56	0,31	0,00	0,077	0,15	0,10	-0,02	0,007	-0,04	-0,04
	-0,10	0,10	0,150	-0,07	-0,08	0,10	-0,10	-0,08	-0,91	0,35	0,55	0,08	0,05	0,013	-0,06	-0,06	-0,06	0,044	-0,02	-0,02
	-0,08	-0,04	0,003	-0,07	-0,20	-0,18	-0,23	-0,01	0,13	-0,43	-0,13	0,78	-0,06	-0,02	-0,05	0,08	-0,07	-0,08	-0,09	-0,04
	0,01	-0,16	-0,20	0,01	0,00	0,02	-0,06	0,01	-0,49	-0,09	-0,36	-0,47	-0,02	0,059	-0,12	-0,07	0,01	-0,02	0,033	0,04
	0,01	-0,34	0,100	-0,08	-0,09	-0,12	-0,02	-0,06	-0,59	-0,50	1,04	-0,50	-0,10	-0,14	-0,03	-0,01	0,00	0,010	0,004	-0,02
	-0,03	-0,13	0,015	-0,11	-0,22	-0,01	-0,00	-0,01	-0,08	-0,85	-0,75	-0,19	-0,12	0,025	-0,12	-0,02	-0,05	-0,02	0,058	0,01
	0,07	-0,28	-0,18	0,03	-0,19	-0,03	0,146	0,25	-1,30	0,04	1,40	1,48	-0,02	-0,03	0,28	0,14	-0,08	0,002	-0,07	0,05
	0,04	0,07	0,043	0,13	0,12	0,04	0,111	0,09	0,38	0,51	0,41	0,26	0,09	0,070	0,10	0,07	0,02	-0,01	0,004	0,01
	0,08	0,05	-0,30	0,08	-0,09	-0,11	0,080	-0,02	-0,19	-0,80	-0,60	0,05	-0,07	-0,05	0,20	0,00	-0,01	-0,03	-0,06	-0,01
	0,07	0,10	0,255	-0,06	0,09	0,05	0,025	0,03	0,47	-0,74	-0,54	0,62	-0,02	-0,01	-0,05	0,06	0,05	0,032	0,034	-0,02
	-0,02	0,06	-0,38	-0,06	0,13	-0,20	-0,29	-0,17	0,19	0,13	-1,24	0,10	0,16	-0,1	-0,38	-0,10	-0,01	-0,05	0,039	-0,03
DP ()	0,05	0,13	0,423	0,06	0,22	0,14	0,12	0,10	0,43	0,96	0,49	0,46	0,19	0,07	0,10	0,06	0,04	0,05	0,05	0,04

DP ()	0,06	0,16	0,512	0,08	0,27	0,17	0,14	0,12	0,53	1,16	0,60	0,55	0,23	0,09	0,12	0,07	0,05	0,06	0,07	0,04
DP (-)	0,06	0,18	0,577	0,08	0,30	0,19	0,16	0,13	0,59	1,31	0,67	0,62	0,25	0,10	0,14	0,08	0,05	0,07	0,07	0,05
DP (-)	0,08	0,24	0,764	0,11	0,40	0,26	0,21	0,17	0,79	1,73	0,89	0,82	0,34	0,13	0,18	0,11	0,07	0,09	0,10	0,06
DP (-)	0,08	0,23	0,707	0,10	0,37	0,24	0,20	0,16	0,73	1,60	0,83	0,76	0,31	0,12	0,17	0,10	0,07	0,09	0,10	0,06

Isoladamente, também é possível destacar a combinação G3 x G6 com alto valor de CEC para diâmetro de sabugo, e G2 x G6 com alto valor de CEC para comprimento de espigas. Considerando a CEC na época S1, é possível perceber que a linha de raciocínio estabelecida na discussão da análise conjunta, ou seja, de seguir com a seleção dos genitores G2, G3 e G4 para compor uma nova população, estaria contemplando ainda o fato de levar para a combinação o efeito de dominância contido dos genitores avaliados, para aumentar o caráter de diâmetro de espigas e comprimento de espigas e de diminuir o diâmetro de sabugos.

Segundo Crispim-Filho (2018) e Baretta et al (2016), três caracteres de produção, sendo eles o comprimento de espigas, comprimento de grãos e peso de espigas, possuem correlações genéticas fortes e positivas com a produção de grãos, fazendo destes caracteres os principais para estudo e seleção de populações.

Considerando os caracteres da planta, observa-se que os genitores G3 e G4 se mostraram como os melhores para diminuição de acamamento e quebramento, sendo o G3 o melhor quando trata-se de ambientes desfavoráveis, tendo em vista que apresentou CGC de -0,42 para época P2 e -0,97 para época S1 (Tabela 8).

Tabela 7 Resumo das análises dialélicas individuais, coeficientes de determinação (R^2), médias gerais e componentes quadráticos para os caracteres de planta: altura de plantas (AP, m), altura de espigas (AE, m), posição relativa das espigas (PRE), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), Stay-green (ST), avaliados na primeira (P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

FV	GL	Quadrados médios																		
		AP				AE				PRE				ACQ ¹				ST		
		P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1
Tratamentos	20	0,02*	0,03*	0,03*	0,02	0,01*	0,02*	0,02*	0,028	0,002	0,004	0,003	0,004	5,0**	7,08	7,24*	4,27*	1,7**	1,3**	0,6
CGC	5	0,03*	0,1**	0,05*	0,06*	0,02*	0,05*	0,05*	0,09*	0,004	0,01*	0,01*	0,01*	14,1*	19,2*	20,7*	6,34*	4,9**	34**	0,9*
CEC	15	0,01	0,02	0,02	0,01	0,01*	0,01	0,17	0,01	0,001*	0,002	0,002	0,001	2,02	3,02	2,76	3,58	0,60	0,4**	0,5
Resíduos	40	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,01	0,01	0,01	0,001	0,001	0,002	0,002	1,36	4,91	3,80	1,93	0,52	0,14	0,34
R ² (CGC)		42,58	50,66	40,70	64,90	46,23	56,32	49,74	80,61	55,15	61,97	56,06	77,37	70,02	67,99	71,39	37,09	73,26	77,25	36,23
R ² (CEC)		57,42	49,34	59,31	35,10	53,77	43,68	50,26	19,39	44,85	38,03	43,88	22,63	29,98	32,01	28,61	62,91	26,74	22,75	63,77
Média Geral		2,16	1,73	1,76	1,84	1,20	1,14	0,94	0,96	0,56	0,66	0,53	0,52	2,62	3,16	3,49	2,76	4,27	4,51	4,67
		Componentes quadráticos																		
g (Fixo)		0,001	0,002	0,002	0,002	0,001	0,002	0,002	0,003	0,000	0,00	0,00	0,000	0,53	0,60	0,70	0,18	0,18	0,16	0,02
s (Fixo)		0,002	0,001	0,004	-0,00	0,001	0,002	0,001	-0,00	0,000	0,00	0,00	-0,00	0,22	-0,63	-0,35	0,55	0,03	0,08	0,06

** , * : significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; g : componentes quadráticos da capacidade geral de combinação; s : componentes quadráticos da capacidade específica de combinação; ¹: Dados originais transformados pela equação $y = \bar{y} + \sum_{i=1}^k x_i \bar{y}_i$, em que \bar{y} é o valor observado em cada parcela; As médias apresentadas nesta tabela para ¹, referem-se às médias dos dados transformados; Não houve avaliação para Stay-Green na época de plantio S2.

Tabela 8. Estimativas da capacidade geral de combinação (σ_g) para os seis genitores, capacidade específica de combinação (σ_{g_i}) dos cruzamentos e desvio padrão (DP) dessas estimativas para os caracteres de planta: altura de plantas (AP, m), altura de espigas (AE, m), posição relativa das espigas (PRE), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), Stay-green (ST), avaliados na primeira (P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

Efeitos	Estimativas da capacidade geral de combinação																		
	AP				AE				PRE				ACQ				ST		
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1
	-0,05	-0,06	-0,07	-0,05	-0,03	-0,06	-0,03	-0,04	0,00	-0,02	0,004	-0,01	1,30	1,77	1,47	0,53	0,47	0,43	0,17
	-0,03	-0,05	0,02	0,04	0,01	0,01	0,03	0,06	0,01	0,03	0,012	0,02	0,36	-0,68	0,28	0,49	-0,03	-0,49	-0,21
	0,00	0,07	0,07	0,02	0,02	0,07	0,07	0,04	0,01	0,02	0,022	0,01	-0,58	-0,42	-0,97	-0,31	-0,07	-0,03	0,04
	0,05	0,02	0,01	0,07	0,02	0,03	-0,01	0,04	0,00	0,01	-0,012	0,01	-0,42	-0,30	-0,28	-0,83	-0,82	-0,49	-0,25
	0,00	0,02	-0,02	-0,05	-0,05	-0,03	-0,05	-0,10	-0,02	-0,03	-0,025	-0,04	-0,77	0,02	-0,93	0,01	0,35	0,22	0,04
	0,03	0,00	-0,02	-0,03	0,02	-0,02	-0,01	0,00	0,00	-0,01	-0,001	0,01	0,10	-0,39	0,43	0,10	0,10	0,35	0,21
DP (σ_g)	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,00	0,01	0,01	0,01	0,22	0,41	0,36	0,26	0,13	0,07	0,11
DP (σ_{g_i})	0,03	0,04	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,01	0,01	0,01	0,01	0,34	0,64	0,56	0,40	0,21	0,11	0,17
Efeitos	Estimativas da capacidade específica de combinação																		
	AP				AE				PRE				ACQ				ST		
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1
	-0,03	0,004	-0,105	-0,04	0,01	-0,05	-0,782	0,02	0,01	-0,034	-0,008	0,02	0,60	0,08	-0,11	-0,10	-0,05	0,55	0,38
	-0,05	0,087	0,033	-0,02	0,04	0,03	-0,022	-0,01	0,03	-0,017	-0,018	0,00	0,21	-1,77	-0,02	-0,28	-0,01	0,09	0,12
	-0,03	0,031	0,015	-0,08	-0,06	0,05	0,006	-0,03	-0,02	0,014	-0,004	0,01	-0,86	0,17	-0,14	0,62	0,41	0,55	0,42
	-0,05	-0,149	-0,106	-0,05	-0,03	-0,08	-0,047	-0,05	0,00	0,011	-0,002	-0,02	-0,84	0,56	0,01	0,86	-0,09	-0,16	-0,88
	0,06	0,060	0,104	0,04	0,03	0,12	0,153	0,00	-0,01	0,050	0,054	-0,01	-0,88	-0,38	0,00	2,12	0,16	-0,29	-0,04
	-0,05	0,003	-0,073	0,01	-0,03	0,01	-0,085	-0,01	0,00	0,001	-0,026	-0,01	0,47	1,46	-0,40	0,15	0,83	0,01	-0,17
	-0,05	-0,149	-0,010	0,04	-0,04	-0,11	0,043	-0,02	-0,01	-0,004	0,028	-0,02	0,96	-0,82	0,41	0,26	-0,42	-0,54	-0,87
	-0,04	0,098	0,049	0,01	-0,02	0,04	0,021	-0,06	0,00	-0,011	-0,009	-0,03	-0,21	-1,14	0,63	0,94	0,41	0,09	0,17
	-0,08	-0,017	0,039	-0,04	-0,04	0,00	0,021	0,00	0,00	0,008	0,007	0,02	0,55	-0,18	-0,17	-1,27	-0,34	0,30	0,33
	-0,08	-0,003	-0,003	-0,01	-0,04	-0,06	0,009	0,04	0,00	-0,034	0,008	0,02	0,12	0,20	1,08	0,18	0,62	-0,33	-0,13
	0,04	0,071	-0,094	-0,01	0,01	0,08	-0,083	-0,01	-0,01	0,019	-0,019	-0,01	0,01	-0,41	-0,05	0,14	0,12	-0,04	0,25
	0,08	0,043	0,066	-0,05	0,06	-0,01	0,057	0,00	0,01	-0,022	0,007	0,01	0,71	0,07	1,07	0,13	-0,63	-0,16	0,08
	-0,04	0,049	-0,041	0,10	-0,02	0,03	-0,026	0,09	0,00	-0,003	-0,006	0,02	1,17	-0,91	0,38	-0,60	-0,13	0,09	0,54
	0,07	-0,033	-0,041	0,07	0,11	0,03	-0,006	0,04	0,03	0,033	0,011	0,00	-0,87	1,98	1,58	0,33	0,12	0,63	-0,29
	-0,05	-0,033	-0,163	-0,10	0,02	-0,06	-0,088	-0,08	0,02	-0,024	0,003	-0,02	0,60	-0,33	0,90	1,50	-0,38	-0,08	0,08
DP (σ_{g_i})	0,04	0,05	0,05	0,05	0,03	0,04	0,05	0,05	0,01	0,02	0,02	0,02	0,49	0,94	0,82	0,59	0,31	0,16	0,25

DP ()	0,05	0,06	0,06	0,06	0,03	0,04	0,06	0,05	0,01	0,02	0,02	0,02	0,60	1,13	1,00	0,71	0,37	0,19	0,30
DP (-)	0,05	0,07	0,07	0,07	0,04	0,05	0,07	0,06	0,01	0,02	0,03	0,02	0,67	1,28	1,12	0,80	0,42	0,22	0,34
DP (-)	0,07	0,09	0,09	0,09	0,05	0,07	0,09	0,08	0,02	0,03	0,03	0,03	0,89	1,69	1,49	1,06	0,55	0,29	0,45
DP (-)	0,06	0,09	0,08	0,08	0,04	0,06	0,81	0,08	0,02	0,03	0,03	0,03	0,82	1,57	1,38	0,98	0,51	0,26	0,41

Nos programas de melhoramento deseja-se o desenvolvimento de genótipos que permanecerem com seus colmos e folhas verdes por mais tempo após o enchimento de grãos. Segundo Costa et al. (2008), esta característica promove maior resistência a estresses bióticos e abióticos até que o ciclo do milho termine, assim almeja-se com o melhoramento, selecionar para CGC os valores negativos com maior magnitude, em função da escala de valores de Stay-Green ser medida de 1 a 5, e o valor 1 correspondendo ao maior Stay-Green, sendo assim busca-se diminuir o valor da escala de notas e então aumentar o caráter de Stay-Green.

Ressalta-se entre o conjunto de genitores, o G4 como ótimo genitor para aumentar o caráter de Stay-Green, ou seja, baixar notas na escala de avaliação de Stay-Green, apresentando valores de CGC de -0,82 (época P1) e -0,25 (época S1) (Tabela 8). Os genitores que mais contribuíram para aumentar as notas de avaliação de Stay-Green, ou seja, contribuíram para diminuir a capacidade Stay-Green das suas progênies, foram os genitores G1, G5 e G6. Estes mesmos genitores também foram considerados como os piores para contribuição na média dos cruzamentos para os caracteres de peso de espigas e produção de grãos (Tabela 3), reforçando a ideia de que baixo Stay-green reflete em baixas produtividades. Analisando os valores de capacidade específica de combinação, é possível destacar que os genitores G2, G3 e G4 participaram na combinação dos dois melhores cruzamentos para Stay-Green, sendo eles G2 x G4 e G3 x G4, com valores de CEC de -0,54 e -0,33, respectivamente (Tabela 8). Toda esta discussão sobre os resultados de Stay-Green vêm reforçar o fato de que o comportamento Stay-Green em híbridos de milho está associado ao aumento do potencial produtivo do milho, com incremento indireto em produtividade (Andrade, 2012).

No estudo de Crispim-Filho (2018) não foram identificadas correlações genéticas para o caráter acamamento e quebramento com outro caráter, porém foram identificadas correlações fenotípicas negativas com caracteres relacionados ao florescimento e alguns componentes de produção, incluindo produtividade de plantas. Assim, a seleção dos genitores G2, G3 e G4 para caracteres de produção pode ao mesmo tempo excluir os piores genitores para acamamento e quebramento.

O ciclo dos híbridos de milho pode ser avaliado por meio da quantidade de dias que o genótipo leva para pendoar e emitir etilo-estimas, ou seja, por meio das avaliações realizadas de florescimento feminino e masculino (Santos et al., 2002). Estes dois caracteres são importantes, classificando-os como tardio ou precoce para pendoamento por exemplo.

Este caráter tem muito peso na tomada de decisão de escolha de híbridos para o plantio, principalmente quando se trata da segunda safra, quando a janela de plantio é curta em função de tentar minimizar alguns efeitos que ocorrem ao longo desta safra. Há três importantes aspectos das condições climáticas na segunda safra que busca-se minimizar: a temperatura que decresce ao longo do cultivo; a menor luminosidade, pois há quedas progressivas no acúmulo de graus-dias de janeiro à junho; e a baixa disponibilidade hídrica, pois, ao longo dos anos, as precipitações diminuem e se tornam mais irregulares a medida que o inverno se aproxima ao longo do ciclo (Shioga & Gerage, 2010). Os riscos climáticos da segunda safra são maiores; mesmo assim, há riscos também na primeira safra, como veranicos. Além disso, há preocupação em relação a busca de cultivares de milho mais precoces para a primeira safra, a fim de possibilitar o plantio antecipado de outra cultura na segunda safra.

Foi possível identificar diferença significativa na capacidade geral de combinação para florescimento feminino e florescimento masculino nas duas épocas de plantio da primeira safra (P1 e P2) e na segunda época de plantio da segunda safra (S2) (Tabela 9). Entretanto, não foi possível identificar um genitor bom para diminuir o ciclo do milho independente da época de plantio, o que explica o fato de não haver significância na análise dialélica conjunta dos caracteres de florescimento (Apêndice A). Mas pode-se afirmar que o genitor G1 e G6 contribuem para diminuir dias de florescimento feminino e masculino na primeira safra (P1 e P2), ainda que não sejam os genótipos mais produtivos selecionados até aqui, e este fato pode ser explicado por exemplo com valores baixos de correlação fenotípica expostos por Crispim-Filho (2018) entre produção de grãos e florescimento feminino (0,18) e florescimento masculino (0,27).

Seguindo a linha de raciocínio de que até então os melhores genitores para caracteres de produção foram os G2, G3 e G4, entre os cruzamentos que estes genitores participam, as combinações G1 x G4 e G2 x G3 foram as que mais apresentaram valores

Tabela 9 Resumo das análises dialéticas individuais, coeficientes de determinação (R^2), médias gerais e componentes quadráticos para os caracteres de florescimento: florescimento feminino (FF, dias), florescimento masculino (FM, dias) e intervalo de florescimento (IF, dias), avaliados na primeira (P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

FV	GL	Quadrados médios											
		FF				FM				IF ¹			
		P1	P2	S1 ²	S2	P1	P2	S1 ²	S2	P1	P2	S1 ²	S2
Tratamentos	20	5,73*	711,43**	87,03	5,55	5,92**	11,08**	78,16	4,72	3,25	14,38	4,18	7,25**
CGC	5	7,56**	224,67**	87,55	13,19*	8,89**	27,89**	53,20	6,74*	3,89	10,56	9,84	17,6**
CEC	15	5,12	486,76**	86,86	3,00	4,92**	5,47	86,48*	4,05	3,03	15,66	2,29	3,81
Resíduos	40	2,87	427,05	58,37	4,11	1,32	3,23	43,47	2,73	3,22	9,85	4,84	2,37
R ² (CGC)		32,99	31,58	25,15	59,44	37,59	62,95	17,02	35,72	29,96	18,36	58,82	60,64
R ² (CEC)		67,01	68,42	74,85	40,56	62,41	37,05	82,98	64,28	70,04	81,64	41,18	39,36
Média Geral		59,41	65,43	70,88	60,32	59,21	62,11	70,33	58,83	9,02	12,32	9,56	7,51
Componentes quadráticos													
g (Fixo)		0,20	1,43	1,22	0,38	0,32	1,03	0,41	0,17	0,03	-0,21	0,21	0,63
s (Fixo)		0,75	7,26	9,50	-0,37	1,20	0,75	14,34	0,44	-0,06	1,94	-0,85	0,48

**, *: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; g: componentes quadráticos da capacidade geral de combinação; s: componentes quadráticos da capacidade específica de combinação; ¹: dados originais somados a uma constante igual a 9, de modo a evitar valores negativos; ²: grau de Liberdade dos Resíduos igual a 39 em função da perda de parcela experimental; as médias apresentadas nesta tabela para ¹, referem-se às médias dos dados transformados.

Tabela 10. Estimativas da capacidade geral de combinação () para os seis genitores, capacidade específica de combinação () dos cruzamentos e desvio padrão (DP) dessas estimativas para os caracteres de florescimento: florescimento feminino (FF, dias), florescimento masculino (FM, dias) e intervalo de florescimento (IF, dias), avaliados na primeira (P1) e segunda (P2) época da primeira safra, e primeira (S1) e segunda (S2) época da segunda safra de 2018/2019.

Efeitos	Estimativas da capacidade geral de combinação											
	FF				FM				IF			
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
	-0,82	-0,13	1,58	-0,19	-0,47	-0,89	0,65	-0,39	-0,39	0,76	0,93	-0,19
	0,60	1,71	-0,65	-0,28	0,94	1,49	-0,29	0,94	-0,18	0,22	-0,36	1,22
	0,68	-2,08	2,14	-0,36	-0,14	-0,89	2,26	-0,43	0,49	-1,19	-0,11	-0,07
	-0,07	0,50	-3,23	-0,74	0,36	0,69	-2,33	-0,01	-0,14	-0,19	-0,90	0,72
	-0,15	0,96	0,44	0,18	0,07	0,65	-0,04	-0,35	-0,31	0,31	0,47	-0,53
	-0,24	-0,96	-0,29	1,39	-0,76	-1,06	-0,26	0,24	0,53	0,10	0,03	-1,15
DP ()	0,32	0,61	1,42	0,38	0,21	0,33	1,23	0,31	0,33	0,58	0,41	0,29
DP (-)	0,49	0,94	2,21	0,59	0,33	0,52	1,90	0,48	0,52	0,91	0,63	0,44
Efeitos	Estimativas da capacidade específica de combinação											
	FF				FM				IF			
	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2	P1	P2	S1	S2
	-1,86	-5,35	1,18	0,82	-1,35	-1,71	0,31	-0,71	1,22	-3,64	0,87	-1,54
	0,39	0,11	-1,28	-0,43	0,07	0,00	-1,23	0,66	1,22	0,11	-0,04	1,09
	-1,52	-2,47	-2,23	-1,39	-1,43	-0,58	-1,32	-1,42	0,51	-1,89	-0,91	-0,04
	2,23	4,74	7,77	0,70	1,86	2,46	8,06	0,58	0,01	2,28	-0,29	-0,12
	-0,36	-2,68	3,33	-0,51	0,03	-0,83	4,79	-0,34	0,85	-1,85	-1,46	0,17
	0,64	-2,72	-1,05	-0,01	-0,01	-1,04	-0,97	-0,34	0,01	-1,68	-0,08	-0,33
	0,73	-1,64	10,33	-0,30	-0,18	-0,29	9,96	0,24	0,30	-1,35	0,38	0,55
	0,48	2,24	-1,34	-0,89	0,11	1,42	-1,34	-0,09	-1,53	0,82	0,00	0,80
	-0,77	2,49	-5,94	1,24	-1,72	1,13	-5,11	1,66	0,64	1,36	-0,84	0,42
	0,98	3,49	2,21	1,78	0,24	0,75	1,41	0,95	-0,36	2,74	0,79	-0,83
	0,39	1,36	-4,13	1,20	0,53	0,79	-5,22	-0,71	-0,53	0,57	1,08	-1,91
	0,48	-1,05	0,60	-0,01	1,03	0,17	0,35	2,04	-0,36	-1,22	0,25	2,05
	-0,19	0,45	-6,76	0,57	0,36	0,54	-5,63	1,20	-0,24	-0,10	-1,13	0,63
	1,89	3,70	2,64	0,36	2,20	1,92	2,93	0,62	-0,74	1,78	-0,29	0,26
	0,64	1,24	-7,36	0,45	0,49	-1,71	-7,36	-1,38	-0,90	2,95	0,00	-1,83
DP ()	0,72	1,38	3,23	0,86	0,49	0,76	2,79	0,70	0,76	1,33	0,93	0,65

DP ()	0,87	1,67	3,91	1,04	0,59	0,92	3,37	0,85	0,92	1,61	1,13	0,79
DP (-)	0,98	1,89	4,41	1,17	0,66	1,04	3,81	0,95	1,04	1,81	1,27	0,89
DP (-)	1,29	2,50	5,83	1,55	0,88	1,37	5,04	1,26	1,37	2,40	1,68	1,18
DP (-)	1,20	2,31	5,40	1,43	0,81	1,27	4,66	1,17	1,27	2,22	1,56	1,09

de CEC negativos, ou seja, ao longo das épocas de plantio, estas combinações, por meio de seus efeitos de dominância envolvidos, mais diminuiram os caracteres de florescimento (Tabela 10).

Os experimentos P2 e S1 sofreram com estresse hídrico no período de florescimento e fase inicial de desenvolvimento do milho, respectivamente, e portanto apresentaram, de maneira geral, maiores valores de capacidade específica de combinação (Tabela 9) para os caracteres de florescimento feminino, florescimento masculino e intervalo de florescimento, sendo as maiores magnitudes encontradas no experimento S1 (estresse hídrico na fase inicial). Neste contexto, destaca-se no ambiente S1 com maiores valores de CEC para florescimento feminino e florescimento masculino as combinações G1 x G5 (7,77 e 8,0), G2 x G4 (10,33 e 9,96), e G5 x G6 (-7,36 e -7,36).

As capacidades específicas de combinação revelam que os piores cruzamentos quanto aos caracteres de florescimento foram: G1 x G5, G3 x G4 e G4 x G6, uma vez que cada uma destas combinações apresentou dez valores positivos dos doze possíveis, considerando os três caracteres de florescimento e as quatro épocas de plantio (Tabela 10). Ou seja, estes três cruzamentos podem contribuir para aumento do ciclo do milho e até mesmo aumento do intervalo entre florescimento feminino e masculino para a maioria das épocas de cultivo.

Como já mencionado anteriormente, os ambientes P2 e S1 foram impactados com deficiência hídrica, sendo P2 com falta de precipitação durante o florescimento e S1 com falta de precipitação na fase inicial para germinação dos genótipos. A estiagem durante a condução do experimento no ambiente P2 afetou diretamente os valores observados para intervalo de florescimento, aumentando os valores de intervalo entre florescimento feminino e masculino, que deve ser levado em consideração se observado os valores de médias para estes caracteres. A época S1 apresentou maiores estimativas para os coeficientes de variação para os caracteres de florescimento, que pode estar ligado à falta de precipitação na fase inicial da cultura, quando alguns genótipos conseguiram germinar com pouca água retida no solo antes da interrupção das chuvas e outros não. Alguns genótipos demoraram mais para germinar que outros, e como o cálculo do intervalo de florescimento neste trabalho foi realizado com base na data de plantio, foram observados valores mais discrepantes neste ambiente.

3.3.3 GGE Biplot

O caráter produção de grãos foi selecionado para que fossem gerados os gráficos de interação neste método, uma vez que é o principal caráter analisado para seleção de genótipos. As informações de análise dialélica realizadas anteriormente para os outros caracteres servirão de suporte para a escolha dos genótipos mais indicados a formarem a nova variedade sintética.

O gráfico “*Mean vs. Stability*” mostra a relação entre a média do caráter estudado e a estabilidade do genótipo. O eixo que liga a linha AEC (*Average Environmental Coordination*) horizontal é caracterizado pela coordenada ambiental, com a linha média geral (linha vertical), indicando quais genótipos foram superiores ou inferiores a média geral e quanto maior a magnitude do genótipo. Por meio deste gráfico é possível identificar os genótipos capazes de capitalizar os efeitos da interação de genótipos com ambientes, se comportando com desempenho elevado em condições amplas ou específicas (Yamamoto, 2018; Costa-Neto, 2017).

Considerando as capacidades gerais de combinação para produção de grãos, verifica-se que os genótipos com valores superiores em relação à média foram os genitores G4, G3 e G2, os demais genitores foram inferiores à média geral. Com relação à estabilidade dos genótipos, o G5 se mostrou mais estável seguido do genitor G2 para produção de grãos. Ao considerar potencial produtivo e estabilidade ao mesmo tempo, destaca-se então o genitor G2, com média acima da média geral produção de grãos e um genótipo estável. O genitor G4 foi o genótipo mais instável, porém com maior média para o caráter analisado (Figura 2).

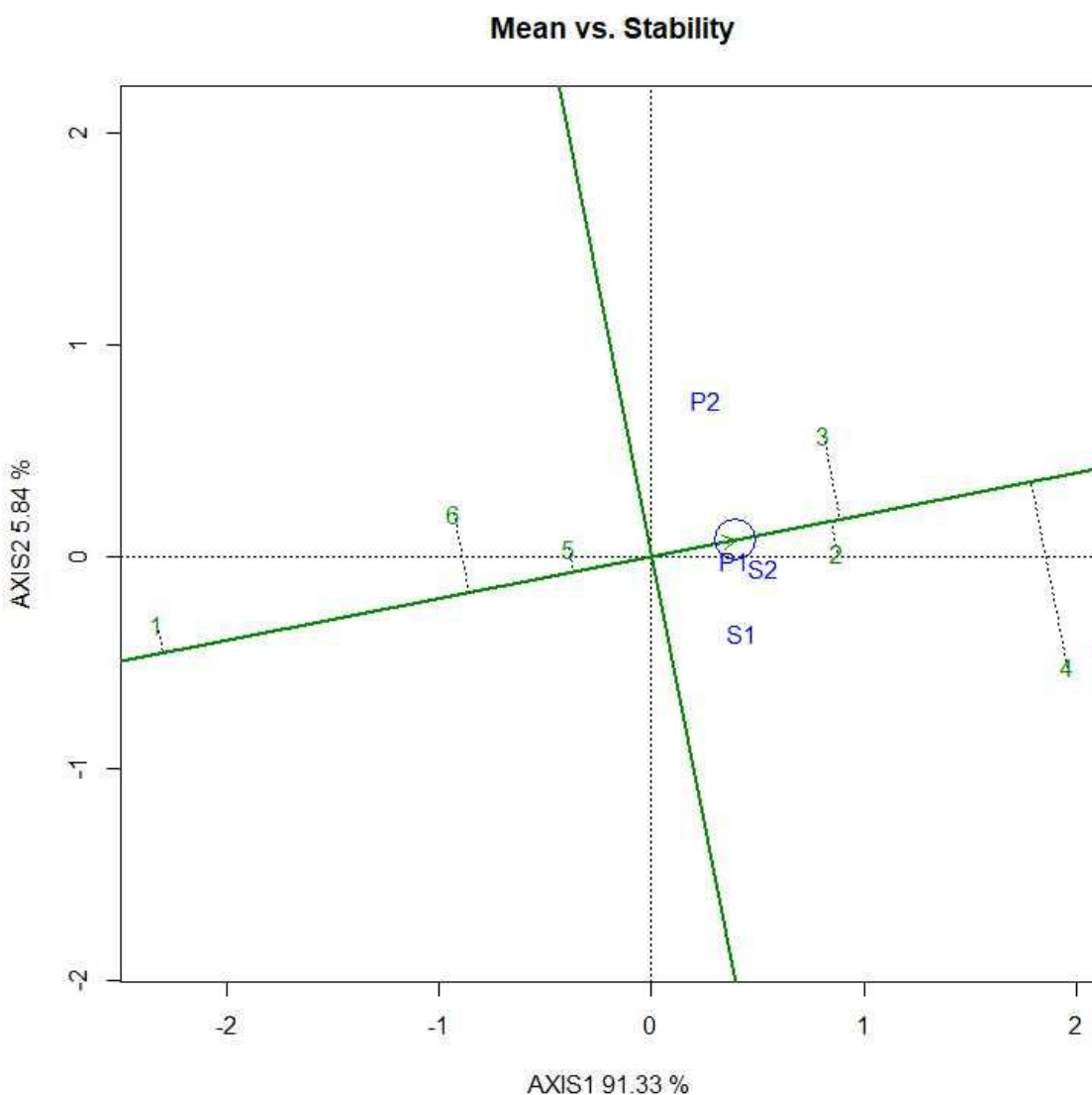


Figura 2. Análise de interação de genótipos com ambientes tipo GGE Biplot - Relação entre a média do caráter e a estabilidade do genótipo (Mean vs. Stability) das capacidades geral de combinação (CGC) para produção de grãos (PG) em um esquema dialelo completo com seis genitores híbridos simples conduzidos nos ambientes P1, P2, S1 e S2, durante a safra de 2018/2019, em Goiânia-GO.

Para as capacidades específica de combinação para produção de grãos, verifica-se que os genótipos com valores superiores em relação à média foram os cruzamentos G1 x G2, G1 x G6, G1 x G4, G3 x G6, G4 x G5, G2 x G4 e G5 x G6; os demais obtiveram médias inferiores à média geral. O cruzamento mais estável foi o G1 x G4, seguido dos cruzamentos G3 x G6 e G1 x G6, e estes três genótipos estáveis também estão entre os mais produtivos (Figura 3).

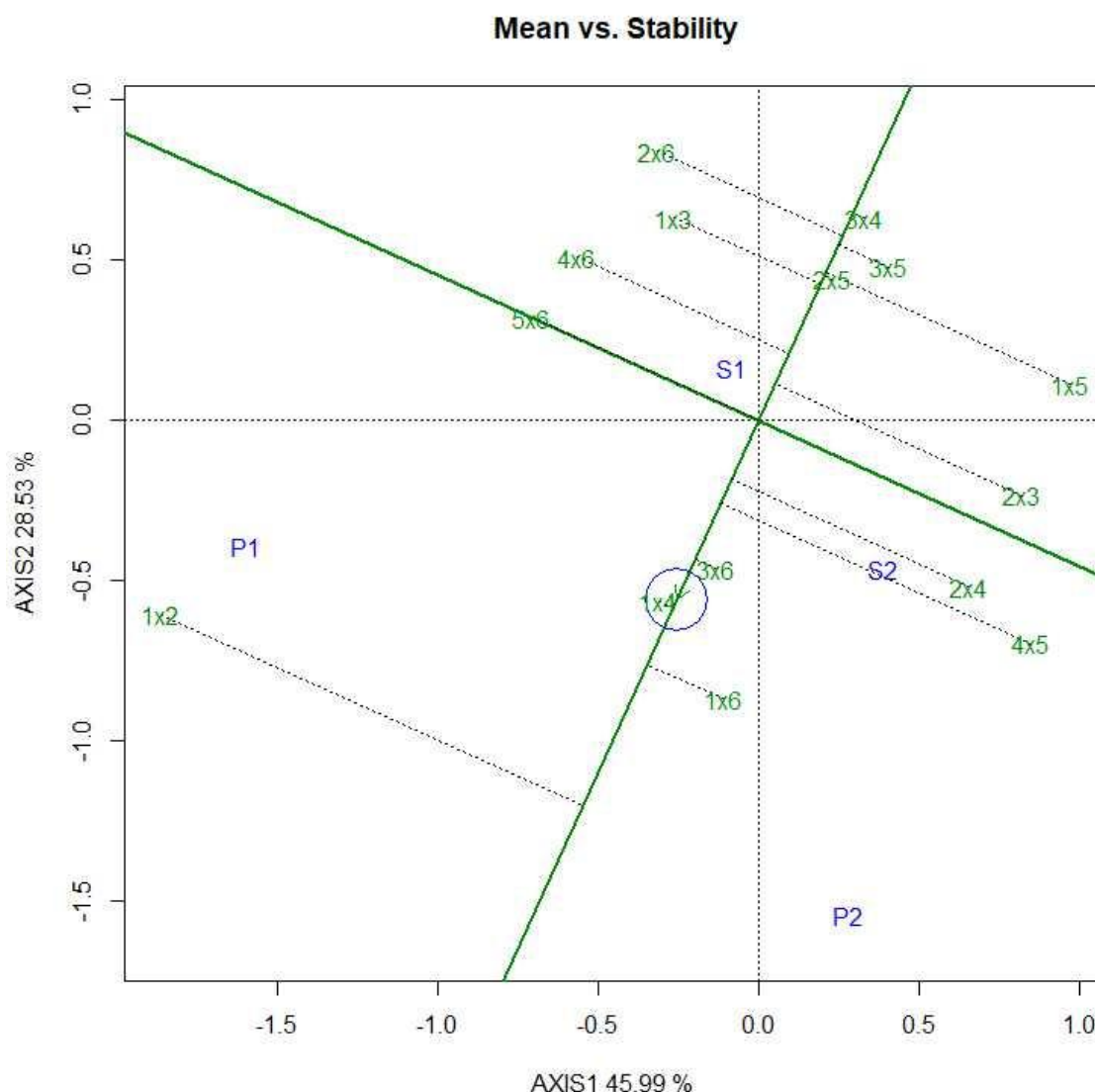


Figura 3 Análise de interação de genótipos com ambientes tipo GGE Biplot - Relação entre a média do caráter e a estabilidade do genótipo (Mean vs. Stability) das capacidades específicas de combinação (CEC) para produção de grãos (PG) em um esquema dialelo completo com seis genitores híbridos simples conduzidos nos ambientes P1, P2, S1 e S2, durante a safra de 2018/2019, em Goiânia-GO.

No gráfico “Which Won Where/What” são criados setores delimitados por linhas vermelhas, possibilitando o agrupamento de ambientes em mega-ambientes, conjuntos esses que representam os ambientes mais semelhantes entre si, e indicar o genótipo com melhor desempenho para o caráter estudado em cada mega-ambiente, sendo chamado genótipo vencedor, de onde vem o nome do gráfico. Este gráfico detalha aspectos da adaptação regionalizada, identificando mega-ambientes e sinalizando sobre a possível recomendação do melhor genótipo. Genótipos alocados mais próximos aos vértices do polígono formado,

são classificados como os genótipos mais responsivos aos estímulos do ambiente, assim como os genótipos mais próximos ao centro do polígono são os menos responsivos às mudanças do ambiente (Yamamoto, 2018; Costa-Neto, 2017).

Considerando as capacidades gerais de combinação para produção de grãos, as quatro épocas de plantio avaliadas foram alocadas em dois mega-ambientes, sendo a época P2 alocada sozinha em um mega-ambiente com o genitor G3 como genótipo vencedor, e as épocas P1, S1 e S2 alocadas em outro mega-ambiente com o genitor G4 como genótipo vencedor (Figura 4). Os genitores G1 e G6 participaram na formação do polígono, mas não contém nenhuma época de plantio agrupada, portanto são considerados desfavoráveis aos grupos de épocas testadas, apresentando baixa produção de grãos (Figura 4). Pode-se inferir que os genitores G2, G3 e G4 possuem alguma adaptação específica e devem ser avaliados a fim de serem selecionados como ótimos genitores para contribuir na média para produção de grãos de progênes nas épocas de adaptação. Esta observação também foi realizada por Santos et al. (2016), em sua análise de adaptabilidade e estabilidade usando GGE Biplot identificaram genótipos que não possuem nenhum tipo de adaptação específica aos ambientes estudados, assim como os genótipos G1, G5 e G6 deste trabalho.

Para os valores de capacidades específica de combinação para produção de grãos, os quatro ambientes avaliados foram alocados cada um em um setor, formando quatro mega-ambientes (Figura 5). Resultados similares foram encontrados por Santos et al. (2016) que em um estudo de adaptabilidade e estabilidade com feijão-caupi classificaram os ambientes em cinco setores (mega-ambientes), e Mattos et al. (2013) estudando produtividade de colmos de cana-de-açúcar tiveram seus ambientes agrupados em seis setores.

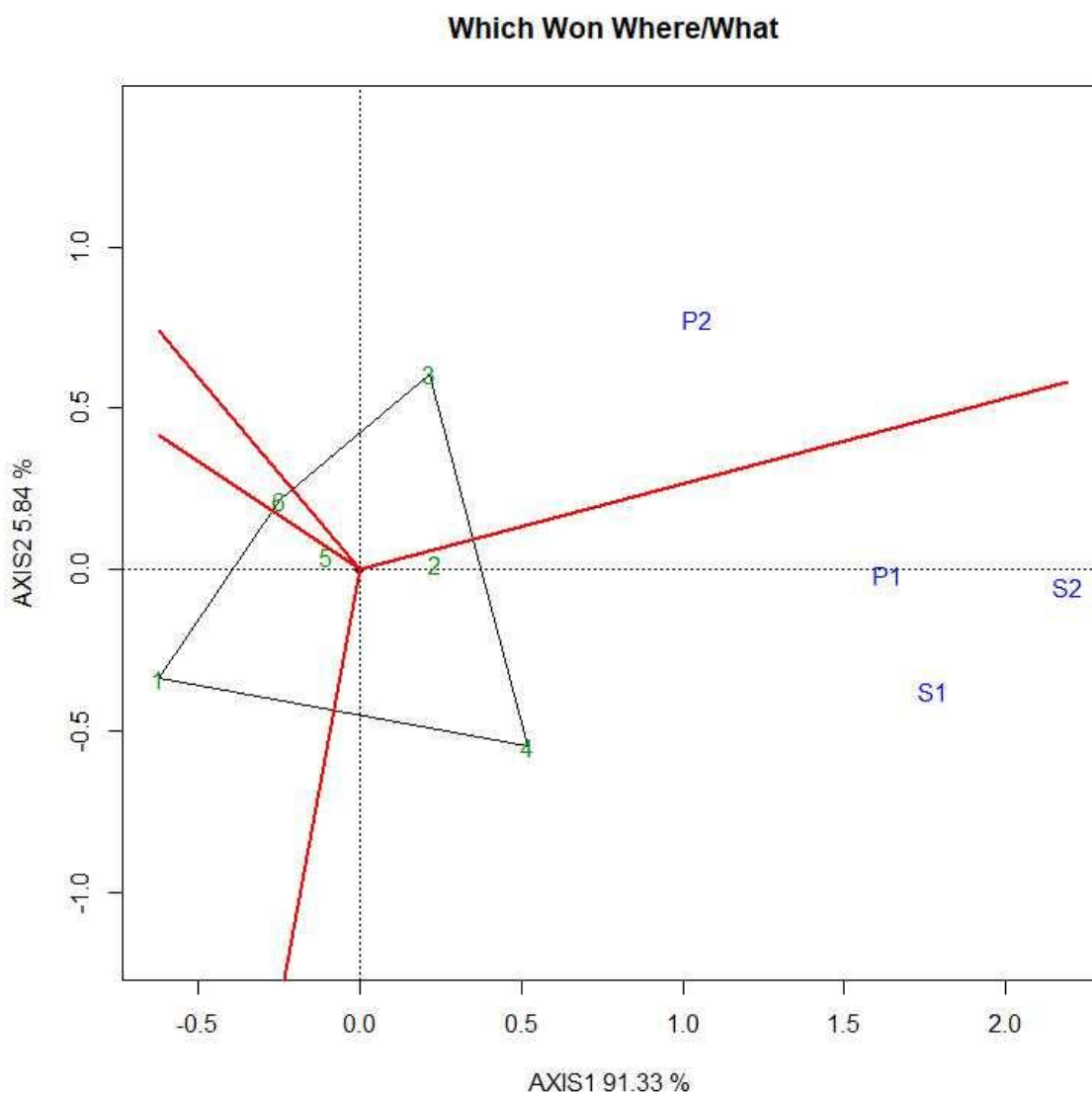


Figura 4. Análise de interação de genótipos com ambientes tipo GGE Biplot – Quem ganha onde (Which Won Where/What) das capacidades geral de combinação (CGC) para produção de grãos (PG) em um esquema dialelo completo com seis genitores híbridos simples conduzidos nos ambientes P1, P2, S1 e S2, durante a safra de 2018/2019, em Goiânia-GO.

O ambiente P1 se destacou entre os mega-ambientes com o cruzamento G1 x G2 como genótipo vencedor neste ambiente. O cruzamento G2 x G6 foi indicado como o genótipo vencedor no ambiente S1, o cruzamento G4 x G5 como vencedor no ambiente S2, o cruzamento G1 x G6 como vencedor no ambiente P2 (Figura 5). O polígono gerado ligou os cruzamentos G1 x G2, G2 x G6, G3 x G4, G1 x G5, G4 x G5 e G1 x G6, os quais estão mais afastados da origem do Biplot, e estes genótipos possuem os maiores vetores nas respectivas direções; o comprimento do vetor e a direção representa a extensão da resposta dos genótipos

3.4 CONCLUSÕES

Os caracteres altura de plantas e altura de espigas podem ser usados como caráter de seleção de genitores com base em suas capacidades geral de combinação, pois apresentaram diferença significativa nos quatro ambientes avaliados.

Não houve padrão nas estimativas das capacidades de combinação quando se observa os coeficientes de determinação (R^2) ao longo dos quatro experimentos. Ou seja, para alguns caracteres, a CGC contribuiu mais para a composição da soma de quadrados do tratamento, e para outros caracteres, a CEC contribuiu mais.

O genitor G1 se mostrou melhor para diminuição do ciclo do milho, e se destacou no cruzamento G1 x G2 com bom potencial produtivo.

Os genitores G2, G3 e G4 obtiveram as melhores capacidades geral de combinação para os componentes de produção. E o genitor G5 foi o mais estável, ainda que com média da capacidade geral de combinação inferior à média geral.

O cruzamento G1 x G2 foi o de maior média com relação à capacidade específica de combinação dos componentes primários de produção, quando comparados os quatro ambientes análise de interação genótipos com ambientes, mas ao mesmo tempo, o genótipo mais instável. Os cruzamentos G1 x G4, G3 x G6 e G1 x G6 se mostraram como os mais estáveis com relação à peso de espigas e produção de grãos, e ao mesmo tempo com valores de CEC acima da média geral.

3.5 REFERÊNCIAS

AGUIAR, C. G.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; AMARAL-JÚNIOR, A. T.; SILVÉRIO, L.; ANDRADE, C. A. B. Análise dialélica de linhagens de milho safrinha. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 6, p. 1731-1737, 2004.

ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgar Blucher, 1971. 381 p.

ALVARES V., V. H.; NOVAIS, R. F.; BARROS, N. F.; CANTARUTTI, R. B.; LOPES, A. S. Interpretação dos resultados das análises de solos. In: RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P. T. G.; ALVAREZ V., V. H. (Ed.). **Recomendação para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais: 5ª aproximação**. Viçosa: Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais, 1999a, cap. 5, p. 25-32.

ALVES, V. M. C.; VASCONCELLOS, C. A.; FREIRE, F. M.; PITTA, G. V. E.; FRAÇA, G. E.; RODRIGUES-FILHO, A.; ARAÚJO, J. M.; VEIRA, J. R.; LOUREIRO, J. E.

Milho. In: RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P. T. G.; ALVAREZ V., V. H. (Ed.). **Recomendação para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais: 5ª aproximação**. Viçosa: Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais, 1999b, p. 314-32.

ANDRADE, M. T. **Análise genética do caráter stay green em milho utilizando o delineamento III**. 2012. 61 p. Dissertação (Mestrado em Ciências: área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2012.

ANDRADE, J. A. C.; DOURADO, M. C.; CANDIDO, L. S. Estabilidade e caracterização fenotípica de híbridos experimentais e comerciais de milho em quatro épocas de plantio. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 4, n. 3, p. 390-403, 2005.

ARAÚJO, P. M.; PATERNIANI, E. Uso do vigor híbrido e heterose. In: RONZELLI JÚNIOR, P. **Melhoramento Genético de Plantas**. Curitiba: Graffice Ed. Graf. Ltda., 1996. cap. 24, p. 331-341.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; NORNBORG, R.; SOUZA, V. Q.; KONFLANZ, V. A.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Path analysis for morphological characters and grain yield of maize hybrids. **Australian Journal of Crop Science**, Lismore, v. 10, n. 12, p. 1655-1661, 2016.

BERGAMASHI, H.; DALMAGO, G. A.; BERGONCI, J. I.; BIANCHI, C. A. M.; MULHER, A. G.; COMIRAN, F.; HECKLER, B. M. M. Distribuição hídrica no período crítico do milho e produção de grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 39, n. 9, p. 831-839, 2004.

BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Estimativas de parâmetros de heterose em híbridos de populações F2 de milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 42, n. 1, p. 56-62, 2012.

BOX, G. E. P.; COX, D. R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Statistical Society**, série B, v. 26, n. 2, p. 211-252, 1964.

COELHO, A. M. **Nutrição e adubação do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 10 p. (Circular Técnica, 78).

COELHO, I. F. **Análise dialéctica multi-ambiente no melhoramento do milho**. 2019. 49 p. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2019.

COSTA, E. F. N.; SANTOS, M. F.; MORO, G. V.; ALVES, G. F.; SOUZA-JÚNIOR, C. L. Herança da senescência retardada em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 2, p. 207-2013, 2008.

COSTA, E. F. N.; SOUZA, J. C.; LIMA, J. L.; CARDOSO, G. A. Interação entre genótipos e ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 12, p. 1433-1440, 2010.

COSTA-NETO, G. M. F. **Integrando covariáveis ambientais e mapas temáticos na análise da interação “genótipo x ambiente” em arroz de terras altas**. 2017. 125 f. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.

CRISPIM-FILHO, A. J. **Estimação de parâmetros genéticos e análise de trilha em uma população de milho com potencial para seleção recorrente**. 2018. 95 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2018.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Análise Dialética. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1, cap. 7, p. 236-367.

DUARTE, J. B. **Princípios sobre delineamentos em experimentação agrícola**. 1996. 66 f. Monografia (Especialização em Estatística) – Departamento de Estatística e Informática (DEI/IMF), Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 1996.

FARINELLI, R.; PENARIOL, F. G.; BORDIN, L.; COICEV, L.; FORNASIERI-FILHO, D. Desempenho agrônomo de cultivares de milho nos períodos de safra e safrinha. **Bragantia**, v. 62, n. 2, p. 235-241, 2003.

FERREIRA, P. V. **Estatística experimental aplicada às ciências agrárias**. Viçosa: Editora UFV, 2018. 588 p.

FORSTHOFER, E. L.; SILVA, P. R. F.; STRIEDER, M. L.; MINETTO, T.; RAMBO, L.; ARGENTA, G.; SANGOI, L.; SUHRE, E.; SILVA, A. A. Desempenho agrônomo e econômico do milho em diferentes sistemas de manejo e épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.399-407, 2006.

GUEDES, M. L. **Seleção de clones de batata para aparência de tubérculos e resistência aos vírus pvx e pvy**. 2014. 65 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

GUEI, R. G.; WASSON, C. E. Genetic analysis of tassel size and leaf senescence and their relationship with yield in two tropical lowland maize populations. **African Crop Science Journal**, Kampala, v. 4, n. 3, p. 275 – 281, 1996.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

LEMOS, M. A.; GAMA, E. E. G.; MENEZES, D.; SANTOS, V. F.; TABOSA, J. N.; MORAIS, M. S. L. Emergência em campo de híbridos simples de milho superdoce de um cruzamento dialélico. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 158-162, 2002.

MATTOS, P. H. C.; OLIVEIRA, R. A.; BESPALHOK FILHO, C.; DAROS, E.; VERÍSSIMO, M. A. A. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE Biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 83-90, 2013.

MIRANDA-FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALANDARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos & Melhoramento - Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, cap. 21, p. 649-672.

NESI, C. N.; GARCIA, A. A. F. Decomposição ortogonal de graus de liberdade de tratamentos utilizando variáveis auxiliares e o proc glm do sas. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 1, p. 157-167, 2005.

NIHEI, T. H.; FERREIRA, J. M. Análise dialélica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 3, p. 369-377, 2012.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18, 2013

PFANN, A. Z.; FARIA, M. V.; ANDRADE, A. A.; NASCIMENTO, I. R.; FARIA, C. M. D. R.; BRINGHENTTI, R. M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 3, p. 128-134, 2009.

PIMENTEL-GOMES, F. Princípios básicos de experimentação. In: PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Liv. Nobel, 1990. cap. 2, p. 9-16.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicação da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012a. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed., rev. Lavras: Editora UFLA, 2012b. 305 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Editora UFG, Goiânia, 271 p. 1993.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO, P. H. E.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho em diferentes condições ambientais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2213-2222, 2000.

SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. C. F.; SILVA, J. F.; ALVES, V. B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 3, p. 299-306, 2016.

SANTOS, P. G.; JULIATTI, F. C.; BUIATTI, A. L.; HAMAWAKI, O. T. Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 5, p. 597-602, 2002.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; TONET, A.; BRACCINI, A. L.; PINTO, R. J. B. Análise dialéctica e heterose de populações de milho-pipoca. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 3, p. 219-230, 2002.

SHIOGA, P. S.; GERAGE, A. C. Influência da época de plantio no desempenho do milho safrinha no estado do Paraná, Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.9, n. 3, p. 236-253, 2010.

SIBOV, S. T. **Mapeamento de locos quantitativos (QTLs) associados à produção de milho tropical através de marcadores moleculares**. 2002. 106f. Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular: Genética Vegetal e Melhoramento) – Instituto de Biologia, Departamento de Genética e Evolução, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2002.

SILVA, T. N. **Caracterização agrônômica e morfológica de populações de milho**. 2014. 38 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2014.

SILVA, R. R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, v. 42, n. 8, p. 1404-1412, 2012.

SOUZA-JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALANDARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos & Melhoramento - Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, cap. 8, p. 159-200.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS/ESCOLA DE AGRONOMIA (UFG/EA). **Dados meteorológicos: Estação convencional da Escola de Agronomia**. Disponível em: <https://www.agro.ufg.br/p/7944-estacao-agrometeorologica>. Acesso em: 03 set. 2019.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, 26(5), p. 647-657, 1991.

WEGARY, D.; VIVEK, B. S.; LABUSCHAGNE, M. T. Combining ability of certain agronomic traits in quality protein maize under stress and nonstress environments in Eastern and Southern Africa. **Crop Science**, v. 54, n. 3, p. 1004– 1014, 2014.

YAMAMOTO, E. L. M. **Interação genótipos x ambientes e variação espacial em experimentos de avaliação de genótipos de milho no Brasil Central**. 2018. 125 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2018.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplots analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, p. 623 - 645, 2006.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v. 47, p. 641 - 653, 2007.

APÊNDICES

Apêndice A . Quadrados médios, significância da análise dialélica conjunta, coeficientes de determinação (R^2) e médias (Método 2, Modelo 1 de Griffing 1956) para as características de florescimento feminino (FF, dias), florescimento masculino (FM, dias), intervalo de florescimento (IF, dias), altura de plantas (AP, m), altura de espigas (AE, m), posição relativa das espigas (PRE), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), diâmetro de espigas (DE, cm), comprimento de espigas (CE, cm), diâmetro de sabugos (DS, cm), comprimento de grãos (CG, cm), peso de espigas (PE, ton.ha⁻¹), produção de grãos (PROD, ton.ha⁻¹) e Stay-green (ST) avaliados em 6 genitores e 15 híbridos duplos com genótipos de milho plantados no início e final da primeira, e início e final da segunda safra de 2018/2019 (P1, P2, S1 e S2) em Goiânia-GO.

FV	GL	Quadrados médios			
		FF	FM	IF ¹	
Tratamentos	20	30,54	27,81		3,00
CGC	5	20,14	19,88		4,10
CEC	15	34,01	30,45		2,64
Ambientes	3	1763,86	1799,36		254,21
Trat x Amb	60	34,44**	24,01**		8,69**
CGC x Amb	15	44,35**	25,62*		12,59**
CEC x Amb	45	31,13*	23,48**		7,38*
Resíduos	159	18,76	12,49		5,07
R ² (CGC)		16,49	17,87		34,10
R ² (CEC)		83,51	82,13		65,90
Média Geral		64,01	62,62		9,60

FV	GL	Quadrados médios			
		AP	AE	AE/AP	ACQ ²
Tratamentos	20	0,06**	0,06**	0,01**	13,42**
CGC	5	0,13**	0,17**	0,03**	44,77**
CEC	15	0,03**	0,02*	0,002	2,97
Ambientes	3	2,37	1,07	0,240	9,86
Trat x Amb	60	0,02	0,01	0,001	3,40
CGC x Amb	15	0,02*	0,01	0,002	5,20*
CEC x Amb	45	0,01	0,01	0,001	2,80
Resíduos	160	0,01	0,05	0,001	2,10
R ² (CGC)		58,90	74,84	83,36	83,40
R ² (CEC)		41,10	25,16	16,64	16,60
Média Geral		1,87	1,06	0,57	3,01

Continua...

Apêndice A . Quadrados médios, significância da análise dialélica conjunta, coeficientes de determinação (R^2) e médias (Método 2, Modelo 1 de Griffing 1956) para as características de florescimento feminino (FF, dias), florescimento masculino (FM, dias), intervalo de florescimento (IF, dias), altura de plantas (AP, m), altura de espigas (AE, m), posição relativa das espigas (PRE), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), diâmetro de espigas (DE, cm), comprimento de espigas (CE, cm), diâmetro de sabugos (DS, cm), comprimento de grãos (CG, cm), peso de espigas (PE, ton.ha⁻¹), produção de grãos (PROD, ton.ha⁻¹) e Stay-green (ST) avaliados em 6 genitores e 15 híbridos duplos com genótipos de milho plantados no início e final da primeira, e início e final da segunda safra de 2018/2019 (P1, P2, S1 e S2) em Goiânia-GO.

FV	GL	Quadrados médios						
		PROL	DE	CE	DS	CG	PE	PROD
Tratamentos	20	0,19*	1,17**	17,39**	0,42**	0,06**	32,27**	16,52**
CGC	5	0,36*	3,97**	61,28**	1,32**	0,21**	106,61**	53,12**
CEC	15	0,13	0,23**	2,76	0,12	0,02**	7,50**	4,32**
Ambientes	3	0,26	4,70	120,26	1,87	0,23	668,53	440,11
Trat x Amb	60	0,11**	0,17	3,28*	0,09	0,01	2,6**	1,58**
CGC x Amb	15	0,16**	0,38**	3,06	0,14*	0,03**	3,92**	2,81**
CEC x Amb	45	0,09**	0,10	3,36*	0,08	0,01	2,16	1,17
Resíduos	155	0,04	0,13	2,20	0,08	0,01	1,60	0,96
R ² (CGC)		48,85	85,17	88,10	78,04	80,30	82,58	80,40
R ² (CEC)		51,15	14,83	11,90	21,96	19,70	17,42	19,60
Média Geral		0,92	4,25	15,62	2,68	0,79	5,70	3,91

FV	GL	Quadrados médios
		ST
Tratamentos	20	2,48**
CGC	5	7,84**
CEC	15	0,69
Ambientes	2	2,50
Trat x Amb	40	0,55*
CGC x Amb	10	0,98**
CEC x Amb	30	0,41
Resíduos	120	0,33
R ² (CGC)		79,18
R ² (CEC)		20,82
Média Geral		4,481683

** , * : significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F;

¹: Dados originais somados a uma constante igual a 9, de modo a evitar valores negativos;

²: Dados originais transformados pela equação , em que \bar{y} é o valor observado em cada parcela;

As médias apresentadas nesta tabela para ¹ e ², referem-se às médias dos dados transformados

Apêndice B. Quadrados médios, significância da análise dialélica conjunta e médias (Método 2, Modelo 1 de Griffing 1956) para as características de florescimento feminino (FF, dias), florescimento masculino (FM, dias), intervalo de florescimento (IF, dias), altura de plantas (AP, m), altura de espigas (AE, m), posição relativa das espigas (PRE), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), diâmetro de espigas (DE, cm), comprimento de espigas (CE, cm), diâmetro de sabugos (DS, cm), comprimento de grãos (CG, cm), peso de espigas (PE, ton.ha-1), produção de grãos (PROD, ton.ha-1) e Stay-green (ST) avaliados em 6 genitores e 15 híbridos duplos com genótipos de milho plantados no início e final da primeira safra de 2018/2019 (P1 e P2) em Goiânia-GO.

FV	GL	Quadrados Médios														
		FF	FM	IF ¹	AP	AE	PRE	ACQ ²	PROL	DE	CE	DS	CG	PE	PROD	ST
Tratamentos	20	27,59	14,42**	4,15	0,03*	0,03**	0,1	2,25	0,43	7,54	109,09	2,84	0,29	55,68*	29,07	5,39
CGC	5	25,05	33,03*	2,75	0,07	0,06*	0,3	3,01	1,36	24,56	366,07	9,13	0,95	179	92,12	15,91
CEC	15	28,44*	8,22**	4,62	0,02	0,01	0,03	1,99	0,13	1,87	23,43	0,74	0,07	14,58	8,05	1,88
Ambientes	1	1140,01	265,79	343,37	5,65	0,14	1,69	67,73	0,49	19,72	232,82	11,3	0,29	650,63	447,84	58,7
Trat x Amb	20	13,71*	2,57	13,48*	0,01	0,01	0,08**	9,57*	0,24**	4,91**	79,52**	1,95**	0,17**	25,06**	14,3**	7,05**
CGC x Amb	5	27,45**	3,76	11,71	0,02	0,01	0,25**	27,99**	0,54**	13,78**	202**	5,55**	0,47**	67,82**	39,91**	19,66**
CEC x Amb	15	9,13	2,17	14,07*	0,01	0,01	0,02**	3,43	0,15**	1,95**	38,69**	0,75**	0,08**	10,8**	5,76**	2,84**
Resíduos	80	6,77	2,28	6,53	0,01	0,01	0	4,91	0,06	0,19	3,09	0,11	0,01	2,1	1,28	0,33
R ² (CGC)		22,69	57,25	16,57	55,20	58,64	75,45	33,49	78,35	81,44	83,89	80,47	81,84	80,37	79,22	73,79
R ² (CEC)		77,31	42,75	83,43	44,80	41,36	24,55	66,51	21,65	18,56	16,11	19,53	18,16	19,63	20,78	26,21
Média Geral		62,42	60,66	10,67	1,94	1,17	0,54	2,43	0,82	3,9	14,7	2,48	0,71	6,09	4,27	3,83

** , * : significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F;

¹: Dados originais somados a uma constante igual a 9, de modo a evitar valores negativos;

²: Dados originais transformados pela equação $y = x - \bar{x}$, em que \bar{x} é o valor observado em cada parcela;

As médias apresentadas nesta tabela para ¹ e ², referem-se às médias dos dados transformados.

Apêndice C. Quadrados médios, significância da análise dialélica conjunta e médias (Método 2, Modelo 1 de Griffing 1956) para as características de florescimento feminino (FF, dias), florescimento masculino (FM, dias), intervalo de florescimento (IF, dias), altura de plantas (AP, m), altura de espigas (AE, m), posição relativa das espigas (PRE), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), diâmetro de espigas (DE, cm), comprimento de espigas (CE, cm), diâmetro de sabugos (DS, cm), comprimento de grãos (CG, cm), peso de espigas (PE, ton.ha-1), produção de grãos (PROD, ton.ha-1) e Stay-green (ST) avaliados em 6 genitores e 15 híbridos duplos com genótipos de milho plantados no início e final da segunda safra de 2018/2019 (S1 e S2) em Goiânia-GO.

FV	GL	Quadrados Médios		
		FF	FM	IF ¹
Tratamentos	20	44,89	40,24	3,18
CGC	5	55,9	22,71	6,59
CEC	15	41,22	46,08	2,04
Ambientes	1	3514,69	4166,1	132,09
Trat x Amb	20	47,69	42,64*	8,25**
CGC x Amb	5	44,85	37,23	20,84**
CEC x Amb	15	48,64	44,45*	4,06
Resíduos	79	30,9	22,84	3,59
R ² (CGC)		31,13	14,11	51,83
R ² (CEC)		68,87	85,89	48,17
Média Geral		65,6	64,58	8,53

FV	GL	Quadrados Médios			
		AP	AE	PRE	ACQ ²
Tratamentos	20	0,04*	0,04**	0,005**	8,6**
CGC	5	0,09*	0,12*	0,02*	20,65
CEC	15	0,02	0,01	0,0015	4,58*
Ambientes	1	0,2	0,02	0,0044	17,08
Trat x Amb	20	0,01	0,01	0,0017	2,91
CGC x Amb	5	0,02	0,02	0,0023	6,35
CEC x Amb	15	0,01	0,01	0,0014	1,76
Resíduos	80	0,01	0,01	0,0018	2,87
R ² (CGC)		58,56	73,25	78,92	60,02
R ² (CEC)		41,44	26,75	21,08	39,98
Média Geral		1,8	0,95	0,5265	3,13

FV	GL	Quadrados Médios						
		PROL	DE	CE	DS	CG	PE	PROD
Tratamentos	20	0,22	1,09**	11,25**	0,4**	0,0575**	21,22**	11,66**
CGC	5	0,4	3,82**	36,94**	1,24**	0,19**	69,9**	38,21**
CEC	15	0,16	0,18*	2,69	0,12	0,01*	4,99*	2,81**
Ambientes	1	0,33	2,16	2,27	0,48	0,16	49,28	83,3
Trat x Amb	20	0,16**	0,07	1,86	0,06	0,01	2,18	1,04
CGC x Amb	5	0,28**	0,11	1,62	0,08	0,01	3,58**	2,05**
CEC x Amb	15	0,13**	0,06	1,94	0,05	0,005	1,72	0,7
Resíduos	75	0,03	0,06	1,26	0,04	0,01	1,08	0,62
R ² (CGC)		46,04	87,55	82,09	76,93	84,13	82,36	81,91
R ² (CEC)		53,96	12,45	17,91	23,07	15,87	17,64	18,09
Média Geral		0,91	4,06	14,52	2,54	0,76	4,22	2,76

** , * : significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F;

¹: Dados originais somados a uma constante igual a 9, de modo a evitar valores negativos;

²: Dados originais transformados pela equação $y = \frac{x - \bar{x}}{s}$, em que \bar{x} é o valor observado em cada parcela;

As médias apresentadas nesta tabela para ¹ e ², referem-se às médias dos dados transformados.

ANEXOS

Anexo A. Esquema das análises de variância individuais para o modelo em delineamento de blocos casualizados com desdobramento do grau de liberdade do efeito de tratamento.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos (<i>Bl</i>)	$r - 1$	SQ_{Bl}	SQ_{Bl} / GL_{Bl}	QM_{Bl} / QM_E
Tratamentos (<i>Tr</i>)	$t - 1$	SQ_{Tr}	SQ_{Tr} / GL_{Tr}	QM_{Tr} / QM_E
Genitores (<i>Ge</i>)	$p - 1$	SQ_{Ge}	SQ_{Ge} / GL_{Ge}	QM_{Ge} / QM_E
Cruzamentos (<i>Cr</i>)	$c - 1$	SQ_{Cr}	SQ_{Cr} / GL_{Cr}	QM_{Cr} / QM_E
Testemunhas (<i>Te</i>)	$s - 1$	SQ_{Te}	SQ_{Te} / GL_{Te}	QM_{Te} / QM_E
Entre Grupos (<i>Gr</i>)	$g - 1$	SQ_{Gr}	SQ_{Gr} / GL_{Gr}	QM_{Gr} / QM_E
Resíduos (<i>E</i>)	$(b - 1).(t - 1)$	SQ_E	SQ_E / GL_E	
CV (%)				

r: número de repetições; *t*: número de tratamentos; *p*: número de genitores; *c*: número de cruzamentos; *s*: número de testemunhas; *g*: número de grupos.

Anexo B. Esquema das análises de variância conjunta para o modelo em delineamento de blocos casualizados com desdobramento do grau de liberdade do efeito de tratamento.

FV	GL	SQ	QM	F
Ambientes (<i>Amb</i>)	$a - 1$	SQ_{Amb}	SQ_{Amb} / GL_{Amb}	QM_{Amb} / QM_E
Tratamentos (<i>Trat</i>)	$t - 1$	SQ_{Trat}	SQ_{Trat} / GL_{Trat}	QM_{Trat} / QM_E
Genitores (<i>G</i>)	$p - 1$			
Cruzamentos (<i>C</i>)	$c - 1$			
Testemunhas (<i>T</i>)	$s - 1$			
Entre Grupos	$g - 1$			
Amb : Bloco (<i>A:B</i>)	$(r - 1) a$	$SQ_{A:B}$	$SQ_{A:B} / GL_{A:B}$	$QM_{A:B} / QM_E$
Amb : Trat (<i>A:T</i>)	$(a - 1). (t - 1)$	$SQ_{A:T}$	$SQ_{A:T} / GL_{A:T}$	$QM_{A:T} / QM_E$
Amb : G	$(a - 1). (p - 1)$			
Amb : C	$(a - 1). (c - 1)$			
Amb : T	$(a - 1). (s - 1)$			
Amb : Entre Grupos	$(a - 1). (g - 1)$			
Resíduos (<i>E</i>)	$a (t - 1).(r - 1)$	SQ_E	SQ_E / GL_E	
CV (%)				

r: número de repetições; *t*: número de tratamentos; *p*: número de genitores; *c*: número de cruzamentos; *s*: número de testemunhas; *g*: número de grupos.

Anexo C. Esquema das análises de variância individual do dialelo pelo método 2 de Griffing (1956), com pais e F_1 's.

FV	GL	SQ	QM	F
Tratamentos	$t - 1$	SQ_T	QM_T	QM_T / QM_R
CGC	$p - 1$	SQ_{CGC}	QM_G	QM_G / QM_R
CEC	$(p(p-1))/2$	SQ_{CEC}	QM_S	QM_S / QM_R
Resíduos	m	SQ_R	QM_R	

t: número de tratamentos; *p*: número de genitores; *m*: número de graus de liberdade do resíduo