

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Tese

**Parâmetros genéticos e fenotípicos em híbridos intervarietais em VPAs de milho
no RS**

Lílian Moreira Barros

Pelotas, 2020

Lílian Moreira Barros

**Parâmetros genéticos e fenotípicos em híbridos intervarietais em VPAs de milho
no RS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências, com ênfase em Fitomelhoramento.

Orientador: Dr. Luciano Carlos da Maia

Co-Orientadores: Ph.D. Antonio Costa de Oliveira
Dr. Carlos Busanello

Pelotas, 2020

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

B277p Barros, Lílian Moreira

Parâmetros genéticos e fenotípicos em híbridos
intervarietais em VPAs de milho no RS / Lílian Moreira
Barros ; Luciano Carlos da Maia, orientador ; Antonio Costa
de Oliveira, Carlos Busanello, coorientadores. — Pelotas,
2020.

114 f. : il.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em
Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel,
Universidade Federal de Pelotas, 2020.

1. *Zea mays* L.. 2. Melhoramento de populações. 3.
Variabilidade genética. 4. Dialelo. 5. Heterose. I. Maia,
Luciano Carlos da, orient. II. Oliveira, Antonio Costa de,
coorient. III. Busanello, Carlos, coorient. IV. Título.

CDD : 633.15

Lílian Moreira Barros

**Parâmetros genéticos e fenotípicos em híbridos intervarietais em VPAs de milho
no RS**

Banca examinadora:

Prof. Dr. Luciano Carlos da Maia (Orientador)
Doutor em Agronomia pela Universidade Federal de Pelotas

Prof. Dr. Rodrigo Danielowski
Doutor em Agronomia pela Universidade Federal de Pelotas

Dr. Ebersson Diedrich Eicholz
Doutor em Sistema de Produção Agrícola Familiar pela Universidade Federal de Pelotas

Prof.^a Dr.^a Solange Ferreira da Silveira Silveira
Doutora em Agronomia pela Universidade Federal de Pelotas.

*Aos meus pais, Carla e Leandro,
por todo amor e apoio durante todos
os anos de estudo e dedicação ao
curso do qual tanto me orgulho.*

Dedico

Agradecimentos

A Deus e a todos os Orixás, pela vida e por todas as oportunidades.

A meus Pais, Carla e Leandro, meus exemplos de vida. Pelo amor incondicional e por sempre acreditarem em meus ideais.

A minha irmã Miriam e sobrinhos Andressa e Rian por descontraírem os momentos de tensão.

Ao meu esposo, Raifer. Pela compreensão, incentivo e amor, que me fortaleceram todos os dias.

A minha avó, Olívia. Por sempre ter palavras que me fizeram refletir.

Ao professor Luciano Carlos da Maia. Pela orientação e por dividir comigo seus conhecimentos, contribuindo para minha formação.

Aos professores Antônio Costa de Oliveira, Camila Pegoraro e Carlos Busanello. Pelo apoio e ensinamentos.

Aos amigos Josiane Maximino, Jéder Rocha e Daiane Prochnow, por caminharem ao meu lado, mesmo quando a trajetória era árdua.

Aos colegas. Pela troca de ideias, risos e por toda a ajuda fornecida em cada experimento e trabalho realizado.

Aos estagiários pela colaboração para a realização deste trabalho, por estarem presentes durante as avaliações mesmo em calor escaldante. Pois sem a ajuda destes, esta pesquisa não teria sido possível.

Ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento, que se tornou minha segunda casa. Onde conquistei amizades que creio conservar pela vida toda.

A Universidade Federal de Pelotas e a Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, pela oportunidade de realização do curso de graduação e pós-graduação.

Ao Centro Agropecuário da Palma e todos seus funcionários, por estarem sempre dispostos a colaborar com os experimentos.

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

Muito obrigada.

*A felicidade não vem da posse ou do domínio,
mas de um coração sábio e dedicado.*

Chico Xavier

Resumo

BARROS, Lílian M. **Parâmetros genéticos e fenotípicos em híbridos intervarietais em VPAs de milho no RS.** Orientador: Luciano Carlos da Maia. 2020. 114f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas – RS, 2020.

O milho (*Zea mays* L.) está entre as espécies cultivadas de maior importância socioeconômica, considerado um alimento básico, principalmente em países subdesenvolvidos ou em desenvolvimento. Em termos científicos, a espécie é amplamente estudada devido a sua variabilidade genética, a qual pode ser explorada para a identificação de genes e/ou alelos favoráveis ou ainda para a seleção de plantas superiores para a formação de híbridos. Estudos referentes à capacidade combinatória destas variedades de polinização aberta e a heterose existente nos híbridos intervarietais originados de tais variedades, são importantes ferramentas para os programas de melhoramento. Diante do exposto, o presente trabalho teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos em famílias de meios-irmãos de variedades de polinização aberta de milho via modelos mistos (REML/BLUP), bem como avaliar a capacidade combinatória e seu efeito recíproco em tais variedades, e ainda, por meio de estudos de heterose, identificar híbridos intervarietais promissores formados a partir destas VPA's. Para as estimativas dos parâmetros genéticos, capacidades combinatórias e efeitos de heterose foram utilizadas quinze variedades de polinização aberta: AL 25, AL 30, Argentino Amarelo, Argentino Branco, Bico de Ouro, BR 5202, BR 473, BRS Missões, BRS Planalto, Cateto Amarelo, Dente de Ouro, Pampeano, Sangria Branca, Sete Sanga e Taquarão, cultivadas em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Para os estudos da capacidade combinatória e heterose foram realizados os cruzamentos entre oito VPA's, em esquema de dialelo completo. Os híbridos intervarietais foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Ambos os experimentos foram realizados na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas, no município Capão do Leão/RS, nas safras 2017/2018 e 2018/2019. De acordo com as estimativas dos parâmetros genéticos foi possível observar a existência de variabilidade genética entre e dentro das FMI das populações em estudo. Tais parâmetros evidenciaram ainda que as variedades Sete Sanga e Taquarão possuem os valores mais elevados de herdabilidade média para a maior parte dos caracteres avaliados. Com relação à capacidade combinatória das variedades, a ação gênica que prevaleceu foi a de efeitos não aditivos, ou seja, a capacidade específica de combinação apresentou maior destaque entre as populações. Quanto à heterose, foram identificados híbridos superiores aos genitores, sendo as populações Argentino Amarelo e BRS Missões, as mais promissoras em combinações híbridas para caracteres relacionados ao rendimento de grãos.

Palavras-chave: *Zea mays* L., melhoramento de populações, variabilidade genética, dialelo e heterose.

Abstract

BARROS, LÍlian M. **Genetic and phenotypic parameters in intervarietal hybrids in corn VPAs in RS.** Advisor: Luciano Carlos da Maia. 2020. 114p. Thesis (Doctor in Agronomy) – Graduate in Agronomy Program. Federal University of Pelotas, Pelotas - RS, 2016.

Maize (*Zea mays* L.) is among the cultivated species of greatest socioeconomic importance, considered a staple food, especially in underdeveloped or developing countries. In scientific terms, the species is widely studied due to its genetic variability, which can be explored for the identification of favorable genes and / or alleles or for the selection of superior plants for the formation of hybrids. Thus, determining the population to be used is crucial to obtain selection gains. Studies concerning the combinatorial capacity of these open pollination varieties and the heterosis existing in intervarietal hybrids originating from such varieties are important tools for breeding programs. Given the above, the present study aimed to estimate the genetic parameters in half-sib families of open pollinated varieties of corn via mixed models (REML / BLUP), as well as to evaluate the combinatory capacity and its reciprocal effect on such varieties, and still, through heterosis studies, to identify promising intervarietal hybrids formed from these VPA's. For the estimates of genetic parameters, combinatorial capacities and effects of heterosis, fifteen open pollination varieties were used: AL 25, AL 30, Argentino Amarelo, Argentino Branco, Bico de Ouro, BR 5202, BR 473, BRS Missões, BRS Planalto, Cateto Amarelo, Dente de Ouro, Pampeano, Sangria Branca, Sete Sanga e Taquarão, grown in a randomized block design with three replications. For the studies of combinatorial capacity and heterosis, crossings between eight VPA's were performed, in a complete diallel scheme. The intervarietal hybrids were conducted in a randomized block design with three replications. Both experiments were carried out in the experimental area of the Genomics and Phyto-improvement of the Federal University of Pelotas, in the municipality of Capão do Leão / RS, in the 2017/2018 and 2018/2019 seasons. According to the estimates of the genetic parameters, it was possible to observe the existence of genetic variability between and within the IMF of the populations under study. Such parameters also showed that the varieties Sete Sanga and Taquarão have the highest values of average heritability for most of the evaluated characters. Regarding the combinatorial capacity of the varieties, the genetic action that prevailed was that of non-additive effects, that is, the specific combination capacity showed greater prominence among the populations. As for heterosis, hybrids superior to the parents were identified, being the populations Argentino Amarelo and BRS Missões, the most promising in hybrid combinations for traits related to grain yield.

Keywords: *Zea mays* L., population improvement, genetic variability, diallel and heterosis.

Lista de Figuras

Capítulo 3: Estimativa de Parâmetros de heterose em híbridos de variedades de polinização aberta de milho

- Figura 1.** Dendrograma representativo da dissimilaridade entre oito genitores baseado na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). 82
- Figura 2.** Coeficientes de correlações em HeatMap para os caracteres altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE) diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), numero de fileiras por espiga (NFE), massa da espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) em híbridos intervarietais e recíprocos. 100

Lista de Tabelas

Capítulo 1: Estudos de Parâmetros genéticos em famílias de meios irmãos de milho via modelos mistos (REML/BLUP)

Tabela 1. Variedades de polinização aberta de milho utilizada no estudo.....	32
Tabela 2. Componentes da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere altura de plantas (AP) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	36
Tabela 3. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere altura de inserção da primeira espiga (AE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	37
Tabela 4. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere diâmetro do colmo (DC) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	39
Tabela 5. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere número de folhas (NF) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	40
Tabela 6. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere comprimento da espiga (CE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	42
Tabela 7. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere diâmetro de espiga (DE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	43

Tabela 8. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere número de grãos de fileiras (NGF) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.....	466
Tabela 9. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere número de fileiras por espiga (NFE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.....	47
Tabela 10. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere massa da espiga (ME) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	49

Capítulo 2: Capacidade combinatória em variedades de polinização aberta de milho no esquema de dialelo completo

Tabela 1. Esquema de dialelo completo para oito variedades de polinização aberta de milho. CAPA/UFPEL, 2017/2018.....	54
Tabela 2. Esquema de somas de quadrados e quadrados médios para a obtenção da análise da variância.	56
Tabela 3. Resumo da análise da variância para dez variáveis entre 50 genótipos (42 híbridos intervarietais – F1's e recíprocos – e oito genitores). CGF/UFPEL, 2017/2018.....	59
Tabela 4. Análise da variância dialélica para dez caracteres avaliados entre 56 híbridos (F1's e recíprocos) e oito genitores. CGF/UFPEL, 2017/2018.	62
Tabela 5. Estimativa do efeito da capacidade geral de combinação de oito genitores de milho para dez caracteres avaliados. CGF/UFPEL, 2017/2018.	65
Tabela 6. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para altura de planta (AP). CGF/UFPEL, 2017/2018.....	67

Tabela 7. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para altura de inserção de espiga (AE). CGF/UFPEL, 2017/2018.	67
Tabela 8. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para diâmetro do colmo (DC). CGFUFPEL, 2017/2018.	68
Tabela 9. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para comprimento de espiga (CE). CGF/UFPEL, 2017/2018.	69
Tabela10. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para diâmetro de espiga (DE). CGF/UFPEL, 2017/2018.	70
Tabela 11. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para número de grãos por fileira (NGF). CGF/UFPEL, 2017/2018.	71
Tabela 12. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para número de fileiras por espiga (NFE). CGF/UFPEL, 2017/2018.	72
Tabela 13. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 72 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para massa da espiga (ME). CGFUFPEL, 2017/2018.	72
Tabela 14. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal	

inferior) e oito genitores para massa de grãos na espiga (MGE).
CGF/UFPEL, 2017/2018. 73

Tabela 15. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para massa de cem grãos (gramas). CGF/UFPEL, 2017/2018.....	73
---	----

Capítulo 3: Estimativa de Parâmetros de heterose em híbridos de variedades de polinização aberta de milho

Tabela 1. Esquema de dialelo completo para oito variedades de polinização aberta de milho.	78
--	----

Tabela 2. Quadrados médios da análise da variância e heterose para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) em híbridos F1, recíprocos e genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.....	Erro! Indicador não definido.
---	--------------------------------------

Tabela 3. Teste de agrupamento de médias de Scott Knott* para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) em híbridos F1, recíprocos e genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.	87
---	----

Tabela 4. Teste de agrupamento de médias de Scott Knott* para os caracteres número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) em híbridos F1, recíprocos e genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.....	90
---	----

Tabela 5. Estimativas dos efeitos de variedades ($\bar{v}_i$), heterose de variedades ($\bar{h}_i$), heterose média ($\bar{h}$) e desvios padrões das estimativas (DP), para altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC),	
---	--

comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) para oito genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018..... 94

Tabela 6. Estimativa do efeito de heterose específica ($\hat{\sigma}_{ij}$) e desvio padrão da estimativa (DP) de 28 híbridos de variedades de milho, resultantes de dialelo completo entre 8 variedades genitores, para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG).CGF/UFPEL, 2017/2018..... 96

Sumário

1 Introdução geral	18
2 Revisão bibliográfica	20
2.1 Importância socioeconômica da cultura do milho.....	20
2.2 Milho: Origem, evolução e raças.....	21
2.3 Milho crioulo	23
2.4 Uso de variedades crioulas em programas de melhoramento	23
2.5 Semelhança entre parentes – famílias de meios-irmãos	25
2.6 Estimativa dos componentes da variância e herdabilidade por meio do Método REML/BLUP	26
2.7 Análise dialélica e capacidade combinatória.....	27
2.8 Heterose	28
3 Capítulo 1: Estudos de Parâmetros genéticos em famílias de meios irmãos de milho via modelos mistos (REML/BLUP)	30
3.1 Introdução	30
3.2 Material e métodos.....	31
3.2.1 Local de condução.....	31
3.2.2 Variedades utilizadas.....	31
3.2.3 Obtenção das famílias de meios-irmãos.....	32
3.2.4 Delineamento experimental	32
3.2.5 Caracteres avaliados	33
3.2.6 Análise estatística.....	33
3.3 Resultados e discussão	34
3.4 Conclusões	50
4 Capítulo 2: Capacidade combinatória em variedades de polinização aberta de milho no esquema de dialelo completo	51
4.1 Introdução	51
4.2 Material e métodos.....	52
4.2.1 Local do experimento.....	52
4.2.2 Variedades utilizadas.....	52

4.2.3 Formação dos híbridos intervarietais	53
4.2.4 Delineamento experimental para avaliação dos híbridos intervarietais	54
4.2.5 Caracteres avaliados	55
4.2.6 Análise estatística	55
4.3 Resultados e Discussão	57
4.3.1 Análise da variância	57
4.3.2 Análise da variância dialélica	60
4.3.3 Capacidade geral de combinação (CGC)	63
4.3.4 Capacidade específica de combinação (CEC) e seus recíprocos	66
4.4 Conclusões	74
5 Capítulo 3: Estimativa de Parâmetros de heterose em híbridos de variedades de polinização aberta de milho	75
5.1 Introdução	75
5.2 Material e métodos	76
5.2.1 Local de condução	76
5.2.2 Formação dos híbridos intervarietais	76
5.2.3 Variedades utilizadas	77
5.2.4 Delineamento experimental	78
5.2.5 Caracteres avaliados	78
5.2.6 Análise estatística	79
5.3 Resultados e discussão	80
5.3.1 Dissimilaridade fenotípica entre genitores	80
5.3.2 Análise da variância dialélica e heterose	83
5.3.3 Teste de agrupamento de médias	86
5.3.4 Efeitos de variedades (v_i), heterose das variedades (h_i) e heterose média (h)	92
5.3.5 Efeitos de heterose específica (s_{ij})	95
5.3.6 Associação entre caracteres	98
5.4 Conclusões	101
6 Considerações finais	102
Referências	103

1 Introdução geral

A monoícia apresentada pelas plantas de milho (*Zea mays* L.), combinada com a separação temporal da maturação das estruturas florais, espiga e pendão, é responsável pela polinização cruzada evidente na espécie, classificando as plantas no grupo das alógamas, sendo este cruzamento entre plantas, o fator principal para a ampla variabilidade genética apresentada pela cultura (CIMMYT, 1999), com destaque para as variedades de polinização aberta e as populações de milho crioulo, também conhecido como *landraces* ou variedades locais.

Outro tipo de variedade que também apresenta como vantagens a variabilidade e a adaptação a ambientes variados é a variedade sintética, que foi primeiramente definida por Hayes; Garber (1919), revisado por Lonnquist (1993) como uma população de polinização aberta, derivada do intercruzamento de plantas autofecundadas (linhagens), posteriormente mantidas por esquemas de seleção massal a partir de plantios isolados. Variedades sintéticas são populações que podem manter seus principais caracteres e sua produtividade sob condições de reprodução livre e com certa intensidade da seleção natural ou artificial (HAYES; GARBER, 1919). Ao contrário, variedades crioulas, são desenvolvidas e adaptadas às condições locais de cultivo e a seleção é exercida em sua maior parte por pressões bióticas e abióticas, e em alguns casos por ação de agricultores locais (ZEVEN, 1998, revisado por BERG, 2009).

Segundo Eicholz et al. (2018) as variedades crioulas desenvolveram-se com o passar dos anos, resultando em diferentes formas, tamanhos e cores, além disso, são caracterizadas por apresentarem rusticidade e baixo custo de cultivo, sendo indicadas como uma das alternativas para solucionar o problema da relação custo/lucro apresentado pela produção de milho, que historicamente não tem sido satisfatória e tende a diminuir com a tendência dos modelos agrícolas que exigem altas tecnologias de produção (SANDRI; TOFANELLI, 2008).

Variedades locais ainda possuem importante função na promoção de sistemas menos tecnificados, pois o aumento da diversidade favorece a estabilidade destes sistemas, promovendo ainda o crescimento do cultivo por comunidades locais e agricultores familiares (LANGNER et al., 2019). Registros sobre a área cultivada,

produção e produtividade de variedades crioulas no Brasil são dados de difícil acesso, havendo pouca informação na literatura, no entanto, sabe-se que tais variedades são fontes fundamentais para garantir a produção de milho e a segurança alimentar no futuro, principalmente em países subdesenvolvidos ou em desenvolvimento (LANGNER et al., 2019).

Além da importância socioeconômica, o milho possui características genéticas que permitem variadas possibilidades de exploração do cereal em termos científicos. O melhoramento da espécie inclui principalmente a formação de híbridos onde o objetivo principal é o rendimento de grãos, porém, o melhoramento de populações é um recurso viável na obtenção de plantas rústicas com ampla adaptação a diversos ambientes e boa produtividade, sem a necessidade dos processos de formação de linhagens endogâmicas.

O uso de variedades de polinização aberta no melhoramento de milho possibilita a seleção entre e dentro de populações, dependendo do tipo de família a ser explorado, o que irá influenciar no planejamento experimental, sendo as famílias de meios irmãos o tipo mais frequente para estudos de variabilidade genética, estimativas da variância e herdabilidade (PATERNIANI et al., 2004). Estas populações ainda são amplamente utilizadas em cruzamentos para a produção de híbridos intervarietais (MACHADO; NASS; PACHECO, 2008) em estudos para a identificação de heterose (BERNINI; PATERNIANI, 2012; DONÁ et al., 2011; LOPES et al., 1985).

Neste sentido, a presente pesquisa tem por objetivo contribuir para o fornecimento de informações sobre o uso de variedades de polinização aberta em programas de melhoramento de milho, com ênfase na seleção de famílias de meios irmãos e formação de híbridos intervarietais, além de incentivar o uso e manutenção da variabilidade da espécie.

2 Revisão bibliográfica

2.1 Importância socioeconômica da cultura do milho

O milho é uma espécie cultivada por diferentes produtores e comercializada em nível mundial, cuja oferta e demanda são definidas pelo mercado, ou seja, é uma *commodity* (MATIAS et al., 2005) de alta volatilidade e alto risco de variação no preço. Uma das razões para esta realidade é o fato deste cereal ser um dos grãos mais produzido e consumido no mundo.

O cereal é um fator central na segurança alimentar mundial, estando entre os cereais de maior importância para alimentação humana, principalmente em países subdesenvolvidos ou em desenvolvimento. Em grande parte de países considerados de terceiro mundo, o milho é o alimento básico, constituindo a porção primária de calorias consumidas entre as comunidades de baixa renda (WU; GUCKU, 2014) por ser um alimento de baixo custo capaz de suprir as exigências nutricionais (PAES, 2006).

A produção mundial do cereal na safra 2019/2020 foi de 1,12 bilhões de toneladas (FIESP, 2020). Na agricultura brasileira, o milho é a segunda cultura de maior importância. Na safra 2018/2019 a produção atingiu cerca de 101 milhões de toneladas, representando um aumento de 23% em relação à safra passada. No Rio Grande do Sul a safra atual apresentou um pequeno acréscimo de área cultivada comparada a safra anterior, com uma produção de mais de 35 milhões de toneladas do grão (CONAB, 2019).

Dentre as formas de utilização do milho, a de maior destaque é o uso em grão, destinado principalmente para a alimentação animal, representando cerca de 70% do consumo de milho no mundo. No Brasil este valor pode variar entre 60 e 80% (DUARTE et al., 2006). Ainda que o percentual destinado à alimentação humana seja baixo, o milho é um cereal de grande valor, principalmente para a população de baixa renda (CRUZ et al., 2011a).

No Estado gaúcho grande parte do milho é cultivada em pequenas propriedades rurais, as quais se caracterizam por pequenas extensões de terra e cultivos pouco tecnificados, onde a cultura relaciona-se na forma de subsistência, assumindo também uma importante função no manejo dos sistemas agrícolas, sendo utilizado na rotação e

sucessão de culturas ou no consórcio (EICHOLZ et al., 2018). Principalmente para produtores pequenos e familiares, o desenvolvimento e conservação de variedades crioulas caracterizam a biodiversidade no setor agrícola, a qual promove no âmbito da pequena propriedade a existência de segurança alimentar e nutricional (EICHOLZ et al., 2018). Além disso, populações de milho crioulo são viáveis para a sustentabilidade destes pequenos agricultores, pois além de não exigirem elevados investimentos, permitem ainda que o agricultor produza sua própria semente (MACHADO; SANTILLI; MAGALHÃES, 2008).

Uma característica evidenciada em variedades crioulas é a ampla variabilidade genética, o que torna o milho crioulo uma fonte de genes para resistência ao estresse biótico e tolerância a estresses abióticos, como os que têm ocorrido com as mudanças climáticas (SANDRI; TOFANELLI, 2008). Assim, a exploração, uso e conservação de variedades crioulas tem elevado valor para programas de melhoramento (PATERNIANI; NASS; SANTOS, 2000).

2.2 Milho: Origem, evolução e raças

Taxonomicamente o milho é identificado como *Zea mays* L. subsp. *mays*. Pertence ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, ordem Poales, família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L. (Udry; Duarte, 2000).

Gaut e Doebley (1997) em um estudo sobre a origem genética do milho propuseram que o genoma da espécie contém segmentos cromossômicos duplicados com arranjos genéticos colineares, sugerindo uma origem alotetraploide segmentar. Embora essas observações sejam consistentes com a hipótese de origem tetraploide, o milho claramente não é um tetraploide, pois não contém cinco pares de cromossomos homólogos (SWIGONOVA et al., 2004). Assim, apesar de sua origem, o milho tem sua ploidia descrita como $2n = 2x = 20$ cromossomos (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

Durante muitos anos existiram diversas especulações sobre a origem do milho (*Zea mays* L.), sendo as teorias da evolução divergente, inclusão do *Tripsacum* e evolução independente das espécies *Zea*, debatidas com frequência por diversos pesquisadores (NETO et al., 2008). Todavia, na década de 90, estudos de mapeamento

genético realizados com marcadores moleculares evidenciaram poucas diferenças entre os QTLs (*Quantitative traits loci*) de milho e teosinto (*Zea* spp. ou *Zea mays* ssp. *parviglumis*) , salientando ainda, que as principais distinções entre as duas espécies são decorrentes de um controle multigênico, sendo que o caráter uni-colmo e a dominância apical do milho foram promovidos por uma alteração ocorrida no gene *teosinte branched 1* (tb1), influenciando na evolução da espécie (DOEBLEY, 1990).

A mais antiga evidência sobre a origem do milho trata-se de espigas oriundas da caverna de Guilá Naquitz localizada no México, datadas de aproximadamente 7 mil anos a.C., sugerindo ser esta uma das regiões onde ocorreram as primeiras fases de domesticação da cultura (PIPERNO; FLANNERY, 2001). O milho seguiu sua dispersão pelos continentes iniciando pelas Américas do Norte e do Sul e posteriormente Europa, África e Ásia. Em cada um destes locais, variedades de milho mais adaptadas foram sendo selecionadas por agricultores para novos ambientes, promovendo novos processos de domesticação, originando as primeiras raças de milho (PRASANNA, 2012). Por este motivo, provavelmente regiões distintas de cada país possuem suas raças específicas.

Anderson; Cutler (1942) definiram raça como um grupo de indivíduos relacionados com características em comum suficientes para permitirem seu reconhecimento, e em termos genéticos, raça representa um grupo de indivíduos com um número significativo de genes em comum.

As raças de milho são divididas em três grupos: raças comerciais antigas, raças comerciais recentes e raças indígenas. Esta última também é conhecida como raça ou variedade tradicional, local ou ainda no termo inglês, *landrace*. A conservação das raças tradicionais é particularmente importante devido sua contribuição para a variabilidade genética evidenciada na cultura do milho (GIMENES; LOPES, 2016).

Por definição, variedades crioulas são consideradas geneticamente diversificadas, localmente adaptadas e que passaram por mínimos processos de melhoramento, normalmente restritos à seleção aplicada por agricultores locais. No geral, são populações dinâmicas, ou seja, que sofrem modificações de acordo com o ambiente a que são expostas (VILLA et al., 2005).

No Brasil grande parte das raças indígenas já era cultivada antes do período pré-colombiano, ou seja, antes da chegada dos imigrantes colonizadores. A raça denominada Cateto ou Catete é umas das mais conhecidas no país, descrita pela primeira vez em 1819, sendo esta possivelmente a primeira variedade a ser cultivada extensivamente no Brasil (PATERNIANI; GOODMAN, 1977).

2.3 Milho crioulo

As variedades de milho crioulo foram em sua maioria originadas pela ação direta de sucessivas gerações de agricultores familiares por meio da seleção intrapopulacional de plantas mais adaptadas ou por cruzamentos realizados entre variedades antigas e comerciais recentes (FERREIRA; MOREIRA; HIDALGO, 2009).

Segundo MIRANDA; SOUZA; CRISTINA (2007) a variabilidade genética observada no milho crioulo é decorrente das plantas selecionadas nas condições ambientais e nutricionais atribuídas pelo nível socioeconômico oferecido pelo ambiente de cultivo.

A utilização de variedades crioulas confere baixo custo de produção, sendo uma alternativa viável para a sustentabilidade em pequenas propriedades rurais, além de proporcionarem ao produtor a reutilização de sua própria semente, uma vez que o melhoramento destas variedades pode ser realizado pelo próprio agricultor (ABREU; CANSI; JURIATTI, 2007).

Populações crioulas têm sido trabalhadas e difundidas conjuntamente com produtores rurais, no sentido de se preservar a variabilidade nas condições naturais de cultivo (SANDRI; TOFANELLI, 2008), sendo assim, a maior parte dos trabalhos com milho crioulo tem por objetivo o resgate do cultivo e manutenção destas populações (GARBUGLIO; DE MIRANDA FILHO; CELLA, 2009), ampliação da base genética em programas de melhoramento ou caracterização e ensaios de competição (SILVEIRA et al., 2015).

2.4 Uso de variedades crioulas em programas de melhoramento

A substituição das variedades tradicionais por variedades híbridas de milho a partir da década de 1930 no Brasil foi um fator preocupante para instituições públicas e

privadas. Diante da ameaça de extinção de raças locais, diversos pesquisadores com o intuito de resgatar e conservar a variabilidade do milho realizaram amostragens de variedades ainda existentes associadas a agricultores tradicionais (NASS, 2007).

Considerando a ampla variabilidade existente no germoplasma do milho, a mais evidente contribuição de variedades crioulas para o melhoramento da espécie é a exploração da variabilidade para a identificação de genes de interesse, principalmente para a atuação na ação a fatores bióticos e abióticos (LINK; RIZZOTO; DONAZZOLO, 2014).

As primeiras experimentações para a produção de milho híbrido datam de 1878, ano em que o pesquisador John Williams Beal descreveu seus primeiros ensaios para a hibridação entre variedades de polinização aberta (BEAL, 1987). A partir de então, as pesquisas para a descoberta dos melhores cruzamentos foram ampliando, originando híbridos cada vez mais produtivos, à medida que em 1918 surgiram os primeiros híbridos duplos, sendo os mais produtivos do mercado. Em 1920 foram introduzidos os híbridos para a produção comercial, o que impulsionou a agricultura moderna pelo aumento significativo do rendimento da cultura (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Em poucos anos, o cultivo de híbridos já ocupava a maior parte das propriedades, reduzindo o uso de variedades tradicionais, as quais foram marginalizadas diante dos altos rendimentos oferecidos por variedades híbridas. O milho crioulo passou a ser mais comumente utilizado por produtores com pequenas extensões de terra e baixo nível tecnológico. Este fato se justifica pelo baixo valor da semente crioula, além de sua ampla adaptação a diversos ambientes e rusticidade (MACHADO; SANTILLI; MAGALHÃES, 2008). Todavia, os programas de melhoramento perderam o interesse nas variedades locais.

A introdução de variedades crioulas em programas de melhoramento tomou força novamente na década de 40, quando a obtenção de híbridos duplos atingiu seu apogeu devido à escassez de novos resultados satisfatórios entre os cruzamentos já existentes, uma vez que as possibilidades de combinações entre as linhagens haviam sido esgotadas. Desde então, ocorreu um aumento na busca por variedades crioulas com elevadas capacidades de combinação, seja específica ou geral e que

apresentassem valores de heterose dentro do esperado (GORGULHO; MIRANDA FILHO, 2001).

Conforme MACHADO; SANTILLI; MAGALHÃES, (2008), em termos evolutivos, muitas das variedades de milho estabelecidas e utilizadas atualmente são provenientes de cruzamentos intervarietais. Os autores ressaltam ainda a relação entre a heterose e a dissimilaridade genética que pode ser encontrada entre os genótipos da espécie.

2.5 Semelhança entre parentes – famílias de meios-irmãos

A semelhança entre parentes é um dos fenômenos genéticos básicos obtidos por meio da avaliação das características das plantas, sendo o grau de semelhança uma propriedade do caractere que pode ser determinada por medidas relativamente simples, aplicadas na população com técnicas especiais de experimentação. O grau de semelhança fornece um meio de estimar a quantidade de variância aditiva, e é este parâmetro que determina o melhor método de cruzamento a ser usado no processo de melhoramento. Portanto, a compreensão das causas de semelhanças entre parentes é fundamental para o estudo prático dos caracteres métricos e sua aplicação no melhoramento de plantas (FALCONER, 1981).

Meios-irmãos são indivíduos que possuem um genitor em comum (masculino ou feminino) e outros genitores diferentes (masculino ou feminino). Um grupo de meios-irmãos é, portanto a progênie de um indivíduo inter cruzado ao acaso, originando um filho ou vários filhos de cada cruzamento. Assim, o valor genotípico médio de uma família de meios-irmãos é representado pela metade do valor genético de um dos genitores em comum, sendo a covariância, obtida pela variância das médias das famílias de meios-irmãos, e é, portanto, a variância da metade dos valores genéticos dos pais, equivalente a um quarto da variância aditiva (FALCONER, 1981).

Segundo SMITH (2004) famílias de meios-irmãos são desenvolvidas para as seleções entre e dentro de famílias/progênies e constituem o método mais comum para o melhoramento do rendimento de grãos em populações alógamas e o melhoramento de animais. Sendo os efeitos aditivos e capacidade geral de combinação, os parâmetros mais avaliados para esta metodologia de cruzamento.

De acordo com PEREIRA et al. (2008) famílias de meios-irmãos são frequentemente utilizadas em processos de seleção recorrente, sendo avaliadas com maior acurácia e precisão. Todavia, a exatidão dos resultados depende do número de famílias utilizadas e do número de repetições aplicadas por família.

O uso de famílias de meios-irmãos em milho é comum para diversas finalidades. WARTHA et al. (2016) avaliaram o número de amostras necessárias para estimar as características de pendão em famílias de meios-irmãos. SILVA et al. (2016) avaliaram a distância genética entre famílias de meios-irmãos com o objetivo de selecionar famílias contrastantes para recombinação para produção de milho verde. HEINZ et al. (2012) estimaram os parâmetros genéticos na seleção de famílias de meios-irmãos para eficiência no uso de nitrogênio.

2.6 Estimativa dos componentes da variância e herdabilidade por meio do Método REML/BLUP

A estimativa de parâmetros genéticos no melhoramento de plantas permite a avaliação eficiente de estratégias de seleção e melhoramento para ganhos genéticos e manutenção de bases genéticas adequadas em populações para identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle de caracteres quantitativos (RIBEIRO E SOUZA et al., 2009).

Existem diversos métodos para a estimação de parâmetros genéticos, entre os quais, o método da Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita / Melhor Previsão Linear Não Incluída – REML/BLUP é considerado um procedimento padrão para a estimação de parâmetros e seleção ideal em diversas espécies. O método é eficaz em casos onde ensaios experimentais estão associados ao desequilíbrio de dados devido a variadas razões, como: perda de plantas e parcelas, quantidades desiguais de sementes ou pouca uniformidade na germinação, ensaios com diferentes números de repetições, condições ambientais adversas, entre outras complexidades que causam problemas em dados experimentais (RESENDE, 2016).

O método REML foi descrito anteriormente como método da máxima verossimilhança (ML), que tinha por principais vantagens a translação invariante (não afetados por mudanças nos efeitos fixos); suficiência, consistência e eficiência, além de

permitir a geração de estimativas não negativas de componentes de variância (DE RESENDE et al., 1996). Contudo, os estimadores de ML possuíam imposição de restrição de não negatividade e perda de graus de liberdade devido à estimação dos efeitos fixos (SHAW, 1987). Para eliminar o problema, PATTERSON e THOMPSON (1971) propuseram uma modificação no método ML. A modificação realizada conduz a estimativas idênticas aquelas obtidas por análise de variância, se o delineamento for balanceado e as restrições de não negatividade forem ignoradas, assim, o método passou a ser denominado REML, que é equivalente a ML para um conjunto de dados que tenham sido padronizados para média zero (DE RESENDE et al., 1996).

Devido à praticidade e flexibilidade para a estimação de parâmetros genéticos, o método REML/BLUP tem sido amplamente utilizado para o melhoramento vegetal (CARIAS et al., 2016).

2.7 Análise dialélica e capacidade combinatória

O termo dialelo é utilizado para representar um conjunto de híbridos resultantes do cruzamento entre progenitores, sendo linhagens, variedades ou clones, podendo incluir além dos respectivos pais, os híbridos recíprocos formados ou outras gerações relacionadas (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2004).

Cruzamentos em dialelo são frequentemente aplicados por melhoristas de plantas para gerar informações genéticas que são utilizadas para elaborar estratégias de seleção e melhoramento de diversas espécies cultivadas (YAO et al., 2013).

Entre as metodologias de dialelo mais utilizadas pode-se citar a proposta por GRIFFING (1956), na qual são estimados os efeitos e a soma de quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de combinação; a metodologia de GARDNER; EBERHART (1966) na qual são avaliados os efeitos de variedades e heterose varietal; e a metodologia proposta por HAYMAN (1954), a qual origina informações sobre o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, valores genéticos dos genitores e limite de seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2004).

A análise da capacidade de combinação é empregada para identificar os melhores genitores que podem ser cruzados para explorar a heterose e selecionar os

cruzamentos mais promissores para o uso em programas de melhoramento (MURTADHA; ARIYO; ALGHAMDI, 2018).

A capacidade geral de combinação (CGC) refere-se ao desempenho médio de um genitor em uma série de combinações e é uma medida de ação gênica aditiva, enquanto a capacidade específica de combinação (CEC) é o resultado da combinação de um genitor em um cruzamento específico em relação à combinação geral, com ação gênica não aditiva, isto é, dominância, sobredominância e epistasia (ABUALI; ABDELMULA; KHALAFALLA, 2012).

A capacidade combinatória em milho tem sido explorada por diversos autores. LARIÈPE et al. (2017) analisaram as capacidades geral e específica de combinação em 288 linhagens de milho intercruzadas. ALIU et al. (2016) avaliaram dez linhas endogâmicas de milho para diferentes caracteres com o objetivo de determinar a natureza da ação gênica em genitores e híbridos. (GRALAK et al., 2015) avaliaram a capacidade combinatória para produção de grãos em 18 híbridos de milho.

2.8 Heterose

O conhecimento da importância do vigor híbrido está presente na humanidade desde os primórdios da agricultura, quando índios nativos das Américas praticavam seleções sobre as melhores plantas em seus cultivos proporcionando um aumento no rendimento de suas culturas, principalmente no milho. Esta visão de que determinadas plantas eram superiores às plantas das quais foram originadas foi à precursora para estudos científicos da heterose por meio de híbridos e compostos sintéticos em uma variedade de plantas, principalmente em variedades de polinização aberta de milho (JAIN; KHARWAI, 2004).

A heterose é um fenômeno pelo qual híbridos oriundos de indivíduos geneticamente diferentes apresentam um desempenho superior à média dos genitores (SHULL, 1948). Este parâmetro também pode ser descrito como vigor híbrido, manifestado nos híbridos e representando sua superioridade no desenvolvimento comparado com seus pais (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

O vigor híbrido é controlado por diversos genes, vinculados ou não, e algumas explicações consideram três bases genéticas: Dominância, em que o modelo propõe

que conjuntos independentes de alelos levemente deletérios são acumulados em todo o genoma durante a endogamia das linhagens genitores. Assim, a hibridação causa complementação na progênie F1 pelos alelos superiores, resultando em superioridade fenotípica sobre ambos os pais. A segunda base genética conhecida é a sobredominância, onde as interações alélicas em um único locus heterozigoto resultam em um efeito sinérgico no vigor, superando os pais homozigotos. A pseudodominância é a base genética intermediária entre a dominância e a sobredominância, que é um caso de complementação de dominância (LIPPMAN; ZAMIR, 2006).

Em milho, a heterose, ou a superioridade em relação aos genitores, vem sendo explorada por décadas na busca de híbridos superiores ou ainda em estudos de grupos heteróticos para a produção de híbridos em programas de melhoramento. Em adição, a heterose ainda pode ser um parâmetro para auxiliar na identificação de combinações com tendências de incremento ou redução de determinados caracteres de interesse agrônômico (GARDNER; EBERHART, 1966).

3 Capítulo 1: Estudos de Parâmetros genéticos em famílias de meios irmãos de milho via modelos mistos (REML/BLUP)

3.1 Introdução

O melhoramento de populações é um aspecto bastante importante em programas de melhoramento de milho devido à possibilidade da exploração da variabilidade genética e pelo aumento da frequência de alelos favoráveis que determinam caracteres de interesse agrônômico, onde, a determinação da população a ser utilizada é crucial para obter ganhos de seleção (PATERNIANI et al., 2004).

Para a formação de uma variedade aprimorada de milho diversos métodos de seleção foram criados, entre eles, os mais usuais, espiga por fileira e seleção massal, ambos desenvolvidos por Hopkins (1899) (SOHAIL et al., 2018). Entretanto, estes métodos de seleção apresentavam algumas limitações, como a dificuldade na identificação de genótipos superiores, alta pressão de seleção aliada ao reduzido tamanho das populações e perda variabilidade genética dos indivíduos selecionados. Assim, Lonnquist (1964) propôs uma modificação no método espiga por fileira, com o objetivo de reduzir o ciclo entre gerações para um ano, posteriormente, o método passou a ser denominado de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos.

Meios irmãos são indivíduos que possuem um genitor (fêmea) em comum e outros genitores (macho) diferentes. Um grupo de meios-irmãos é, portanto, a progênie de um indivíduo acasalado ao acaso, originando uma progênie para cada acasalamento (FALCONER, 1981). O método de seleção utilizando este tipo de delineamento genético, possibilita uma maior concentração de genes do tipo aditivo presentes na população, sem causar taxas elevadas de endogamia (PATERNIANI, 1967), sendo um recurso eficaz para estudos de parâmetros genéticos em programas de melhoramento de populações (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

A estimativa dos componentes da variância e predição de valores genéticos são procedimentos cruciais em programas de melhoramento. Atualmente, o

procedimento REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita/Melhor Previsão Linear Não Incluída), descrito por Patterson; Thompson (1971) é o padrão para a estimativa de parâmetros genéticos e seleção ideal em várias espécies (RESENDE, 2016), como exemplo, batata doce, cana de açúcar, castanha do Brasil, café, caju, espécies arbóreas (BORGES et al. 2010; BARBOSA et al. 2004; CAMARGO et al. 2010; CARIAS et al. 2016; MAIA et al. 2009; CARDERALLI et al. 2013) entre outras. Contudo, ainda existem poucos estudos em variedades de milho utilizando este procedimento.

Diante do exposto, este estudo teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos em famílias de meios-irmãos de variedades de polinização aberta de milho via modelos mistos (REML/BLUP).

3.2 Material e métodos

3.2.1 Local de condução

O experimento para avaliação das famílias de meios irmãos (FMI) foi conduzido em solo do tipo Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico (SANTOS et al., 2006) na Centro Agropecuário da Palma, em área pertencente à Universidade Federal de Pelotas - CAPA/UFPel, localizado no município Capão do Leão/RS, sob as coordenadas geográficas: latitude 31°45' S, longitude 52°29' O, com altitude média de 13 metros, em clima subtropical (ALVARES et al., 2014) no período entre novembro de 2017 e abril de 2018.

3.2.2 Variedades utilizadas

Para o estudo foram utilizadas 13 variedades de polinização aberta de milho, cultivadas na região sul do estado do Rio Grande do Sul, a quais estão listadas na tabela 1.

Tabela 1. Variedades de polinização aberta de milho utilizadas no estudo.

Variedade	Classificação	Origem	Coloração do grão	Tipo de grão
AL 25	VPA	UNAIC	Amarelo - Alaranjado	Semiduro
AL 30	VPA	UNAIC	Amarelo - Alaranjado	Semiduro
Argentino Amarelo	Crioula	UNAIC	Amarelo	Duro
Bico De Ouro	Crioula	UNAIC	Amarelo	Dentado
Cateto Amarelo	Crioula	UNAIC	Amarelo - Alaranjado	Semiduro
Dente De Ouro	Crioula	UNAIC	Amarelo	Semidentado
Pampeano	Crioula	UNAIC	Avermelhado e amarelo	Semidentado
Sangria Branca	Crioula	UNAIC	Branco - Amarelado	Semidentado
Sete Sanga	Crioula	UNAIC	Vermelho	Dentado
Taquarão	Crioula	UNAIC	Branco	Dentado
BR 5202	Sintética	EMBRAPA	Amarelo - Alaranjado	Semidentado
BRS Planalto	Sintética	EMBRAPA	Amarelo - Alaranjado	Semiduro
BR 473	Sintética	EMBRAPA	Amarelo - Alaranjado	Duro

Locais de origem: UNAIC – União das Associações Comunitárias do Interior de Canguçu.
 EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Estação Experimental Terras Baixas.
 VPA's – Variedades de Polinização Aberta

3.2.3 Obtenção das famílias de meios-irmãos

As variedades utilizadas foram semeadas na safra 2014/2015, em linhas de 20 metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,70 metro e entre plantas de 0,25 metro. A fecundação entre as plantas foi realizada por meio de cruzamentos ao acaso. Após a maturação de colheita, a primeira espiga de cada planta foi colhida e devidamente identificada, sendo posteriormente debulhadas manualmente e suas sementes armazenadas em câmara fria a 16 °C. Para cada variedade, foram selecionadas as dez espigas que apresentaram a maior massa de grãos, assim, a espiga de cada planta representou uma família de meios-irmãos (FMI).

3.2.4 Delineamento experimental

Para cada variedade foram utilizadas dez famílias de meios-irmãos (FMI), sendo cada família semeada em uma linha de seis metros de comprimento com espaçamento entre linhas de 0,70 metros e entre plantas 0,20 metros, totalizando 25 plantas por linha. O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições. Cada boco foi composto por 130 linhas de FMI e 26 linhas do híbrido de milho comercial SHS 5050, sendo que a cada dez linhas de FMI foram

distribuídas duas linhas do híbrido. A semeadura foi realizada manualmente com auxílio de Saraquá e os tratos culturais foram realizados de acordo com as indicações técnicas para o cultivo de milho no Rio Grande do Sul para as safras 2017/18 e 2018/19 (ROSA et al., 2017).

3.2.5 Caracteres avaliados

Altura de plantas (AP), mensurada em centímetros com auxílio de uma trena graduada desde a base da planta até a altura de inserção do pendão.

Altura de inserção da primeira espiga (AE), em centímetros obtida com auxílio de trena graduada, desde a base da planta até a altura de inserção da primeira espiga.

Diâmetro de colmo (DC), em milímetros, obtido com auxílio de paquímetro digital posicionado cerca de 20 centímetros no colmo acima da base da planta.

Número de folhas (NF), em unidades, obtido por contagem de todas as folhas desde a base da planta até a inserção do pendão, após a floração.

Comprimento de espiga (CE) mensurada em centímetros, com régua graduada.

Diâmetro da espiga (DE), em milímetros, mensurado com paquímetro digital posicionado na porção média da espiga.

Número de grãos por fileira (NGF) e Número de fileiras por espiga (NFE), em unidades, obtido por contagem.

Massa da espiga (ME), em gramas, mensurada com a espiga inteira, contendo grãos e sabugo, obtida em balança de precisão digital.

3.2.6 Análise estatística

As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por procedimentos baseados em REML/BLUP, utilizando o modelo 1 (Avaliação de indivíduos em progênes de meios irmãos com várias observações por parcela) (RESENDE, 2007):

$$y = X_r + Z_a + W_p + \varepsilon$$

Onde:

y: vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixo) somados à média geral;
 a: vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios);
 p: vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios);
 ε : vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos.

Os procedimentos estatísticos foram realizados utilizando o software Seleção genética Computadorizada – Selegen – REML/BLUP (RESENDE, 2007).

3.3 Resultados e discussão

Nas tabelas 2 a 10 estão apresentados os parâmetros genéticos estimados para as características avaliadas neste estudo. Para a variável altura de plantas (AP) (Tabela 2) nota-se que o maior valor para variância genética aditiva herdável (V_a) foi apresentado pela população crioula Sete Sanga. Sendo a menor variação apresentada pela população Bico de Ouro.

A estatura da planta, tanto a altura total quanto a altura de inserção da primeira espiga são características de grande importância no melhoramento, considerando estudos de produtividade e acamamento. Embora plantas com inserção de espigas mais altas tenham maior tendência para uma produtividade mais elevada, a estatura baixa, principalmente na inserção da espiga, é uma maneira de proteção contra o acamamento (ZSUBORI et al., 2002).

Considerando a herdabilidade restrita entre (h^2_{aj}) e dentro (h^2_{ad}) das famílias de meios irmãos (Tabela 2), pode-se verificar que a herança para este caractere é maior entre famílias que entre plantas dentro de uma mesma família. O mesmo pode ser verificado para altura de inserção da espiga (AE) (Tabela 3), sugerindo que quando o objetivo é a uniformidade de plantas em termos de estatura, a seleção pode ser exercida entre famílias, ou seja, a seleção pode ser baseada na média das famílias de uma população.

Quanto à herdabilidade média (h^2_{mp}), os valores variaram entre 0,01 e 0,65 para altura de plantas e 0,01 e 0,91 para altura de inserção da primeira espiga. Em ambos os caracteres a população com a maior herdabilidade média foi à

variedade crioula Sete Sanga, seguida de Argentino Amarelo para altura de plantas e AL30 para altura de inserção da primeira espiga, variedades crioula e VPA, respectivamente. Os altos valores de herdabilidade baseada nas médias das famílias (h^2_{mp}) encontrados para algumas populações no estudo favorecem a seleção entre progênies, seguida de uma seleção dentro de cada família.

Outro parâmetro avaliado para todos os caracteres foi a acurácia das progênies/famílias (Ac_{prog}), a qual é referente à associação entre os valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros das plantas, estando ligada à herdabilidade do caráter. Os valores de acurácia encontrados variam entre 0,10 e 0,81 para altura de plantas e de 0,08 a 0,95 para altura de inserção de espiga (Tabela 2 e 3). Como previsto, os maiores valores de Ac_{prog} foram apresentados pela população com a maior herdabilidade para estes caracteres, a variedade Sete Sanga. Enquanto a maior acurácia atesta a adequação de seleção, o contrário reflete na dificuldade de seleção, assim, populações como AL25, Bico de Ouro e BR 473 não seriam apropriadas para a seleção de plantas quando o objetivo for a uniformidade de estatura.

O coeficiente de variação genética ($CV_{gp}\%$) mostrou que a maior variação genética entre plantas está concentrada nas populações Argentino Amarelo, Dente de Ouro e Sete Sanga. Para ambos os caracteres os coeficientes de variação residuais mostram adequada precisão experimental, como valores variando entre 5,22 e 11,45 para BRS Planalto e AL 25, respectivamente.

Tabela 2. Componentes da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere altura de plantas (AP) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas	Variedades de polinização aberta (VPA's)												
de Parâmetros	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	11,83	23,43	326,11	2,24	133,03	2,88	57,17	112,65	326,82	5,15	269,16	390,74	70,61
V_{parc}	440,64	62,85	161,48	225,07	55,80	172,97	166,21	138,50	189,99	256,22	184,95	108,45	436,55
V_e	445,51	465,80	161,12	406,18	397,57	409,64	451,06	338,82	252,17	465,79	272,66	179,52	428,73
V_f	897,98	552,08	648,72	633,49	586,41	585,49	674,44	589,98	768,97	727,16	726,77	678,72	935,89
h^2_{aj}	0,03	0,05	0,67	0,01	0,25	0,01	0,11	0,25	0,56	0,01	0,50	0,69	0,14
h^2_{mp}	0,02	0,14	0,55	0,01	0,49	0,01	0,17	0,32	0,51	0,01	0,46	0,65	0,10
h^2_{ad}	0,02	0,04	0,60	0,00	0,20	0,01	0,09	0,20	0,49	0,01	0,43	0,62	0,11
Ac_{prog}	0,13	0,37	0,74	0,08	0,70	0,10	0,41	0,56	0,71	0,11	0,68	0,81	0,31
c^2_{parc}	0,49	0,11	0,25	0,36	0,10	0,30	0,25	0,23	0,25	0,35	0,25	0,16	0,47
$CV_{gi}\%$	1,79	2,65	9,17	0,76	5,86	0,98	4,09	5,25	9,59	1,22	8,14	9,95	4,09
$CV_{gp}\%$	0,89	1,32	4,58	0,38	2,93	0,49	2,05	2,63	4,79	0,61	4,07	4,98	2,05
$CV_e\%$	11,45	5,77	7,22	8,33	5,22	8,44	7,95	6,65	8,21	9,37	7,56	6,28	10,72
CV_r	0,08	0,23	0,64	0,05	0,56	0,06	0,26	0,39	0,58	0,07	0,54	0,79	0,19

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{aj} : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h^2_{mp} : herdabilidade média de famílias; h^2_{ad} : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c^2_{parc} : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

Tabela 3. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere altura de inserção da primeira espiga (AE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas de Parâmetros	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	3,19	271,21	296,36	1,47	160,92	3,54	231,10	126,91	173,71	173,71	335,72	796,41	54,47
V_{parc}	272,83	22,53	201,78	141,73	42,42	173,22	136,03	118,17	108,74	108,74	169,96	41,96	121,00
V_e	223,17	-38,98	-59,30	149,18	116,68	162,59	-13,36	95,68	51,84	51,84	-51,19	-412,80	72,37
V_f	499,19	254,77	438,83	292,39	320,02	339,34	353,77	340,75	334,29	334,29	454,49	425,58	247,84
h^2_{aj}	0,01	1,17	1,25	0,03	0,58	0,02	1,06	0,57	0,77	0,77	1,18	2,08	0,43
h^2_{ad}	0,01	1,24	1,36	0,01	0,51	0,02	1,08	0,50	0,72	0,72	1,26	3,24	0,36
h^2_{mp}	0,01	0,84	0,50	0,01	0,65	0,01	0,53	0,41	0,51	0,51	0,57	0,91	0,73
Ac_{prog}	0,09	0,92	0,71	0,08	0,80	0,12	0,73	0,64	0,71	0,71	0,75	0,95	0,85
c^2_{parc}	0,55	0,09	0,46	0,48	0,13	0,51	0,38	0,35	0,33	0,33	0,37	0,10	0,49
$CV_{gi}\%$	1,75	17,54	16,52	1,14	12,21	2,14	16,45	10,49	13,15	13,15	16,29	25,12	8,23
$CV_{gp}\%$	0,88	8,77	8,26	0,57	6,11	1,07	8,22	5,24	6,57	6,57	8,15	12,56	4,12
$CV_e\%$	16,85	6,65	14,17	11,77	7,83	15,70	13,34	10,91	11,24	11,24	12,26	6,92	12,83
CV_r	0,05	1,32	0,58	0,05	0,78	0,07	0,62	0,48	0,58	0,58	0,66	1,82	0,32

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{aj} : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h^2_{mp} : herdabilidade média de famílias; h^2_{ad} : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c^2_{parc} : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

O diâmetro do colmo também está associado à produtividade de plantas de milho, atuando como estrutura de reserva e translocação de fotoassimilados, principalmente no período de enchimento de grãos, sendo o aumento deste caractere, um dos fatores chave para a redução do acamamento, cuja principal causa para a redução na produtividade é o rompimento da vascularização dos tecidos, o que afeta a estrutura anatômica para o transporte de água e nutrientes, impedindo a produção de grãos (GOMES et al., 2010). Na tabela 4 é possível observar que a herdabilidade entre famílias (h^2_{aj}) foi superior à herdabilidade dentro de famílias (h^2_{ad}) para todas as variedades em estudo. A herdabilidade média entre famílias (h^2_{mp}) foi maior para BR 473, seguida por Taquarão e BRS Planalto, indicando que estas variedades têm a possibilidade de possuírem famílias com a maior capacidade de herança deste caractere, uma vez que também apresentaram elevado valor de acurácia (0,935).

A seleção do diâmetro do colmo (DC) deve ser realizada de maneira cautelosa, optando por variedades que apresentam a maior média e maior herdabilidade para o caractere. Entre as famílias avaliadas, AL30, BRS Planalto, BR 473 e Taquarão apresentam os maiores valores de herdabilidade média de famílias para este caractere (Tabela 4).

Assim como a estatura e o diâmetro, o número de folhas está associado com a estrutura e nutrição da planta. O número de folhas, assim como a proporção de folhas acima e abaixo da primeira espiga, são determinantes críticos na arquitetura de plantas e na taxa fotossintética, interferindo diretamente no florescimento das plantas (LI et al., 2016). A variedade Taquarão apresentou a maior herdabilidade média para o número de folhas (NF) (92%), indicando alta possibilidade de transmissão desta característica para as progênies oriundas desta população (Tabela 5). Por se tratar de um caractere com baixa variação entre as plantas, os coeficientes de variação genética individual ($CV_{gi}\%$) e variação genotípica entre famílias ($CV_{gp}\%$) apresentaram valores baixos, sendo a maior variação entre famílias apresentada pela variedade BR 5202. Os coeficientes de variação residual ($CV_e\%$) mostraram boa precisão experimental.

Tabela 4. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere diâmetro do colmo (DC) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas de Parâmetros	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	0,06	3,72	0,06	1,15	15,22	11,58	0,69	0,06	0,06	0,06	0,05	0,10	2,12
V_{parc}	2,68	0,04	1,73	1,69	0,91	0,09	1,54	2,12	1,39	1,39	1,09	3,62	1,83
V_e	11,06	9,43	8,28	10,63	3,16	2,78	10,58	10,07	10,55	10,55	11,83	9,83	7,25
V_f	13,79	13,19	10,08	13,46	19,29	14,45	12,81	12,25	12,01	12,01	12,98	13,56	11,20
h^2_{aj}	0,01	0,28	0,01	0,10	0,83	0,81	0,06	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,23
h^2_{mp}	0,01	0,69	0,02	0,23	0,83	0,88	0,16	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,83
h^2_{ad}	0,01	0,23	0,01	0,08	0,78	0,76	0,05	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,18
Ac_{prog}	0,11	0,83	0,13	0,48	0,91	0,94	0,41	0,12	0,14	0,14	0,13	0,13	0,91
c^2_{parc}	0,19	0,01	0,17	0,12	0,05	0,01	0,12	0,17	0,12	0,12	0,08	0,27	0,16
$CV_{gi}\%$	1,09	9,02	1,16	4,70	17,23	15,51	3,91	1,07	1,14	1,14	0,97	1,34	7,13
$CV_{gp}\%$	0,54	4,51	0,58	2,35	8,62	7,76	1,96	0,54	0,57	0,57	0,48	0,67	3,56
$CV_e\%$	8,89	5,25	7,48	7,39	6,79	5,07	7,63	7,92	7,21	7,21	6,30	9,01	8,07
CV_r	0,06	0,86	0,08	0,32	1,27	1,53	0,26	0,07	0,08	0,08	0,08	0,08	0,44

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{aj} : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h^2_{mp} : herdabilidade média de famílias; h^2_{ad} : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c^2_{parc} : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

Tabela 5. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere número de folhas (NF) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas de Parâmetros	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	0,03	1,31	0,10	0,05	0,84	1,50	2,65	1,08	1,14	1,14	0,03	0,04	1,22
V_{parc}	1,44	0,02	0,72	0,85	1,06	0,44	0,41	0,63	0,36	0,36	1,12	1,06	0,44
V_e	3,35	2,29	3,18	3,68	2,67	1,70	1,42	2,07	2,42	2,42	3,37	4,51	1,59
V_f	4,82	3,62	4,00	4,58	4,56	3,64	4,47	3,78	3,92	3,92	4,52	5,61	3,26
h^2_{aj}	0,01	0,36	0,03	0,01	0,24	0,47	0,65	0,34	0,32	0,32	0,01	0,01	0,44
h^2_{mp}	0,01	0,74	0,07	0,03	0,31	0,61	0,73	0,47	0,55	0,55	0,02	0,02	0,92
h^2_{ad}	0,01	0,30	0,02	0,01	0,19	0,40	0,58	0,28	0,26	0,26	0,01	0,01	0,37
Ac_{prog}	0,12	0,86	0,26	0,18	0,56	0,78	0,85	0,68	0,74	0,74	0,13	0,15	0,96
c^2_{parc}	0,30	0,01	0,18	0,19	0,23	0,12	0,09	0,17	0,09	0,09	0,25	0,19	0,14
$CV_{gi}\%$	1,23	7,76	2,11	1,49	6,22	8,32	11,59	6,98	7,32	7,32	1,14	1,31	7,70
$CV_{gp}\%$	0,62	3,88	1,05	0,74	3,11	4,16	5,80	3,49	3,66	3,66	0,57	0,65	3,85
$CV_e\%$	8,82	4,00	6,79	7,24	8,01	5,76	6,16	6,45	5,70	5,70	7,67	7,66	5,80
CV_r	0,07	0,97	0,16	0,10	0,39	0,72	0,94	0,54	0,64	0,64	0,07	0,09	0,66

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{aj} : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h^2_{mp} : herdabilidade média de famílias; h^2_{ad} : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c^2_{parc} : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

Entre os componentes do rendimento podem ser citados caracteres como comprimento e diâmetro da espiga (CE e DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF). Observando a tabela 6 pode-se verificar que para comprimento de espiga tanto a herdabilidade no sentido restrito entre famílias (h^2_{aj}) quanto à herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias (h^2_{ad}) apresentaram valores baixos, variando de 0,00 a 0,45 para h^2_{aj} e de 0,00 a 0,38 para h^2_{ad} , enquanto que a herdabilidade média (h^2_{mp}) variou entre 0,01 e 0,94, sendo o maior valor apresentado pela variedade Taquarão. As populações BRS Planalto, Dente de Ouro e Pampeano também apresentaram valores satisfatórios de herdabilidade média entre famílias.

Quanto à acurácia para comprimento da espiga, oito das 13 variedades avaliadas mostraram valores abaixo de 0,20 para Ac_{prog} , sugerindo que a seleção desta variável para estas VPA's é desfavorável. Comparando com os caracteres anteriores, o comprimento da espiga apresentou maior coeficiente de variação residual ($CV_e\%$).

Para diâmetro da espiga (DE) (Tabela 7) a herdabilidade entre famílias (h^2_{aj}) variou entre 0,01 e 0,88 e a herdabilidade dentro de famílias (h^2_{ad}) variou entre 0,01 e 0,84, sendo que novamente os valores mais elevados para estes dois parâmetros foram apresentados pela variedade Sete Sanga. No entanto, quando avaliada a herdabilidade média, as variedades Taquarão e Sangria Branca apresentaram os maiores valores (0,90 e 0,80, respectivamente), com elevados valores de acurácia para ambas as variedades. Assim, acredita-se que para este caractere a metodologia de seleção deve levar em consideração a população em estudo e o objetivo, o qual pode ser a identificação de plantas dentro de uma mesma família ou de qualquer planta dentro da população. Com relação aos coeficientes de variação relativa, a maior parte das populações apresentaram valores acima de 0,50 e a precisão experimental foi comprovada pelos baixos resultados obtidos nos coeficientes de variação residuais (CV_e).

Tabela 6. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere comprimento da espiga (CE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
de Parâmetros	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	0,05	0,04	0,03	0,60	3,74	0,12	0,08	0,04	3,39	3,39	0,07	0,08	3,95
V_{parc}	0,92	0,72	0,87	0,52	0,65	2,09	0,83	2,56	0,21	0,21	1,07	0,70	0,89
V_e	8,35	7,54	7,56	8,70	5,53	5,58	10,52	8,56	6,98	6,98	8,28	10,44	4,80
V_f	9,32	8,30	8,46	9,82	9,91	7,78	11,43	11,16	10,58	10,58	9,41	11,22	9,64
h^2_{aj}	0,01	0,01	0,00	0,06	0,40	0,02	0,01	0,00	0,33	0,33	0,01	0,01	0,45
h^2_{mp}	0,02	0,02	0,01	0,24	0,65	0,03	0,03	0,01	0,69	0,69	0,03	0,03	0,94
h^2_{ad}	0,00	0,00	0,00	0,05	0,34	0,02	0,01	0,00	0,27	0,27	0,01	0,01	0,38
Ac_{prog}	0,14	0,14	0,11	0,49	0,81	0,18	0,17	0,09	0,83	0,83	0,16	0,18	0,97
c^2_{parc}	0,10	0,09	0,10	0,05	0,07	0,27	0,07	0,23	0,02	0,02	0,11	0,06	0,09
$CV_{gi}\%$	1,74	1,57	1,25	6,17	13,89	2,64	2,19	1,38	13,85	13,85	2,00	2,14	16,51
$CV_{gp}\%$	0,87	0,79	0,63	3,08	6,95	1,32	1,09	0,69	6,92	6,92	1,00	1,07	8,25
$CV_e\%$	10,29	9,73	10,01	9,54	8,74	12,65	10,71	13,47	8,11	8,11	10,62	9,97	10,71
CV_r	0,08	0,08	0,06	0,32	0,79	0,10	0,10	0,05	0,85	0,85	0,09	0,11	0,77

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{aj} : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h^2_{mp} : herdabilidade média de famílias; h^2_{ad} : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c^2_{parc} : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

Tabela 7. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere diâmetro de espiga (DE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas de Parâmetros	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	0,17	3,72	5,21	0,15	0,68	3,47	8,95	0,21	8,63	8,63	19,70	17,89	2,46
V_{parc}	8,80	1,80	3,13	5,15	1,93	1,97	0,15	0,08	0,08	0,08	1,49	5,51	0,17
V_e	21,81	15,09	13,74	20,09	26,66	15,76	10,37	19,97	18,59	18,59	8,36	2,50	14,32
V_f	30,78	20,61	22,08	25,39	29,27	21,20	19,46	20,26	27,31	27,31	29,55	25,90	16,95
h^2_{aj}	0,01	0,20	0,28	0,01	0,02	0,18	0,46	0,01	0,32	0,32	0,70	0,88	0,15
h^2_{mp}	0,01	0,44	0,44	0,02	0,10	0,41	0,78	0,07	0,71	0,71	0,80	0,65	0,90
h^2_{ad}	0,01	0,16	0,22	0,01	0,02	0,14	0,39	0,01	0,26	0,26	0,64	0,84	0,11
Ac_{prog}	0,11	0,66	0,67	0,12	0,31	0,64	0,89	0,26	0,85	0,85	0,89	0,81	0,95
c^2_{parc}	0,29	0,09	0,14	0,20	0,07	0,09	0,01	0,00	0,00	0,00	0,05	0,21	0,01
$CV_{gi}\%$	1,03	4,89	6,58	0,98	2,18	4,76	7,56	1,18	7,94	7,94	10,99	10,43	3,88
$CV_{gp}\%$	0,52	2,45	3,29	0,49	1,09	2,38	3,78	0,59	3,97	3,97	5,50	5,22	1,94
$CV_e\%$	8,39	4,81	6,38	6,77	5,71	4,99	3,44	3,75	4,34	4,34	4,83	6,57	3,31
CV_r	0,06	0,51	0,52	0,07	0,19	0,48	1,10	0,16	0,91	0,91	1,14	0,79	0,59

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{aj} : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h^2_{mp} : herdabilidade média de famílias; h^2_{ad} : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c^2_{parc} : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

O número máximo de grãos por fileira, ou seja, o número de núcleos potenciais por linha, é definido no mínimo sete dias antes da emissão dos estilo-estigmas. Podem ser produzidos até mil óvulos potenciais por espiga, no entanto, somente darão origem aos grãos, aqueles que receberem o pólen e seguirem para a fecundação. Os núcleos potenciais por espiga são altamente dependentes das condições de cultivo que antecedem o florescimento, enquanto que o número de grãos reais por fileira é dependente das condições ambientais que ocorrem durante e após a fecundação (ELMORE; ABENDROTH, 2006)

Para o número de grãos por fileira a herdabilidades no sentido restrito entre e dentro de famílias não apresentaram valores elevados. Com exceção da variedade Taquarão, que apresentou herdabilidade média (h^2_{mp}) de 0,70, as demais variedades obtiveram h^2_{mp} abaixo de 0,50, que indica que a variação existente entre as plantas das famílias destas VPA's é decorrente mais de variações no ambiente experimental que por questões genéticas, o que também justifica os valores mais elevados de coeficientes de variação residuais.

O número de fileiras de grãos por espiga é determinado geneticamente, no entanto, a disponibilidade hídrica afeta diretamente este caractere. Outro fator que interfere no número de fileiras é a deficiência de nitrogênio, quando esta ocorre antes do estágio V8, causa uma redução irreversível tanto no diâmetro quanto no comprimento da espiga, refletindo na redução do número de grãos por fileira e no número de fileiras por espiga (ELMORE; ABENDROTH, 2006). Para o caractere número de fileiras por espiga a variedade Bico de Ouro apresentou os valores mais elevados de herdabilidade entre e dentro de famílias, seguida da variedade Sete Sanga. Entretanto, a herdabilidade média de valor mais elevado entre famílias foi encontrada para as variedades Taquarão e Cateto Amarelo, com 84 e 77% da variação explicada por causas genéticas, respectivamente (Tabela 9).

A acurácia (Ac_{prog}) mostrou que para todas as variedades que obtiveram herdabilidade média acima de 50%, a seleção, tanto entre plantas dentro de famílias quanto entre as famílias de cada população, será favorável.

Segundo Gomes (1985), os coeficientes de variação residuais para o número de fileiras por espiga foram classificados como médio, enquanto que para

o número de grãos por fileiras apresentaram coeficientes baixos para todas as variedades, o que indica adequada precisão experimental.

Tabela 8. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere número de grãos de fileiras (NGF) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
de Parâmetros	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	7,55	0,26	0,16	15,14	6,15	4,15	0,71	0,09	0,19	0,19	0,93	0,18	2,72
V_{parc}	4,39	3,63	1,78	2,42	0,39	5,31	0,16	4,20	5,30	5,30	10,52	9,42	3,98
V_e	35,67	47,47	50,03	35,96	47,85	33,17	47,63	42,04	49,94	49,94	42,59	48,30	31,77
V_f	47,61	51,36	51,97	53,53	54,40	42,63	48,51	46,34	55,44	55,44	54,05	57,91	38,47
h_{aj}^2	0,17	0,06	0,01	0,29	0,11	0,11	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,07
h_{mp}^2	0,39	0,02	0,02	0,61	0,45	0,25	0,09	0,01	0,01	0,01	0,04	0,01	0,70
h_{ad}^2	0,13	0,01	0,00	0,24	0,08	0,08	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,06
Ac_{prog}	0,63	0,15	0,13	0,78	0,67	0,58	0,31	0,09	0,12	0,12	0,21	0,09	0,84
c_{parc}^2	0,09	0,07	0,03	0,04	0,00	0,12	0,01	0,09	0,09	0,09	0,19	0,16	0,10
$CV_{gi}\%$	12,58	2,40	1,82	18,28	10,61	9,46	4,06	1,41	2,08	2,08	4,31	1,82	8,57
$CV_{gp}\%$	6,29	1,20	0,91	9,14	5,30	4,73	2,03	0,70	1,04	1,04	2,15	0,91	4,28
$CV_e\%$	13,37	13,59	11,69	12,57	10,16	13,88	10,74	13,01	15,13	15,13	17,18	15,93	14,09
CV_r	0,47	0,09	0,07	0,72	0,52	0,34	0,19	0,05	0,0	0,06	0,12	0,06	0,30

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h_{aj}^2 : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h_{mp}^2 : herdabilidade média de famílias; h_{ad}^2 : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c_{parc}^2 : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

Tabela 9. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere número de fileiras por espiga (NFE) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas de Parâmetros	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	0,05	0,05	0,07	2,42	0,01	0,04	1,25	1,34	0,40	0,40	0,45	1,95	0,58
V_{parc}	0,37	0,45	0,26	0,40	0,13	0,02	0,04	0,01	0,50	0,50	0,60	1,06	0,10
V_e	3,50	4,82	3,42	2,17	4,14	5,03	3,47	1,95	4,06	4,06	4,68	1,90	5,55
V_f	3,92	5,31	3,74	4,99	4,28	5,08	4,76	3,29	4,97	4,97	5,73	4,92	6,22
h_{aj}^2	0,01	0,01	0,02	0,53	0,00	0,01	0,26	0,41	0,09	0,09	0,09	0,51	0,09
h_{mp}^2	0,05	0,04	0,07	0,70	0,02	0,05	0,66	0,77	0,24	0,24	0,23	0,51	0,84
h_{ad}^2	0,01	0,01	0,01	0,46	0,00	0,01	0,21	0,34	0,07	0,07	0,07	0,43	0,07
Ac_{prog}	0,22	0,19	0,27	0,83	0,12	0,22	0,81	0,88	0,49	0,49	0,48	0,72	0,92
c_{parc}^2	0,09	0,08	0,07	0,08	0,03	0,00	0,01	0,00	0,10	0,10	0,10	0,22	0,02
$CV_{gi}\%$	1,84	1,69	2,42	13,40	0,91	1,49	9,03	10,12	5,68	5,68	5,22	10,86	5,63
$CV_{gp}\%$	0,92	0,85	1,21	6,70	0,45	0,75	4,51	5,06	2,84	2,84	2,61	5,43	2,82
$CV_e\%$	6,96	7,57	7,37	7,68	6,25	5,76	5,63	4,83	8,70	8,70	8,19	9,19	6,18
CV_r	0,13	0,11	0,16	0,87	0,07	0,13	0,80	1,05	0,33	0,33	0,32	0,59	0,46

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h_{aj}^2 : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h_{mp}^2 : herdabilidade média de famílias; h_{ad}^2 : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c_{parc}^2 : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

O rendimento de grãos é dependente de todos os caracteres mencionados anteriormente: comprimento e diâmetro de espiga, número de fileiras por espiga e grãos por fileiras. Este caractere apresentou os menores valores para herdabilidade entre e dentro de famílias (h^2_{aj} e h^2_{ad}) e herdabilidade média (h^2_{mp}) entre todas as variáveis avaliadas. Estes resultados podem ser decorrentes da influência exercida pelo ambiente sobre este caractere, considerando que o coeficiente de variação residual (CV_r) em todas as variedades é considerado alto segundo a classificação de (GOMES, 1985).

A maior variação genética ($CV_{gp}\%$) foi expressa pelas variedades BRS Planalto e Sangria Branca, 11,74 e 11,56%, respectivamente. Quanto ao coeficiente de variação relativo (CV_r), apenas as variedades BRS Planalto e BR 5202, ambas as variedades sintéticas, apresentaram possibilidade de eficácia na seleção entre progênies, já que este parâmetro indica que a variação genética foi maior que a variação ambiental (CARIAS et al., 2016).

Em geral, a maior parte das pesquisas apresentam resultados de herdabilidade maiores para caracteres secundários para a produtividade, como altura de plantas e inserção da espiga. Já para caracteres primários relacionados à produção de grãos, como o número de grãos por espiga, apresentam herdabilidade maiores (REIS et al., 2002). Não diferente desta afirmação, os resultados encontrados no presente trabalho mostraram valores superiores para herdabilidade médias para os caracteres altura de planta e espiga (AP e AE), diâmetro do colmo (DC) e número de folhas (NF), enquanto que as menores herdabilidades, tanto entre e dentro de famílias e herdabilidade média foram menores para a massa de espiga (ME).

Uma das maneiras de incrementar a herdabilidade é por meio da introdução de maior variação genética na população, que pode ocorrer através de cruzamentos entre genitores mais contrastantes para as características avaliadas, ou ainda, aumentando a uniformidade das condições ambientais em que o experimento é submetido (RAMALHO et al., 2012).

Tabela 10. Resumo da análise da variância para avaliação de indivíduos entre e dentro de famílias de meios irmãos (FMI) e componentes da variância para o caractere massa da espiga (ME) em dez FMI de 13 variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Estimativas	Variedades de Polinização Aberta (VPA's)												
de parâmetros	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
V_a	5,13	13,07	67,46	99,94	396,60	27,83	262,86	4,04	209,98	209,98	18,50	441,21	181,35
V_{parc}	166,60	154,85	117,62	190,54	161,69	194,74	34,66	125,63	101,85	101,85	229,23	500,05	174,85
V_e	1387,29	1627,27	1014,64	1729,56	1318,24	1149,79	1387,14	1035,78	1071,75	1071,75	1481,09	1282,91	1099,24
V_f	1559,02	1795,19	1199,72	2020,05	1876,54	1372,36	1684,67	1165,45	1383,59	1383,59	1728,83	2224,16	1455,45
h^2_{aj}	0,00	0,01	0,06	0,05	0,23	0,02	0,16	0,00	0,16	0,16	0,01	0,26	0,14
h^2_{mp}	0,01	0,03	0,18	0,17	0,48	0,06	0,51	0,01	0,41	0,41	0,04	0,33	0,80
h^2_{ad}	0,00	0,01	0,05	0,04	0,18	0,02	0,12	0,00	0,13	0,13	0,01	0,21	0,11
Ac_{prog}	0,11	0,17	0,43	0,41	0,69	0,25	0,71	0,11	0,64	0,64	0,19	0,58	0,89
c^2_{parc}	0,11	0,09	0,10	0,09	0,09	0,14	0,02	0,11	0,07	0,07	0,13	0,22	0,12
$CV_{gi}\%$	2,80	4,65	12,18	12,60	23,48	7,00	21,47	2,68	19,96	19,96	5,15	23,11	18,72
$CV_{gp}\%$	1,40	2,32	6,09	6,30	11,74	3,50	10,73	1,34	9,98	9,98	2,57	11,56	9,36
$CV_e\%$	21,62	22,95	22,21	24,28	21,20	23,42	18,40	20,20	20,65	20,65	23,29	28,30	24,01
CV_r	0,06	0,10	0,27	0,26	0,55	0,15	0,58	0,07	0,48	0,48	0,11	0,41	0,39

1- AL 25; 2- AL 30; 3- Argentino Amarelo; 4- Bico de Ouro; 5- BRS Planalto; 6- BR 473; 7- BR 5202; 8- Cateto Amarelo; 9- Dente de Ouro; 10- Pampeano; 11- Sangria Branca; 12- Sete Sanga; 13- Taquarão.

V_a : variância genética aditiva; V_{parc} : variância ambiental entre famílias; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{aj} : herdabilidade no sentido restrito entre famílias; h^2_{mp} : herdabilidade média de famílias; h^2_{ad} : herdabilidade no sentido restrito dentro de famílias; Ac_{prog} : acurácia da seleção de famílias; c^2_{parc} : coeficiente de determinação nos efeitos de famílias; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética dentro de família; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre famílias; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa.

3.4 Conclusões

A predição de parâmetros estimados via REML/BLUP é eficaz para estudos relacionados à herdabilidade, sendo uma maneira viável para a estimativa e escolha do método de seleção a ser aplicado em famílias de meios irmãos de milho em variedades de polinização aberta, quando o objetivo é o melhoramento de populações.

As estimativas dos parâmetros genéticos permitem observar a existência de variabilidade entre as plantas dentro de uma mesma família em uma população.

A seleção entre famílias é mais eficaz para a obtenção de plantas superiores e maior uniformidade da população para os caracteres avaliados, que a seleção dentro de famílias. Assim, para as variedades avaliada neste estudo, o método de seleção indicado é entre famílias de meios irmãos.

As herdabilidades entre e dentro de famílias, bem como a herdabilidade média são dependentes de cada indivíduo, variedade e ambiente. Para este estudo, as variedades Sete Sanga e Taquarão, ambas crioulas, apresentam as possibilidades de seleção mais promissoras para todos os caracteres avaliados.

4 Capítulo 2: Capacidade combinatória em variedades de polinização aberta de milho no esquema de dialelo completo

4.1 Introdução

Ao longo de diversos anos de estudos e pesquisas realizados com foco no aumento da produtividade da maioria das espécies cultivadas, o milho (*Zea mays* L.), um dos cereais mais consumidos globalmente, pode alcançar altos níveis produtivos quando a cultura é submetida a ambientes apropriados e técnicas de cultivo adequadas (GORGULHO; MIRANDA FILHO, 2001). A maior parte desta elevada produtividade é adquirida pelo uso de variedades híbridas, que apresentam alta estabilidade, com uma adaptabilidade para um estreito número de ambientes, no entanto, a habilidade de uma variedade apresentar altos rendimentos em uma amplitude maior de condições de ambientes tem sido um fator essencial nos programas de melhoramento (LOPES; GOMES E GAMA; MAGNAVACA, 1985; FINLAY; WILKINSON, 1963).

Variedades de polinização aberta (VPA's), obtidas pela livre polinização entre plantas de milho, são altamente heterozigotas e heterogenias, com uma estabilidade menor quando comparadas com variedades híbridas, porém apresentam alta adaptabilidade a variadas condições ambientais, consideradas uma interessante alternativa para pequenos produtores, principalmente no Rio Grande do Sul, Noroeste do Brasil e no continente Africano (FRITSCHÉ-NETO; MÔRO, 2015, revisado por LANGNER et al., 2019). Outra importante utilização de VPA's é no melhoramento vegetal, para a produção de híbridos intervarietais, que passaram a ser considerados em programas de melhoramento a partir da década de 40, ano em que a produção de híbrido duplo estagnou (GORGULHO; MIRANDA FILHO, 2001).

A capacidade combinatória entre variedades de milho pode ser explorada por meio da estimativa dos efeitos das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, conceitos introduzidos primeiramente por Sprague; Tatum (1942) para distinguir o desempenho médio dos genitores nos cruzamentos (CGC) e o desvio da média dos cruzamentos individuais (CEC). Ainda, CGC e CEC estão

relacionadas com os efeitos aditivos e não aditivos dos genes, respectivamente, sendo que o efeito geral é um indicativo da frequência de genes favoráveis em comparação com os outros genótipos, enquanto que a capacidade de combinação específica de dois genótipos expressa a variação das frequências gênicas entre eles e sua divergência, em comparação com os genótipos dialélicos. (SHAH et al., 2015; ALIU; FETAHU; SALILLARI, 2008, revisados por (ZAKIULLAH et al., 2019).

A capacidade combinatória pode ser estimada por meio de análises dialélicas, que têm por finalidade analisar o delineamento genético definido e prover estimativas de parâmetros genéticos úteis na seleção de progenitores para a hibridação e no conhecimento da natureza e magnitude dos efeitos envolvidos na determinação dos caracteres (CRUZ, 2006a). O método mais frequente empregado para a análise de CGC e CEC em esquemas de dialelo balanceado foi proposto por Griffing (1956), que pode ser classificado em quatro modelos, sendo o modelo I, o mais completo, que inclui todas as possibilidades de cruzamentos (F_1 's, recíprocos e genitores). Este método além de permitir as estimativas de CGC e CEC, proporciona também informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos e não aditivos no controle das características (MELO et al., 2017).

Diante do exposto, o presente estudo teve por objetivo estimar a capacidade combinatória, bem como o efeito recíproco de variedades de polinização aberta de milho através de um dialelo completo.

4.2 Material e métodos

4.2.1 Local do experimento

O experimento para avaliação dos híbridos foi conduzido em solo do tipo Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico (SANTOS et al., 2006) no CAPA/UFPel, com clima subtropical (ALVARES et al., 2014).

4.2.2 Variedades utilizadas

Foram utilizadas oito variedades de polinização aberta oriundas da União dos agricultores do interior de Canguçu – UNAIC, no Rio Grande do Sul, entre

elas, cinco variedades crioulas (Cateto Amarelo, Argentino Amarelo, Argentino Branco, Taquarão e Dente de Ouro) e três variedades sintéticas da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (BR 473, BRS Missões e BRS Planalto), colhidas nas safras 2014/15 e 2015/16.

4.2.3 Formação dos híbridos intervarietais

O experimento para os cruzamentos destinados à formação dos híbridos foi conduzido no período entre outubro de 2016 e fevereiro de 2017.

Para o cruzamento entre as variedades, as quais foram dispostas em linhas de seis metros de comprimento, semeadas lado a lado, com espaçamento entre linhas de 0,7 metros e entre plantas de 0,20 metros. Todas as variedades foram conduzidas em quatro blocos de cruzamentos.

Para a coleta do pólen de cada população, os pendões das plantas foram protegidos com embalagens de papel pardo do tipo Kraft® quando o pendão apresentava cerca de 50% da abertura das anteras. A proteção das espigas foi realizada com embalagens plásticas transparentes colocadas sobre a espiga logo no início de seu aparecimento, antes da emissão dos estilos-estigmas. As proteções de pendões e espigas permaneceram até o momento do cruzamento.

Os cruzamentos foram realizados quando o genitor feminino apresentava os estilo-estigmas, assim, a embalagem foi removida do pendão da planta pertencente à variedade utilizada como genitor masculino e os grãos de pólen foram depositados sobre a espiga, protegendo-a novamente com a embalagem de papel do pendão. Os genitores femininos e masculinos, bem como a data de cruzamento foram marcados na embalagem garantindo a correta colheita das espigas F1's e seus recíprocos, uma vez que todas as populações foram utilizadas tanto como genitores masculinos quanto femininos, formando um esquema de dialelo balanceado completo com 56 combinações híbridas (28 F1's e 28 recíprocos) e oito genitores, como demonstra a tabela 1 a seguir:

Tabela 1. Esquema de dialelo completo para oito variedades de polinização aberta de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (espiga)	1 - Cateto Amarelo	1,1	1,2	1,3	1,4	1,5	1,6	1,7	1,8
	2 - Argentino Amarelo	-	2,2	2,3	2,4	2,5	2,6	2,7	2,8
	3 - Argentino Branco	3,1	3,2	3,3	3,4	3,5	3,6	3,7	3,8
	4 - Taquarão	4,1	4,2	4,3	4,4	4,5	4,6	4,7	4,8
	5 - Dente de Ouro	5,1	5,2	5,3	5,4	5,5	5,6	5,7	5,8
	6 - BR 473	6,1	6,2	6,3	6,4	6,5	6,6	6,7	6,8
	7 - BRS Missões	7,1	-	7,3	7,4	7,5	7,6	7,7	7,8
	8 - BRS Planalto	8,1	8,2	8,3	8,4	8,5	8,6	8,7	8,8

-Híbridos não utilizados no estudo devido ao reduzido número de sementes formados.

Atingida a maturação, as espigas foram colhidas manualmente em embalagens individuais mantendo as marcações indicando os progenitores do híbrido intervarietal. As sementes foram secas em espiga em secador estacionário com ar quente em uma temperatura de cerca de 40 °C até atingirem aproximadamente 13% de umidade. Após o processo de secagem, as espigas foram debulhas manualmente e as sementes foram armazenadas em embalagens acondicionadas em câmara fria a 16 °C até o momento da semeadura para iniciar a condução dos experimentos de avaliações dos híbridos formados.

4.2.4 Delineamento experimental para avaliação dos híbridos intervarietais

A avaliação dos híbridos intervarietais ocorreu no período entre novembro de 2017 e abril de 2018. Cada híbrido foi semeado em duas linhas de cinco metros de comprimento com espaçamento entre linhas de 0,70 metros e entre plantas de 0,20 metros, totalizando 25 plantas por linha. O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições. A semeadura foi realizada manualmente com auxílio de Saraquá e os tratos culturais foram realizados de acordo com as indicações técnicas para o cultivo de milho no Rio Grande do Sul para as safras 2017/18 e 2018/19 (ROSA et al., 2017).

4.2.5 Caracteres avaliados

Altura de plantas (AP), mensurada em centímetros com auxílio de uma trena graduada desde a base da planta até a altura de inserção do pendão.

Altura de inserção da primeira espiga (AE), em centímetros, obtida com auxílio de trena graduada, desde a base da planta até a altura de inserção da primeira espiga.

Diâmetro de colmo (DC), em milímetros, obtido com auxílio de paquímetro digital posicionado cerca de 20 centímetros no colmo acima da base da planta.

Comprimento de espiga (CE), mensurada em centímetros, com régua graduada.

Diâmetro da espiga (DE), em milímetros, obtido com paquímetro digital posicionado no meio da espiga.

Número de grãos por fileira (NGF) e Número de fileiras por espiga (NFE), em unidades, obtido por contagem.

Massa da espiga (ME), em gramas, mensurada com a espiga inteira, grãos e sabugo, obtida em balança de precisão digital.

Massa de grãos na espiga (MGE), em gramas de grãos sem o sabugo, obtida em balança de precisão digital.

Massa de cem grãos (MCG), em gramas, mensurada em balança de precisão digital.

4.2.6 Análise estatística

Os dados foram previamente analisados para a verificação das pressuposições da análise da variância e normalidade dos dados. Após, foi realizada a análise da variância no modelo de blocos casualizados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2004):

$$Y_{ijk} = m + B_k + G_i + A_j + \varepsilon_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} : Observação;

m: Média geral do ensaio;

B_k : Efeito de bloco;

G_i : Efeito de tratamento (F_1 's, recíprocos e genitores);

A_j : Efeito de ambiente;

ε_{ijk} : Erro associado à observação.

Em sequência, se realizou a análise dialélica por meio da metodologia proposta por Griffing (1956) utilizando o modelo I, onde são considerados os genitores, o conjunto de F_1 's e seus recíprocos (todas as p^2 combinações), onde é fornecida a análise da variância segundo o modelo abaixo (CRUZ, 2006a):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

μ = efeito da média geral;

g_i e g_j = efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), associados as i e j -ésimo genitor;

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação (CEC) entre os genitores i e j ;

Y_{ij} ; ε_{ij} são, respectivamente, a média experimental e o erro aleatório médio associado ao tratamento de ordem ij .

O resultado da análise da variância segue a seguinte tabela.

Tabela 2. Esquema de somas de quadrados e quadrados médios para a obtenção da análise da variância.

FV	GL	SQ	QM	F(Fixo)	F(Aleatório)
CGC	$p-1$	SQCGC	QMG	QMG/QMR	QMG/QMM(*)
CEC	$p(p-1)/2$	SQCEC	QMS	QMS/QMR	QMS/QMR
Efeito Recíproco	$p(p-1)/2$	SQER	QMER	QMER/QMR	QMER/QMR
Resíduo	M		QMR		

* $QMM = (1-a) QMR + aQMS$, em que $a=p(p-1)(p^2-p+1)$, p – número de genitores. SQCGC - soma de quadrados para capacidade geral de combinação. SQCEC – soma de quadrados para a capacidade específica de combinação. SQER – soma de quadrados para o efeito recíproco. QMG – quadrado médio para a capacidade geral de combinação. QMS – quadrado médio para a capacidade específica de combinação. QMER – quadrado médio para o efeito recíproco. QMR – quadrado médio para resíduo

FONTE: Programa Genes – Biometria (CRUZ, 2006).

As estimativas dos componentes quadráticos (modelo fixo) associadas aos efeitos da capacidade geral e específica de combinação e os efeitos recíprocos são fornecidos segundo os modelos abaixo (CRUZ, 2006a):

$$\phi g = \frac{QMG - QMR}{2p}$$

$$\phi s = QMS - QMR$$

$$\phi rc = \frac{QMRC - QMR}{2}$$

Onde:

QMG: Quadrado médio da capacidade geral de combinação;

QMR: Quadrado médio do resíduo;

QMS: Quadrado médio da capacidade específica de combinação;

QMRC: Quadrado médio do efeito recíproco;

p : Número de genitores.

Todos os procedimentos estatísticos foram realizados no programa computacional Genes (CRUZ, 2013).

4.3 Resultados e Discussão

4.3.1 Análise da variância

A análise da variância foi realizada considerando 50 indivíduos, uma vez que alguns híbridos foram descartados por não apresentarem grãos suficientes para as avaliações. Assim, a análise da variância foi realizada para verificar a existência ou não de variabilidade entre os 50 híbridos formados pelo cruzamento entre oito variedades de polinização aberta avaliadas.

De acordo com a análise da variância, houve diferença estatística significativa ($p \leq 0,05$) para todos os caracteres, entre os híbridos avaliados, o que

indica variabilidade e possibilidade de seleção entre os híbridos. Entre blocos, nenhum caractere apresentou diferença significativa (Tabela 3).

Outra importante informação contida na análise de variância é o coeficiente de variação (CV%), parâmetro descrito primeiramente por Karl Pearson (1896), onde foi determinado pela razão entre o desvio padrão e a média geral da população (BANIK, 2012) e teria por função estimar a precisão experimental que está relacionada com a capacidade de reprodutibilidade dos resultados (GURGEL; FERREIRA; SOARES, 2013). Diversas classificações foram sugeridas para culturas como feijão (DE OLIVEIRA et al., 2009), pimenta (SILVA et al., 2011), mamoeiro (FERREIRA et al., 2016), milho pipoca (ARNHOLD; MILANI, 2011), milho comum (SCAPIM; CARVALHO; CRUZ, 1995), entre outros. No entanto, a classificação mais usual em programas de melhoramento, ainda segue sendo a proposta por Gomes (1985), onde valores entre 0 - 10 são considerados baixos, de 11 – 20, médios, de 21 – 30, altos e acima de 30, muito altos.

Assim, de acordo com a classificação mais utilizada, os coeficientes encontrados para as variáveis altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), diâmetro da espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e massa de cem grãos (MCG), foram médios, enquanto que comprimento de espiga (CE) e número de grãos por fileira (NGF) apresentaram coeficientes altos e massa de espiga (ME) e massa de grãos na espiga (MGE), obtiveram coeficientes de variação muito altos.

Alguns fatores como número de repetições, tamanho das parcelas, heterogeneidade do ambiente e variabilidade genética das plantas influenciam diretamente o coeficiente de variação (MOHALLEM et al., 2008). Tratando-se de híbridos oriundos de variedades de polinização aberta, que apresentam ampla variabilidade, os coeficientes de variação encontrados estão dentro dos limites esperados.

Tabela 3. Resumo da análise da variância para dez variáveis entre 50 genótipos (42 híbridos intervarietais – F1's e recíprocos – e oito genitores). CGF/UFPeI, 2017/2018.

FV	Quadrados médios ¹										
	GL	AP cm	AE cm	DC mm	CE cm	DE Mm	NGF un.	NFE un.	ME gramas	MGE gramas	MCG gramas
Blocos	2	166,33 ^{ns}	171,69 ^{ns}	31,95 ^{ns}	19,51 ^{ns}	15,78 ^{ns}	66,61 ^{ns}	3,12 ^{ns}	2272,40 ^{ns}	909,15 ^{ns}	89,72 ^{ns}
Tratamentos	49	1290,37*	859,72*	18,99*	11,57*	44,79*	64,00*	5,14*	1776,14*	1394,90*	54,62*
Resíduo	98	674,16	232,72	9,82	8,39	18,77	42,39	3,14	1039,27	987,17	27,80
Média		208,23	116,17	19,64	13,40	37,82	21,73	11,32	77,52	61,81	29,69
CV(%)		12,47	13,13	15,95	21,62	11,42	29,96	15,67	41,58	50,84	17,76

¹Altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG). * Significativo pelo teste F ($p \leq 0,05$). ns: Não significativo pelo teste F ($p \leq 0,05$). CV – coeficiente de variação.

4.3.2 Análise da variância dialélica

Para o estudo dos quadrados médios para análise da variância dialélica (Tabela 4), pode-se observar que entre todos os indivíduos (28 híbridos F_1 's, 28 recíprocos e oito genitores) houve diferença estatística ($p \leq 0,05$). Para a capacidade geral de combinação (CGC) não houve diferença estatística significativa apenas para o número de fileira por espiga, variável com pouca variação entre os genitores testados, indicando que os genitores aplicados no estudo não contribuem com efeitos aditivos para estes caracteres (JUNG et al., 2007).

Considerando a capacidade específica de combinação (CEC) a única variável que não apresentou diferença significativa foi número de fileiras por espiga (NFE), o que indica que os caracteres avaliados apresentam efeitos de dominância ou epistasia (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; revisado por OLIBONI et al., 2013).

Para efeitos recíprocos, com exceção da variável número de fileiras por espiga (NFE), houve efeitos significativos para recíprocos para todos os demais caracteres. A presença de significância em efeitos recíprocos aumenta a possibilidade de obtenção de híbridos produtivos, além disso, os métodos que contemplam esse efeito são cruciais para a classificação de grupos heteróticos (FAN et al., 2014). A inclusão de recíprocos em esquema dialélicos influencia diretamente na estimativa de CGC e CEC (YAO et al., 2013). Esta variação encontrada para recíprocos ainda indica que existe diferença quando o genitor é utilizado ora como fêmea, ora macho.

Considerando o tipo de ação gênica predominante, os componentes relacionados aos efeitos fixos foram maiores para a capacidade específica de combinação (CEC), sugerindo que existe a predominância de efeitos não aditivos para todos os caracteres avaliados. O fato de a capacidade específica ter fornecido valores superiores à capacidade geral de combinação indica que as combinações híbridas demonstram desempenho superior ou inferior ao esperado com relação a CGC dos genitores, indicando ainda, que os genitores apresentam entre si um apreciável grau de complementação gênica em relação à frequência

dos alelos que apresentam dominância ou sobredominância (GRALAK et al., 2015; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Rodrigues et al. (2009) encontraram valores de CEC 26 vezes superior a CGC para massa de espiga de milho verde. Scapim; Cruz; Araújo (1995) obtiveram valores de CEC superiores a CGC quando realizaram estudos com variedades de milho doce. Ambos os estudos concluíram que estes resultados foram alcançados pela maior ocorrência de efeitos gênicos não aditivos que os efeitos aditivos, ainda, ressaltaram que estes resultados indicam que existem diferenças entre os híbridos formados, com melhor ou pior desempenho para cada cruzamento.

Tabela 4. Análise da variância dialélica para dez caracteres avaliados entre 56 híbridos (F1's e recíprocos) e oito genitores. CGF/UFPEL, 2017/2018.

FV	GL	Quadrados médios									
		AP	AE	DC	CE	DE	NGF	NFE	ME	MGE	MCG
		cm	cm	mm	cm	mm	un.	un.	gramas	gramas	gramas
Tratamento	63	23587,74*	7697,19*	214,44*	102,47*	779,62*	295,79*	70,74 *	4511,56*	3074,57*	501,47*
C.G.C	7	12937,76*	2561,51*	168,23*	82,43*	653,92*	202,84*	72,37 ^{ns}	4624,41*	3068,50*	404,67*
C.E.C	28	23852,85*	8002,12*	231,32*	95,53*	828,48*	272,51*	70,90 ^{ns}	3714,82*	2555,59*	491,84*
Recíproco	28	25985,12*	8676,18*	209,11*	114,41*	762,19*	342,30*	70,16 ^{ns}	5280,09*	3595,07*	535,29*
Resíduo	98	674,16	232,72	11,30	8,39	18,77	42,39	3,14	1039,27	987,17	27,80
Média		162,68	90,76	15,29	10,47	29,73	16,72	8,84	60,57	48,28	23,19
Var. (Média)		3,51	1,21	0,06	0,04	0,10	0,22	0,01	5,41	5,14	0,14
Componentes quadráticos (modelo fixo)											
C.G.C		255,49	48,52	3,27	1,54	13,23	3,34	1,44	74,69	43,36	7,85
C.E.C		7726,23	2589,80	73,34	29,05	269,90	76,71	22,59	891,85	522,81	154,68
Recíproco		4218,49	1407,24	32,97	17,67	123,90	49,99	11,17	706,80	434,65	84,58

¹Altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG). * Significativo pelo teste F ($p \leq 0,05$). ns: Não significativo pelo teste F ($p \leq 0,05$). CEC – capacidade específica de combinação. CGC – capacidade geral de combinação.

4.3.3 Capacidade geral de combinação (CGC)

A estimativa da capacidade geral de combinação faz referência ao comportamento médio do genitor frente às combinações híbridas existentes em um esquema de dialelo. A significância na capacidade geral de combinação indica que um ou mais híbridos apresentam destaque para CGC, fato favorável para o melhoramento, uma vez que assim, é certificada a possibilidade de seleção entre os híbridos testados.

Para altura de plantas e altura de inserção de espigas (AP e AE), observam-se estimativas positivas nos genitores Argentino Branco, Dente de ouro, BR 473 e BRS Planalto. Cateto Amarelo, Argentino Amarelo, Taquarão e BRS Missões apresentaram estimativas negativas (Tabela 5). Para estes caracteres, o melhoramento de plantas tem buscado a seleção de plantas menores com inserção de espiga mais baixa, características que conferem menor suscetibilidade ao acamamento e quebramento, além de apresentarem melhor eficiência para a colheita mecanizada (MELO et al., 2017; NASCIMENTO; TABOSA; TAVARES FILHO, 2003). Valores similares de estimativas de CGC para altura de planta e altura de inserção da primeira espiga foram publicados por Melo et al. (2017). Os genitores com CGC positivas apresentam maior presença de alelos favoráveis para o aumento destas características, devendo ser descartados quando o interesse da seleção são os caracteres relacionados a estatura de plantas.

Em termos de melhoramento de milho, com exceção da estatura de plantas, seria interessante o incremento de todos os caracteres avaliados, portanto, para diâmetro do colmo, caractere que está relacionado ao acúmulo de fotoassimilados, a variedade Dente de Ouro apresentou a maior estimativa positiva (2,25). Para comprimento e diâmetro da espiga (CE e DE), a mesma variedade apresentou os valores satisfatórios (1,91 e 4,57, respectivamente), seguida pela variedade sintética BRS Planalto (1,56 e 4,34, respectivamente). A variedade Dente de Ouro ainda apresentou valores satisfatórios para número de grãos por fileira (NGF) (3,06), número de fileiras por espiga (NFE) (1,16), massa de grãos por espiga (MGE) (13,58) e massa de cem grãos (MCG) (10,03) (Tabela 5), indicando que

este genitor é uma boa opção para cruzamentos quando o objetivo é o incremento de caracteres que compõem o rendimento de plantas.

A variedade sintética BR 473, apresentou as estimativas mais baixas para todos os caracteres em estudo. Considerando que o melhoramento busca pela formação de híbridos com estatura reduzida e potencial produtivo elevado, as estimativas da variedade BR 473 podem ser razoáveis para o melhoramento de populações de milho.

A baixa estimativa da capacidade geral de combinação, sendo ela positiva ou negativa, indica que o comportamento médio de um híbrido, em cruzamento com as demais variedades, não difere muito da média geral dos cruzamentos, enquanto que a alta estimativa absoluta é um indicativo de que o comportamento médio de um dado genitor é muito superior ou inferior, indicando que ele é portador de genes favoráveis em alta frequência, possibilitando informar sobre a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2004).

De modo geral, as variedades que apresentaram maior potencial para a redução na estatura de plantas, também apresentaram valores negativos para os componentes do rendimento, assim acredita-se que possa haver uma associação entre as variáveis altura de planta e inserção da espiga (AP e AE) e as variáveis relacionadas à produtividade das plantas, sendo que as variedades que apresentaram efeitos positivos para caracteres de altura forneceram as melhores estimativas para os caracteres de grãos.

Tabela 5. Estimativa do efeito da capacidade geral de combinação de oito genitores de milho para dez caracteres avaliados. CGF/UFPEL, 2017/2018.

GENITORES	AP ¹	AE	DC	CE	DE	NGF	NFE	ME	MGE	MCG
Cateto Amarelo	-20,81	-7,48	-2,77	-1,81	-3,79	-3,65	-2,17	-13,60	-14,04	-4,33
Argentino Amarelo	-15,22	-6,48	-1,90	-1,29	-6,01	-1,25	-2,59	-12,00	-6,92	-3,25
Argentino Branco	9,21	6,54	2,18	-0,08	0,02	-0,44	-0,38	-0,91	1,21	1,80
Taquarão	2,36	2,39	-0,61	-0,25	-0,71	-0,27	-1,13	-1,02	-0,48	0,57
Dente de Ouro	16,42	5,72	2,25	1,91	4,57	3,06	1,16	13,58	10,93	3,80
BR 473	0,57	1,41	0,08	0,66	2,10	1,06	2,56	9,59	7,39	0,80
BRS Missões	-16,68	-10,80	-0,81	-0,70	-0,51	-0,46	1,76	-3,20	-2,59	-2,03
BRS Planalto	24,15	8,70	1,57	1,56	4,34	1,94	0,79	7,56	4,49	2,63
DP (G _i)	3,51	2,06	0,45	0,39	0,58	0,88	1,29	4,35	4,24	0,71
DP (G _i - G _j)	5,30	3,11	0,69	0,59	0,88	1,33	1,96	6,58	6,41	1,08

¹Altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG). DP – desvio padrão.

4.3.4 Capacidade específica de combinação (CEC) e seus recíprocos

De acordo com Griffing (1956) a capacidade específica de combinação resulta da variância genética de dominância, sendo considerada como um efeito na expressão do híbrido que é adicional aos efeitos de CGC dos genitores, podendo ser positivo ou negativo.

Valores elevados na capacidade específica sugerem que pelo menos um dos genitores apresenta bom desempenho para determinado caractere para a capacidade geral de combinação, enquanto que valores baixos, tanto positivos quanto negativos, indica que os híbridos se comportam como o esperado com base na capacidade geral de combinação dos genitores (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

O melhoramento tem buscado por plantas de estatura reduzida quando comparadas às plantas não melhoradas, porém que mantenham ou aumentem a produção de grãos, sendo este, um dos principais desafios do melhoramento de milho. Cultivares modernas possuem uma tendência na redução das alturas de planta e inserção da primeira espiga, além de uma arquitetura mais ereta das folhas e ciclo precoce, assim, o estudo da capacidade específica de combinação possibilita a seleção de híbridos que apresentem uma estimativa elevada e negativa para estes caracteres.

Entre os híbridos avaliados, a CEC com maior destaque para altura de plantas (-130,78) foi formado pelo cruzamento entre Argentino Amarelo e BRS Missões – 2x7, variedades crioula e sintética, respectivamente, enquanto que seu recíproco não foi considerado para avaliação (Tabela 6).

Para altura de inserção da primeira espiga (AE) (Tabela 7) a CEC mais elevada negativa foi obtida no cruzamento entre Cateto Amarelo e Argentino Amarelo – 1x2 (-76,79), valor bem próximo ao apresentado pelo híbrido 2x7.

Para estes dois caracteres os indivíduos que apresentaram a maior possibilidade de incremento e que por consequência devem ser retirados da seleção, são os híbridos Argentino Amarelo x Argentino Branco – 2x3 (63,49 e 33,86 para AP e AE, respectivamente), Argentino Amarelo x BR 473 – 2x6 (63,14

e 36,99 para AP e AE) e o recíproco Dente de Ouro x Taquarão – 5x4 (110,00 e 66,34 para AR e AE).

Tabela 6. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para altura de planta (AP). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	64.93	-126.65	73.41	-40.40	43.54	-33.61	-20.19	38.97
	2	.	84.44	63.49	54.35	45.28	63.14	-130.78	-53.28
	3	42.17	14.84	18.22	-69.25	33.35	22.37	-43.88	-97.71
	4	103.84	19.17	105.00	79.27	-71.46	-53.94	57.31	44.14
	5	1.84	5.84	5.00	110.00	3.80	-71.34	15.91	0.91
	6	-108.84	20.50	28.50	-111.67	-108.34	7.18	49.77	16.43
	7	-105.00	.	111.34	7.67	1.67	6.34	33.68	38.18
	8	8.33	-118.34	-98.34	1.67	17.50	7.84	-3.34	12.34

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.
Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

Tabela 7. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para altura de inserção de espiga (AE). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	31.21	-76.79	55.52	-27.83	24.67	-19.68	-11.64	24.53
	2	.	47.88	33.86	20.34	33.51	36.99	-73.48	-22.31
	3	8.00	12.34	12.84	-38.02	15.65	0.47	-27.66	-52.66
	4	57.84	20.33	61.67	56.13	-32.53	-30.56	28.15	24.32
	5	3.67	6.50	0.34	66.34	1.13	-35.39	-8.02	0.98
	6	-65.00	8.00	12.50	-64.00	-62.50	5.75	37.46	4.96
	7	-60.84	.	58.84	6.17	-2.67	7.17	25.51	29.67
	8	21.50	-70.67	-53.34	-2.84	13.84	6.84	-1.67	-9.49

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.
Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

O diâmetro do colmo tem uma relação direta com o rendimento de grãos na planta, pois é nesta estrutura que está armazenada a maior parte das reservas de fotoassimilados que sofrem uma mobilização do colmo para a espiga durante o enchimento de grãos. Outra importância do diâmetro do colmo para o

melhoramento de milho é com relação ao acamamento e quebramento de plantas, quando estas apresentam diâmetros de colmo reduzidos, principalmente no período entre o início da senescência e a maturação para a colheita (REZENDE et al., 2015).

O acamamento pode ocorrer durante o desenvolvimento da planta, ocasionando uma ruptura nos tecidos e por consequência, causando a interrupção na vascularização do colmo, o que reduz consideravelmente a produção de grãos (GOMES et al., 2010). Deste modo, o incremento deste caractere é um fator considerado na seleção de híbridos para o melhoramento de milho. Com base nas estimativas da capacidade específica de combinação obtidas para o diâmetro do colmo (DC) (Tabela 8) foi possível verificar que os recíprocos Argentino Branco x Taquarão – 3x4, Taquarão x Dente de Ouro – 4x5 e Cateto Amarelo x Taquarão – 1x4, apresentaram valores satisfatórios para o DC (9,30, 8,98 e 9,42, respectivamente).

Estes resultados indicam que para caracteres relacionados com a estrutura da planta, a variedade Taquarão tende a ter o maior acúmulo de genes e alelos favoráveis para o incremento de altura de plantas e inserção da espiga e diâmetro do colmo. Esta variedade tem como característica maior estatura quando comparada as demais variedades aplicadas no estudo (EICHOLZ et al., 2018).

Tabela 8. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para diâmetro do colmo (DC). CGFUFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	6.68	-10.63	7.82	-2.50	3.15	-4.77	-2.95	3.20
	2	.	8.66	5.94	6.27	2.02	3.99	-12.59	-3.68
	3	0.30	2.50	4.50	-7.57	0.32	4.53	-5.91	-9.64
	4	9.42	3.02	9.30	7.62	-7.96	-4.39	4.21	4.32
	5	-1.12	-0.01	0.96	8.98	5.02	-8.34	4.27	1.53
	6	-7.85	3.30	2.20	-10.39	-9.29	4.81	3.93	0.24
	7	-8.78	.	10.76	-0.18	-3.03	-0.69	5.80	3.24
	8	2.05	-11.29	-9.40	0.42	0.24	-2.74	-1.14	0.79

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.
Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

O rendimento de grãos de milho é determinado principalmente pelo número de grãos por espiga em cada planta por unidade de área, ou ainda pela massa de grãos, sendo afetado também pelo número de espigas por planta (LOPES et al., 2007). Todos os caracteres que envolvem a produção de grãos estão ligados como o rendimento de grãos, comprimento e diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos na espiga e a massa da espiga.

O controle genético do rendimento de grãos é realizado por vários genes e é altamente influenciado pelas condições ambientais, que têm a capacidade de influenciar a expressão das características que compõem este caractere de produção. A interação alélica de dominância é preferida no desenvolvimento de híbridos quando o objetivo da seleção é o rendimento de grãos, considerando que os genes aditivos são eficazes em incrementar esta característica (KUMAR et al., 2012).

Com base nos valores das estimativas da capacidade específica de combinação para os caracteres comprimento e diâmetro de espiga (Tabela 9 e 10, respectivamente), podemos observar que o híbrido Argentino Amarelo x Taquarão – 2x4 e o recíproco Taquarão x Dente de Ouro – 4x5, apresentaram as maiores estimativas positivas para ambos os caracteres, com 6,40 e 15,70 observado no híbrido e 6,42 e 18,92 apresentado pelo recíproco para comprimento e diâmetro da espiga, respectivamente.

Para estes caracteres, o híbrido que envolve as variedades Argentino Amarelo x BRS Missões apresentou elevados valores negativos, o que indica que podem existir diferenças entre as possíveis combinações com a variedade Argentino Amarelo, sugerindo que a variedade Taquarão apresenta maior efeito de dominância para caracteres de rendimento como o comprimento e diâmetro da espiga.

Tabela 9. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para comprimento de espiga (CE). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	5.48	-7.37	3.84	-3.16	2.69	-1.90	-0.95	1.37
	2	.	4.61	3.24	6.40	1.91	3.17	-8.47	-3.49
	3	2.42	2.34	0.53	-3.72	1.62	2.96	-2.52	-5.95
	4	5.25	-0.84	6.42	1.70	-5.63	-3.21	4.24	3.39
	5	-1.58	1.33	1.42	6.50	0.55	-4.37	2.92	0.31
	6	-7.42	2.00	1.67	-7.67	-8.67	0.22	1.17	1.96
	7	-7.00	.	7.17	1.42	-1.59	-1.92	1.61	2.01
	8	3.09	-7.25	-6.00	-0.50	-0.08	-0.65	-1.34	0.41

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.
Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

Tabela 10. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para diâmetro de espiga (DE). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	13.71	-19.75	11.67	-7.29	10.27	-7.80	-6.21	5.39
	2	.	9.11	12.05	15.70	7.98	8.95	-23.02	-11.03
	3	0.11	-2.75	4.24	-9.52	4.28	7.21	-10.14	-19.79
	4	17.75	-3.24	19.33	9.83	-14.48	-10.75	10.19	6.33
	5	-2.03	-1.11	-0.10	18.92	-1.34	-16.26	6.08	3.47
	6	-20.06	0.90	-0.07	-20.18	-19.95	3.14	11.59	3.92
	7	-19.03	.	18.91	3.22	-4.87	0.85	3.24	8.28
	8	2.54	-16.85	-14.11	4.23	0.86	-3.90	-1.29	3.43

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.
Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

As capacidades específicas de combinação para os caracteres número de grãos por fileira e número de fileiras por espiga (NGF e NFE) estão apresentados nas tabelas 11 e 12, onde se pode observar que novamente a variedade Argentino Amarelo quando combinada tanto com Taquarão (9,71) quanto com BR 473 (7,21) apresentou valores positivos para número de grãos por fileira e número de fileiras por espiga (3,80 e 1,44, respectivamente), enquanto que quando combinada com BRS Missões apresentou o maior valor negativo (-15,27 e -8,77 para NGF e NFE,

respectivamente), indicando que a variedade BRS Missões possui um acúmulo de genes desfavoráveis para estas características. O recíproco com a maior tendência em reduzir os caracteres de número de fileiras e número de grãos por fileiras foi o Cateto Amarelo x BRS Missões – 1x7 (-14,00 e -5,67, respectivamente).

Tabela 11. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para número de grãos por fileira (NGF). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	6.31	-12.08	4.44	-4.56	6.60	-1.90	1.13	0.06
	2	.	10.19	4.71	9.71	3.87	7.21	-15.27	-8.33
	3	-0.34	1.33	-1.10	-5.11	2.40	4.40	-2.75	-6.98
	4	8.50	-2.84	11.17	1.89	-11.10	-5.27	8.09	6.36
	5	-8.00	-0.67	3.67	8.67	2.90	-7.44	4.08	-1.31
	6	-12.50	4.67	4.67	-12.50	-13.67	-1.43	0.58	3.86
	7	-14.00	.	13.34	7.34	-0.34	-4.17	0.27	3.87
	8	3.34	-9.34	-11.50	-4.00	1.34	-1.17	.	2.48

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.
Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

O número de fileiras por espiga normalmente é formado em pares, em sua grande maioria, varia entre 10 e 14 fileiras por espiga. Isso ocorre devido ao arranjo dos primórdios florais em fileiras, onde cada primórdio floral divide-se originando dois botões florais, que se transformam em espiguetas, as quais novamente se dividem formando quatro flores, das quais somente duas são fecundadas, formando dois grãos de milho, estes, retornam a formação de fileiras duplas, equivalendo à fileira inicial dos primórdios florais (CRUZ et al., 2011b).

Tabela 12. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para número de fileiras por espiga (NFE). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	5.42	-4.83	2.96	-0.62	2.42	-3.64	-3.52	1.80
	2	.	4.26	3.71	3.80	3.17	1.44	-8.77	-2.79
	3	0.67	-0.34	1.84	-2.74	5.63	-0.77	-5.97	-4.66
	4	5.67	-1.00	5.34	4.00	-3.95	-5.02	1.11	3.42
	5	-0.33	-0.67	3.33	5.67	-0.58	-7.31	-0.18	0.80
	6	-6.34	-1.00	-0.33	-6.00	-6.00	-1.37	18.25	-1.60
	7	-5.67	.	5.00	1.34	-1.00	18.17	-1.79	0.86
	8	1.33	-5.00	-5.34	-0.67	0.34	-0.67	0.33	2.17

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.

Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

Novamente, considerando as massas de espiga, massa de grãos na espiga e massa de cem grãos (Tabelas 13, 14 e 15), as combinações mais favoráveis foram o híbrido formado por Argentino Amarelo x Taquarão – 2x4, e o recíproco Dente de Ouro x Taquarão – 5x4, sendo a combinação Argentino Amarelo x BRS Missões a menos promissora.

Tabela 13. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para massa da espiga (ME). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	30.97	-34.97	8.31	-19.23	26.38	-1.84	-8.20	-1.43
	2	.	3.59	29.64	47.45	5.83	17.89	-45.37	-24.05
	3	3.26	4.13	-13.98	-1.49	3.81	22.63	-7.91	-41.01
	4	26.72	-33.07	57.14	9.23	-42.16	-25.82	21.34	10.69
	5	-32.99	-5.54	15.65	30.96	0.63	-30.09	24.66	10.93
	6	-54.72	20.11	26.28	-43.32	-53.64	-9.14	7.68	18.68
	7	-35.57	.	48.55	23.97	-23.48	-11.59	-17.40	25.20
	8	18.15	-32.08	-26.20	14.37	20.95	-12.47	-25.47	0.99

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.

Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

Tabela 14. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para massa de grãos na espiga (MGE). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	10.15	-27.34	19.04	-14.40	19.25	-0.22	-5.62	-0.86
	2	.	-2.88	20.73	34.93	22.88	11.87	-38.78	-21.41
	3	-19.06	3.88	-18.42	4.71	-0.54	17.34	-6.73	-36.12
	4	19.37	-26.76	53.73	7.13	-34.12	-17.48	14.89	4.35
	5	-29.67	11.87	11.82	24.62	-6.17	-28.49	17.99	9.21
	6	-41.43	18.18	20.51	-37.72	-38.12	-6.12	7.57	15.53
	7	-26.04	.	40.18	19.21	-18.73	-10.03	-14.37	25.04
	8	13.35	-24.45	-17.87	15.91	14.27	-9.19	-23.73	4.25

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.

Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

Tabela 15. Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação para 54 combinações híbridas (diagonal superior), seus recíprocos (diagonal inferior) e oito genitores para massa de cem grãos (gramas). CGF/UFPEL, 2017/2018.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Fêmea (Espiga)	1	15.82	-15.61	6.30	-5.77	6.36	-7.16	-4.34	4.40
	2	.	8.78	9.64	13.88	3.70	4.26	-17.92	-6.74
	3	-3.99	-1.70	1.97	-6.40	3.07	7.81	-6.48	-15.91
	4	13.67	-5.10	19.17	8.44	-9.60	-8.25	4.51	3.19
	5	0.77	-0.36	2.84	17.97	-3.21	-12.83	6.77	5.74
	6	-12.50	.	-3.62	-16.31	-14.96	4.75	7.45	3.97
	7	-12.50	.	16.49	-1.25	2.24	5.04	5.86	4.14
	8	2.11	-15.84	-11.72	4.59	5.34	2.35	-1.05	1.20

- Híbridos que não obtiveram quantidade suficiente de sementes para a avaliação dos caracteres.

Genitores: 1- Cateto Amarelo, 2- Argentino Amarelo, 3- Argentino Branco, 4- Taquarão, 5- Dente de Ouro, 6- BR 473, 7- BRS Missões, 8- BRS Planalto.

De modo geral, os efeitos da capacidade específica de combinação dependem de genes que mostram efeitos de epistasia ou dominância em interação com a condição ambiental (LOPES et al., 1985), sugerindo que o ambiente influencia na expressão de um maior ou menor número de genes/alelos que serão responsáveis pelo incremento ou redução do rendimento de grãos.

Em média, para todos os caracteres avaliados, as estimativas das capacidades específicas de combinação para os híbridos formados foram mais

satisfatórias que os valores *per se* apresentados pelos genitores, o que indica que possivelmente, as progênies oriundas dos cruzamentos entre as variedades resultem em indivíduos mais promissores para os caracteres avaliados, principalmente para os componentes do rendimento.

4.4 Conclusões

Para todos os caracteres avaliados no presente estudo, foi detectado que a ação gênica que mais prevalece é a não aditiva (dominância e/ou epistasia), sendo a capacidade específica de combinação mais eficaz para a seleção de híbridos intervarietais.

A variedade Dente de Ouro apresenta as estimativas mais promissoras para os componentes do rendimento considerando sua capacidade geral de combinação.

Para a seleção de plantas com estatura reduzida, o híbrido Argentino Amarelo x BRS Missões é o mais promissor, enquanto que para caracteres de produção de grãos, como número de grãos por fileira, número de fileiras por espiga e massa de espiga, o híbrido Argentino Amarelo x Taquarão e o recíproco Dente de Ouro x Taquarão apresentam os desempenhos mais satisfatórios, sendo os híbridos mais indicados para o melhoramento de populações de variedades de polinização aberta de milho (VPA's). A variedade crioula Taquarão mostra-se favorável para cruzamentos com VPA's.

5 Capítulo 3: Dissimilaridade fenotípica, estimativa de parâmetros de heterose e comparação em híbridos de variedades de polinização aberta de milho

5.1 Introdução

Os principais híbridos cultivados, desenvolvidos a partir de linhagens endogâmicas e homozigotas, possuem variabilidade quase limitada, comparada com a variabilidade existente nos bancos de sementes. No entanto, variedades de polinização aberta (VPA's), assim como variedades crioulas, também conhecidas como locais, além de apresentarem ampla variabilidade, têm a característica de serem cultivadas em regiões específicas, principalmente por pequenos produtores, favorecendo a estabilidade destes sistemas de produção, sendo importantes variedades para a formação de híbridos (LANGNER et al., 2019).

O híbrido intervarietal tem a finalidade de explorar o efeito heterótico em nível interpopulacional, sendo bastante importante para pequenos e médios produtores, que dispunham de lavouras menos tecnificadas, uma vez que tais híbridos são conhecidos por sua rusticidade, baixo custo de produção de sementes e ampla adaptação (GORGULHO; MIRANDA FILHO, 2001).

A produção de híbridos intervarietais desempenha um importante papel no melhoramento de milho. Em termos de seleção, muitas das cultivares e variedades estabelecidas atualmente foram sintetizadas a partir de cruzamentos intervarietais. A ampla variabilidade existente nestas variedades proporciona uma maior exploração da heterose e amplia a identificação de variedades com boa capacidade de combinação (MACHADO; NASS; PACHECO, 2008). Outra grande vantagem da utilização deste tipo de híbrido é o alcance da heterose sem a necessidade da obtenção de linhagens (SAWAZAKI; PATERNIANI, 2004), reduzindo o tempo para a obtenção de novos híbridos (GRALAK et al., 2014).

O cruzamento dialélico entre variedades tem valor considerável em programas de melhoramento na tomada de decisão sobre o tipo de seleção a ser executado na identificação de genitores que apresentam maior promessa de sucesso (GARDNER; EBERHART, 1966). Para VPA's e híbridos intervarietais em

equilíbrio de Hardy-Weinberg, Gardner e Eberhart (1966) propuseram um método de análise dialélica que fornece informações detalhadas sobre o potencial *per se* dos genitores e em combinações híbridas (BERNINI; PATERNIANI, 2012), por meio de estimativas dos efeitos varietais e da heterose manifestada nos híbridos (CRUZ, 2006a).

Desta forma, o presente trabalho objetivou identificar híbridos promissores de variedades de polinização aberta quanto a caracteres agronômicos por meio da estimativa de heterose, além de estimar parâmetros genéticos nas variedades utilizadas como genitores.

5.2 Material e métodos

5.2.1 Local de condução

O ensaio de avaliação dos híbridos intervarietais foi conduzido no Centro Agropecuário da Palma/Universidade Federal de Pelotas (CAPA/UFPEL) em solo do tipo Argissolo Vermelho Distrófico (EMBRAPA, 2013) e clima subtropical (ALVARES et al., 2014) durante o período entre novembro de 2017 e abril de 2018.

5.2.2 Formação dos híbridos intervarietais

O experimento para os cruzamentos destinados à formação dos híbridos foi conduzido no Centro Agropecuário da Palma, na Universidade Federal de Pelotas - CAPA/UFPeL, no período entre outubro de 2016 e fevereiro de 2017.

Para o cruzamento entre as variedades, estas foram dispostas em linhas de seis metros de comprimento, semeadas lado a lado, com espaçamento entre linhas de 0,7 metros e entre plantas de 0,20 metros. Todas as variedades foram conduzidas em quatro blocos de cruzamentos.

Para a coleta do pólen de cada população, os pendões das plantas foram protegidos com embalagens de papel pardo do tipo Kraft® quando o pendão apresentava cerca de 50% da abertura das anteras. A proteção das espigas foi realizada com embalagens plásticas transparentes colocadas sobre a espiga logo

no início de seu aparecimento, antes da emissão dos estilos-estigmas. As proteções de pendões e espigas permaneceram até o momento do cruzamento.

Os cruzamentos foram realizados quando o genitor feminino apresentava os estilo-estigmas, assim, a embalagem foi removida do pendão da planta pertencente à variedade utilizada como genitor masculino e os grãos de pólen foram depositados sobre a espiga, protegendo-a novamente com a embalagem de papel do pendão. Os genitores femininos e masculinos, bem como a data de cruzamento foram marcados na embalagem garantindo a correta colheita das espigas F₁'s e seus recíprocos, uma vez que todas as populações foram utilizadas tanto como genitores masculinos quanto femininos, formando um esquema de dialelo balanceado completo com 56 combinações híbridas (28 F₁'s e 28 recíprocos) e oito genitores.

Atingida a maturação, as espigas foram colhidas manualmente em embalagens individuais mantendo as marcações para genitores indicando os progenitores do híbrido intervarietal. As sementes foram secas em espiga em secador estacionário com ar quente em uma temperatura de cerca de 40 °C. Após o processo de secagem, as espigas foram debulhas manualmente e as sementes foram armazenadas em embalagens acondicionadas em câmara fria a 16 °C até o momento da semeadura para iniciar a condução dos experimentos de avaliações dos híbridos formados.

5.2.3 Variedades utilizadas

Oito variedades de polinização aberta de milho foram cruzadas em esquema dialélico balanceado, incluindo híbridos e genitores, obtendo-se 28 híbridos F₁'s e 28 recíprocos, no entanto, alguns híbridos foram perdidos e não participaram das avaliações, como está indicado na tabela 1.

Tabela 1. Esquema de dialelo completo para oito variedades de polinização aberta de milho.

Genitores		Macho (Doador de pólen)							
		CA	AA	AB	TQ	DO	BR 473	BRSMS	BRSPL
Fêmea (espiga)	Cateto Amarelo (CA)	1,1	1,2	1,3	1,4	1,5	1,6	1,7	1,8
	Argentino Amarelo (AA)	-	2,2	2,3	2,4	2,5	2,6	2,7	2,8
	Argentino Branco (AB)	3,1	3,2	3,3	3,4	3,5	3,6	3,7	3,8
	Taquarão (TQ)	4,1	4,2	4,3	4,4	4,5	4,6	4,7	4,8
	Dente de Ouro (DO)	5,1	5,2	5,3	5,4	5,5	5,6	5,7	5,8
	BR 473 (BR 473)	6,1	6,2	6,3	6,4	6,5	6,6	6,7	6,8
	BRS Missões (BRSMS)	7,1	-	7,3	7,4	7,5	7,6	7,7	7,8
	BRS Planalto (BRSPL)	8,1	8,2	8,3	8,4	8,5	8,6	8,7	8,8

- Híbridos não utilizados no estudo.

Foram utilizadas cinco variedades crioulas (Cateto Amarelo, Argentino Amarelo, Argentino Branco, Taquarão e Dente de Ouro) e três variedades sintéticas da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (BR 473, BRS Missões e BRS Planalto), colhidas nas safras 2014/15 e 2015/16.

5.2.4 Delineamento experimental

Cada híbrido intervarietal foi semeado em duas linhas de cinco metros de comprimento com espaçamento entre linhas de 0,70 metros e entre plantas de 0,20 metros, totalizando 25 plantas por linha. Para a avaliação dos genitores, as variedades foram semeadas intercaladas com as linhas dos híbridos. O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições. Sendo avaliadas 50 plantas por repetição para cada combinação híbrida. A semeadura foi realizada manualmente com auxílio de uma cavadeira de madeira, conhecido como Saraquá, o qual produz covas onde foram inseridas duas sementes em cada cova, a uma profundidade de 2,5 vezes o tamanho médio da semente. Os tratamentos culturais foram realizados de acordo com as indicações técnicas para o cultivo de milho no Rio Grande do Sul para as safras 2017/18 e 2018/19 (ROSA et al., 2017).

5.2.5 Caracteres avaliados

Altura de plantas (AP), mensurada em centímetros com auxílio de uma trena graduada desde a base da planta até a altura de inserção do pendão.

Altura de inserção da primeira espiga (AE), em centímetros, obtida com auxílio de trena graduada, desde a base da planta até a altura de inserção da primeira espiga.

Diâmetro de colmo (DC), em milímetros, obtido com auxílio de paquímetro digital posicionado cerca de 20 centímetros no colmo acima da base da planta.

Comprimento de espiga (CE) mensurada em centímetros, com régua graduada.

Diâmetro da espiga (DE), em milímetros, obtido com paquímetro digital posicionado no meio da espiga.

Número de grãos por fileira (NGF) e Número de fileiras por espiga (NFE), em unidades, obtido por contagem.

Massa da espiga (ME), em gramas, mensurada com a espiga inteira, grãos e sabugo, obtida em balança de precisão digital.

Massa de grãos na espiga (MGE), em gramas de grãos sem o sabugo, obtida em balança de precisão digital.

Massa de cem grãos (MCG), em gramas, mensurada em balança de precisão digital.

5.2.6 Análise estatística

Primeiramente, foram verificadas as pressuposições da análise de variância e normalidade dos resíduos. Em sequência, foi realizada a análise da variância – ANOVA ($p \leq 0,05$) para a verificação de diferenças entre os genitores cruzados.

A análise de agrupamento hierárquico foi elaborada a partir de uma matriz de dissimilaridade com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e o ponto de corte para a formação dos grupos foi realizado conforme a equação:

$$m + K(DP)$$

onde:

m representa a distância média entre genótipos,

K é uma constante equivalente a 1,25 e

DP é o desvio padrão das distâncias (CRUZ, 2006b).

Para a comparação de médias entre os híbridos intervarietais e os genitores, foi realizado o teste de agrupamento de médias Scott Knott ($p \leq 0,05$).

A análise dialélica foi realizada de acordo com o modelo IV (Pais, F1's e recíprocos) de Gardner e Eberhart (1966):

$$Y_{ij} = m + (v_i + v_j)/2 + \theta (\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} : Valor médio observado em um progenitor ($i = j$) ou em uma combinação híbrida ($i \neq j$);

m : média das variedades (v_i e v_j) e da heterose (h);

θ : 0, quando $i = j$ e 1, quando $i \neq j$.

$\bar{h}$: heterose média

h_i e h_j : heterose de variedades

s_{ij} : heterose específica.

ε_{ij} : Erro experimental médio.

Todos os procedimentos estatísticos foram realizados no programa computacional Genes (CRUZ, 2013). O dendrograma foi formado no software Orange (DEMSAR et al., 2013).

5.3 Resultados e discussão

5.3.1 Dissimilaridade fenotípica entre genitores

A heterose é um parâmetro altamente variável dependendo do modo de reprodução das plantas, das características avaliadas, de condições ambientais como tipo de solo, intensidade de radiação solar e disponibilidade hídrica, do estágio de desenvolvimento das plantas e principalmente depende da distância genética entre os genitores (FU et al., 2014; ZHOU et al., 2012). A análise da dissimilaridade e distância genética por meio de métodos hierárquicos é uma ferramenta eficaz na seleção de genitores que podem resultar em híbridos superiores (SUBRAMANIAN; SUBBARAMAN, 2010).

Deste modo, a distância genética entre as variedades utilizadas nos cruzamentos do presente estudo está ilustrada na figura 1, onde é possível observar que as variedades mais similares, com a menor distância entre si foram Taquarão e Dente de Ouro, as quais estão mais próximas de Argentino Branco e BRS Planalto. A ligação posterior foi com BR 473, seguida pelo grupo formado por Cateto Amarelo e Argentino Amarelo. Por fim, a última variedade a ter ligação foi a BRS Missões. Considerando os grupos formados, as mais similares são Taquarão e Dente de Ouro, formando o grupo 2 e Cateto Amarelo e Argentino Amarelo formando o grupo 6. As demais variedades foram independentes.

Seguindo a teoria de que o maior grau de heterose é apresentado para a maior distância entre genitores, a variedade BRS Missões é o genitor com a maior possibilidade de heterose para os híbridos formados. A ilustração ainda demonstra que existe dissimilaridade entre os genitores, podendo assim, haver diferenças entre os híbridos formados.

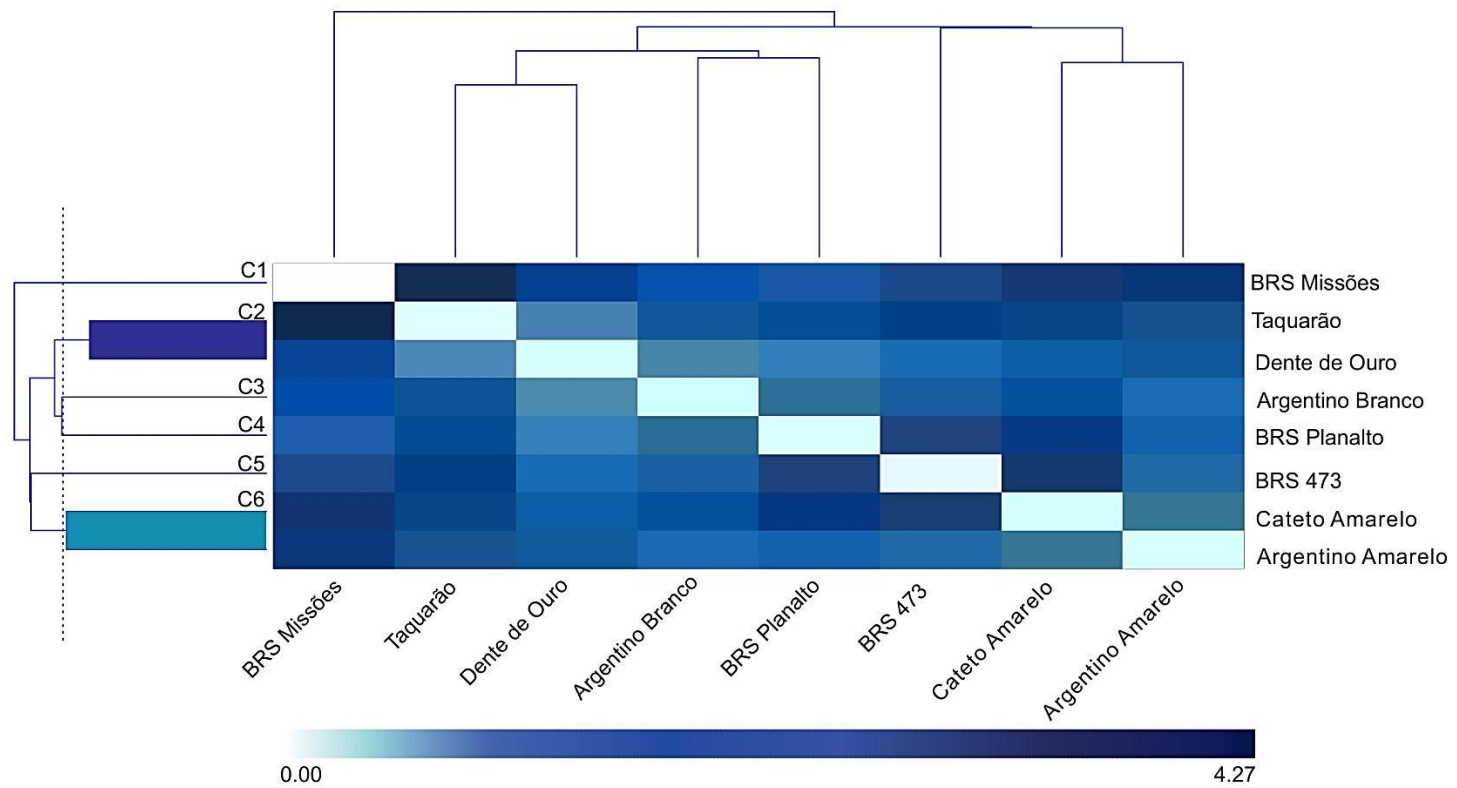


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade entre oito genitores baseado na distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

5.3.2 Análise da variância dialélica e heterose

Com a evidência de dissimilaridade entre os genitores, a verificação da existência de diferenças significativas entre os híbridos formados e os componentes da heterose, foi realizada a análise da variância dialélica para heterose (Tabelas 2), na qual foi possível observar que entre os híbridos houve diferença significativa ($p \leq 0,05$) para todos os caracteres, o que indica que alguns híbridos foram superiores a outros.

A significância da heterose de variedades ($\hat{h}_i$) indica que a variância das frequências gênicas entre os genitores é suficientemente ampla em, pelo menos parte dos locos com dominância, e que os genitores nestas condições são divergentes para estes loci (BERNINI; PATERNIANI, 2012; CRUZ; VENCOSKY, 1989). Para a variável altura de plantas (AP) houve diferença estatística significativa ($p \leq 0,05$) para todas as fontes de variação, o mesmo resultado foi apresentado pelos caracteres altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), diâmetro da espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e massa de cem grãos (MCG).

As variáveis comprimento da espiga (CE), massa de espiga (ME) e massa de grãos na espiga (MGE) não apresentaram significância para o efeito de heterose de variedades (Tabela 2).

A significância do efeito de variedades ($\hat{v}_i$) e heterose média ($\bar{h}$) evidencia que os híbridos não constituem um grupo homogêneo, havendo manifestação da heterose em seus cruzamentos (BERNINI; PATERNIANI, 2012). Assim, com base nos resultados apresentados na tabela 2 é possível observar que houve significância entre as variedades para todos os caracteres avaliados, o que sugere que as variedades formam combinações com diferentes desempenhos.

O efeito de heterose específica ($\hat{s}_{ij}$), quando significativo, indica que existem complementações específicas entre pares de genitores, em locos com efeito de dominância, contribuindo para um melhor desempenho do híbrido em determinadas combinações (BERNINI; PATERNIANI, 2012; VENCOSKY; BARRIGA, 1992). Este efeito não foi encontrado apenas para número de grãos por fileira (NGF).

Mesmo para aquelas variáveis que não apresentaram significância para os efeitos de heterose, este resultado não implica necessariamente a falta de dissimilaridade genética dos pais, pois se os efeitos de dominância não foram unidirecionais em grande parte dos locos, pode ocorrer a compensação de efeitos entre locos (PATERNIANI et al., 2010; SCAPIM et al., 2002).

Com relação ao coeficiente de variação (CV%) foi possível observar que para os caracteres com menor variação entre as combinações, como altura de plantas (AP), altura de inserção de espigas (AE), diâmetro do colmo (DC), diâmetro de espiga (DE) e número de fileiras por espiga (NFE), os coeficientes foram médios. Entretanto, para aquelas variáveis que tendem a uma maior variação até mesmo entre plantas de uma mesma combinação ou que são amplamente influenciadas pelas condições ambientais como comprimento da espiga (CE), massa da espiga (ME) e massa de grãos na espiga (MGE), o CV% foi considerado entre alto e muito alto, segundo a classificação proposta por GOMES (1985).

A influência do ambiente sobre estes caracteres é uma das razões para os elevados valores de CV% encontrados. Porém, a própria dispersão de valores em relação à média de uma determinada variável pode ocasionar valores altos para o coeficiente de variação, ou seja, os valores elevados encontrados podem ser também explicados pela variabilidade existente em uma população (BASTOS; DUQUIA, 2007).

Tabela 2. Quadrados médios da análise da variância e heterose para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) em híbridos F1, recíprocos e genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

F.V	GL	AP	AE	DC	CE	DE	NGF	NFE	ME	MGE	MCG
		cm	cm	mm	cm	mm	un.	un.	gramas	gramas	gramas
Tratamentos	35	21820,56*	6746,98*	191,88*	84,82*	770,84*	244,73*	71,19*	3181,78*	2102,39*	506,36*
Variedades ($\hat{v}_i$)	7	12035,61*	3063,46*	102,52*	42,18*	534,68*	103,07*	72,37*	1958,49*	1166,01*	345,41*
Heterose ($\hat{h}_{ij}$)	28	24266,79*	7667,86*	214,22*	95,49*	829,88*	280,15*	70,90*	3487,61*	2336,48*	546,59*
H. Média ($\bar{h}$)	1	36041,93*	7071,59*	687,94*	141,04*	1422,02*	233,39*	169,86*	2237,71*	1225,48 ^{ns}	1447,06*
H. Variedades ($\hat{h}_i$)	7	4441,12*	1172,61*	47,32*	16,96 ^{ns}	138,70*	45,60*	8,15*	1138,67 ^{ns}	801,10 ^{ns}	163,42*
H. Específica ($\hat{s}_{ij}$)	20	30617,02*	9971,01*	248,94*	120,69*	1042,18*	364,58 ^{ns}	87,91*	4372,23*	2929,42*	635,68*
Resíduo	98	674,16	232,72	11,30	8,39	18,77	42,39	3,14	1039,27	987,17	27,80
Média Geral		164,69	90,82	15,22	10,32	30,53	17,04	9,12	59,04	46,66	25,07
CV%		15,77	16,80	22,09	28,08	14,19	38,20	19,45	54,61	67,33	21,03

* Significativo pelo teste F ($p \leq 0,05$). ^{ns} Não significativo pelo teste F ($p \leq 0,05$).

5.3.3 Teste de agrupamento de médias

Com o conhecimento da existência de variação entre as variedades, bem como entre os híbridos para os caracteres, com exceção do número de fileiras por espiga, foi realizado o teste de agrupamento de médias Scott Knott ($p \leq 0,05$), com o intuito de identificar as melhores combinações com base na média de cada híbrido. Na tabela 3 constam as médias de todas as combinações híbridas, os recíprocos e as variedades, sendo possível observar que para todos os caracteres avaliados houve a formação de dois grupos de médias, o superior, e o grupo inferior.

Em uma visão geral é possível visualizar que para todos os caracteres os valores médios entre as combinações híbridas e os genitores foram consideravelmente similares (Tabelas 3 e 4), havendo dois fatores a serem discutidos: primeiramente, considerando que as médias foram similares, poderia ser proposto que tanto em combinações híbridas quanto individualmente, as variedades apresentam o mesmo potencial, em um segundo momento, se pode verificar que para algumas características como o comprimento da espiga (CE), a variedade Cateto Amarelo apresentou um valor médio de 8,50 cm, enquanto que todas as combinações híbridas envolvendo esta variedade obtiveram valores superiores.

Para a variável altura de plantas se pode observar que a variedade de maior valor, Argentino Amarelo (236,67 cm) e a de menor média, Dente do Ouro (186,67 cm), quando combinadas apresentaram um valor ainda maior, com uma média de 235,00 cm para o híbrido AA x DO. Valores intermediários entre as variedades para o diâmetro de espiga (DE) foram encontrados para a combinação BR 473 x Cateto Amarelo, onde as variedades obtiveram valores médios de 28,22 e 42,93, respectivamente, e a combinação apresentou 37,19 mm.

A altura de inserção da espiga (AE) é de grande importância para o melhoramento genético de milho. Este caractere quantitativo está diretamente ligado à altura total de planta e indiretamente ao rendimento de grãos, interferindo também na estabilidade do caule (LI et al., 2007). Cerca de 82% dos híbridos avaliados obtiveram valores médios para altura de inserção da espiga (AE) no

grupo superior, sendo similares aos genitores Argentino Amarelo, Taquarão e BRS Missões, variedades que também apresentaram os maiores valores para diâmetro do colmo (DC) (Tabela 3).

Tabela 3. Teste de agrupamento de médias de Scott Knott* para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) em híbridos F₁, recíprocos e genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Híbridos F ₁	AP		AE		DC		CE		DE	
	cm		cm		mm		cm		mm	
CA x AB	186,00	b	107,00	b	16,44	b	12,33	b	35,67	b
CA x TQ	266,67	a	153,33	a	22,82	a	14,83	a	37,54	a
CA x BO	207,67	a	115,67	a	18,84	b	10,50	b	35,50	b
CA x BRSPL	203,67	b	117,33	a	16,81	b	11,67	b	38,57	a
AA x AB	213,33	a	138,00	a	19,34	b	14,67	a	38,02	a
AA x TQ	216,67	a	125,67	a	20,16	a	12,50	b	26,64	b
AA x DO	235,00	a	137,00	a	24,01	a	14,67	a	32,86	b
AA x BR 473	223,33	a	127,33	a	22,08	a	14,50	a	35,29	b
AB x CA	215,00	a	130,00	a	20,99	a	14,33	a	34,98	b
AB x AA	231,67	a	130,67	a	20,76	a	15,00	a	35,49	b
AB x TQ	182,33	b	137,33	a	22,23	a	10,00	b	37,33	a
AB x DO	205,33	b	112,33	a	19,02	b	10,00	b	38,35	a
AB x BR 473	199,33	b	116,67	a	24,14	a	10,83	b	33,82	b
AB x BRSMS	210,00	a	123,33	a	18,59	b	12,83	b	38,65	a
TQ x AA	226,67	a	119,00	a	21,00	a	15,33	a	38,31	a
TQ x DO	223,33	a	111,67	a	24,28	a	15,67	a	38,80	a
TQ x BRSMS	222,67	a	117,67	a	21,51	a	14,33	a	37,81	a
TQ x BRSPL	185,00	b	86,67	b	16,04	b	16,17	a	41,76	a
DO x CA	246,67	a	151,67	a	21,70	a	11,67	b	37,94	a
DO x AA	220,00	a	132,67	a	17,95	b	13,00	b	37,84	a
DO x AB	213,33	a	116,67	a	17,91	b	15,17	a	41,72	a
DO x BRSMS	235,00	a	123,33	a	20,99	a	14,67	a	43,72	a
DO x BRSPL	200,00	b	110,00	b	19,04	b	14,83	a	42,62	a
BR 473 x CA	203,33	b	117,00	a	17,68	b	11,67	b	37,19	a
BR 473 x AA	216,67	a	118,33	a	19,08	b	12,50	b	38,51	a
BR 473 x AB	199,33	b	103,33	b	24,81	a	14,83	a	37,35	a
BR 473 x TQ	180,00	b	75,00	b	17,98	b	13,00	b	34,82	b
BR 473 x DO	221,67	a	120,00	a	20,88	a	14,17	a	42,78	a
BR 473 x BRSMS	217,67	a	130,00	a	15,69	b	14,83	a	40,11	a
BR 473 x BRSPL	190,67	b	114,67	a	14,17	b	11,00	b	33,69	b
BRSMS x CA	166,33	b	86,67	b	19,88	a	12,33	b	38,94	a
BRSMS x TQ	223,33	a	128,00	a	20,77	a	15,33	a	40,35	a

Continua

Continuação

BRSMS x DO	216,67	a	125,00	a	18,57	b	17,33	a	39,90	a
BRSMS x BR 473	171,00	b	99,33	b	20,27	a	12,00	b	36,88	a
BRSMS x BRSPL	202,67	b	126,00	a	17,81	b	9,67	b	43,57	a
BR SPL x CA	211,67	a	112,67	a	14,45	b	14,00	a	36,00	b
BR SPL x AA	210,00	a	121,67	a	17,55	b	14,00	a	38,05	a
BR SPL x AB	198,00	b	104,33	b	18,27	b	12,33	b	35,28	b
BR SPL x TQ	176,67	b	80,33	b	24,03	a	16,17	a	44,55	a
BR SPL x DO	190,00	b	111,67	a	19,18	b	13,50	a	41,87	a
BR SPL x BR 473	163,00	b	94,67	b	19,48	b	10,67	b	31,75	b
BR SPL x BRSMS	205,00	b	116,67	a	18,15	b	12,00	b	40,36	a
Média de híbridos	207,91		117,29		19,65		13,35		37,88	
Cateto_Amarelo	196,67	b	95,00	b	15,24	b	8,50	b	32,95	b
Argentino_Amarelo	236,67	a	141,33	a	22,57	a	14,50	a	33,70	b
Argentino_Branco	196,67	b	106,67	b	18,80	b	12,00	b	28,22	b
Taquarão	231,67	a	129,00	a	20,15	a	15,67	a	35,27	b
Dente_de_Ouro	186,67	b	92,33	b	20,40	a	14,33	a	41,07	a
BR 473	196,00	b	99,00	b	19,92	a	15,30	a	43,80	a
BRS_Missões	211,67	a	120,00	a	20,43	a	14,67	a	42,93	a
BRS_Planalto	223,33	a	98,67	b	19,22	b	14,00	a	41,65	a
Média de variedades	209,92		110,25		19,59		13,62		37,45	
CV% geral	15,77		16,80		22,09		28,08		14,19	

* Letras iguais na mesma linha não diferem estatisticamente pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$). Híbridos: CA- Cateto Amarelo, AA- Argentino Amarelo, AB- Argentino Branco, TQ- Taquarão, DO- Dente de Ouro, BR 473- BR 473, BRSMS- BRS Missões, BRSPL- BRS Planalto.

Menor altura de planta, altura de inserção da primeira espiga e maior diâmetro do colmo são características desejáveis para plantas de milho, pois estas propriedades diminuem a possibilidade de acamamento, assim, o híbrido composto por BRS Missões x Cateto Amarelo apresentou as melhores características, com valores satisfatórios para altura de planta (AP) e espiga (AE) (166,33 e 86,67 cm, respectivamente) e diâmetro do colmo (19,88 mm). No entanto, segundo Li et al., (2007) um alto valor de AP e baixo de AE diminuem o centro de gravidade da planta, ocasionando maior taxa de acamamento. Neste sentido, a variedade BRS Planalto não seria uma boa indicação para os cruzamentos, porém quando avaliadas as combinações desta variedade, é possível verificar que todos os híbridos possuem altura de planta e espiga equilibradas, ainda, a combinação BRS Planalto x Taquarão apresentaram valores

médios baixos para AP e AE (176,67 e 80,33 cm, respectivamente) e o maior valor de diâmetro do colmo (DC) (24,03 mm) (Tabela 3).

Acredita-se que o fato das variedades serem heterozigotas possibilita o aparecimento tanto que progênies superiores quanto inferiores aos pais, o que explica o fato de que algumas combinações apresentam valores médios bastante distintos de outros.

Os caracteres comprimento (CE) e diâmetro da espiga (DE) apresentaram uma acentuada variação entre os valores máximos e mínimos considerando as combinações híbridas, variando entre 8,50 e 28,80 cm para CE e 14,19 e 44,55 mm para DE. Lopes et al., (2007) evidenciaram associação direta entre o comprimento da espiga e o número de grãos por fileira, indicando que espigas de maior comprimento tendem a possuir maior quantidade de grãos e por consequência, maior produção. Concordando com esta informação as variedades BR 473, BRS Missões e BRS Planalto, apresentaram as maiores médias para CE e número de grãos por fileira (NGF) (Tabelas 3 e 4).

O número de fileiras por espiga é definido a partir do estágio de desenvolvimento V8 até V12, cerca de 30 dias após a emergência (BALBINOT JR et al., 2005), sendo associado positivamente com o diâmetro da espiga (DE). As variedades BRS Planalto e BR 473 apresentaram valores elevados para DE, porém nem todas as combinações híbridas formadas por estas variedades com as demais do grupo pertenceram ao agrupamento de médias superior, como exemplo, a combinação BRS Planalto x BR 473 (BRSPL x BR 473) apresentaram valores baixos para número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa da espiga (ME) e massa de grãos na espiga (MGE), obtendo valores próximos dos mais baixos encontrados para estas características (Tabela 4).

O rendimento de grãos na cultura do milho é diretamente afetado não só pelos componentes do rendimento, mas também pela própria variação existente entre as plantas de milho, devido à baixa capacidade de emissão de afixos férteis, organização monoica e curto período de florescimento (VEGA et al., 2001). Observando as combinações híbridas dispostas na tabela 4 é possível verificar

que apesar da análise de agrupamento ter discriminado os híbridos em apenas dois grupos, houve uma variação acentuada entre os valores médios de cada combinação. A massa de grãos na espiga (MGE) apresentou resultados variando entre 24,53 e 107,45 gramas, média mais elevada apresentada pela combinação Argentino Branco x BRS Missões, não diferenciando estatisticamente de combinações compostas apenas por variedades crioulas como Taquarão x Argentino Amarelo, Dente de Ouro x Argentino Branco e Argentino Branco x Cateto Amarelo, com médias de 71,71, 79,32 e 87,05, respectivamente. Os resultados médios encontrados foram similares aos publicados por Araújo et al., (2016) em um estudo com híbridos comerciais de milho.

Tabela 4. Teste de agrupamento de médias de Scott Knott* para os caracteres número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) em híbridos F1, recíprocos e genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Híbridos F ₁	NGF		NFE		ME		MGE		MCG	
	un.		un.		gramas		gramas		gramas	
CA x AB	16,00	b	10,67	b	64,33	b	30,36	b	30,36	b
CA x TQ	17,00	b	10,67	b	57,62	b	35,44	b	26,32	b
CA x BO	17,00	b	11,33	b	53,43	b	38,74	b	27,33	b
CA x BRSPL	15,00	b	10,67	b	53,94	b	34,76	b	29,79	b
AA x AB	18,67	b	11,33	b	71,24	b	51,23	b	28,00	b
AA x TQ	24,67	a	8,67	b	40,16	b	31,58	b	25,47	b
AA x DO	21,33	a	10,00	b	81,42	b	67,19	a	29,68	b
AA x BR 473	22,33	a	8,67	b	61,93	b	49,06	b	29,30	b
AB x CA	22,00	a	10,67	b	62,44	b	87,05	a	27,09	b
AB x AA	28,67	a	10,00	b	96,16	a	78,81	a	25,00	b
AB x TQ	17,67	b	9,33	b	51,10	b	73,56	a	30,95	b
AB x DO	18,67	b	10,67	b	73,17	b	59,43	b	33,08	a
AB x BR 473	15,00	b	10,67	b	44,76	b	32,29	b	28,77	b
AB x BRSMS	22,33	a	10,67	b	114,28	a	107,45	a	38,34	a
TQ x AA	25,67	a	9,33	b	92,69	a	71,71	a	34,70	a
TQ x DO	26,67	a	10,67	b	118,15	a	94,74	a	29,99	b
TQ x BRSMS	26,67	a	10,00	b	97,10	a	80,36	a	32,97	a
TQ x BRSPL	28,00	a	10,67	b	128,07	a	102,58	a	39,49	a
DO x CA	18,33	b	11,33	b	67,76	b	54,45	b	32,77	a
DO x AA	17,33	b	11,33	b	61,92	b	49,23	b	35,93	a
DO x AB	31,67	a	12,67	a	101,66	a	79,32	a	25,00	b

Continua

Continuação

DO x BRSMS	21,00	b	12,00	a	92,16	a	72,55	a	34,17	a
DO x BRSPL	31,00	a	11,33	b	119,91	a	94,10	a	28,26	b
BR 473 x CA	23,33	a	12,00	a	73,52	b	63,31	b	27,80	b
BR 473 x AA	18,33	b	12,67	a	61,39	b	48,08	b	29,03	b
BR 473 x AB	26,00	a	11,33	b	88,35	a	63,98	b	27,59	b
BR 473 x TQ	23,33	a	11,33	b	72,13	b	55,89	b	33,98	a
BR 473 x DO	22,00	a	12,67	a	113,58	a	87,18	a	40,71	a
BR 473 x BRSMS	25,00	a	12,67	a	109,43	a	82,85	a	25,00	b
BR 473 x BRSPL	19,33	b	12,00	a	55,94	b	42,45	b	25,00	b
BRSMS x CA	17,33	b	11,33	b	65,59	b	53,72	b	37,22	a
BRSMS x TQ	25,00	a	12,00	a	86,64	a	75,43	a	32,61	a
BRSMS x DO	27,33	a	12,00	a	107,28	a	76,23	a	29,92	b
BRSMS x BR 473	17,67	b	13,33	a	70,60	b	56,95	b	29,53	b
BRSMS x BRSPL	14,00	b	12,67	a	63,05	b	50,63	b	34,45	a
BRSPL x CA	22,67	a	10,67	b	83,93	a	66,50	a	32,94	a
BRSPL x AA	28,00	a	11,33	b	71,13	b	52,08	b	25,00	b
BRSPL x AB	17,00	b	10,00	b	53,72	b	40,90	b	27,50	b
BRSPL x TQ	24,00	a	13,33	a	119,09	a	93,35	a	29,51	b
BRSPL x DO	22,33	a	14,00	a	86,23	a	70,68	a	24,38	b
BRSPL x BR 473	16,33	b	11,33	b	36,77	b	28,74	b	25,00	b
BRSPL x BRSMS	22,33	a	13,33	a	64,66	b	51,50	b	26,89	b
Média dos híbridos	21,76		11,27		78,30		62,77		30,16	
Cateto Amarelo (CA)	12,00	b	8,67	b	34,95	b	24,53	b	27,13	b
Argentino Amarelo (AA)	18,67	b	10,00	b	64,15	b	48,89	b	31,67	a
Argentino Branco (AB)	23,00	a	10,67	b	52,39	b	35,74	b	23,44	b
Taquarão (TQ)	29,00	a	13,33	a	63,42	b	40,73	b	25,00	b
Dente de Ouro (DO)	19,33	b	12,00	a	71,69	b	58,65	b	30,03	b
BR 473 (BR 473)	25,00	a	12,00	a	108,86	a	84,88	a	28,24	b
BRS Missões (BRSMS)	22,33	a	12,67	a	115,60	a	98,95	a	28,99	b
BRS Planalto (BRSPL)	23,33	a	13,33	a	76,67	b	61,51	b	29,66	b
Média das variedades	21,58		11,58		73,47		56,73		28,02	
CV% geral	38,20		19,45		54,61		67,33		21,03	

* Letras iguais na mesma linha não diferem estatisticamente pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$).
Híbridos: CA- Cateto Amarelo, AA- Argentino Amarelo, AB- Argentino Branco, TQ- Taquarão, DO- Dente de Ouro, BR 473- BR 473, BRSMS- BRS Missões, BRSPL- BRS Planalto.

Em uma visão geral, para todos os caracteres avaliados não houve uma diferença acentuada entre as médias dos genitores e dos híbridos, porém foi possível verificar que existem diferenças entre as combinações, o que evidencia a possibilidade de efeitos de heterose média e específica distintos para cada combinação.

5.3.4 Efeitos de variedades ($\hat{v}_i$), heterose das variedades ($\hat{h}_i$) e heterose média ($\bar{h}$)

A utilização de híbridos intervarietais além de permitir a exploração da heterose sem a necessidade de produzir linhagens possibilita ainda o estudo do valor genético de populações de polinização aberta de milho (PATERNIANI et al., 2010). Na tabela 5 estão apresentadas as estimativas dos efeitos das variedades ($\hat{v}_i$), os quais são correspondentes aos efeitos do comportamento das populações *per se*, que são estimados pelos desvios das populações em relação à média de todas as populações incluídas no dialelo (BERNINI; PATERNIANI, 2012).

A menor estimativa de $\hat{v}_i$ para altura de plantas (AP) foi verificada na população Argentino Amarelo, a qual apresentou efeito negativo também para todos os caracteres avaliados. O maior efeito $\hat{v}_i$ para massa de grãos na espiga (MGE) foi apresentado por Argentino Branco, porém, esta variedade também obteve valores positivos para os demais caracteres, o que indica que esta variedade tem a possibilidade de incrementar a produção de grãos (Tabela 5), no entanto, pode ocorrer o acréscimo na estatura de planta, característica indesejável no melhoramento de milho.

O efeito de heterose das variedades ($\hat{h}_i$) é descrito como a diferença entre a média das heteroses dos híbridos e a heterose média ($\bar{h}$), que pode ainda ser explicado como o potencial da variedade em cruzamentos. A variedade crioula Dente de Ouro apresentou o maior efeito de $\hat{h}_i$ para massa de espiga (ME) e massa de grãos na espiga (MGE) (27,18 e 19,00, respectivamente), com efeitos negativos para altura de plantas (AP) e inserção da espiga (AE) (-1,34 e -8,80, respectivamente), indicando que esta população tem grande possibilidade para ser utilizada em programas de melhoramento para a formação de híbridos intervarietais.

Segundo Scapim et al. (1996) quando variedades apresentam efeitos de variedades ($\hat{v}_i$) positivos e efeitos de heterose de variedades ($\hat{h}_i$) negativos, a seleção de genitores para programas de melhoramento interpopulacionais, deve ser realizada primeiro com base nos $\hat{v}_i$ e depois em $\hat{h}_i$. Ou seja, neste caso, a

escolha de genitores para futuros cruzamento deve ser baseada primeiramente no efeito *per se* de cada variedade. Na tabela 5 é possível observar que para o caractere massa de grãos na espiga (MGE) a variedade BRS Missões apresentou efeito de variedade ($\hat{v}_i$) positivo (7,38), porém, seu efeito de heterose ($\hat{h}_i$) foi negativo (-16,24), o que indica que esta variedade possui potencial *per se* para aumentar este caractere, porém quando cruzada com qualquer variedade do grupo dialélico, a tendência é que ocorra uma redução na média desta variável no híbrido formado devido ao efeito heterótico negativo da variedade BRS Missões.

No geral, o efeito de variedades demonstra o potencial individual de cada variedade, enquanto que o efeito de heterose da variedade indica qual o potencial desta variedade quando em cruzamento com as demais variedades do grupo dialélico. Já a heterose média ($\bar{h}$) será significativa quando existirem efeitos significativos e direcionais da dominância e houver divergência da frequência gênica nas variedades (CRUZ; VENCOVSKY, 1989). A heterose média apresentou efeito negativo para todos os caracteres, o que indica que a manifestação da heterose para todas as possíveis combinações foi no sentido de reduzir as médias de todos os caracteres avaliados.

Tabela 5. Estimativas dos efeitos de variedades ($\hat{v}_i$), heterose de variedades ($\hat{h}_i$), heterose média ($\bar{h}$) e desvios padrões das estimativas (DP), para altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) para oito genitores de milho. CGF/UFPEL, 2017/2018.

Variedades	Efeitos de variedades ($\hat{v}_i$)									
	AP	AE	DC	CE	DE	NGF	NFE	ME	MGE	MCG
Cateto Amarelo	-17,97	-6,56	-0,87	-2,40	-5,36	-2,42	-1,46	-20,24	-8,97	-6,50
Argentino Amarelo	-30,97	-17,67	-1,91	-1,82	-2,29	-5,00	-0,68	-1,98	-0,29	-2,36
Argentino Branco	13,17	5,69	0,59	0,91	0,95	2,53	0,10	9,73	10,08	2,46
Taquarão	-27,52	-23,17	-1,49	0,13	-2,77	0,53	-0,51	-5,75	-6,95	-2,13
Dente de Ouro	22,79	13,49	0,52	0,89	4,67	-0,14	1,71	-0,01	1,91	5,63
BR 473	20,53	10,41	0,38	1,11	1,69	2,75	-0,07	6,50	1,88	0,33
BRS Missões	2,87	-2,76	-0,28	0,18	1,62	1,61	0,21	12,01	7,38	-0,41
BRS Planalto	17,09	20,58	3,06	0,99	1,49	0,14	0,71	-0,25	-5,04	2,97
DP ($\hat{v}_i$)	65,54	22,63	0,95	0,82	1,82	4,12	0,31	101,04	95,97	2,70
DP ($\hat{v}_i - \hat{v}_j$)	149,81	51,72	2,18	1,86	4,17	9,42	0,70	230,95	219,37	6,18
	Efeito de heterose das variedades ($\hat{h}_i$)									
	AP	AE	DC	CE	DE	NGF	NFE	ME	MGE	MCG
Cateto Amarelo	-14,67	-5,13	-4,34	-0,02	0,46	-3,67	-0,66	3,16	-14,62	1,72
Argentino Amarelo	16,00	13,54	-0,62	0,15	-8,57	5,00	-2,66	-21,02	-13,40	-3,17
Argentino Branco	-1,34	4,54	3,36	-1,52	-1,39	-4,67	-0,66	-16,42	-12,69	0,13
Taquarão	46,00	39,54	0,92	-0,68	2,73	-1,34	0,00	6,59	9,47	4,13
Dente de Ouro	-1,34	-8,80	4,03	2,48	2,14	6,33	0,00	27,18	19,00	-1,05
BR 473	-29,67	-12,80	-0,51	-0,35	1,67	-2,00	2,00	9,43	11,97	0,89
BRS Missões	-37,67	-17,46	-1,30	-1,68	-3,46	-3,34	0,00	-24,41	-16,24	-3,64
BRS Planalto	22,66	-13,46	-1,56	1,65	6,44	3,66	2,00	15,50	16,53	1,02
DP ($\hat{h}_i$)	196,63	16,97	2,86	2,45	5,47	12,36	0,92	303,12	287,92	7,43
DP ($\hat{h}_i - \hat{h}_j$)	449,44	38,79	6,55	5,59	12,51	28,26	2,10	692,84	658,11	16,98
Heterose média ($\bar{h}$)	-41,43	-18,35	-5,72	-2,59	-8,23	-3,33	-2,63	-10,32	-7,64	-8,30
Heterose média (%h)	-20,89	-17,22	-28,82	-20,85	-22,39	-16,68	-23,42	-14,24	-12,84	-25,92

5.3.5 Efeitos de heterose específica ($\hat{s}_{ij}$)

O efeito da heterose específica ($\hat{s}_{ij}$) é interpretado como o desvio de um cruzamento, em relação ao que seria o resultado esperado na capacidade geral de combinação de seus genitores (CRUZ; VENCovsky, 1989). As combinações híbridas Cateto Amarelo x BR 473 (CA x BR 473) e Argentino Branco x Taquarão (AB x TQ) apresentaram efeito de $\hat{s}_{ij}$ positivos para massa de grãos na espiga (MGE) e negativos para altura de plantas (AP), altura de inserção da espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento da espiga (CE) e diâmetro da espiga (DE). O resultado desejado é que o híbrido tenha a capacidade de incrementar a produção de grãos e os componentes do rendimento, mas possam reduzir os caracteres de estatura de plantas, como os efeitos apresentados pelo híbrido Dente de Ouro x BRS Planalto (DO x BRSPL) (Tabela 6).

Para o diâmetro da espiga (DE) aproximadamente 54% dos híbridos possuíram efeitos específicos positivos, indicando tendência no acréscimo desta variável. O mesmo percentual de combinações com efeitos positivos foi encontrado para número de grãos por fileira (NGF). Tanto DE quanto NGF são caracteres importantes na composição do rendimento, assim, ainda que estes híbridos não possuam efeitos positivos altos para a massa da espiga, podem ser considerados para a seleção e melhoramento de populações.

Os híbridos mais produtivos são aqueles que apresentam heteroses específicas positivas e altas (BERNINI; PATERNIANI, 2012). Assim, o híbrido com o maior potencial produtivo foi Argentino Amarelo x Taquarão (AA x TQ) com efeito positivo de 36,27 para a massa de grãos na espiga (MGE), que é um indicativo de efeitos de dominância na expressão deste caractere.

De acordo com o modelo proposto por Gardner; Eberhart (1966) a combinação híbrida mais satisfatória é aquela que reúne o maior conjunto de efeitos favoráveis para a característica desejada, principalmente o rendimento. Deste modo, o híbrido com melhor potencial para o melhoramento, com base nos resultados obtidos foi a combinação Dente de Ouro x BRS Planalto (DO x BRSPL).

Tabela 6. Estimativa do efeito de heterose específica ($\hat{s}_i$) e desvio padrão da estimativa (DP) de 28 híbridos de variedades de milho, resultantes de dialelo completo entre 8 variedades genitores, para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa de espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG).CGF/UFPEL, 2017/2018.

Híbridos ¹		Efeito de heterose específica									
		AP	AE	DC	CE	DE	NGF	NFE	ME	MGE	MCG
CA	AA	-108,99	-67,67	-9,31	-6,04	-17,02	-9,85	-4,68	-29,33	-25,49	-12,95
CA	AB	80,04	58,80	8,72	4,48	13,58	4,79	3,54	11,03	18,29	9,22
CA	TQ	-23,60	-17,34	-1,08	-2,32	-4,44	-3,71	-0,52	-12,65	-10,89	-3,16
CA	DO	47,76	25,99	3,85	3,33	11,25	7,63	2,60	31,53	20,54	7,02
CA	BR 473	-28,82	-17,59	-3,82	-1,31	-6,07	-1,60	-1,29	1,68	1,09	-5,17
CA	BRSMS	-10,99	-6,26	-1,83	-0,13	-4,47	1,71	-1,24	-6,06	-5,69	-2,16
CA	BR SPL	44,62	24,08	3,48	1,99	7,17	1,02	1,60	3,78	2,17	7,19
AA	AB	73,37	39,91	6,90	3,74	13,20	5,71	4,10	27,79	17,81	10,27
AA	TQ	74,40	33,60	7,74	7,10	17,78	11,21	3,71	49,47	36,27	15,87
AA	DO	52,76	37,60	4,45	2,41	8,19	5,54	3,15	6,42	22,00	3,75
AA	BR 473	71,18	41,86	4,99	3,61	9,92	8,16	3,59	16,85	11,00	5,64
AA	BRSMS	-118,33	-65,31	-11,42	-7,80	-22,04	-14,04	-6,68	-47,79	-41,02	-16,35
AA	BR SPL	-44,38	-19,98	-3,34	-3,02	-10,02	-6,73	-3,18	-23,41	-20,55	-6,23
AB	TQ	-60,24	-30,59	-6,51	-3,71	-8,26	-5,49	-2,40	-2,40	3,45	-5,82
AB	DO	29,79	13,91	0,66	1,44	3,68	2,18	1,04	1,47	-4,01	1,70
AB	BR 473	19,37	-0,51	5,11	2,72	7,36	3,46	1,82	18,66	13,88	7,78
AB	BRSMS	-42,46	-25,34	-5,16	-2,52	-9,97	-3,40	-3,46	-13,25	-11,57	-6,34
AB	BR SPL	-99,85	-56,17	-9,72	-6,15	-19,59	-7,26	-4,63	-43,30	-37,85	-16,81
TQ	DO	-64,85	-27,06	-7,10	-5,61	-14,15	-10,82	-4,02	-40,64	-33,33	-9,61
TQ	BR 473	-46,77	-24,32	-3,28	-3,25	-9,67	-5,71	-2,91	-25,92	-16,68	-6,94
TQ	BRSMS	68,90	37,69	5,48	4,43	11,28	7,94	3,15	19,86	14,32	6,02

Continua

Continuação

TQ	BR SPL	52,18	28,02	4,75	3,38	7,46	6,57	2,98	12,27	6,87	3,64
DO	BR 473	-76,74	-38,31	-7,95	-4,60	-17,04	-7,71	-5,13	-31,63	-29,91	-13,45
DO	BR SMS	14,92	-7,65	4,83	2,92	5,32	4,10	1,93	21,75	15,20	6,34
DO	BR SPL	-3,63	-4,48	1,25	0,11	2,74	-0,93	0,43	11,09	9,52	4,25
BR 473	BR SMS	49,34	38,60	4,73	1,11	11,57	-0,12	3,71	3,14	4,78	8,34
BR 473	BR SPL	12,45	0,27	0,21	1,71	3,93	3,52	0,21	17,21	15,85	3,80
BR SMS	BR SPL	38,62	28,27	3,37	1,99	8,31	3,82	2,60	22,35	23,99	4,16
DP ($\hat{\sigma}_{ij}$)		80,26	27,70	1,17	1,00	2,23	5,05	0,37	123,72	117,52	3,31
DP ($\hat{\sigma}_{ij} - \hat{\sigma}_{ik}$)		187,27	64,64	2,73	2,33	5,21	11,77	0,87	288,69	274,21	7,72
DP ($\hat{\sigma}_{ij} - \hat{\sigma}_{kl}$)		149,81	51,72	2,18	1,86	4,17	9,42	0,70	230,95	219,37	6,18

¹ Híbridos: CA- Cateto Amarelo, AA- Argentino Amarelo, AB- Argentino Branco, TQ- Taquarão, DO- Dente de Ouro, BR 473- BR 473, BR SMS- BRS Missões, BR SPL- BRS Planalto. DP – desvio padrão.

Observando tanto as médias obtidas pelos híbridos e genitores, quanto os valores expressos nas estimativas de heteroses, foi possível verificar que para a maior parte das variedades e das combinações, à medida que uma característica foi incrementada, houve também o acréscimo de outras, como exemplo, conforme a altura de plantas média foi elevada para uma determinada combinação, a média da altura de inserção de espiga também apresentou valores elevados, ou ainda, quando a estimativa da heterose foi negativa para os caracteres de estatura de plantas, a massa de grãos na espiga também apresentou valores negativos. Neste sentido, para verificar a existência de associações entre caracteres, é necessário que sejam efetuadas análises de correlação, como a correlação linear de Pearson.

5.3.6 Associação entre caracteres

O estudo da associação entre caracteres pelo método de Pearson, também descrito como correlação produto-momento, é uma medida do grau de relação linear entre duas variáveis aleatórias e possui ampla utilidade na pesquisa agrônômica (CARVALHO; LORENCETTI; BENIN, 2004). O fato de não haver significância não implica inexistência de associação, apenas sugere que os valores de associação não se aplicam ao modelo. No presente trabalho, 25% das associações encontradas apresentaram significância (Figura 2).

A altura de plantas (AP) apresentou a maior associação com o caractere altura de inserção da espiga (AE), em uma correlação de forte e positiva magnitude, no entanto, não obteve associação significativa com os componentes do rendimento, sugerindo que para estas variedades de polinização aberta, a estatura de planta não interfere no rendimento. Resultados similares foram apresentados por ALVES et al. (2016) e OLIVEIRA et al. (2019).

O diâmetro do colmo (DC) apresentou correlação significativa apenas com o comprimento da espiga (CE), variável que possuiu associações positivas de alta magnitude com número de grãos por fileira (NGF) e massa da espiga (ME) e média magnitude com diâmetro da espiga (DE) e massa de grãos na espiga (MGE).

O diâmetro da espiga está associado a mais de 67% da variação da massa de espiga (ME), uma vez que afeta positivamente o número de fileiras por espiga (NFE), que por consequência altera o número de grãos na espiga, ainda que este caractere esteja acondicionado pela taxa de crescimento da planta durante o período de produção de grãos (ÁLVAREZ, 2015). O número de grãos por fileira (NGF) apresentou associação positiva de forte magnitude com a massa de espiga (ME) e massa de grãos na espiga (MGE), afinal, entende-se que quanto maior o número de grãos produzido na espiga, maior será sua massa. Assim, também é evidente que quanto maior a massa da espiga, maior a massa de grãos, mesmo que esta sofra influencia da massa do sabugo. Todavia, a massa da espiga exerce uma influencia de média magnitude com a massa de cem grãos (MCG), o que pode ser explicado pelo fato de que a MCG é mais afetada por caracteres como o tamanho médio e tipo de grãos.

As associações obtiveram resultados dentro do esperado, com maiores magnitudes entre os caracteres que compõem o rendimento (DE, CE, NGF, e NFE) com a massa de espiga (ME), evidenciando que as associações mais comuns entre os caracteres não depende do tipo de variedade, estando presentes também nas variedades de polinização aberta.

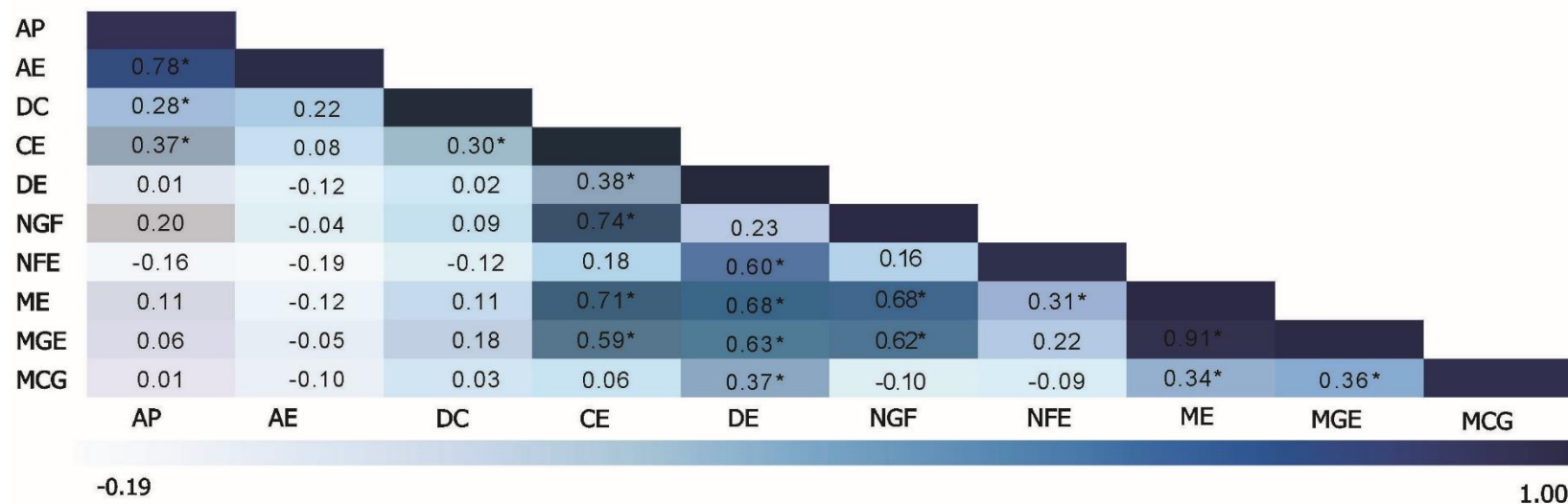


Figura 2. Coeficientes de correlações de Pearson em HeatMap para os caracteres altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), comprimento de espiga (CE) diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), massa da espiga (ME), massa de grãos na espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) em híbridos intervarietais e recíprocos.

* Significativo pelo teste t ($p \leq 0,05$).

5.4 Conclusões

Foram identificadas combinações superiores e inferiores aos genitores utilizados neste estudo, no entanto as médias entre híbridos e genitores foram similares.

As populações Argentino Amarelo e BRS Missões são promissoras em combinações híbridas quando o objetivo é o incremento da produtividade com os efeitos de heterose de parental mais elevados para a massa de grãos na espiga, enquanto que as variedades crioulas Argentino Amarelo e Taquarão proporcionam combinações híbridas para menor altura de planta e inserção de espiga.

Existe manifestação de heterose para os híbridos avaliados, sendo que as combinações híbridas mais promissoras são Dente de Ouro x BRS Planalto e BRS Planalto x Taquarão, com efeitos positivos para os caracteres que compõem o rendimento e efeitos negativos para caracteres de estatura de plantas.

As hipóteses observadas nas análises de heterose, de que o incremento em um caractere afeta o aumento de outro, foram comprovadas na análise de correlação linear de Pearson, evidenciando associações positivas de médias e fortes magnitudes entre os caracteres que compõem o rendimento e a massa da espiga.

6 Considerações finais

Existem diversos métodos para estudos envolvendo o melhoramento de populações de milho, sob os mais variados objetivos. A escolha de determinado método varia de acordo com o delineamento genético utilizado, ou seja, se as populações serão avaliadas em famílias de irmãos completos (FIC), famílias de meios-irmãos (FMI) ou ainda se serão considerados híbridos oriundos de cruzamentos entre populações ou variedades de polinização aberta (VPA's), denominados híbridos intervarietais (HI).

Cada capítulo do presente trabalho apresentou objetivos específicos para os estudos com as populações avaliadas, mostrando que a utilização de variedades de polinização aberta, sintéticas e crioulas é uma alternativa viável para os programas de melhoramento de milho, uma vez que foi possível verificar que algumas variedades além de possuírem ampla variabilidade, ainda apresentam valores elevados de herdabilidade para determinados caracteres de interesse agrônomo.

Outro importante fator a ser considerado é a capacidade combinatória expressa por tais variedades, onde foi possível verificar que existem variedades utilizadas na Região Sul do Rio Grande do Sul com boas habilidades para cruzamentos, produzindo híbridos produtivos e melhor adaptados a variações ambientais, o que foi verificado com o estudo da heterose, o qual mostrou que alguns híbridos intervarietais apresentaram médias superiores a seus genitores para os componentes do rendimento, como a massa de grãos na espiga.

A utilização de VPA's, principalmente variedades crioulas, em programas de melhoramento, não tem função apenas em termos de pesquisa, mas também pode ser aplicada como uma questão social, quando se considera que tais variedades são de valiosa importância para produtores pequenos e/ou familiares. Assim, a pesquisa pode gerar informação, impulsionar o cultivo de VPA's e ainda contribuir com a exploração do germoplasma, promovendo a manutenção da variabilidade existente na espécie.

Referências

- ABREU, L.; CANSI, E.; JURIATTI, C. Avaliação do rendimento socio-econômico de variedades crioulas e híbridos comerciais de milho na microregião de Chapecó. **Revista Brasileira de agroecologia**, v. 2, n. 1, p. 1230–1233, 2007.
- ABUALI, ATIF I.; ABDELMULA, A. A.; KHALAFALLA, M. Combining ability and heterosis for yield and yield components in maize (*Zea mays* L.). **Australian Journal of Basic and Applied Sciences**, v. 6, n. 10, p. 36–41, 2012.
- ALIU, S. et al. The combining ability of maize (*Zea mays* L.) inbred lines for grain yield and yield components. **Agriculture & Forestry**, v. 62, n. 4, p. 295–303, 2016.
- ALIU, S.; FETAHU, S.; SALILLARI, A. Estimation of heterosis and combining ability in maize (*Zea mays* L.) for ear weight (EW) using the diallel crossing method. **Latvian Journal of Agronomy**, v. 45, n. 1, p. 7–12, 2008.
- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2014.
- ÁLVAREZ, D. M. Ecofisiología del cultivo de maíz. In: **El cultivo de maíz en San Luis**. San Luis: INTA, 2015.
- ALVES, B. M. et al. Linear relations among phenological, morphological, productive and protein-nutritional traits in early maturing and super-early maturing maize genotypes. **Journal of Cereal Science**, v. 70, p. 229–239, 2016.
- ANDERSON, E.; CUTLER, H. C. Races of *Zea mays*: I. Their Recognition and Classification. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v. 29, n. 2, p. 69, 1942.
- ARAÚJO, L. D. S. et al. Desempenho agronômico de híbridos de milho na região sudeste de Goiás. **Revista AgroAmbiente**, v. 10, n. 4, p. 334–341, 2016.
- ARNHOLD, E.; MILANI, K. F. Rank-ordering coefficients of variation for popping expansion. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 33, n. 3, p. 527–531, 2011.
- BALBINOT JR, A. A. et al. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 11, n. 2, p. 161–166, 2005.

BANIK, S. Testing the Population Coefficient of Variation. **Journal of Modern Applied Statistical Methods**, v. 11, n. 2, p. 325–335, 2012.

BARBOSA, M. H. P. et al. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production Received. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 218–226, 2004.

BASTOS, J. L. D.; DUQUIA, R. P. Medidas de dispersão: os valores estão próximos entre si ou variam muito? **Scientia Medica**, v. 17, n. 1, p. 40–44, 2007.

BEAL, W. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987.

BERG, T. Landraces and folk varieties: a conceptual reappraisal of terminology. **Euphytica**, v. 166, p. 423–430, 2009.

BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Estimativas de Parâmetros de Heterose em Híbridos de Populações F₂ de Milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 42, n. 1, p. 56–62, 2012.

BORGES, V. et al. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643–649, 2010.

CAMARGO, F. F. et al. Variabilidade genética para caracteres morfométricos de matrizes de castanha-do-brasil da Amazônia Mato-grossense. **Acta Amazonica**, v. 40, n. 4, p. 705–710, 2010.

CARDERALLI, A. et al. Early selection in progenies of Myracrodruon urundeuva Fr. All. by methodology reml/blup. **Revista Ambiente**, v. 9, n. 3, p. 605–617, 2013.

CARIAS, C. M. DE O. M. et al. Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em progênies de café conilon. **Coffee Science**, v. 11, n. 1, p. 39–45, 2016.

CARVALHO, F. I. F. DE; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações das correlações no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 2004.

CIMMYT. **Development, Maintenance, and Seed Multiplication of Open-Pollinated Maize Varieties - The Maize Program**. México: DF, 1999.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira 2018/2019**. Brasília: CONAB, 2019.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2006.

CRUZ, C. D. **Programa genes: Análise multivariada e simulação**. Viçosa/MG:UFV, 2006.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. D. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa/MG: UFV, 2014.

CRUZ, C. D.; VENCOSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **revista brasileira de genética**, v. 12, p. 425–438, 1989.

CRUZ, J. C. et al. **Produção de Milho na Agricultura Familiar**. Circular Técnica, **159**. Sete Lagoas/MG, 2011.

CRUZ, J. C. et al. **Milho: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília, D.F: Ebrapa, 2011.

DE OLIVEIRA, R. L. et al. Precisão experimental em ensaios com a cultura do feijão. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 33, n. 1, p. 113–119, 2009.

DE RESENDE, M. D. V. et al. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (reml) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 32/33, p. 23–42, 1996.

DEMSAR, J. et al. Orange: DataMining Toolbox in Python. **Journal ofMachine Learning Research**, v. 14, p. 2349–2353, 2013.

DOEBLEY, J. Molecular Evidence and the Evolution of Maize. **Economic Botany**, v. 44, n. S3, p. 6–27, jul. 1990.

DONÁ, S. et al. Heterose e seus componentes em híbridos de populações F₂ de milho. **Bragantia**, v. 70, n. 4, p. 767–774, 2011.

DUARTE, J. DE O. et al. **Economia da Produção e utilização do milho**. [s.l: s.n.].

EICHOLZ, E. D. et al. **Milhos no Cadastro Nacional de Variedades Locais ou Crioulos para o Rio Grande do Sul**. Pelotas/RS: Embrapa Clima Temperado, 2018.

ELMORE, R.; ABENDROTH, L. **Number of rows and kernels set early in season**, 2006. (Nota técnica).

EMBRAPA. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 3^a ed. Brasília: Embrapa Solos, 2013.

FALCONER, D. S. **Introdução à Genética Quantitativa**. Tradução de SILVA, M.A.; SILVA, J.C. Viçosa, MG: UFV, Imp. Univ., 1981.

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

FERREIRA, JOSUÉ MALDONADO; MOREIRA, ROSÂNGELA MARIA PINTO; HIDALGO, JOSÉ ANTÔNIO FERNANDES. Capacidade combinatória e heterose em populações de milho crioulo. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 332–339, 2009.

FERREIRA, J. P. et al. Comparison of methods for classification of the coefficient of variation in papaya. **Revista Ceres**, v. 63, n. 2, p. 138–144, 2016.

FIESP. **Federação das indústrias do Estado de São Paulo - Safra mundial de milho 2019/2020 - 10º levantamento**, 2020.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, n. 6, p. 742–754, 1963.

FU, D. et al. Utilization of crop heterosis: A review. **Euphytica**, v. 197, n. 2, p. 161–173, 2014.

GARBUGLIO, D. D.; DE MIRANDA FILHO, J. B.; CELLA, M. Variabilidade genética em famílias s1 de diferentes populações de milho. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 31, n. 2, p. 209–213, 2009.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross

diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439–452, 1966.

Gaut, B. S.; Doebley, J. F. DNA sequence evidence for the segmental allotetraploid origin of maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 94, p. 6809 – 6814, 1997.

GIMENES, M. A.; LOPES, C. R. Isoenzymatic variation in the germoplasm of Brazilian races of maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 375–380, 2016.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba/SP: ESALQ/USP, 1985.

GOMES, L. S. et al. Resistência ao acamamento de plantas e ao quebramento do colmo em milho tropical. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 45, n. 2, p. 140–145, 2010.

GORGULHO, E. P.; MIRANDA FILHO, J. B. DE. Estudo da capacidade combinatória de variedades de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial. **Bragantia**, v. 60, n. 1, p. 1–8, 2001.

GRALAK, E. et al. Combining ability of maize hybrids for agronomic and bromatological characteristics of silage. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 13, n. 2, p. 187–200, 2014.

GRALAK, E. et al. Capacidade combinatória de híbridos de milho para produção de grãos e severidade de doenças foliares em dialelo circulante. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 14, n. Abril 2015, p. 116–129, 2015.

GRIFFING, B. Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 463, 1956.

GURGEL, F. DE L.; FERREIRA, D. F.; SOARES, A. C. S. **O coeficiente de variação como critério de avaliação em experimentos de milho e feijão**. Belém/PA: Embrapa Amazônia oriental, 2013.

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

HAYES, H. K.; GARBER, R. J. Synthetic production of high protein corn in relation to breeding. **Journal of American Society of Agronomy**, v. 2, n. 8, p. 309–317, 1919.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v. 11, p. 790–809, 1954.

HEINZ, R. et al. Seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 43, n. 4, p. 731–739, 2012.

HOPKINS, C. G. Improvement in the chemical composition of the corn kernel. **Agricultural Experiment Station**, v. 55, p. 205–240, 1899.

JAIN, H. K.; KHARWAI, M. C. **Plant Breeding: Mendelian to Molecular Approaches**. Springer Netherlands, 2004.

JUNG, M. S. et al. Capacidade geral e específica de combinação de caracteres do fruto do maracujazeiro doce (*Passiflora alata* Curtis). **Ciencia Rural**, v. 37, n. 4, p. 963–969, 2007.

KUMAR, T. S. et al. Gene Action for Yield and Morpho-Physiological Traits in Maize (*Zea mays* L.) Inbred Lines. **Journal of Agricultural Science**, v. 4, n. 5, p. 2010–2011, 2012.

LANGNER, J. A. et al. Maize: Key agricultural crop in food security and sovereignty in future with water scarcity. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 23, n. 9, p. 648–654, 2019.

LARIÈPE, A. et al. General and specific combining abilities in a maize (*Zea mays* L.) test-cross hybrid panel: relative importance of population structure and genetic divergence between parents. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 2, p. 403–417, 2017.

LI, D. et al. The genetic architecture of leaf number and its genetic relationship to flowering time in maize. **New Phytologist**, v. 210, p. 256–268, 2016.

LI, Y. et al. The genetic relationship among plant-height traits found using multiple-trait QTL mapping of a dent corn and popcorn cross. **Genome**, v. 50, n. 4, p. 357–364, 2007.

LINK, L.; RIZZOTO, ANA PAULA; DONAZZOLO, J. Produtividade e resistência a agentes bióticos de interferência em milho crioulo no Sudoeste Paranaense. **Cadernos de Agroecologia**, v. 9, n. 1, p. 1–5, 2014.

LIPPMAN, Z. B.; ZAMIR, D. Heterosis : revisiting the magic. **Trends in genetics**, v. 23, n. 2, p. 60–66, 2006.

LONNQUIST, J. H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. **Crop Science**, v. 4, p. 227–237, 1964.

LONNQUIST, J. H. Progress from Recurrent Selection Procedures for the Improvement of Corn Populations. n. 1961, 1993.

LOPES, M. A. et al. Heterose e capacidade de combinação para produção de espigas em cruzamentos diallicos de seis variedades de milho. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 20, n. 3, p. 349–354, 1985.

LOPES, M. A.; GOMES E GAMA, E. E.; MAGNAVACA, R. Estabilidade da produção de grãos de seis variedades de milho e seus respectivos híbridos intervartetais. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 427–431, 1985.

LOPES, S. J. et al. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v. 37, n. 6, p. 1536–1542, 2007.

MACHADO, A. T.; SANTILLI, J.; MAGALHÃES, R. A agrobiodiversidade com enfoque agroecológico : implicações conceituais e jurídicas. **Texto para discussão 34**, p. 102, 2008.

MACHADO, ALTAIR TOLEDO; NASS, L. L.; PACHECO, C. A. P. Cruzamentos intervartetais de miho avaliados em esquema dialélico parcial. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 7, n. 3, p. 291–304, 2008.

MAIA, M. C. C. et al. Seleção Simultânea para produção, Adaptabilidade e Estabilidade Genotípicas em Clones de Cajueiro, via Modelos Mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43–50, 2009.

MATIAS, M. A. et al. Análise de padrões de comportamento de preços com fins de projeção de receita: testes estatísticos em uma série temporal de preços da commodity

cobre. **Brazilian Business Review**, v. 2, n. 2, p. 113–130, 2005.

MELO, A. V. DE et al. Capacidade combinatória de milho para produção de grãos sob níveis de fósforo. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 4, n. 4, p. 15–25, 2017.

MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V. DE; CRISTINA, I. RESGATE DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO NA REGIÃO DE VIÇOSA-MG - Resumos do II Congresso Brasileiro de Agroecologia. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 2, n. 1, p. 1145-1148, 2007.

MOHALLEM, D. F. et al. Evaluation of the coefficient of variation as a precision measure in experiments with broilers. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n. 2, p. 449–453, 2008.

MURTADHA, M. A.; ARIYO, O. J.; ALGHAMDI, S. S. Analysis of combining ability over environments in diallel crosses of maize (*Zea mays*). **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, v. 17, n. 1, p. 69–78, 2018.

NASCIMENTO, M. M. A.; TABOSA, J. N.; TAVARES FILHO, J. J. Avaliação de cultivares de milho no agreste semi-árido de Pernambuco. **Engenharia Agrícola**, v. 7, n. 1, p. 53–56, 2003.

NASS, L. L. **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007.

NETO, J. F. B. et al. **Milho**. In: BARBIERE, R. L.; STUMPF, E. R. T. Origem e Evolução de Plantas Cultivadas. 1ª ed. Brasília/DF, 2008.

OLIBONI, R. et al. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações- base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 34, n. 1, p. 7–18, 2013.

OLIVEIRA, T. F. et al. Uptake and exportation of micronutrients in high productivity corn fields. **Revista AgroAmbiente on-Line**, v. 13, n. 0, p. 55–67, 2019.

PAES, M. C. D. **Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho**. Sete lagoas/MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2006.

PATERNIANI, E. Selection Among and Within Half-Sib Families in a Brazilian Population of Maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 7, n. 3, p. 212, 1967.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento de milho. In: **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 2005

PATERNIANI, E.; GOODMAN, M. M. **Races of maize in Brazil and adjacent areas**. Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo, México. 1977.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: UDRY, C.W.; DUARTE, W. (Org). Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos. Brasília: Paralelo 15, 2000.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. Estimates of genetic parameters in a maize composite and potential for recurrent selection. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 1, p. 81–85, 2004.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. POTENCIAL PRODUTIVO E HETEROSE DE HÍBRIDOS DE POPULAÇÕES F₂ DE MILHO NO ESTADO DE SÃO PAULO. **Cadernos de Ciência e Tecnologia**, v. 27, n. 1/3, p. 29–46, 2010.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

PEREIRA, L. K. et al. Heterozygosity following half-sib recurrent selection in popcorn using isoenzyme markers. **Electronic Journal of Biotechnology**, v. 11, n. 1, 2008.

PIPERNO, D. R.; FLANNERY, K. V. The earliest archaeological maize (*Zea mays* L .) from highland Mexico : New accelerator mass spectrometry dates and their implications. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 98, n. 4, p. 2101–2103, 2001.

PRASANNA, B. M. Diversity in global maize germplasm : Characterization and utilization. **Journal of Biosciences**, v. 37, n. 10, p. 843–855, 2012.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012.

REIS, E. F. DOS et al. Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 4, p. 749-761, 2002.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.

RESENDE, M. D. V. DE. **SELEGEN-REML/BLUP - Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via Modelos lineares Mistos**. Colombo/PR: Embrapa Florestas, 2007.

REZENDE, W. S. et al. Desenvolvimento e produtividade de grãos de milho submetido a níveis de desfolha. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 50, n. 3, p. 203–209, 2015.

RIBEIRO E SOUZA, A. R. et al. Predicting the genetic gain in the Brazilian white maize landrace. **Ciência Rural**, v. 39, n. 1, p. 19–24, 2009.

RODRIGUES, F. et al. Capacidade de combinação entre linhagens de milho visando à produção de milho verde. **Bragantia**, v. 68, n. 1, p. 75–84, 2009.

SANDRI, C. A.; TOFANELLI, M. B. DIAS. Milho crioulo: Uma alternativa para rentabilidade no campo. **Pesquisa Agropecuaria Tropical**, v. 38, n. 1, p. 59–61, 2008.

SANTOS, H. G. et al. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 3. ed. Brasília, DF: 2006.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. A evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: **Tecnologia de produção do milho**. UFV ed. Viçosa/MG: [s.n.]. p. 55–83.

SWIGONOVA, Z.; LAI, J.; MA, J.; RAMAKRISHNA, W.; LLACA, V.; BENNETZEN, J.; MESSING, J. On the tetraploid origin of the maize genome. **Comparative and Functional Genomics**, v. 5, p. 281–284, 2004.

SCAPIM, ALBERTO CARLOS; CARVALHO, CLAUDIO GUILHERME PORTELA; CRUZ, COSME DAMIÃO. Uma proposta de classificação do coeficiente de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 30, n. 5, p. 683–686, 1995.

SCAPIM, ALBERTO CARLOS; CRUZ, C. D.; ARAÚJO, J. M. Cruzamantoss dialélicos entre cultivares de milho doce. **Horticultura Brasileira**, v. 13, p. 18–21, 1995.

SCAPIM, CARLOS ALBERTO et al. Análise dialélica e heterose de populações de milho pipoca. **Bragantia**, v. 61, n. 3, p. 219–230, 2002.

SCAPIM, C. A. et al. Anpalise de cruzamentos dialélicos entre variedades de milho doce-Su. **Revista Ceres**, v. 43, n. 245, p. 54–64, 1996.

SHAH, S. A. I. et al. Combining ability analysis in newly developed inbred lines of maize (*Zea mays* L.). **Pakistan Journal of Agricultural Research**, v. 28, n. 3, p. 217–222, 2015.

SHAW, R. G. Maximum-likelihood approaches applied to quantitative genetics of natural populations. **Evoution**, v. 41, n. 4, p. 812–826, 1987.

SHULL, G. H. What is “heterosis”? **Genetics**, v. 33, p. 439–446, 1948.

SILVA, DANILO FERNANDO GUIMARÃES et al. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos. **Bragantia**, v. 75, n. 4, p. 401–410, 2016.

SILVA, A. R. DA et al. Avaliação do coeficiente de variação experimental para caracteres de frutos de pimenteiras. **Revista Ceres**, v. 58, n. 2, p. 168–171, 2011.

SILVEIRA, D. C. et al. Caracterização agromofologica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.) Na região noroeste do Rio Grande do Sul Introdução. **Rivista Ciência e Tecnologia**, v. 1, n. 1, p. 1–11, 2015.

SMITH, C. W. **Corn: origin, history, technology and production**. Hoboken, NJ: Wiley, 2004.

SOHAIL, A. et al. Estimation of genetic variability, heritability, index of variation and correlation in the half sib families of CIMMYT maize population CZP-132011. **Pure and Applied Biology**, v. 7, n. 1, p. 365–373, 2018.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. **Journal American Society of Agronomy**, v. 34, p. 1923–1932, 1942.

SUBRAMANIAN, A.; SUBBARAMAN, N. Hierarchical cluster analysis of genetic diversity in Maize germplasm. **Journal of Plant Breeding**, v. 1, n. 4, p. 431–436, 2010.

UDRY, C. V.; DUARTE, W. **Uma história brasileira do milho - o valor dos recursos genéticos**. Brasília, DF: Paralelo, 2000.

VEGA, C. R. et al. Seed number as a function of growth. A comparative in Soybean , Sunflower , and Maize. **Physiology**, v. 41, n. 2, p. 748–754, 2001.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

VILLA, T. C. C. et al. Defining and identifying crop landraces. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, v. 3, n. 3, p. 373–384, 12 dez. 2005.

WARTHA, C. A. et al. Sample sizes to estimate mean values for tassel traits in maize genotypes. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, p. 1–13, 2016.

WU, F.; GUCKU, H. Global maize trade and food security: Implications from a social network model. **National Institutes of Health**, v. 33, n. 12, p. 1–18, 2014.

YAO, W. H. et al. Diallel analysis models: A comparison of certain genetic statistics. **Crop Science**, v. 53, n. 4, p. 1481–1490, 2013.

ZAKIULLAH et al. Combining ability analysis for morphological traits in 6 × 6 diallel crosses of maize (*Zea mays* L.) Opvs in Nowshehra (KPK) Pakistan. **Sarhad Journal of Agriculture**, v. 35, n. 1, p. 182–186, 2019.

ZEVEN, A. C. Landraces : A review of definitions and classifications. **Euphytica**, v. 104, p. 127–139, 1998.

ZHOU, G. et al. Genetic composition of yield heterosis in an elite rice hybrid. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 109, n. 39, p. 15847–15852, 2012.

ZSUBORI, Z. et al. Inheritance of Plant and Ear Height in Maize (*Zea mays* L .). **Hungarian Academy of Sciences**, v. 9, p. 1–6, 2002.