



CINTHIA SOUZA RODRIGUES

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE
MILHO POR MEIO DE *TOPCROSSES*
CONDUZIDOS EM AMBIENTES
CONTRASTANTES**

LAVRAS – MG

2014

CINTHIA SOUZA RODRIGUES

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO POR MEIO
DE *TOPCROSSES* CONDUZIDOS EM AMBIENTES CONTRASTANTES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Melhoramento Genético de Plantas de Importância na Região, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador

Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Coorientador

Dr. Cleso Antônio Patto Pacheco

LAVRAS – MG

2014

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Coordenadoria de Produtos e
Serviços da Biblioteca Universitária da UFLA**

Rodrigues, Cinthia Souza.

Seleção de progênies endogâmicas de milho por meio de
Topcrosses conduzidos em ambientes contrastantes / Cinthia Souza
Rodrigues. – Lavras : UFLA, 2014.
72 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.
Orientador: Renzo Garcia Von Pinho.
Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. Seleção genética. 3. Capacidade de combinação.
I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.153

CINTHIA SOUZA RODRIGUES

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO POR MEIO
DE *TOPCROSSES* CONDUZIDOS EM AMBIENTES CONTRASTANTES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Melhoramento Genético de Plantas de Importância na Região, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 28 de Fevereiro de 2014.

Dr. Cleso Antônio Patto Pacheco

EMBRAPA

Dr. João Cândido de Souza

UFLA

Dr. Renzo Garcia Von Pinho
Orientador

LAVRAS - MG

2014

A Deus.

OFEREÇO

A toda minha família e amigos pelo carinho, apoio e suporte.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, sem Ele nada disso seria possível.

Aos meus pais, Évia e Arnaldo, e a meu irmão Júnior, pelo apoio em todos os momentos de minha vida.

À Universidade Federal de Lavras e ao programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade concedida.

Ao meu orientador, professor Renzo Garcia Von Pinho, pela orientação, pelos ensinamentos transmitidos e pela confiança em todos os momentos da pós-graduação.

À Embrapa Tabuleiros Costeiros, em especial, a meu coorientador, Dr. Cleso Antônio Patto Pacheco, pela amizade, conselhos, apoio e ajuda sempre concedida.

Aos professores de Pós-Graduação, especialmente ao Prof. Magno, pelos ensinamentos e conselhos que muito ajudaram.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos, tornando possível a realização deste trabalho.

Aos companheiros do grupo do milho-UFLA, pela amizade e convivência.

A todos os amigos do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, especialmente, Marcinho, Scheila, Danilo, Marcela, Josiel, Natália Padilha, Lalá e Vavá pelas horas de estudos, diversão, convivência, aprendizado e amizade.

Aos funcionários Lilian, Dona Iron e Du, por estarem sempre dispostos a ajudar.

Aos amigos de Lavras, Vivi, Gabi, Evellyn, Glorinha, Marcela, Bel, Carol e Thiago pelos momentos de distração, apoio e amizade.

Ao Guilherme pelo incentivo e companheirismo.

Ao GEN, por facilitar o acesso à informação, pela disponibilização de livros e outros.

Aos amigos de Aracaju, Camila, Carol, Débora, Lucianinho, Helber, Lekinho e Valbert que, mesmo de longe sempre, torcem muito por mim.

A todos, que de algum modo, contribuíram para que fosse possível a realização deste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

Muito obrigada!

RESUMO

Com o objetivo de identificar progênies endogâmicas de milho $S_{0.1}$, em *topcrosses*, eficientes em baixo nível de tecnologia e responsivos em alto nível de tecnologia, foram criados dois ambientes contrastantes, por meio da utilização de dois níveis de adubação de base e em cobertura, de modo que as diferenças nos níveis de N, P e K aplicados foram quatro vezes maiores de uma área para a outra. Foram utilizadas progênies $S_{0.1}$, provenientes de híbridos comerciais, em *topcross*, com dois testadores (T_1 - linhagem elite do grupo heterótico duro; T_2 - linhagem elite do grupo heterótico dentado). As progênies foram avaliadas, juntamente com três testemunhas, no delineamento experimental blocos aumentados, na estação experimental da Embrapa Tabuleiros Costeiros, em Nossa Senhora das Dores – SE, na safra agrícola de 2010. Os resultados obtidos permitiram verificar que a produtividade média de grãos, em alto nível tecnológico, foi 21,44% superior ao obtido no baixo nível tecnológico. Não ocorreram alterações no comportamento das progênies, nos dois níveis tecnológicos, para produtividade de grãos. Os testadores não se diferenciaram na produtividade média de grãos das progênies nos dois níveis de tecnologia. É possível selecionar progênies, oriundas de híbridos comerciais, responsivas e eficientes à adubação.

Palavras - chave: *Zea mays*. Seleção genética. Capacidade de combinação.

ABSTRACT

This study aimed at identifying inbreeding progenies of $S_{0.1}$ corn plants, using topcrosses, which are efficient in low technology and responsive in high technology level. Two contrasting environments were created using two levels of base fertilizing and topdressing, in a way that the different levels of N, P and K applied were four times higher from one environment to the other. We used $S_{0.1}$ progenies, derived from commercial hybrids, on topcross with two testers (T_1 - elite line from the Flint heterotic group; T_2 - elite line from the Dent heterotic group). The progenies were evaluated, along with three witnesses, in an augmented block design, at the Embrapa Tabuleiros Costeiros experimental station, in Nossa Senhora das Dores – SE, Brazil, during the 2010 crop season. The results obtained allowed us to verify that the average grain productivity at a high technological level was 21,44% superior than that obtained at a low technological level. There were no alterations in progeny behavior in both technological levels for grain productivity. The testers did not differ from each other for average in grain productivity of progenies in both technological levels. It is possible to select responsive and efficient to fertilization progenies, derived from commercial hybrids.

Keywords: *Zea mays*. Genetic selection. Combining capacity.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Médias de peso de espiga do <i>topcross</i> 1, <i>topcross</i> 2 e testemunhas em baixo nível de tecnologia e alto nível de tecnologia.....	45
Figura 2	Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos <i>topcrosses</i> com o testador 1	54
Figura 3	Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos 48 melhores <i>topcrosses</i> com o testador 1	54
Figura 4	Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos <i>topcrosses</i> com o testador 2	55
Figura 5	Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos 48 melhores <i>topcrosses</i> com o testador 2	55

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Características dos híbridos comerciais usados como genitores.....	30
Tabela 2	Progênes endogâmicas avaliadas nos <i>topcrosses</i> 1, com a linhagem testadora dura, e nos <i>topcrosses</i> 2, com a linhagem testadora dentada.....	33
Tabela 3	Análises químicas do solo amostrado à profundidade de 0 a 20cm e 20 a 40cm, na área experimental	36
Tabela 4	Quadrados médios e significâncias, coeficientes de variação (CV %), da análise de variância conjunta para as características altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), estande (ST), plantas quebradas e plantas acamadas (PQAC), número de espigas (NE), porcentagem de espigas doentes (NED), peso de espiga (PESP).....	44
Tabela 5	Médias de peso de espiga Kg.ha ⁻¹ dos <i>topcrosses</i> e testemunhas nos dois níveis de tecnologia (NT).....	46
Tabela 6	Quadrados médios e significância da análise dialélica conjunta para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE) e peso de espiga (PESP).....	48
Tabela 7	Estimativas da capacidade geral de combinação (gi) dos genitores do grupo II (CGC Test.) e das 25 melhores progênes do grupo I (CGC Prog.) para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção espiga (AE) e peso de espiga (PESP), médias dos dois ambientes	49
Tabela 8	Estimativas das capacidades específicas de combinação (CEC) no dialelo parcial, das 20 melhores progênes, realizado entre os testadores para os caracteres, altura da planta (m), altura de inserção de espiga (cm) e peso de espiga(kg.ha ⁻¹).....	51

Tabela 9	Porcentagem de coincidência com diferente intensidades de seleção (I), para o caráter peso de espiga, em dois níveis de tecnologia	52
----------	--	----

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1	Aspectos gerais da cultura do milho.....	15
2.2	Fatores tecnológicos utilizados no cultivo do milho.....	17
2.3	Interação Genótipos x Ambientes.....	19
2.4	Seleção de plantas eficientes e responsivas a níveis de adubação.	22
2.5	Dialelo, <i>Topcross</i> e Capacidade de combinação.....	24
3	MATERIAIS E MÉTODOS	29
3.1	Local.....	29
3.2	Escolha dos genitores.....	29
3.3	Obtenção das progênies endogâmicas.....	31
3.4	Obtenção dos <i>topcrosses</i>	31
3.5	Delineamento experimental e avaliação dos <i>topcrosses</i>	33
3.6	Análises dos <i>topcrosses</i>	36
3.7	Análise dialélica.....	38
3.8	Índice de coincidência entre <i>topcrosses</i>	39
3.9	Diferenciação das progênies eficientes e responsivas em níveis de tecnologia.....	39
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
5	CONCLUSÕES	56
	REFERÊNCIAS	57
	ANEXOS	63

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma das espécies com maior importância econômica no mercado mundial e isso se deve, principalmente, ao cultivo de híbridos e/ou variedades melhoradas e adaptadas a ambientes adversos, os quais possibilitaram a quebra da barreira de produtividade das variedades no início do século XX.

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA), em 2008, iniciou um programa de melhoramento de milho na região Nordeste do Brasil. Esse programa visa à obtenção de variedades, híbridos intervarietais e híbridos convencionais (duplos, triplos e simples), adaptados às principais regiões produtoras de milho da região Nordeste, por meio da obtenção e combinação de linhagens obtidas localmente.

O sucesso de um programa de melhoramento é tão dependente dos ambientes escolhidos para teste quanto do germoplasma utilizado na seleção. Os programas convencionais de melhoramento avaliam um grande número de genótipos, em poucos ambientes na fase inicial, seguida de um incremento no número de ambientes à medida que os genótipos selecionados vão sendo reduzidos a cada fase de avaliação. A proporção entre o número de genótipos avaliados e o número de ambientes utilizados em cada fase, depende em grande parte do poder econômico das empresas de melhoramento (RODRIGUES et al., 2013).

A interação genótipos x ambientes onera os programas de melhoramento, já que precisam avaliar os materiais numa série de ambientes representativos da região ou das condições edafoclimáticas, onde deverão ser posicionados para desempenhar todo seu potencial genético bem como para evitar problemas econômicos com suas fragilidades. Contudo, é possível reduzir

os custos e o tempo de instalação do experimento, simulando variações ambientais, por meio de níveis de fertilizantes e de outros fatores que podem ser controlados.

Uma forma de otimizar a seleção de genótipos é criando ambientes diferenciados quanto ao nível de tecnologia. Método útil e capaz de identificar materiais superiores e condizentes com os resultados obtidos numa série ambiental representativa.

No entanto, é pouco comum a utilização de áreas contrastantes extensas o suficiente para o desenvolvimento de cultivares, e menos comum ainda, a utilização de áreas contrastantes para os três elementos, nitrogênio (N), fósforo (P) e potássio (K), concomitantemente, representando os extremos ambientais a que as cultivares poderão ser submetidas.

A hipótese que orientou esta filosofia de trabalho é a de que uma cultivar que seja ao mesmo tempo produtiva, em baixo nível de tecnologia, representado por baixos níveis de fornecimento de N, P e K, e responsiva em alto nível de tecnologia, representado por altos níveis de fornecimento de N, P e K, seja o genótipo ideal por sua alta performance em condições favoráveis e estabilidade em condições desfavoráveis. Dessa forma, este trabalho foi realizado com o objetivo de selecionar progênies endogâmicas de milho, por meio de *topcrosses*, eficientes em baixo nível de tecnologia e, ao mesmo tempo, responsivos em alto nível de tecnologia.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos gerais da cultura do milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie que pertence à família Poacea (Gramineae) descende do ancestral conhecido como Teosinto. O México e a Guatemala são considerados países que deram origem ao milho, aproximadamente, de sete a dez mil anos atrás. Entre as plantas cultivadas, é uma das mais antigas e seu alto nível de domesticação, associado ao extenso trabalho do melhoramento, tornou esta cultura altamente dependente da ação humana (GALINAT, 1995; SILOTO, 2002).

Atualmente o milho é insumo para produção de uma centena de produtos, que compreendem desde o campo farmacêutico até a fabricação de cosméticos, graxas, resinas, etc. Possui, assim, as mais diversificadas formas de uso, podendo ser destinado tanto para o consumo humano e para alimentação de animais quanto para a indústria de alta tecnologia, fato este que caracteriza sua grande importância econômica (MAGALHÃES et al, 2002).

Dentre todas as culturas, o milho é, sem dúvida, o exemplo mais notável da utilização do processo da hibridação. Linhagens autofecundadas e produção de sementes híbridas são de fácil obtenção nos programas de melhoramento de milho em virtude da característica monoica desta planta, que a torna apta à realização de cruzamentos controlados e autofecundações (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001).

Em 1909, Shull criou o primeiro esquema para produção de sementes híbridas de milho. Ele percebeu que, ao autofecundar a planta, eram produzidos descendentes menos vigorosos. Repedindo o processo nas seis ou oito gerações seguintes, os descendentes, embora de menor vigor, fixavam características agrônomicas importantes, como plantas saudáveis e uniformes. Shull notou que

duas linhagens puras diferentes, ao serem cruzadas entre si, produzem descendentes com grande vigor, chamadas de vigor híbrido ou heterose, dando origem ao milho Híbrido (CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA, 2010).

Segundo Hallauer (1990), entre as contribuições da ciência para a sociedade, desde o aparecimento do homem até os dias atuais, o milho híbrido se destaca, tendo contribuído para expressivos aumentos na produtividade de grãos dessa importante gramínea em todo o mundo e com repercussão em todas as espécies cultivadas.

Atualmente o milho é produzido em mais de 150 milhões de hectares, em 125 países em desenvolvimento. Os Estados Unidos e a China são os maiores produtores, seguido pelo Brasil. Embora o Brasil ocupe a terceira posição, a produtividade é baixa quando comparado aos maiores produtores mundiais. Entre os principais fatores para essa baixa produtividade, está o grande número de pequenos produtores que conduzem lavouras com baixa tecnologia, a baixa densidade de plantio, a implantação da cultura fora da época adequada, o uso de cultivares com baixa adaptação à região e/ou ao sistema de produção adotado, a correção e a adubação do solo sem análise prévia de solo e o baixo uso de fertilizantes, especialmente, a adubação nitrogenada em cobertura. (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA, 2008).

No cenário brasileiro, as regiões com menores produtividades de milho são o norte e o nordeste. Na região Nordeste do Brasil, a cultura do milho está sendo explorada em uma gama significativa de diferentes condições ambientais e diferentes sistemas de cultivo. A produtividade é baixa ($2.089\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), em decorrência, principalmente, da predominância de sistema de produção que utilizam pouca ou nenhuma tecnologia de produção e das irregularidades

climáticas que provocam, muitas vezes, as frustrações de safras (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2013).

Nota-se que o uso de sementes de variedades melhoradas, por si só, melhora bastante o rendimento da cultura, mesmo que o agricultor não utilize outras tecnologias no seu sistema de produção. Por essa razão e, considerando que grande parte dos produtores de milho do Nordeste brasileiro tem limitação de capital, o que lhes impede de adotar tecnologias que demandem aumentos nos custos de produção e, conseqüentemente, de riscos, é que justifica a prioridade de se obter e difundir cultivares de milho melhor adaptadas para a região (CARVALHO et al.,1999).

2.2 Fatores tecnológicos utilizados no cultivo do milho

O milho é uma cultura que tem alto potencial produtivo, seu cultivo geralmente é mecanizado, beneficiando-se muito de técnicas modernas. Avanços tecnológicos no cultivo de milho vêm proporcionando incrementos significativos em produtividade.

Nos sistemas de produção, os fatores tecnológicos podem ser divididos em "construção da produtividade" e "proteção de produtividade". Os fatores de construção da produtividade são: a) genético – cultivares; b) manejo cultural – precisão na semeadura; c) fertilidade do solo, nutrição e adubação; d) clima – disponibilidade espacial e temporal de água e temperatura. Os fatores de proteção da produtividade são aqueles que possibilitam a colheita da produção que tem sido construída: a) controle de plantas daninhas; b) controle de pragas; c) controle de doenças; d) manejo da colheita. Ênfase é dada aos "fatores de construção da produtividade", pois são esses que aumentam a produtividade em

termos de quilogramas por hectare (COELHO; CRUZ; PEREIRA FILHO, 2004).

A produtividade média de milho no Brasil ainda é baixa, em torno de $5.000\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, entretanto, em condições experimentais e em cultivos comerciais de alta tecnologia já foram atingidas produtividades superiores a $15.000\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Dentre os fatores que têm limitado as altas produtividades, os baixos níveis de nutrientes presentes nos solos juntamente com o uso inadequado de calagem e adubações, principalmente, com nitrogênio e potássio, figura entre os principais (BRITO et al., 2012).

O fornecimento adequado de nutrientes contribui, de forma significativa, tanto no aumento da produtividade como no aumento do custo da produção. Nesta situação, a otimização de eficiência nutricional é fundamental para ampliar a produtividade e reduzir o custo de produção. Vários fatores, como clima, solo, planta e suas interações afetam a absorção e a utilização de nutrientes pelas plantas. Para a eficiência máxima de nutrientes, esses fatores devem estar em condições favoráveis para o desenvolvimento da cultura (FAGERIA, 1998).

O potencial produtivo da cultura de milho pode ser expresso, quando as suas exigências nutricionais são plenamente atendidas, pois sua extração de nutrientes do solo é considerada grande. Normalmente, os agricultores, que obtêm alta produtividade (Kg/ha^{-1}), aplicam altas doses de fertilizantes (N, P e K), geralmente, acima dos níveis recomendados em suas regiões (COELHO; CRUZ; PEREIRA FILHO, 2004).

As necessidades nutricionais de uma planta são determinadas pela quantidade de nutrientes que esta extrai durante o seu ciclo. A extração total dependerá do rendimento obtido e do acúmulo de nutrientes nos grãos e na palhada. Assim, para produção de grãos, será necessário colocar à disposição da planta a quantidade total de nutrientes que esta extrai que devem ser fornecidos

pelo solo e por meio de adubações. Coelho (2006) pelos experimentos com milho em doses moderadas a altas de fertilizantes, observou que a extração de nitrogênio, fósforo, potássio, cálcio e magnésio, aumenta, linearmente, com o aumento na produção e que a maior exigência do milho refere-se a nitrogênio e potássio, seguindo-se cálcio, magnésio e fósforo.

Para a produção de grãos em condições limitantes de disponibilidade de nutrientes, é fundamental a geração de informações mais detalhadas sobre a disponibilidade de genótipos eficiente e ineficiente no uso de adubação, possibilitando melhor caracterização de genótipos e identificação de fontes de alelos favoráveis para estresses e ambientes favoráveis, simultaneamente.

No melhoramento de plantas para a identificação de cultivares eficientes na absorção e utilização do nutriente, é necessário estabelecer métodos rápidos, de baixo custo e que permitam discriminar germoplasmas com alta repetibilidade dos resultados e avaliar grande quantidade de plantas, famílias ou populações.

2.3 Interação Genótipos x Ambientes

A interação genótipos x ambientes (GxE) é decorrente do comportamento não consistente dos genótipos testados em vários ambientes. O ambiente corresponde a uma série de condições sob as quais as plantas são cultivadas, podendo ser: local, ano, tratos culturais, época de semeadura ou mesmo a junção desses fatores (ALLARD; BRADSHAW, 1964). Estes autores classificam as variações ambientais que contribuem para a interação em: (1) previsíveis, que incluem as características gerais do solo, comprimento do dia, insolação e os aspectos relacionados com a ação do homem, como época de semeadura, densidade de semeadura, níveis de adubação e outras práticas agrônômicas e (2) imprevisíveis, as quais consideram as flutuações no clima,

como quantidade e distribuição das chuvas, variações da temperatura, dentre outras.

A interação genótipos x ambientes pode ser de natureza simples ou complexa. Na simples ou quantitativa, a classificação dos genótipos não se altera nos ambientes avaliados, ou seja, a interação corresponde às mudanças nas magnitudes das diferenças entre os genótipos, proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos. A complexa ou qualitativa ocorre quando a correlação genética é baixa, causando uma mudança na classificação dos genótipos, ou seja, é responsável pela falta ou pela reduzida correlação genética entre os comportamentos dos genótipos nos ambientes (CRUZ; CASTOLDI, 1991).

O conhecimento dos componentes da interação é muito importante na tomada de decisão por parte do melhorista (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Quando a interação é simples, o trabalho do melhorista é facilitado, pois a recomendação das cultivares pode ser feita de maneira generalizada. Por outro lado, na presença de interação complexa, a recomendação é restrita a ambientes específicos, o que dificulta a recomendação de cultivares com maior adaptabilidade (NUNES et al., 2002).

A natureza da interação deve ser atribuída a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada cultivar. Em termos genéticos, a interação ocorre quando a contribuição dos alelos que determinam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos difere entre os ambientes. Isso ocorre porque a expressão dos alelos pode ser influenciada e/ou regulada pelo ambiente (KANG, 1998).

Geralmente os programas de melhoramento são conduzidos sob condições ambientais bem controladas visando reduzir erro ambiental e aumentar a herdabilidade. Acredita-se que esta é a principal razão pela qual a seleção tenha sido feita em condições ótimas, mas, esta não parece ser a melhor estratégia para selecionar genótipos para ambientes com estresses (BANZIGER;

COOPER, 2001). A seleção em condições ótimas pode não ser a condição ideal para que estas variedades sejam as mais produtivas em áreas consideradas marginais ou sob estresses. É por demais conhecido que, se os ambientes são suficientemente diferentes, os genótipos avaliados e desenvolvidos, para este ambiente, podem apresentar comportamentos bastante diferenciados e manifestar uma interação genótipos x ambientes do tipo complexa (PACHECO, 1987; CECCARELLI; GRANDO; HAMBLIN, 1992).

Vencovsky e Barriga (1992) investigaram a natureza intrínseca do componente de variância da interação genótipos x ambientes (σ^2_{GA}), considerando um modelo simples de um gene com dois alelos (BB, Bb e bb), avaliados numa série de ambientes, que variam de 1 até e , resultando em mudanças nos efeitos genotípicos \mathbf{u} , \mathbf{a} e \mathbf{d} . Pode-se dizer, com isso, que esses efeitos variam de um ambiente para outro, podendo ser colocados em uma tabela de dupla entrada (genótipos x ambientes), da qual deduziram que:

$$\sigma^2_{GA} = (1/2)V_a + (1/4)V_d$$

em que:

$$V_a = (1/e-1) \sum_i^e (a_i - \bar{a})^2 \text{ e}$$

$$V_d = (1/e-1) \sum_i^e (d_i - \bar{d})^2$$

Pode-se perceber pelas equações acima, a despeito da simplicidade do modelo, a natureza, realmente, genética do componente σ^2_{GA} , ou seja, que σ^2_{GA} é decorrente da instabilidade das manifestações genotípicas entre ambientes, expressas como diferenças nos valores de \mathbf{a} e \mathbf{d} de um ambiente para o outro. Vencovsky e Barriga (1992) chamam a atenção para o fato de que, ao contrário das variâncias tradicionais, definidas entre genótipos dentro de ambientes, σ^2_{GA} é definido entre ambientes dentro de genótipos, sendo, ainda, uma variação

genética entre ambientes, porém intragenotípica. Isso demonstra que o desvio atribuído ao ambiente (E) e da interação GxE, podem ser tão importantes para o sucesso com a seleção quanto os valores genotípicos.

Portanto, mais do que para controlar os desvios atribuídos ao ambiente (E) e à interação GxE, para aumentar a herdabilidade, expressa pela relação G/P, onde P corresponde ao valor fenotípico, ambientes contrastantes, representativos da série ambiental onde os híbridos serão posicionados, podem ser criados e utilizados, em condições controladas, sob mesmo regime hídrico, para identificar os genótipos com desempenho superior em ambas às condições, como portadores de alelos responsáveis pela máxima eficiência de absorção, transporte e utilização de nutrientes no ambiente de baixa oferta de nutrientes e de alelos complementares, responsáveis pela máxima capacidade de resposta no ambiente de alta oferta de nutrientes.

2.4 Seleção de plantas eficientes e responsivas a níveis de adubação.

A identificação de populações de plantas que possuem capacidade de absorver e utilizar nutrientes de forma eficiente é extremamente importante, pois possibilita a redução dos custos de produção, a utilização de menor quantidade de nutrientes e a conservação do agroecossistema (MACHADO et al., 1998). Os melhores critérios para avaliar cultivares mais eficientes na absorção e utilização do nutriente têm sido aqueles que utilizam o crescimento e desenvolvimento das plantas, em condições de baixo nível do nutriente, verificando se a resposta ao nutriente é em decorrência do mecanismo de absorção e/ou de utilização do nutriente para produção de matéria seca (FLEMING, 1983). No entanto, esta resposta não é aplicável ao melhoramento de plantas.

A eficiência é definida como a capacidade de determinado genótipo adquirir o nutriente para incorporá-lo e utilizá-lo na produção de biomassa ou

material vegetal de rendimento econômico (BLAIR, 1993), como os grãos, no caso específico dos cereais.

Fageria e Kluthcouski (1980) desenvolveram uma metodologia para avaliação especialmente de cultivares de arroz e feijão, em condições adversas de solo. Essa metodologia pode ser utilizada em outras culturas, com pequenas modificações. Para desenvolver a metodologia, os autores determinaram dois níveis de adubação fosfatada, o nível mínimo que permitia diferenciar as cultivares eficientes em baixo nível de fósforo e o nível máximo que permitia diferenciar o potencial de resposta das cultivares ao fósforo. Os dados de produção do arroz e feijão foram utilizados como critérios para diferenciação das cultivares eficientes das não eficientes. Por essa metodologia, a produção das diferentes cultivares no nível baixo de fósforo e a resposta das cultivares em alto nível de fósforo são representados no eixo x e y do sistema de coordenadas cartesianas, respectivamente.

- a) Quadrante 1. Cultivares eficientes e responsivas: produzem bem sob condições de baixo fósforo e respondem bem a níveis crescentes do nutriente;
- b) Quadrante 2. Cultivares não eficientes, mas responsivas: produzem pouco, sob condições de baixo fósforo, mas respondem bem a níveis crescentes do nutriente;
- c) Quadrante 3. Cultivares não eficientes e não responsivas: produzem mal em baixo ou alto nível de fósforo;
- d) Quadrante 4. Cultivares eficientes, mas não responsivas: produzem bem sob condições de baixo fósforo, mas não respondem bem a níveis crescentes do nutriente, tendo, assim, baixo potencial produtivo.

Machado et al. (1999), conduzindo experimento de milho em campo, também, observaram pela mesma metodologia de Fageria e Kluthcouski (1980), diferenças entre os genótipos avaliados para eficiência quanto ao uso do P, com destaque para variedades locais e melhoradas. Furlani, Bataglia e Lima (1985), comparando em solução nutritiva 40 linhagens de milho quanto à eficiência de absorção de P, selecionaram nove como não-eficientes, com base na produção de matéria seca de parte aérea e raízes e absorção de P como características de avaliação.

É comum na literatura trabalhos relacionados à seleção de cultivares eficientes quanto ao uso de um único nutriente, sendo menos comuns estudos ligados à utilização dos três elementos, nitrogênio (N), fósforo (P) e potássio (K), para seleção de cultivares.

2.5 Dialelo, *Topcross* e Capacidade de combinação

Uma das dificuldades enfrentadas pelos melhoristas de milho é a avaliação das linhagens genitoras quanto à capacidade de combinação. Dialelos e *topcrosses* são métodos que possibilitam a expressão de heterose e permitem avaliar o desempenho das linhagens genitoras com menores influências de erros experimentais.

De acordo Ramalho et al. (2012), cruzamentos dialélicos correspondem ao intercruzamento de p genitores, dois a dois. Existem várias formas de composição do esquema dialélico. Entre eles os mais utilizados são:

- a) Dialelos completos ou balanceados: produzindo $p(p-1)/2$ híbridos, sem os cruzamentos recíprocos;
- b) Dialelos parciais: envolve dois grupos de genitores distintos e seus respectivos cruzamentos;

- c) Dialelo circulante: os genitores são representados pelo mesmo número de combinações híbridas e o número de vezes que um genitor participa dos cruzamentos é sempre inferior a $p-1$.

As metodologias de análise dialélica permitem obter estimativas de parâmetros genéticos úteis na seleção dos genitores para hibridação e no entendimento da natureza e magnitude dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Na prática, os dialélicos limitam o número de linhagens a serem utilizadas e requerem muito esforço nas polinizações manuais para obtenção de todos os cruzamentos desejados. Para contornar esse problema, os melhoristas têm optado pelo método de *topcrosses*, proposto por Davis (1924), para testar linhagens em programas de milho híbrido, o qual consiste em avaliar o mérito relativo de um grande número de linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando as de desempenho agrônômico inferior, tornando mais racional e eficiente o programa de híbridos (NURMBERG et al., 2000).

O uso de *topcrosses*, para avaliar linhagens em programas de milho híbrido, vem sendo muito utilizado, mostrando-se fácil, eficiente e confiável. Segundo Hallauer e Miranda Filho (1988), o método tem os seguintes objetivos: a) avaliação da capacidade de combinação de linhagens e, b) avaliação do valor genético dos genótipos da população a melhorar.

Sprague e Tatum (1942) foram os primeiros a propor o termo capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). De acordo com esses autores, a CGC corresponde o desempenho médio de um genitor em combinações híbridas. Já a CEC é quanto o comportamento de combinações híbridas mostra-se superior ou inferior ao que seria esperado, com base no comportamento médio dos genitores envolvidos.

De acordo com Vencovsky (1987), considerando um loco com dois alelos, a capacidade geral de combinação (CGC) é obtida pela expressão $CGC = (p_i - \bar{p})[a + (1 - 2t)d]$, em que p_i é a frequência do alelo favorável na linhagem sendo cruzada; p é a frequência alélica média de todas as linhagens que estão sendo avaliadas; t é a frequência alélica média do testador utilizado; a é o desvio dos locos em homozigose em relação à média e d é o desvio do heterozigoto em relação à média.

A capacidade geral de combinação depende, diretamente, das diferenças de frequências alélicas. Quando os genótipos possuem elevadas frequências dos alelos favoráveis espera-se obter maiores capacidades de combinação. A capacidade geral de combinação é, também, dependente da frequência alélica do testador. No caso de um testador com frequência alélica $t = 0$, a variância genética é crescente para qualquer nível de dominância, permitindo, assim, discriminar as linhagens que estão sendo avaliadas (RAWLINGS; TOMPSON, 1962). Entretanto, essas considerações são baseadas em um loco com dois alelos.

A capacidade geral de combinação (CGC) é associada, principalmente, a efeitos aditivos dos genes, enquanto a capacidade específica de combinação (CEC) é determinada por efeitos de dominância e epistasia (SPRAGUE; TATUM, 1942). As baixas estimativas positivas ou negativas de CEC significam que o comportamento de determinado híbrido é função da capacidade geral de combinação (CGC) de seus parentais, enquanto valores absolutos altos de CEC indicam que algumas combinações são, relativamente, melhores e outras piores, com base na CGC dos parentais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A ausência de significância da CEC implica que os parentais não apresentam entre si um apreciável grau de complementação alélica em relação às frequências dos alelos nos locos que apresentam dominância (VENCOVSKY;

BARRIGA, 1992). A combinação híbrida mais favorável deve ser, portanto, aquela que apresentar maior estimativa de capacidade específica de combinação (CEC) e que seja resultante de um cruzamento em que pelo menos um dos parentais apresente elevada capacidade geral de combinação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Uma dificuldade do *topcross* é a escolha de qual testador promove a melhor discriminação entre as linhagens e é motivo de estudos e discussões. A seleção do testador ideal irá depender dos objetivos de cada programa, podendo estar fundamentada na alta ou baixa frequência de alelos favoráveis, base genética ampla ou estreita, capacidade geral ou específica de combinação, rendimento per se, número de testadores utilizados e grau de parentesco com os materiais avaliados (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995; CASTELLANOS; HALLAUER; CORDOVA, 1998; SANTOS et al., 2001).

Um bom testador, para qualquer programa de desenvolvimento de híbridos, deve oferecer simplicidade no uso, pela alta capacidade de produção de pólen e de grãos, boas características agrônômicas, gerar informação que classifique corretamente o potencial relativo das linhagens em cruzamento e maximizar o ganho genético. Além disso, para maior eficiência do programa de melhoramento, devem ser utilizados poucos testadores, sendo sugerido que apenas dois testadores divergentes devem ser suficientes para discriminação correta das novas linhagens em *topcrosses* (LI et al., 2007).

Considerando vários locos, Bernardo (2002) relata que com base em cruzamentos de linhagens de um grupo heterótico com um testador de baixa performance do mesmo grupo heterótico e um testador elite de um grupo heterótico oposto, as variâncias genéticas liberadas nos *topcrosses* apresentaram valores aproximados. Entretanto, os *topcrosses* com o testador elite do grupo heterótico oposto obtiveram maior média. Isso ocorre, pois, somente o testador

do grupo heterótico oposto possui alelos que não estão presentes no outro grupo heterótico, fazendo com que seja maximizada a média.

É importante ressaltar que a seleção para o testador elite do grupo heterótico oposto será mais efetiva, pois a resposta à seleção $RS=(x_s - x_0)h^2$ é função da média dos indivíduos selecionados, subtraída da média original dos *topcrosses*, multiplicada pelo coeficiente de herdabilidade. Como as estimativas da variância genética são similares, esperam-se, também, estimativas de mesma magnitude para as herdabilidades e, conseqüentemente, maior resposta à seleção, quando utilizada linhagem elite do grupo heterótico oposto e maior média da população selecionada (FALCONER; MACKAY, 1996).

Dessa forma, ao se utilizar, como testadores, genótipos (linhagens ou híbridos simples), elites de grupos heteróticos diferentes das linhagens a serem avaliadas, estas são discriminadas de forma tão eficiente quanto uma linhagem de baixa performance do mesmo grupo heterótico. Porém, ao se utilizar linhagens elites ou híbridos simples, tem-se a oportunidade de, além de se selecionar as linhagens com maior concentração de alelos favoráveis, selecionar, também, híbridos simples ou triplos a serem liberados comercialmente (GUEDES, 2009).

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Local

O experimento foi conduzido no campo experimental Jorge Sobral, pertencente à Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizado no município de Nossa Senhora das Dores, no estado de Sergipe. A área é georreferenciada pelas coordenadas UTM: 697.454 m N e 8.842.614 m E (24L), com 209 m de altitude. O solo é classificado em Latossolo Amarelo Distrocoeso típico, horizonte A moderado, textura média/argilosa, relevo plano, epieutrófico, bem a moderadamente drenado, sem pedregosidade.

A média anual de precipitação nos últimos 10 anos foi de 1163 mm. Pelo zoneamento agrícola de risco climático para a cultura do milho, nesse município, o plantio deve ser feito dos dias 01 de abril até o dia 20 de junho, mas o período ideal é o situado em meados do mês de maio, depois que o período chuvoso se estabiliza após as primeiras chuvas, e que permite que a cultura só precise das últimas chuvas, em meados de setembro, para a conclusão do enchimento de grãos.

3.2 Escolha dos genitores

Por meio dos resultados dos ensaios regionais de cultivares de milho da região Nordeste, foram identificados híbridos simples comerciais de boa adaptabilidade e estabilidade nessa região. Também foram verificados pelos resultados dos Ensaios Nacionais Precoce Normal e Superprecoce do Centro Oeste que esses híbridos eram os que apresentavam comportamento superior nas principais regiões produtoras de todo o país.

Baseando-se nessas avaliações, foram selecionados 17 híbridos comerciais, que foram utilizados como genitores e agrupados pelo ciclo em 9 híbridos precoces/normais e 8 híbridos superprecoces (Tabela 1).

Tabela 1 Características dos híbridos comerciais usados como genitores

Híbrido	Tipo	Cor do grão	Textura do Grão	Ciclo
A	HS	AL	SMDURO	Precoce
B	HS	AM/AL	SMDURO	Precoce
C	HS	AM/AL	SMDURO	Superprecoces
D	HS	AL	SMDURO	Precoce
E	HS	AM/AL	SMDURO	Precoce
F	HS	AL	DURO	Precoce
G	HS	LR	SMDURO	Precoce
H	HS	AM/AL	SMDURO	Precoce
I	HS	AL	SMDURO	Precoce
J	HS	AL	SMDURO	Precoce
K	HS	AL	DURO	Superprecoces
L	HS	AM/AL	SMDENT	Superprecoces
M	HS	AM/AL	SMDENT	Superprecoces
N	HS	AL	SMDURO	Superprecoces
O	HS	LR	DURO	Superprecoces
P	HT	LR	SMDURO	Superprecoces
Q	HS	AM	DENT	Superprecoces

Cor do Grão: AL - Alaranjado; LR - Laranja; AM - Amarela

3.3 Obtenção das progênies endogâmicas

As progênies endogâmicas foram obtidas com base na autofecundação dos genitores “*per se*”. Inicialmente foram obtidas as gerações S_0 pela autofecundação de 5 plantas e seleção das duas melhores espigas dentro de cada genitor. Para o ciclo de autofecundação seguinte, para cada genitor, foi feito um bulk de sementes das duas melhores espigas S_0 que foram semeadas em parcelas de 8 fileiras de 5 m de comprimento no espaçamento de 70 cm entre fileiras e 20 cm entre plantas, de modo a se obter 25 plantas por fileira após o desbaste. Por ocasião do florescimento foram autofecundadas 100 a 120 plantas competitivas, vigorosas, sadias, com boa inserção de espigas, dentro de cada parcela. Cerca de 30 dias, após o florescimento, foi feita uma seleção fenotípica para sanidade de folhas e de colmo, retirando as sacolas de polinização das plantas descartadas, reservando no mínimo 70 a 80 plantas selecionadas. Por ocasião da colheita, foi feita a seleção fenotípica de colmos e de espigas, para sanidade, tipo de espiga e alinhamento das fileiras. Em média foram selecionadas cerca de 40 espigas $S_{0:1}$ (Tabela 2).

3.4 Obtenção dos *topcrosses*

Foram escolhidas como testadoras desse programa as duas linhagens elites constituintes do híbrido simples BRS 1040, que foram denominadas neste trabalho por L1, do grupo heterótico duro e por L2, do grupo heterótico dentado.

Nos meses de outubro e novembro de 2010, as 673 progênies endogâmicas $S_{0:1}$ (fileiras femininas), foram semeadas em dois lotes de despendoamento, isolados no tempo. Foram usadas fileiras de 3,0m de comprimento, espaçadas de 70 cm entre linhas e 20 cm entre plantas, de modo a se obter 15 plantas por fileira, após o desbaste. Em cada *topcross*, uma fileira

masculina, semeada com sementes de uma das linhagens testadoras, foi intercalada a cada duas fileiras femininas. O *Topcross* 1, obtido com a linhagem L1, foi semeado em outubro e o *Topcross* 2, obtido com a linhagem L 2, foi semeado em novembro de 2010.

As fileiras das progênies endogâmicas e das linhagens testadoras foram semeadas no mesmo dia. O lote isolado com o testador complementar foi semeado ao lado do primeiro, 20 dias após a emergência das plântulas. Os dois lotes isolados foram conduzidos em condições de irrigação durante todo o ciclo.

Por ocasião do pré-florescimento das fileiras femininas foi iniciado o despendoamento para a obtenção dos cruzamentos com os respectivos testadores. Os lotes isolados foram colhidos a partir da segunda quinzena de março do ano seguinte. Foram descartadas as progênies identificadas com alta incidência de doenças foliares e de colmo, as com problemas de sanidade de espigas e as que produziram menos de 650 sementes. Esse último critério foi adotado visando à seleção para capacidade de produção de sementes das $S_{0:1}$, além de garantir a quantidade de sementes remanescentes, necessária para a montagem de pelo menos 6 ensaios preliminares, com duas repetições de 25 sementes por fileira.

As espigas selecionadas dentro de cada progênie endogâmica foram debulhadas em conjunto com homogeneização das sementes, antes da contagem, para a montagem dos ensaios e as sementes remanescentes foram guardadas em câmara seca e fria para a reavaliação na safra seguinte.

A tabela 2 traz um resumo do número de progênies obtidas dentro de cada um dos genitores (de A a Q) e das que produziram sementes para serem avaliadas nos *topcrosses*, onde se pode perceber uma redução de cerca de 200 progênies em cada grupo.

Tabela 2 Progênies endogâmicas avaliadas nos *topcrosses* 1, com a linhagem testadora dura, e nos *topcrosses* 2, com a linhagem testadora dentada

	Híbridos genitores	Progênies obtidas	Progênies avaliadas	
			TC 1-2010	TC 2- 2010
1	A	40	39	33
2	B	50	41	26
3	C	41	38	34
4	D	40	18	13
5	E	81	71	77
6	F	30	17	19
7	G	7	3	2
8	H	30	28	21
9	I	50	32	26
10	J	82	75	81
11	K	54	44	45
12	L	14	3	7
13	M	27	16	18
14	N	27	14	11
15	O	32	23	25
16	P	30	9	21
17	Q	38	7	17
Total		673	477	476

Legenda: A até Q: Genitores ou híbridos comerciais.

3.5 Delineamento experimental e avaliação dos *topcrosses*

Os dois *topcrosses* foram avaliados na safra 2010 em ambientes de alta e baixa tecnologia. Foi escolhida uma área com cerca de cinco hectares, que foi dividida ao meio no sentido longitudinal, para a criação dos dois ambientes contrastantes. Foram denominados de faixa de alta tecnologia e faixa de baixa tecnologia. Foi realizada a análise química do solo, considerando amostras constituídas por subamostras retiradas nos quatro quadrantes da área total (Tabela 3).

A faixa de alta tecnologia foi corrigida com 800 kg.ha^{-1} de calcário dolomítico e receberam $180,00 \text{ kg.ha}^{-1}$ de N, $149,80 \text{ kg.ha}^{-1}$ de P_2O_5 e $85,60 \text{ kg.ha}^{-1}$ de K_2O . Já a faixa de baixa tecnologia não recebeu calcário e recebeu $45,00 \text{ kg.ha}^{-1}$ de N, $37,8 \text{ kg.ha}^{-1}$ de P_2O_5 e $21,60 \text{ kg.ha}^{-1}$ de K_2O , na forma de 535 e 135 kg.ha^{-1} de 8-28-16+Zn na semeadura, e o restante do nitrogênio em cobertura, na forma de ureia, 21 dias após a emergência, respectivamente. Os demais tratamentos culturais, como o controle de ervas daninhas e de pragas, foram idênticos para as duas condições ambientais.

Em função do grande número de tratamentos, optou-se pela utilização de apenas uma repetição por ambiente utilizando-se o delineamento de blocos aumentados de Federer. As parcelas foram constituídas de uma fileira de 6 m de comprimento com 21 plantas. Os *topcrosses* foram dispostos em blocos de 49 tratamentos dos quais 3 eram as testemunhas AG 7088, BRS 1040 e 2B707.

No *topcross 1*, com a linhagem testadora 1, foram avaliados 477 *topcrosses* e, no *topcross 2*, com a linhagem testadora 2, foram avaliados 476 *topcrosses*.

O plantio em cada ambiente foi realizado, por meio de uma semeadora de parcelas, usando o espaçamento de 50 cm entre as fileiras e de 28,5 cm entre plantas resultando na população de 70.000 plantas por hectare.

Na colheita manual, os caracteres avaliados foram:

- a) Altura de Planta (AP): altura média de seis plantas competitivas, medidas do nível do solo até o nó de inserção da folha-bandeira em metros;
- b) Altura de Inserção de Espiga (AE): altura média das mesmas seis plantas competitivas, medidas do nível do solo até a base da espiga superior no colmo, em centímetros;
- c) Estande (ST): número total de plantas no momento da colheita;

- d) Plantas Quebradas e Plantas Acamadas (PQAC): número de plantas que se apresentaram quebradas abaixo da espiga superior, no momento da colheita, juntamente com o número de plantas que apresentaram ângulo de inclinação superior a 45° com a vertical, no momento da colheita;
- e) Número de Espigas (NE): número total de espigas colhidas;
- f) Percentagem de Espigas Doentes (%ED): percentual de espigas manifestando sintomas de doenças;
- g) Peso de Espigas (PESP): peso, em quilogramas, das espigas despalhadas por parcela, posteriormente convertido para $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, utilizando a área útil da parcela, 6m x 0,50m, que corresponde a 3,0 m^2 como referência.

A colheita foi atrasada até que a umidade dos grãos foi considerada uniforme e perto de 13%, que é a umidade padrão de correção.

Tabela 3 Análises químicas do solo amostrado à profundidade de 0 a 20cm e 20 a 40cm, na área experimental

Determinação	Profundidade		Unidade
	0-20 cm	20-40 cm	
pH em água	5,046	5,428	-
Matéria orgânica	15,580	13,588	g/dm ³
Cálcio + Magnésio	3,568	3,220	cmolc/dm ³
Cálcio	2,580	2,020	cmolc/dm ³
Magnésio	0,988	1,200	cmolc/dm ³
Alumínio	0,156	0,192	cmolc/dm ³
Sódio	0,045	0,041	cmolc/dm ³
Potássio	0,146	0,118	cmolc/dm ³
Hidrogênio + Alumínio	2,746	2,364	cmolc/dm ³
Sódio	10,360	9,500	mg/dm ³
Potássio	56,760	45,980	mg/dm ³
Fósforo	7,740	7,022	mg/dm ³
pH em SMP	6,260	6,440	-
SB - Soma de Bases Trocáveis	3,760	3,378	cmolc/dm ³
CTC	6,506	5,742	cmolc/dm ³
PST	0,690	0,698	%
V - Índice de Saturação de Bases	57,900	56,600	%

Análises realizadas pelo Instituto Tecnológico e de Pesquisas do Estado de Sergipe (ITPS).

3.6 Análises dos *topcrosses*

Inicialmente, os dados dos *topcrosses* (*topcross* 1 e *topcross* 2) foram submetidos à análise de variância individual, em cada nível de tecnologia, para cada caráter separadamente usando o modelo de blocos completos aumentados (FEDERER, 1956), baseando-se no modelo estatístico:

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij},$$

em que:

Y_{ij} : é a observação do tratamento i dentro do bloco j ;

m : média geral do experimento;

g_i : é o efeito aleatório do tratamento comum e dos tratamentos regulares i ;

b_j : é o efeito aleatório do bloco j ;

e_{ij} : é o erro experimental associado ao tratamento comum y_{ij} .

Posteriormente, com base nas médias ajustadas, foi realizada análise de variância conjunta, para cada caráter separadamente, levando em consideração os dois *topcrosses* nos dois níveis de tecnologia:

$$Y_{iks} = m + t_i + a_k + ta_{ik} + e_{iks}$$

em que:

Y_{iks} : observação referente ao tratamento i , dentro do ambiente k no testador s ;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito aleatório do tratamento i ;

a_k : efeito fixo do ambiente k ;

ta_{ik} : efeito aleatório da interação entre o tratamento i e o ambiente k ;

e_{iks} : efeito aleatório do erro experimental médio das análises individuais em cada ambiente k nos dois *topcrosses*.

Na análise conjunta, foram desdobradas as somas de quadrados de tratamentos em *topcrosses*, testemunhas e seu contraste, e a interação destes com os níveis de tecnologia. Além disso, as somas de quadrados de *topcrosses* foram desdobradas para cada um dos testadores e o contraste entre os mesmos.

3.7 Análise dialélica

As médias ajustadas, dos tratamentos comuns do *topcross* 1 e *topcross* 2, excetuando as testemunhas, de cada análise individual, foram organizadas, para, então, ser realizada a análise dialélica, somente para as variáveis altura de planta, altura de inserção de espiga e peso de espiga. A análise foi realizada, de acordo com o método 4 do modelo I de Griffing (1956), adaptado para dialelos parciais em múltiplos ambientes (FERREIRA; REZENDE; RAMALHO, 1993). Utiliza-se este método quando se dispõe de um conjunto de híbridos sem seus recíprocos. Neste caso, o modelo estatístico foi:

$$Y_{rsl} = m + a_l + g_r + g'_s + s_{rs} + (ag)_{rl} + (ag')_{sl} + (as)_{rsl} + e_{rsl}$$

em que:

Y_{rsl} : valor médio observado da combinação híbrida entre o r-ésimo testador com a s-ésima linhagens no nível de tecnológico l;

a_l : efeito do nível tecnológico l (l=1,2);

g_r : efeito da capacidade geral de combinação do r-ésimo testador (r=1,2);

g'_s : efeito da capacidade geral de combinação da s-ésima progênie (s=1, 2, 3,..., 394);

s_{rs} : efeito da capacidade específica de combinação entre o testador r e a progênie s;

$(ag)_{rl}$: efeito da interação entre a capacidade geral de combinação do r-ésimo testador e o efeito do nível tecnológico;

$(ag')_{sl}$: efeito da interação entre a capacidade geral de combinação da s-ésima progênie e o efeito do nível tecnológico;

$(as)_{rsl}$: efeito da interação entre a capacidade específica de combinação entre os testadores r e as progênies s e o efeito do nível tecnológico;

e_{rs1} : erro experimental médio, obtido considerando a soma dos quadrados médios dos resíduos, ajustado para o número de observações.

3.8 Índice de coincidência entre *topcrosses*

Para se comparar a eficiência da seleção das progênes, foi estimado o índice de coincidência para diferentes intensidades de seleção (10% e 20%), que determina a proporção de progênes superiores com o mesmo comportamento nos diferentes níveis de tecnologia. Foram obtidas pela expressão apresentada por Hamblin e Zimmermann (1986):

$$I_C = \frac{C-A}{M-A} \times 100$$

em que:

IC: índice de coincidência;

A: número de *topcrosses* que coincidiriam

C: número de progênes superiores selecionadas, comum aos diferentes níveis tecnológicos;

M: número de *topcrosses* selecionados, conforme a intensidade de seleção utilizada.

3.9 Diferenciação das progênes eficientes e responsivas em níveis de tecnologia

O método de Fageria e Kluthcouski (1980) consiste na classificação dos genótipos em quatro classes, resultantes da combinação de dois fatores, segundo sua eficiência na utilização dos nutrientes em baixa disponibilidade e sua

capacidade de resposta à alta disponibilidade de nutrientes, como: eficientes responsivos, não eficientes responsivos, não eficientes não responsivos e eficientes não responsivos.

Utiliza-se a representação gráfica no plano cartesiano para classificar as cultivares. No eixo das abscissas, encontra-se a eficiência na utilização dos nutrientes; no eixo das ordenadas, encontra-se a resposta à sua utilização. O ponto de origem dos eixos é a eficiência média e a resposta média das cultivares. No primeiro quadrante são representadas as cultivares eficientes e responsivas; no segundo, as não eficientes e responsivas; no terceiro, as não eficientes e não responsivas; no quarto, as eficientes e não responsivas.

A eficiência na utilização de nutrientes corresponde à média produtividade de grãos no nível baixo de adubação (PNB). A capacidade de resposta à alta disponibilidade de nutrientes foi definida pelo parâmetro alfa, estimado pela relação:

$$\alpha = (PNA - PNB)/DEN,$$

em que:

PNA = Produtividade no nível alto de tecnologia;

PNB = Produtividade no nível baixo de tecnologia;

DEN = Diferença entre as doses de nutrientes ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$).

Para ser classificada como eficiente, uma cultivar precisa ter PNB acima da PNB média. O critério para ser classificada como responsiva é ter α acima da α média.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resumos das análises de variância conjunta para altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), estande (ST), número de plantas quebradas e acamadas (PQAC), número de espiga (NE), porcentagem de espiga doente (NED) e peso de espiga (PESP) estão apresentados na tabela 4. Neste trabalho será dada ênfase nos resultados e discussão para a característica peso de espiga. A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação (CV%) pode ser considerada alta para os caracteres AP e ST, pois os CVs foram inferiores a 10%. Para o caráter AE, NE e PESP, o CV foi inferior a 20%, o que indica média precisão experimental. Já nos caracteres PQAC e NED o CV foi superior a 30%, indicando baixa precisão experimental segundo classificação de Pimentel Gomes (1990). Para essas duas últimas características, esses CVs alto podem ser explicados pelo fato destas características terem uma distribuição binomial. É comum, na literatura, estes caracteres apresentarem elevadas estimativas de coeficientes de variação (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; CARDENAS, 2005; SILVA, 1984).

A fonte de variação nível tecnológico (NT) apresentou teste F significativo ($P \leq 0,05$), para todos os caracteres, exceto para a característica estande, indicando que os níveis tecnológicos só não influenciaram no número de plantas que se manteve no campo até o momento da colheita. Nos tratamentos foram observadas diferenças significativas para todas as variáveis, indicando a existência de variabilidade genética entre eles.

A fonte de variação tratamentos foi desdobrada em progênies (*topcross* 1, *topcross* 2 e o contraste dos *topcrosses*), testemunhas e o contraste testemunhas vs. progênies. As progênies diferenciaram-se, significativamente, para todos os caracteres, ou seja, não houve comportamento coincidente entre as progênies. No *topcross* 1 e *topcross* 2, analisando cada grupo separado,

também, observaram-se diferenças significativas dentro de cada grupo. Constatou-se que o contraste *topcross* 1 vs. *topcross* 2 apresentou significância apenas para a variável NED; as demais variáveis foram não significativas, o que indica que os testadores não se diferenciaram em relação a essas características. Os testadores utilizados foram duas linhagens elites, com locos contrastantes, constituintes do híbrido comercial BRS 1040, do programa de melhoramento da EMBRAPA, essas linhagens devem apresentar grande número de locos com alelos favoráveis fixados, “ $p=1$ ”. Segundo Vencovsky (1987), quanto maior a frequência dos alelos favoráveis no testador, menor a discriminação das progênies.

Por outro lado, o uso de testadores com alta frequência de alelos favoráveis permite identificar os melhores cruzamentos, aqueles com maior capacidade específica de combinação com esses testadores. Nesta situação, os testadores devem ser as melhores linhagens elites do programa, de grupos heteróticos distintos, como por exemplo, as duas linhagens parentais de um bom híbrido comercial (HALLAUER; CARENA, 2009). Assim, as novas linhagens identificadas em cruzamentos superiores poderia se tornar parentais diretamente de híbridos comerciais.

Comparando testemunhas vs. Progênies, verificou-se que não houve diferenças significativas entre as médias das testemunhas e das progênies para todas as características avaliadas. Em média o comportamento das progênies foi similar ao comportamento das testemunhas. Vale ressaltar que isso é desejado em um programa de melhoramento, visto que o ideal é que os genótipos avaliados possuam desempenho superior ou igual aos genótipos que já estão no mercado. Apesar de não haver diferenças significativas nesse contraste, foi observado que algumas progênies possuem médias de produtividade superior a das testemunhas, podendo essas progênies ser selecionadas.

Não ocorreu interação significativa entre tratamentos x nível tecnológico, para todas as variáveis analisadas, indicando que os tratamentos apresentaram performances coincidentes nos diferentes níveis tecnológicos (Tabela 4). Esse resultado é importante, pois possibilita selecionar progênies que são responsivas na melhoria do ambiente. Apesar dos tratamentos apresentarem comportamento coincidentes em baixo nível tecnológico e em alto nível tecnológico, é necessário conhecer o comportamento dos tratamentos nos dois níveis de tecnologia, já que a seleção deve ser feita com base nas médias em baixo e alto NT.

Tabela 4 Quadrados médios e significâncias, coeficientes de variação (CV %), da análise de variância de características altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), estande (ST), plantas acamadas (PQAC), número de espigas (NE), porcentagem de espigas doentes (NED), (PESP)

FV	GL	QM					
		AP	AE	ST	PQAC	NE	NED
Nível de tecnologia (NT)	1	7,6948**	24245,2**	2,6669 ^{ns}	937,69**	150,160**	2641,36**
Tratamentos	955	0,0335**	176,5**	8,1614**	22,94**	10,708**	77,78**
Progênes	952	0,0336**	177,0**	8,1802**	22,91**	10,734**	77,99**
<i>Topcross</i> 1 (TC 1)	476	0,0348**	175**	9,403**	27,79**	12,11**	36775**
<i>Topcross</i> 2 (TC 2)	475	0,02876**	178,4**	4,897**	16,09**	7,2757**	72,36**
TC 1 vs TC 2	1	1,7073 ^{ns}	454 ^{ns}	985,72 ^{ns}	937,8 ^{ns}	1000,2 ^{ns}	3100**
Testemunhas	2	0,008573 ^{ns}	41,154 ^{ns}	2,58614 ^{ns}	39,619**	3,5571 ^{ns}	8,0538 ^{ns}
Test. vs Prog.	1	0,007854 ^{ns}	2,693 ^{ns}	1,3277 ^{ns}	14,262 ^{ns}	0,5859 ^{ns}	12,924 ^{ns}
Trat. x NT	955	0,0166 ^{ns}	101,0 ^{ns}	3,5338 ^{ns}	8,95 ^{ns}	4,7144 ^{ns}	51,12 ^{ns}
Prog x NT	952	0,0167 ^{ns}	101,2 ^{ns}	3,5443 ^{ns}	8,97 ^{ns}	4,728 ^{ns}	51,26 ^{ns}
TC 1 x NT	476	0,0151 ^{ns}	92,5 ^{ns}	3,797 ^{ns}	11,53 ^{ns}	4,57 ^{ns}	57,69 ^{ns}
TC 2 x NT	475	0,01806**	110,4**	3,003 ^{ns}	6,40 ^{ns}	4,1228 ^{ns}	44,90 ^{ns}
(TC 1 vs TC 2) x NT	1	0,0998**	5 ^{ns}	139,94**	14,2 ^{ns}	368,7**	13 ^{ns}
Test x NT	2	0,000165 ^{ns}	4,119 ^{ns}	0,29291 ^{ns}	1,701 ^{ns}	0,2766 ^{ns}	5,5910 ^{ns}
(Prog vs Test) x NT	1	0,010669 ^{ns}	59,761 ^{ns}	0,1142 ^{ns}	1,398 ^{ns}	0,2467 ^{ns}	4,8179 ^{ns}
Resíduo	80	0,01337	76,85515	3,29682	9,74008	5,228968	47,60547
Média baixo NT		1,75	80,77	19,74	4,47	18,75	1,42
Média alto NT		1,88	88,31	19,68	5,93	19,34	9,88
CV (%)		6,35	10,37	9,2	60,0	12,0	122

^{ns} e ** não significativo e significativo a 5 %, respectivamente, pelo teste F.

A produtividade média foi de $9119\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, com os *topcrosses* produzindo, em média, $8791\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ e as testemunhas $9775\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (Figura 1 e tabela 5). No ambiente de baixo nível tecnológico, o *topcross 2* obteve a maior média, com $8784.4\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. No ambiente de alto nível tecnológico, as testemunhas superaram as médias produzindo cerca de $11073\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. O experimento com alto nível tecnológico obteve uma produtividade de 21,4% superior ao do experimento com baixo nível tecnológico (Tabela 5). Este fato era esperado já que o milho responde muito bem ao aumento de adubação. No ambiente de alta tecnologia, foi aplicado uma dose quatro vezes maior de N, P, e K do que no experimento de baixa tecnologia. (Figura 1 e tabela 5).

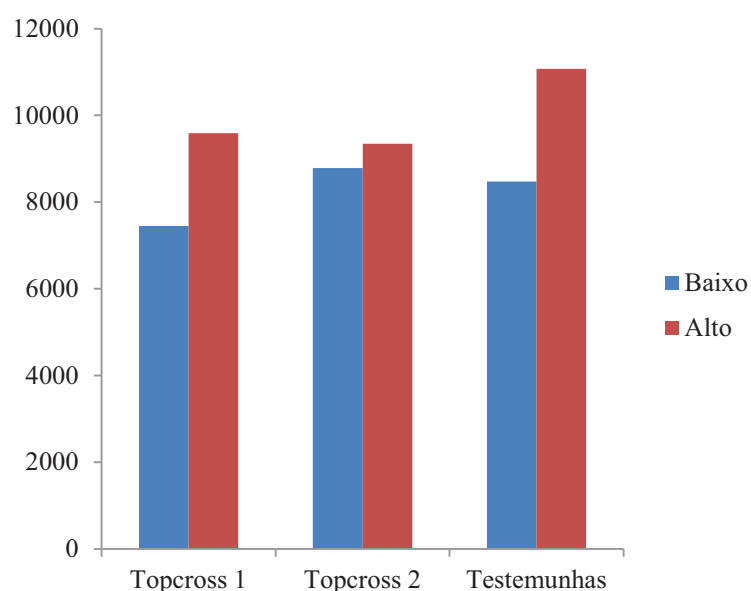


Figura 1 Médias de peso de espiga do *topcross 1*, *topcross 2* e testemunhas em baixo nível de tecnologia e alto nível de tecnologia

Tabela 5 Médias de peso de espiga Kg.ha^{-1} dos *topcrosses* e testemunhas nos dois níveis de tecnologia (NT)

	Baixo NT	Alto NT	Média
<i>Topcross 1</i>	7446,4	9590,23	8518,3
<i>Topcross 2</i>	8784,4	9342,8	9063,6
Testemunhas	8477,2	11072,9	9775,1
Média	8236,0	10002,0	9119,0

As análises dialélicas conjuntas foram realizadas apenas para as características altura de planta, altura de inserção de espiga e peso de espiga (Tabela 6). Foram verificadas diferenças significativas ($P \leq 0,05$) para as fontes de variação nível de tecnologia e *topcrosses*. Infere-se, portanto, que existe variabilidade entre os *topcrosses* e diferenças entre os níveis de tecnologia aplicados.

As estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) de progênies foram significativas para as características estudadas, indicando que existe divergência genética entre as progênies e que os efeitos gênicos aditivos são de importância em suas expressões para essas características. Os testadores foram menos divergentes entre si do que as progênies, o que é evidenciado pelas estimativas não significativas das CGC para altura de inserção de espiga e peso de espiga, sendo significativa apenas a variável altura de planta.

A capacidade específica de combinação (CEC), referente aos efeitos gênicos não aditivos, foi fundamental para a expressão da AE e do PESP. Isso indica que os híbridos podem ter performances que diferenciam das esperadas em razão dos efeitos da CGC dos seus parentais e que a heterose é importante na expressão fenotípica, porém, pouco importante na expressão da altura de planta. Tanto os efeitos de CGC quanto os de CEC foram significativos para o peso de

espiga, o que evidencia que os efeitos genéticos aditivos e não aditivos são importantes. Assim, a quantidade de alelos favoráveis doados pelas progênies e a complementação alélica, obtida em cruzamentos específicos, foram importantes para a formação de híbridos superiores.

A estimativa da interação *topcross* x nível tecnológico para AP e AE foram significativas, em relação à variável-resposta peso de espiga. Pode-se inferir que os *topcrosses* apresentaram comportamento coincidente nos dois níveis de tecnologia. No desdobramento dessa interação para o caráter AP, as fontes de variação CGC (Prog) x NT, CGC (Test) x NT e CEC (Test x Prog) x NT foram todas significativas, indicando que o ambiente pode alterar a expressão dos alelos favoráveis doados pelos genitores. Já para variável AE, o desdobramento da interação mostrou que apenas a fonte de variação CGC (Progênie) x NT, foi significativa, indicando que os alelos das progênies tiveram maior importância que dos testadores, na determinação da altura de inserção de espiga.

Tabela 6 Quadrados médios e significância da análise dialélica conjunta para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE) e peso de espiga (PESP)

FV	GL	QM		
		AP	AE	PESP
Nível tecnológico (NT)	1	7,2629**	18027,5714**	713399611,42**
<i>Topcrosses</i> (TC)	787	0,0462**	178,3639**	4243680,93**
CGC Prog.	393	0,0529**	220,6154**	4622548,79**
CGC Test.	1	2,2310**	645,9940 ^{ns}	134753782,86 ^{ns}
CEC Test x Prog	393	0,0338 ^{ns}	134,9226**	3532726,30**
TC x NT	787	0,0276**	103,2789**	2115017,20 ^{ns}
CGC (Prog) x NT	393	0,0222**	104,1143**	1765240,49 ^{ns}
CGC (Test) x NT	1	0,2319**	4,4420 ^{ns}	218357602,98**
CEC (Test x Prog) x NT	393	0,0324**	102,6950 ^{ns}	1914558,33 ^{ns}
Resíduo	80	0,0134	76,8552	1824100,5

^{ns} e **, não significativo, significativo, a 5%, respectivamente pelo teste F.

Nas estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação, o testador 2 (linhagem do grupo heterótico dentado), pertencente ao grupo I, apresentou valores positivos de CGC para todas as variáveis estudadas (Tabela 7). Pode-se afirmar que esse testador apresenta alelos efetivos, que proporcionam um incremento positivo dessas variáveis nos cruzamentos de que participa. Com relação ao grupo II, dentre as 20 melhores progênies, as progênies 9307, 9592 e 9321 foram os que apresentaram maior estimativa da CGC, para a variável peso de espiga.

Tabela 7 Estimativas da capacidade geral de combinação (gi) dos genitores do grupo II (CGC Test.) e das 25 melhores progênies do grupo I (CGC Prog.) para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção espiga (AE) e peso de espiga (PESP), médias dos dois ambientes

		Efeito das CGC		
GRUPO II		AP	AE	PESP
Testador 1		-0,038**	-0,64 ^{ns}	-292,41 ^{ns}
Testador 2		0,038**	0,64 ^{ns}	292,41 ^{ns}
DP (G _j)		0,004	0,309	46,971
DP (G _j -G _i ')		0,008	0,619	93,102
GRUPO I	Prog.	CGC	CGC	CGC
1	9307	0,188	13,029	3093,261
2	9592	-0,012	7,612	2404,427
3	9321	0,113	0,529	2326,595
4	9302	0,226	11,779	2109,928
5	9143	0,226	10,112	2009,928
6	9310	0,238	13,029	1993,262
7	9145	0,301	12,612	1976,595
8	9507	0,018	10,112	1976,595
9	9603	0,088	5,112	1954,427
10	9200	0,247	6,362	1876,595
11	9441	0,018	0,112	1826,595
12	9184	0,122	6,362	1809,928
13	9105	0,038	4,696	1798,817
14	9083	0,030	1,112	1798,817
15	9379	0,072	16,362	1759,929
16	9126	0,038	9,696	1732,151
17	9322	0,088	3,029	1709,929
18	9440	0,030	-7,388	1659,929
19	9232	-0,032	-1,971	1637,706
20	9283	0,088	4,279	1626,595
21	9315	-0,037	0,529	1626,595
22	9294	-0,087	-1,971	1609,929
23	9449	-0,020	-2,388	1559,929
24	9201	0,147	10,112	1559,929
25	9135	0,238	7,612	1543,262
DP (G _i)		0,082	6,132	931,163
DP (G _i -G _i ')		0,116	8,683	1318,538

^{ns} e **, não significativo, significativo, a 5%, respectivamente pelo teste F.

A capacidade específica de combinação como já foi mostrado na tabela 4, foi significativa para o caráter peso de espiga, constatando que existem certas combinações que se mostram, relativamente, melhores ou piores do que poderia ser esperado com base na performance média dos genitores. Considerando as 20 melhores progênies referentes às médias de peso de espiga, as maiores CEC foram obtidas no cruzamento 9308 x L1, 9302 x L1, 9592 x L1 (Tabela 8). As melhores combinações híbridas são as de maior CEC envolvendo pelo menos um dos genitores com maior CGC.

Tabela 8 Estimativas das capacidades específicas de combinação (CEC) no dialelo parcial, das 20 melhores progênies, realizado entre os testadores para os caracteres, altura da planta (m), altura de inserção de espiga (cm) e peso de espiga(kg.ha⁻¹)

Progênies	Altura de Planta		Altura de inserção de Espiga		Peso de Espiga	
	L 1	L2	L 1	L2	L 1	L2
9307	0,005	-0,02	-1,86	1,86	109,077	-109,077
9592	-0,053	0,038	-7,277	7,277	1431,243	-1431,24
9321	0,03	-0,045	0,64	-0,64	-224,256	224,256
9302	0,143	-0,158	4,39	-4,39	2525,741	-2525,74
9143	-0,082	0,067	-6,443	6,443	681,299	-681,299
9310	0,055	-0,07	3,14	-3,14	-1090,92	1090,92
9145	0,018	-0,033	-1,443	1,443	81,299	-81,299
9507	0,118	-0,133	3,557	-3,557	1414,631	-1414,63
9603	-0,078	0,063	0,223	-0,223	914,577	-914,577
9200	0,013	-0,029	9,807	-9,807	-52,034	52,034
9441	-0,007	-0,008	-6,443	6,443	331,299	-331,299
9184	-0,012	-0,004	-0,193	0,193	-885,366	885,366
9105	-0,045	0,03	3,974	-3,974	225,744	-225,744
9083	-0,028	0,013	5,89	-5,89	1159,076	-1159,08
9379	-0,095	0,08	-16,026	16,026	886,854	-886,854
9126	0,005	-0,02	-1,026	1,026	-1307,59	1307,588
9322	0,105	-0,12	3,14	-3,14	59,077	-59,077
9440	0,03	-0,045	6,057	-6,057	1197,965	-1197,97
9232	0,001	-0,016	-9,36	9,36	464,632	-464,632
9283	-0,02	0,005	-5,61	5,61	-890,922	890,922
9315	0,105	-0,12	5,64	-5,64	1542,409	-1542,409
9294	0,03	-0,045	3,14	-3,14	1925,74	-1925,74
9449	-0,02	0,005	-3,94	3,94	797,97	-797,97
9201	-0,162	0,146	-3,94	3,94	-2002,032	2002,032
9135	0,005	-0,02	-3,94	3,94	-585,37	585,37

Percebe-se que, apesar de o testador 2 apresentar maiores CGC, as maiores CEC foram obtidas considerando os cruzamentos entre progênies com o

testador 1, que é do grupo heterótico duro. Provavelmente a linhagem 1 apresenta maior complementação alélica quando comparada com a linhagem 2 dentada. As CEC dos dois testadores só diferem no sinal, isso acontece em virtude da pressuposição da análise dialélica.

Verifica-se, pela coincidência na porcentagem de progênies que seriam selecionados nas diferentes intensidades de seleção (Tabela 9), que houve 20,22% progênies coincidentes entre os dois níveis de tecnologia na intensidade de 10% e, em média, de 14,7% de coincidência na conjunta. Na intensidade de 20%, a porcentagem de coincidência cresceu para 27,3% entre os ambientes contrastantes e, na média conjunta, houve um aumento para 20,1%. À medida que a intensidade de seleção é reduzida, ou seja, com maior porcentagem de cruzamentos selecionados, maior será as coincidências das progênies. Nesse caso, realizando uma intensidade de seleção de 10%, já seria o suficiente para encontrar progênies que são superiores nos dois ambientes.

Tabela 9 Porcentagem de coincidência com diferente intensidades de seleção (I), para o caráter peso de espiga, em dois níveis de tecnologia

	I (%)	Baixo/Alto (%)	Conjunta
Índice de coincidência	10	20,22	14,68
	20	27,25	20,08

A classificação dos *topcrosses*, segundo sua eficiência na utilização dos nutrientes em baixa disponibilidade e sua capacidade de resposta à alta disponibilidade de nutrientes, estão representados nas figuras 2 e 4 para o testador 1 e o testador 2, respectivamente. Em relação ao *topcross* com o testador 1, 18,8% das progênies foram classificadas como eficientes e responsivas. Já com relação ao *topcross* com o testador 2, 14,2% das progênies foram classificadas no mesmo quadrante. Percebe-se que houve ampla dispersão na representação gráfica das progênies, com segregação para todo tipo de

comportamento: eficientes e responsivas, eficientes e não responsivas, não eficientes e responsivas e não eficientes e não responsivas. Resultados semelhantes foram encontrados por Fidelis et al. (2010), quando analisou populações de milho quanto à eficiência e resposta ao uso de fósforo.

Progênes, parcialmente, endogâmicas foram identificadas e classificadas como eficientes e responsivas, em baixo nível quanto e em alto nível de tecnologia, respectivamente, representadas no quadrante I (Figuras 3 e 5). Merece destaque as progênes 9268, 9495, 9309, 9083, 9315 e 9507 cruzadas com o testador 1, linhagem do grupo heterótico duro (Figura 3) e as progênes 9617, 9111, 9131, 9158 e 9187 cruzadas com o testador 2, linhagem do grupo heterótico dentado (Figura 5). Com base na performance dessas progênes, em combinação com os testadores, pode-se afirmar que as progênes que combinaram melhor com o testador 1 são do grupo heterótico dentado e as progênes que combinaram melhor com o testador 2 são do grupo heterótico duro.

As progênes em destaque apresentaram as maiores médias de peso de espiga em baixo nível tecnológico e maiores médias de alpha, sendo, assim, apontadas como os mais eficientes na utilização de N, P e K mesmo em concentrações moderadamente baixas, demonstrando sua possível adaptação tanto no ambiente com deficiência quanto naqueles cujos níveis de disponibilidade de N, P e K são ideais.

A eficiência desses genótipos, em relação aos demais, na absorção e utilização de nutrientes na produção de grãos, permite inferir que os processos associados à absorção, translocação, assimilação e redistribuição de nutrientes são mais eficientes do que nos demais genótipos. Assim, essas progênes podem ser aproveitadas nos programas de melhoramento, visando à obtenção de cultivares que absorvem e utilizam nutrientes de forma eficiente.

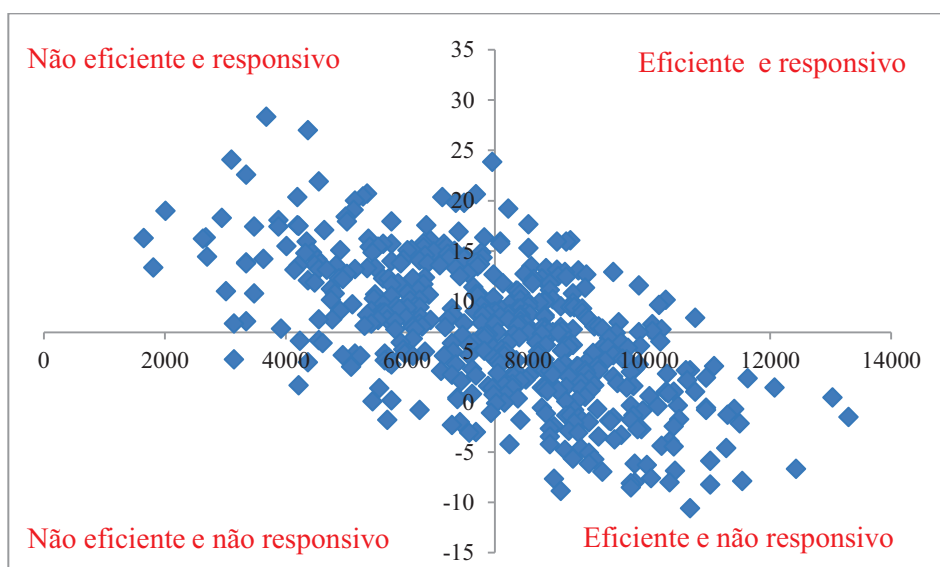


Figura 2 Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos *topcrosses* com o testador 1

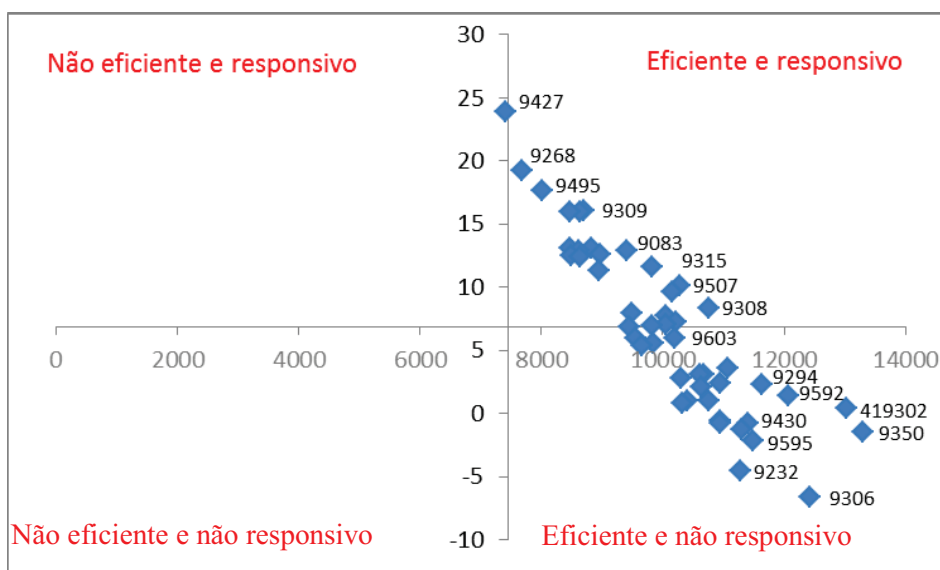


Figura 3 Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos 48 melhores *topcrosses* com o testador 1

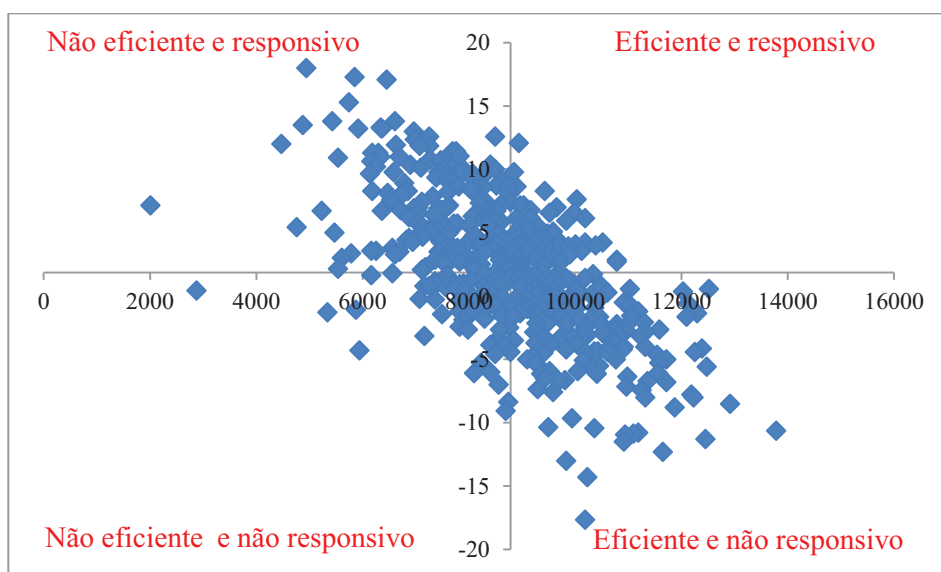


Figura 4 Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos *topcrosses* com o testador 2

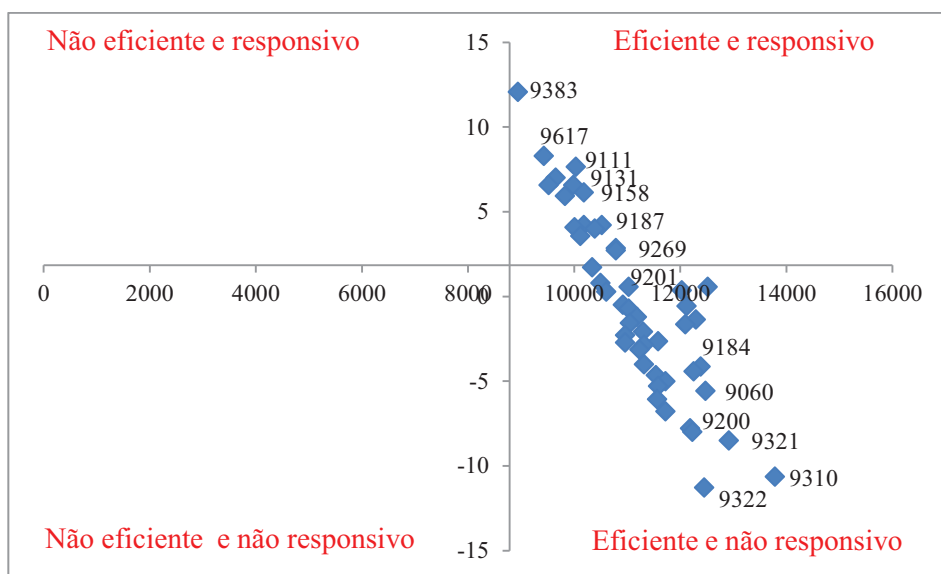


Figura 5 Comportamento quanto à eficiência em baixo nível tecnológico e resposta a alto nível tecnológico dos 48 melhores *topcrosses* com o testador 2

5 CONCLUSÕES

Não ocorreram alterações no comportamento das progênies nos dois níveis tecnológicos, para produtividade de grãos. Os testadores não se diferenciaram na produtividade média de grãos das progênies nos dois níveis de tecnologia. Apesar do comportamento das progênies ter sido similar ao comportamento das testemunhas, foi possível selecionar progênies, oriundas de híbridos comerciais, responsivas e eficientes à adubação.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R.W. and BRADSHAW, A.D. 1964. Implications of genotype environmental interactions in applied plant breeding. *CropScience* 4: 503-508.
- BANZIGER, M.; COOPER, M. Breeding for low input conditions and consequences for participatory plant breeding: examples from tropical maize and wheat. *Euphytica*, Wageningen, v. 122, p. 503-519, 2001.
- BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plants. Woodbury: Stemma, 2002. 369 p.
- BLAIR, G. Nutrient efficiency what do we really mean? In: RANDALL, P.J.; DELHAITZE, E.; RICHARDS, R.A.; MUNNS, R. (Eds.). *Genetic Aspects of Plant Mineral Nutrition*. Dordrecht: Kluwer Academic, 1993. p.205-213. (Developments in Plant and Soil Sciences, 50)
- BRITO, C.H.de, REZENDE, W.S., BRANDÃO, A.M., GOMES, L.S. Interação entre Nutrição e Proteção na Cultura do Milho. Campinas: Instituto Agrônômico/associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2012. Cap 30, 501 p.
- BUENO, L.C.S, MENDES, A.N.G &, CARVALHO, S.P. Melhoramento de Plantas: princípios e procedimentos. Lavras: UFLA 2001. 282 p.
- CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; TABOSA, J.N.; CARDOSO, M.J.; CARVALHO, B.C.L. de; LIRA, M.A.T.; ALBUQUERQUE, M.M. de. Melhoramento genético de milho no Nordeste brasileiro. In: QUEIROZ, M.A. de; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R., ed. *Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro* (online). Versão 1.0. Petrolina-PE: Embrapa Semi-Arido / Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, nov. 1999.
- CASTELLANOS, J. S.; HALLAUER, A. R. CORDOVA, H. S. Relative performance of testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.) *Maydica*, v. 43, n. 03, p. 217-226, 1998.
- CECCARELLI, S.S.; GRANDO, R.; HAMBLIN, J. Relationship between barley grain yield measured in low and high yielding environments. *Euphytica*, Wageningen, v. 64, p. 49-58. 1992.

CIB - CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA. <http://cib.org.br/wp-content/uploads/2011/10/GuiaMilhoSet2010.pdf>(07 outubro 2013).

COELHO, A. M.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. Desafios para obtenção de altas produtividades de milho. **In: Resumos** do XXV Congresso Nacional De Milho E Sorgo, Cuiabá, MT. Sete Lagoas: ABMS/Embrapa Milho e Sorgo/Empaer, 2004. p.186.

COELHO, A. M. Nutrição e adubação do milho. Circular técnica 78, Embrapa milho e sorgo, Sete Lagoas, MG. 2006. 10p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos.** – v. 1, n.2 (2013) – Brasília : Conab, 2013-. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>>. Acesso em: 22 jan. 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 1997. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. de S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480 p.

CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. Revista Ceres, v.38, p.422-430, 1991.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. Puerto Rico Agricultural Experimental Station Annual Reporter, Puerto Rico, p.14-15, 1924.

EMBRAPA. Milho e sorgo. Cultivo do milho. Brasília: Embrapa-CNPMS, 2008. Disponível em:<<http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho/economia.ht>>.

FAGERIA, N. K.; KLUTHCOUSKI, J. (1980) Metodologia para avaliação das cultivares de arroz e feijão para condições adversas de solo. Brasília: **Circular Técnica nº8, EMBRAPA/CNPAF**, 22p.

FAGERIA, N.K. Otimização da eficiência nutricional na produção das culturas. R. Bras. Eng. Agríc. Ambiental, Campina Grande, v.2, p.6-16, 1998.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4. ed. England: Longman, 1996. 464 p.

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

FERREIRA, D.F.; REZENDE, G.D.S.P.; RAMALHO, M.A.P. Na adaptation of Griffing's Method IV of complete diallel cross analysis for experiments repeated in several environments. **Brazilian Journal of Genetics**, v.16, p.357-366, 1993.

FIDELIS, R.R., MIRANDA, G.V., PELÚZIO, M., GALVÃO, J. C. C. Classificação de populações de milho quanto à eficiência e resposta ao uso de fósforo. *Acta Scientiarum. Agronomy Maringá*, v. 32, n. 2, p. 241-246, 2010.

FLEMING, A.L. Ammonium uptake by wheat varieties differing in Al tolerance. *Agronomy Journal, Madison*, 75:726-730, 1983.

FURLANI, A. M. C.; BATAGLIA, O. C.; LIMA, M. Eficiência de linhagens de milho na absorção e utilização de fósforo em solução nutritiva. **Bragantia**, Campinas, v. 44, n. 1, p. 129-147, 1985.

GALINAT, W.C. The origin of maize: grain of humanity. New York: New York Botanical Garden Journal, v. 44, p.3-12, 1995.

GRIFFING, B. A. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, Melbourne, v. 9, n. 6, p. 463-493, June 1956.

GUEDES, F. L. Avaliação de *topcrosses* de milho em duas doses de nitrogênio / Fernando Lisboa Guedes. – Lavras : UFLA, 2009. 54 p.

HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbred lines. *Maydica*, Bergamo, v. 35, n.1, p.1-16, 1990.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in plant breeding. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468 p.

HALLAUER, A.; CARENA, M.J. Maize breeding. In: CARENA, M.J. **Handbook of plant breeding: cereals**. New York: Springer, 2009. p.3-98.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**, v. 04, p. 245-272, 1986.

KANG, M.S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Adv. Agron.* 35: 199-240.

LI MS, Li XH, Deng LW, Zhang DG, Bai L, Zhang SH (2007). Comparisons of four testers in evaluating 27 cimmyt and chinese maize populations. *Maydica* 52: 173-179

LÜDERS, R. R. Desempenho de linhagens de milho (*Zea mays* L.) em top crosses com testadores de base genética restrita e avaliação de híbridos triplos. / Reginaldo Roberto Lüders. – Campinas, 2003.125 p.

MACHADO, A. T.; SODEK, L; DÖBEREINER, J.; REIS, V. M. Efeito da adubação nitrogenada e da inoculação com bactérias diazotróficas no comportamento bioquímico da cultivar de milho Nitroflint. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 33, n. 6, p. 961-970, 1998.

MACHADO, C. T. T.; GUERRA, J. G. M.; ALMEIDA, D. L.; MACHADO, A. T. Variabilidade entre genótipos de milho para eficiência no uso de fósforo. *Bragantia*, v. 58, n. 1, p. 109-124, 1999.

MAGALHÃES, P.C.; DURÃES, F.O.M.; CARNEIRO, N.P.; PAIVA, E. **Fisiologia do Milho**. 1 ed. Sete Lagoas: Circular Técnica, Embrapa Milho e Sorgo. 2002, 23p.

NINAMANGO CÁRDENAS, F.H. **Valor genético de populações de milho adaptadas para região sudoeste de Goiás**. 2005; 169 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

NUNES, B.H.S.; REZENDE, G.D.S.P.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Implicações da interação genótipo x ambientes na seleção de clones de eucalipto. *Cerne*, v.8, p.49-58, 2002.

NURMBERG, P.L.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em top crosses. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2000, Goiânia.

PACHECO, C. A. P.; FERREIRA, A. da S.; CASELA, C. R.; GUIMARAES, P. E.; GAMA, E. E. G.; MEIRELLES, W. F.; PARENTONI, S. N. Reciclagem de duas linhagens elites para resistência ao *Colletotrichum graminicola*. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 4., 2007, São Lourenço. Melhoramento de plantas e agronegócio: Anais... Lavras: UFLA: SBMP, 2007.

PACHECO, C.A.P. Avaliação de progênies de meios irmãos na população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes - 2º ciclo de seleção. 1987. 100 f. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, MG.

PIMENTEL-GOMES, F. Curso de estatística experimental.13.ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468p.

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

RAWLINGS, J. O.; THOMPSON, D. L. Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Science*, Madison, v. 2, n. 1, p. 217-220, Jan./Feb. 1962.

RODRIGUES, C.S., PACHECO, C.A.P, CARVALHO, H.W.L, CASTRO, C.R. Metodologia para a Seleção de Cultivares de Milho Eficientes e Responsivas em Dois Níveis de Tecnologia. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 7., 2013,Uberlândia, MG. **Anais...**: Uberlândia: SBMP, 2013.1 CD ROM.

SANTOS, M. X.; Pollak, L. M.; Carvalho, H. W. L.; Pacheco, C. A. P.; Gama, E. E. G.; Guimarães, P. E. de O.; Andrade, R. V. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin America with Brazilian testers. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v. 58, n. 4, p. 767-775, 2001.

SHULL, G. H., 1909 A pure line method of corn breeding. *Am. loci. Genetics* 143: 1437–1456. *Breeders Assoc. Rep.* 5: 51–59.

SILOTO, R. C. Danos e biologia de *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) em genótipos de milho. Piracicaba, 2002, 105p. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2002.

SILVA, A.C. da **Comparação entre linhagens e híbridos de milho (*Zea mays* L.) de portenormal e suas versões braquíticas**. 1984. 100 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1984.

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). *Melhoramento e produção do milho*. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap. 5, p.137-214.

VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: s.n., 1992. 496 p.

ANEXOS

ANEXO A -

Tabela 1A. Análise de variância individual em alto nível tecnológico, para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), estande (ST), número de plantas quebradas e acamadas (PQAC), número de espiga (NE), porcentagem de espiga doente (NED) e peso de espiga (PESP)	65
Tabela 2A. Análise de variância individual em baixo nível tecnológico, para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), estande (ST), número de plantas quebradas e acamadas (PQAC), número de espiga (NE), porcentagem de espiga doente (NED) e peso de espiga (PESP)	66
Tabela 3A. Quadrados médios e significâncias em relação à análise dialélica, em nível de alta tecnologia para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE) e peso de espiga (PESP)	64
Tabela 4A. Quadrados médios e significâncias em relação à análise dialélica, em nível de baixa tecnologia para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE) e peso de espiga (PESP).....	64
Tabela 5A. Altura média de planta (m), altura média de inserção de espiga (cm), estande médio, percentual médio de plantas quebradas e acamadas, número médio de espigas, percentual médio de espigas doentes, peso médio de espiga (kg.ha ⁻¹), peso de espigas em baixo nível tecnológico, peso de espigas em alto nível tecnológico, alpha, capacidade geral e capacidades específicas de combinação dos 60 híbridos mais produtivos na média dos dois ambientes, obtidos por meio do cruzamento com o testador 1	68
Tabela 6A. Altura média de planta (m), altura média de inserção de espiga (cm), estande médio, percentual médio de plantas quebradas e acamadas, número médio de espigas, percentual médio de espigas doentes, peso médio de espiga (kg.ha ⁻¹), peso de espigas em baixo nível tecnológico, peso de espigas em alto nível tecnológico, alpha, capacidade geral e capacidades específicas de combinação dos 60 híbridos mais produtivos na média dos dois ambientes, obtidos por meio do cruzamento com o testador 2	71

TABELA 1A. Análise de variância individual em alto nível tecnológico, para os caracteres altura de planta, altura de inserção de espiga (AE), estande (ST), número de plantas quebradas e acamadas (PQA), número de espiga (NE), porcentagem de espiga doente (NED) e peso de espiga (PESP).

FV	GL	QM					
		AP	AE	ST	PQAC	NE	NED
Tratamentos	955	0,02691**	149,1991**	5,935887**	19,57102**	6,0548 ^{ns}	87,50647**
Testemunhas	2	0,11179**	449,2063**	12,0159**	448,63**	21,778**	220**
Prog. vs Test.	1	0,00423 ^{ns}	363,0303**	22,041812**	257,95558**	15,5334 ^{ns}	249,39**
Progênie	952	0,02676**	148,34**	5,9062**	18,419**	6,0219 ^{ns}	87,057**
<i>Topcross</i> 1 (TC 1)	476	0,02481**	136,12**	6,7692**	21,907**	7,48**	93,627**
<i>Topcross</i> 2 (TC 2)	475	0,02613**	155,56**	3,2679 ^{ns}	13,648 ^{ns}	3,8396 ^{ns}	58,326 ^{ns}
TC 1 vs TC 2	1	1,24999**	2544,3217**	849,2747**	624,0826**	348,5170**	10606,99**
Resíduo	40	0,01508	55,8730	3,0992	11,87540	4,811111	46,90307
Médias		1,88492	88,31004	19,68110	5,929	19,34449	9,878
CV(%)		6,5	8,5	8,9	58	11,3	69

^{ns} e **, não significativo, significativo, a 5%, respectivamente pelo teste F.

TABELA 2A. Análise de variância individual em baixo nível tecnológico, para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), estande (ST), número de plantas quebradas e acamadas (PQAC), altura de espiga (NE), porcentagem de espiga doente (NED) e peso de espiga (PESP).

FV	GL	QM					
		AP	AE	ST	PQAC	NE	NED
Tratamentos	955	0,0254**	145,0908 ^{ns}	5,329515**	12,96428**	6,7890 ^{ns}	51,24616
Testemunhas	2	0,0717**	501,598**	48,444**	418,9**	58,730**	66,051ns
Prog. vs Test.	1	0,3750**	847,5809**	7,728096 ^{ns}	75,21852**	1,0327 ^{ns}	1,88974ns
Progenies	952	0,0249**	143,6 ^{ns}	5,2364 ^{ns}	12,046**	6,6859 ^{ns}	51,2668ns
<i>Topcross</i> 1 (TC 1)	476	0,0275ns	133,95 ^{ns}	6,0503**	14,214**	7,9253 ^{ns}	47,646ns
<i>Topcross</i> 2 (TC 2)	475	0,0208**	153,57**	3,7373 ^{ns}	9,2247 ^{ns}	4,9253 ^{ns}	54,364ns
TC 1 vs TC 2	1	0,7700**	5,5933 ^{ns}	329,9105**	320,4323**	224,6897**	779,677*
Resíduo	40	0,01166	97,8373	3,49444	7,60476	5,646825	48,30787
Médias		1,754085	80,77461	19,74	4,47	18,74902	1,416
CV(%)		6,157238	12,24552	9,4697	62	12,67429	91,06

^{ns} e **, não significativo, significativo, a 5%, respectivamente pelo teste F.

TABELA 3A. Quadrados médios e significâncias em relação à análise dialélica, em nível de alta tecnologia, para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE) e peso de espiga (PESP).

FV	GL	QM		
		AP	AE	PESP
<i>Topcrosses</i> (TC)	787	0,026286**	143,0398**	2695783
CGC (Pogênie)	393	0,035175**	177,2916**	2895692
CGC (Testador)	1	0,512217**	378,7856**	5019944
CEC Test x Prog.	393	0,016159 ^{ns}	108,1881**	2489959
Resíduo	40	0,01508	55,873	1052
Média Geral		1,882226	87,61508	9426,8

^{ns} e **, não significativo, significativo, a 5%, respectivamente pelo teste F.

TABELA 4A. Quadrados médios e significâncias em relação à análise dialélica, em nível de baixa tecnologia, para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE) e peso de espiga (PESP).

FV	GL	QM		
		AP	AE	PESP
<i>Topcrosses</i> (TC)	787	0,04742**	138,6031 ^{ns}	366
CGC (Pogênie)	393	0,03997**	147,4381 ^{ns}	349
CGC (Testador)	1	1,9506**	271,6504 ^{ns}	3480
CEC Test x Prog.	393	0,05002**	129,4295 ^{ns}	295
Resíduo	40	0,01166**	97,8373 ^{ns}	2
Média Geral		1,746455	80,85082	808

^{ns} e **, não significativo, significativo, a 5%, respectivamente pelo teste F.

Tabela 5A. Altura média de planta (m), altura média de inserção de espiga (cm), estande médio, percentagem de plantas quebradas e acamadas, número médio de espigas, percentual médio de espigas doentes, peso de espiga (kg.ha⁻¹), peso de espigas em baixo nível tecnológico, peso de espigas em alto nível tecnológico, capacidade geral e capacidades específicas de combinação dos 60 híbridos mais produtivos dos dois ambientes, obtidos por meio do cruzamento com o testador 1.

Híbrido	AP	AE	ST	PQAC	NE	NED	PESP					
							Baixo NT	Alto NT	Média	α	CGC	CE
9308 x T1	2,0	94,8	21,3	5,6	21,7	6,3	10766,13	13361,88	12064	8,3	1993,262	255
9507 x T1	1,9	97,3	19,2	10,0	20,7	3,3	10277,24	13428,55	11852,89	10,1	1976,595	141
9307 x T1	2,0	94,8	20,3	4,0	19,7	2,2	10166,13	13161,88	11664,00	9,6	3093,261	109
9315 x T1	1,9	89,8	21,3	2,5	21,7	10,8	9832,79	13428,55	11630,67	11,6	1626,595	154
9603 x T1	1,8	88,9	22,2	8,0	23,2	9,5	10210,57	12450,77	11330,67	7,2	1954,427	914
9083 x T1	1,8	90,6	20,2	2,2	21,0	17,0	9410,57	13428,55	11419,56	12,9	1798,817	115
9309 x T1	1,9	94,8	20,3	3,6	18,7	5,6	8699,46	13695,21	11197,34	16,1	-	
9133 x T1	2,0	87,3	20,5	6,5	19,5	3,0	10055,02	12450,77	11252,89	7,7	1409,929	138
9379 x T1	1,8	83,9	20,7	4,5	20,0	14,2	8632,80	13584,1	11108,45	15,9	1759,929	886
9143 x T1	1,9	87,3	21,5	3,5	20,0	3,1	10055,02	12250,77	11152,89	7,1	2009,928	681
9416 x T1	1,8	92,3	16,0	5,9	16,7	6,8	8477,24	13428,55	10952,89	15,9	343,263	214
9319 x T1	2,1	99,8	17,8	4,0	19,2	10,0	8966,13	12895,21	10930,67	12,6	1293,262	117
9359 x T1	2,0	101,4	19,7	2,5	18,0	8,3	9832,79	11984,10	10908,45	6,9	1143,262	130
9655 x T1	1,9	89,8	18,8	7,7	20,5	13,1	8943,91	12472,99	10708,45	11,3	-	
9313 x T1	1,9	104,8	18,8	2,0	19,7	4,6	8832,79	12895,21	10864,01	13,1	1509,929	89
9495 x T1	1,7	67,3	21,7	4,0	21,7	3,0	8010,57	13495,21	10752,89	17,6	-323,403	136
9346 x T1	2,0	99,8	21,3	1,6	21,7	8,5	9499,46	11961,88	10730,67	7,9	-	
9441 x T1	1,8	77,3	18,0	4,4	17,2	1,2	8610,57	12628,55	10619,56	12,9	1826,595	331

9268 x T1	1,8	82,3	20,0	2,9	20,0	4,3	7677,24	13650,77	10664,01	19,2	-	
9438 x T1	1,9	82,3	18,0	2,9	17,2	1,2	8477,24	12561,88	10519,56	13,1	-	154
9321 x T1	1,9	84,8	20,8	2,1	19,2	7,8	8632,796	12495,22	10564,01	12,4	2326,595	-224
9525 x T1	1,8	77,3	21,2	4,5	20,2	5,6	8010,574	12761,88	10386,23	15,3	-	
9403 x T1	1,9	93,9	19,7	6,0	18,5	2,4	8499,462	12384,10	10441,78	12,5	1504,373	475
9408 x T1	1,9	92,3	17,5	5,1	18,7	8,4	8743,907	12095,22	10419,56	10,8	1176,596	781
9667 x T1	1,9	92,3	20,8	11,2	20,0	3,6	8743,907	11806,33	10275,12	9,8	1037,707	775
9515 x T1	1,8	72,3	21,2	10,0	21,2	8,0	9010,573	11561,88	10286,23	8,2	1243,262	581
9399 x T1	1,9	78,9	21,2	4,0	20,5	2,2	8899,462	11784,10	10341,78	9,3	404,374	1473
9312 x T1	2,0	99,8	19,8	7,5	20,7	4,4	9232,795	11495,22	10364,01	7,3	-	
9296 x T1	1,7	74,8	17,8	4,0	18,7	3,7	8299,463	12428,55	10364,01	13,3	993,263	909
9303 x T1	2,1	99,8	19,3	6,5	18,7	7,7	9166,128	11495,22	10330,67	7,5	1309,929	559
9400 x T1	1,8	83,9	22,2	3,0	20,0	11,4	8966,129	11584,11	10275,12	8,4	1454,373	359
9387 x T1	1,9	93,9	19,7	6,5	17,5	9,9	8899,462	11650,77	10275,12	8,8	959,929	853
9299 x T1	1,9	89,8	21,3	1,6	21,2	9,3	9099,462	11428,55	10264,01	7,5	-	
9355 x T1	1,9	84,8	17,8	4,0	17,7	4,4	8766,129	11695,22	10230,67	9,4	821,041	947
9311 x T1	2,0	99,8	19,8	5,0	19,7	20,0	8366,129	12028,55	10197,34	11,8	1276,596	459
9406 x T1	1,7	78,9	19,7	7,0	17,5	2,9	8232,796	12050,77	10141,78	12,3	1337,707	342
9314 x T1	2,0	94,8	19,8	8,0	20,2	12,0	8699,462	11628,55	10164,01	9,4	1176,596	525
9509 x T1	1,7	84,8	21,2	9,5	19,7	13,8	8543,907	11495,22	10019,56	9,5	143,263	1414
9305 x T1	2,0	94,8	19,8	4,1	18,7	13,3	8366,129	11828,55	10097,34	11,1	-	
9657 x T1	1,8	87,3	20,3	7,2	19,5	11,0	8077,241	11739,66	9908,451	11,8	-	
9420 x T1	1,9	84,8	18,5	1,9	17,7	3,9	7543,908	12495,22	10019,56	15,9	-940,069	249
9134 x T1	2,0	87,3	21,5	4,5	21,0	7,0	8055,018	12250,77	10152,89	13,5	1443,262	1114

9424 x T1	2,0	89,8	18,0	3,4	18,2	3,9	7543,908	12428,55	9986,228	15,7	443,263	108
9352 x T1	2,0	99,8	18,3	2,0	19,2	10,0	8099,463	11895,22	9997,339	12,2	1071,04	464
9590 x T1	1,8	88,9	21,7	11,0	22,2	26,5	8743,907	10984,11	9864,006	7,2	854,428	547
9273 x T1	1,9	87,3	21,0	2,9	20,0	4,3	8410,574	11584,11	9997,339	10,2	976,596	559
9413 x T1	1,8	82,3	18,0	5,4	18,2	6,7	7943,907	11895,22	9919,562	12,7	876,596	581
9524 x T1	1,8	77,3	18,7	5,5	17,7	4,2	8277,24	11428,55	9852,895	10,1	1093,263	297
9289 x T1	2,0	97,3	20,0	5,9	20,0	4,3	8077,241	11784,1	9930,673	11,9	-	
9504 x T1	1,9	77,3	19,2	3,0	19,2	0,1	8277,24	11361,88	9819,562	9,9	59,93	129
9529 x T1	1,6	78,9	21,2	8,0	21,2	5,1	8543,907	10850,77	9697,34	7,4	-	
9630 x T1	1,7	79,8	20,3	19,2	20,0	10,8	8010,574	11072,99	9541,784	9,8	893,317	18
9301 x T1	2,2	104,8	17,3	0,6	16,2	9,5	8566,129	10761,88	9664,006	7,1	1176,596	34
9432 x T1	1,9	82,3	16,5	4,4	14,7	4,3	8277,24	10895,22	9586,229	8,4	-156,736	128
9535 x T1	1,7	83,9	22,2	6,0	21,2	5,1	7810,574	11250,77	9530,673	11,1	-217,847	128
9147 x T1	2,0	87,3	21,5	3,5	20,0	15,4	8188,352	11250,77	9719,562	9,8	-	
9414 x T1	1,9	97,3	18,0	6,4	17,7	7,4	7877,241	11228,55	9552,895	10,8	1176,596	-85
9411 x T1	1,8	89,8	19,0	5,9	18,2	10,7	8010,574	10961,88	9486,229	9,5	1043,263	-18
9425 x T1	2,0	93,3	19,5	5,9	18,7	13,6	7877,241	11028,55	9452,895	10,1	-323,403	131
9443 x T1	1,8	87,3	18,0	4,4	18,2	8,4	8343,907	10495,22	9419,562	6,9	293,263	664

Tabela 6A. Altura média de planta (m), altura média de inserção de espiga (cm), estande médio, percentual de plantas quebradas e acamadas, número médio de espigas, percentual médio de espigas doentes, peso de espiga ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), peso de espigas em baixo nível tecnológico, peso de espigas em alto nível tecnológico, capacidade geral e capacidades específicas de combinação dos 60 híbridos mais produtivos obtidos dos dois ambientes, obtidos por meio do cruzamento com o testador 2.

Híbrido	AP	AE	ST	NE	PQAC	NED	PESP					
							Baixo NT	Alto NT	Média	α	CGC	CEC
9269 x T2	2,0	87,3	20,3	2,4	19,5	7,2	10788,35	11672,99	11230,67	2,8	1543,262	-640,
9111 x T2	1,9	92,3	19,8	2,1	20,0	12,5	10032,79	12406,33	11219,56	7,6	165,486	-2007,
9190 x T2	1,9	72,3	21,3	3,9	20,5	7,3	10788,35	11628,55	11208,45	2,7	1309,929	-852,
9135 x T2	1,7	75,6	20,0	8,4	19,5	3,8	10521,68	11828,55	11175,12	4,2	1543,262	-585,
9158 x T2	1,9	78,1	21,5	12,9	21,0	0,9	10188,35	12095,22	11141,78	6,1	1243,262	-852,
9131 x T2	1,8	70,6	20,5	3,4	19,0	3,9	9988,35	12028,55	11008,45	6,6	1276,596	-685,
9185 x T2	1,7	70,6	17,5	5,4	16,0	4,6	10388,35	11628,55	11008,45	4,0	1276,596	-685,
9187 x T2	1,8	85,6	21,5	6,4	21,0	10,9	10188,35	11495,22	10841,78	4,2	-	-
9383 x T2	1,7	85,6	21,0	4,9	20,0	14,2	8943,906	12695,22	10819,56	12,1	1259,929	-513,
9249 x T2	2,0	90,6	19,5	4,9	19,0	1,3	9832,794	11672,99	10752,89	5,9	1004,374	-702,
9179 x T2	2,0	86,4	20,0	1,2	19,7	4,2	9655,017	11828,55	10741,78	7,0	1109,929	-585,
9617 x T2	2,1	96,4	21,0	0,4	20,7	4,2	9432,795	12006,54	10719,67	8,3	676,651	-996,
9196 x T2	2,0	81,4	20,5	1,2	20,7	11,6	10121,68	11228,55	10675,12	3,6	809,929	-818,
9051 x T2	2,2	101,4	16,5	1,7	16,2	13,4	10010,57	11272,99	10641,78	4,1	-273,403	-186,
9199 x T2	2,2	106,4	21,0	0,4	20,2	9,2	9521,684	11561,88	10541,78	6,6	393,263	-1102,
9347 x T2	2,0	86,4	21,0	1,8	20,2	6,5	9877,239	11095,22	10486,23	3,9	1271,04	-168,
9423 x T2	1,8	76,4	21,0	4,7	21,2	18,5	9899,461	10917,44	10408,45	3,3	-	-
9177 x T2	2,0	81,4	19,5	1,2	19,2	9,5	9588,35	11161,88	10375,12	5,1	-	-

9143 x T2	2,0	76,4	20,5	4,7	19,7	9,3	8855,018	11895,22	10375,12	9,8	2009,928	681,2
9178 x T2	2,0	78,9	22,0	2,2	19,7	6,7	9721,683	11028,55	10375,12	4,2	543,263	-785,
9096 x T2	2,0	86,4	20,0	0,9	20,2	4,2	9566,128	11072,99	10319,56	4,8	-701,18	-1974,
9122 x T2	2,0	81,4	21,0	1,7	20,7	6,8	9699,461	10939,66	10319,56	4,0	732,152	-540,
9418 x T2	1,8	78,9	20,0	1,7	19,2	4,2	8899,462	11584,11	10241,78	8,6	926,596	-268,
9672 x T2	2,1	86,4	21,5	2,2	21,7	8,8	9477,239	11006,33	10241,78	4,9	-	-
9633 x T2	1,9	86,4	22,5	2,7	21,7	6,6	9166,128	11273,21	10219,67	6,8	893,317	-279,
9415 x T2	2,0	81,4	21,5	0,9	21,2	6,7	9032,795	11250,77	10141,78	7,1	409,93	-685,
9400 x T2	2,0	104,8	20,8	4,4	21,2	3,2	9432,795	10850,77	10141,78	4,6	1454,373	359,
9261 x T2	1,9	107,3	20,8	3,9	22,7	4,9	9721,683	10539,66	10130,67	2,6	-390,069	-1474,
9120 x T2	1,9	104,8	21,3	8,4	21,7	7,7	9166,128	11072,99	10119,56	6,1	548,819	-524,
9090 x T2	2,2	102,3	21,8	3,4	22,7	7,9	9099,462	11072,99	10086,23	6,3	465,485	-574,
9403 x T2	1,8	89,8	22,2	3,5	21,8	4,4	8966,129	11184,11	10075,12	7,1	1504,373	475,
9012 x T2	1,9	89,8	21,7	1,5	20,8	4,7	9610,572	10539,66	10075,12	3,0	304,374	-724,
9544 x T2	2,0	99,8	21,7	0,9	20,8	9,1	9366,128	10717,44	10041,78	4,3	-	-
9406 x T2	1,9	84,8	21,7	2,0	20,8	0,9	9499,461	10584,11	10041,78	3,5	1337,707	342,
9382 x T2	2,0	77,3	21,3	5,5	21,3	0,2	9477,239	10495,22	9986,228	3,3	-323,403	-1263,
9188 x T2	2,1	102,3	19,3	7,5	19,8	0,0	8788,351	11095,22	9941,784	7,4	-590,069	-1485,
9180 x T2	2,1	92,3	18,8	4,0	17,3	0,9	9121,684	10761,88	9941,784	5,3	276,597	-618,
9379 x T2	2,0	117,3	20,8	8,0	19,3	0,8	9477,239	10361,88	9919,562	2,8	1759,929	886,
9264 x T2	1,9	87,3	21,3	5,5	18,8	0,8	8988,351	10806,33	9897,339	5,8	-340,069	-1190,
9626 x T2	2,0	97,3	20,3	4,5	20,3	0,4	9366,128	10406,55	9886,337	3,3	-	-
9206 x T2	1,9	91,4	20,7	3,4	20,5	16,6	9232,795	10539,66	9886,228	4,2	748,818	-90,9
9593 x T2	2,0	86,4	21,2	3,4	22,0	13,0	8899,462	10806,55	9853,004	6,1	-1928,9	-2735,

9524 x T2	2,0	96,4	19,2	6,9	20,0	14,1	9166,128	10517,44	9841,784	4,3	1093,263	297,5
9103 x T2	1,7	76,4	21,7	2,9	21,5	8,6	9432,795	10206,33	9819,562	2,5	-317,847	-1090,
9531 x T2	1,8	76,4	20,7	0,9	21,5	10,8	8966,129	10650,77	9808,451	5,4	-	-
9376 x T2	1,8	86,4	20,7	1,4	21,5	8,4	9410,573	10161,88	9786,228	2,4	909,929	170,
9630 x T2	1,8	86,4	21,7	8,9	22,0	8,2	9166,128	10339,88	9753,004	3,8	893,317	186,
9259 x T2	1,8	78,9	21,7	2,0	22,2	9,5	9255,017	10139,66	9697,34	2,8	-	-
9632 x T2	1,8	73,9	20,2	8,5	20,7	5,1	8899,462	10473,21	9686,338	5,1	-256,682	-896,
9013 x T2	1,8	78,9	21,2	5,0	20,2	5,4	8943,906	10406,33	9675,117	4,7	-1328,96	-1957,
9140 x T2	2,0	89,8	20,5	0,1	20,5	8,1	9388,35	9961,884	9675,117	1,8	1443,262	814,
9107 x T2	1,9	84,8	21,0	0,6	20,0	8,2	9032,795	10273	9652,895	4,0	-1,181	-607,
9242 x T2	1,8	87,3	20,5	1,4	21,5	11,9	9099,462	10206,33	9652,895	3,6	-128,958	-735,
9601 x T2	1,9	82,3	20,5	3,4	21,0	7,9	8966,129	10273,21	9619,671	4,2	-345,57	-918,
9631 x T2	1,7	84,8	19,0	9,4	19,5	4,1	8966,129	10206,55	9586,338	4,0	476,651	-63,
9396 x T2	1,9	79,8	20,5	4,4	20,0	9,2	9032,795	9984,107	9508,451	3,1	-478,958	-940,
9181 x T2	1,9	89,8	21,5	6,9	21,0	7,8	8855,018	10028,55	9441,784	3,8	409,93	14,6
9228 x T2	2,0	84,8	19,0	4,4	18,5	11,4	8832,795	10006,33	9419,562	3,8	-112,292	-485,
9366 x T2	1,9	102,3	19,0	0,1	19,5	1,7	8943,906	9828,551	9386,229	2,8	-706,736	-1040,
9637 x T2	2,0	97,3	19,8	7,2	20,5	10,5	8832,795	9873,214	9353,005	3,3	-	-