



LORENA GABRIELA COELHO DE QUEIROZ

**DESEMPENHO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE
ENDOGÂMICAS DE MILHO EM CRUZAMENTO *TOP-CROSS***

**LAVRAS-MG
2022**

LORENA GABRIELA COELHO DE QUEIROZ

**DESEMPENHO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO
EM CRUZAMENTO *TOP-CROSS***

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 Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. João Cândido de Souza
Orientador

**LAVRAS-MG
2022**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Queiroz, Lorena Gabriela Coelho de.

Desempenho de progênies parcialmente endogâmicas de milho em
cruzamento *top-cross* / Lorena Gabriela Coelho de Queiroz. - 2022.

60 p.

Orientador(a): João Cândido de Souza.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras,
2022.

Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. Melhoramento genético de plantas. 3. *Top-crosses*. 4.
Capacidade combinatória. I. Souza, João Cândido de. II. Título.

LORENA GABRIELA COELHO DE QUEIROZ

**DESEMPENHO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO
EM CRUZAMENTO *TOP-CROSS***

**PERFORMANCE OF PARTIALLY SELF-FERTILIZED PROGENIES OF MAIZE IN
TOP-CROSS CROSSINGS**

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 Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADO em 14 de fevereiro de 2022.

Dr. Samy Pimenta

UNIMONTES

Dr. Tiago de Souza Marçal

UFLA

Prof. Dr. João Cândido de Souza
Orientador

**LAVRAS-MG
2022**

*À minha família, em especial aos meus amados pais Derneval e Elena,
a quem eu devo tudo o que me tornei.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me dado saúde, por ter sempre me guiado no caminho certo e por ter me encorajado em todas as etapas. “Deus transforma choro em sorriso, dor em força, fraqueza em fé e sonho em realidade” (Autoria desconhecida).

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela estrutura e oportunidade.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGM) da Universidade Federal de Lavras (UFLA), por todos os conhecimentos transmitidos e por toda atenção e cuidado que têm com os alunos. Em especial, ao meu Orientador prof. Dr. João Cândido de Souza pela oportunidade de aprendizado nessa área que me encanta a cada dia. Também pelo apoio, paciência e incentivo durante todo esse tempo. Aos professores Tiago de Souza Marçal e Samy Pimenta, pela solicitude, apoio e ensinamentos.

Aos meus pais Derneval e Elena, pelo esforço contínuo, amor, compreensão, dedicação e apoio total em tudo que eu precisei, durante essa longa jornada. Tudo isso aqui é por vocês! Às minhas irmãs, Vaniane, Vanessa e Valquiria, aos meus sobrinhos Brenda, Pedro e Ísis e aos meus cunhados por toda a ajuda, paciência e carinho, vocês são minha fortaleza. Serei eternamente grata. Essa é a minha, a nossa vitória! Amo vocês.

Ao meu namorado Wilson Públio, por todo o amor, por me trazer paz e alegria, pela compreensão nos momentos difíceis e pela ajuda em tudo o que eu preciso. Amo você!

Aos meus colegas do “programa milho”, que tenho um carinho enorme, obrigada pela amizade e companheirismo. Vocês foram essenciais nessa trajetória, tornando o percurso mais prazeroso.

Aos funcionários da fazenda Vitorinha, em especial Otávio e Leonardo. E a todos os discentes do programa de genética e melhoramento, são inúmeras as contribuições.

À todos os meus amigos que foram um presente nesse caminhada, pela compreensão e momentos de alegria. Em especial à Ana Caroline, Paula Vieira e Maria Clara, por terem me dado força e terem tornado este período mais leve e alegre.

Obrigada a todos que de alguma forma contribuíram para concretização deste trabalho e do meu sonho.

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi selecionar progênies parcialmente endogâmicas de milho, através da avaliação do seu desempenho em híbridos *top-crosses*, identificando aquelas que apresentaram melhor capacidade de combinação para os caracteres de interesse comercial. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras (UFLA), no município de Lavras, Minas Gerais, na safra 2020/2021. Foram avaliados 220 híbridos *top-crosses*, obtidos por meio do cruzamento de 110 progênies parcialmente endogâmicas com duas populações testadoras A e B. Cinco híbridos comerciais (SHS 5560 PRO2, SHS 7939 PRO2, NS 45 VIP3, HL 1767 PRO2 e BM 790 PRO2) juntamente com os dois testadores (A e B) foram utilizados como testemunhas. O delineamento utilizado foi o de blocos completos ao acaso, com duas repetições. Foram avaliadas as características incidência de doenças (ID), severidade de mancha branca (SMB), altura média de plantas (AP), altura média de inserção da primeira espiga (AE), massa de 100 grãos (M100), número de grãos por espiga (NGE) e produtividade de grãos (PROD). As análises estatísticas foram realizadas via abordagem de modelos mistos REML/BLUP, com o auxílio do software R. Foram estimadas as capacidades de combinação de cada híbrido, sendo a seleção das melhores progênies realizada com base no índice de Mulamba & Mock. Foi possível observar que alguns híbridos *top-crosses* foram superiores aos híbridos comerciais. As capacidades de combinação com o testador A foram não significativas para as características PROD, NGE, AP e AE. Nenhum dos *top-crosses* apresentaram maior capacidade de combinação para todas as características. Todavia, o *top-cross* 292, em cruzamento com o testador B, apresentou elevada capacidade combinatória e relevante para as características PROD e SMB. Concluiu-se que as progênies avaliadas apresentaram alto potencial para uso em programas de melhoramento genético, demonstrando serem superiores aos híbridos comerciais. Trinta e oito progênies foram selecionadas com base no índice de Mulamba & Mock. Os ganhos esperados com a seleção para o testador A foram de 0,88, -3,06, -3,74, -7,14, -28,54% para M100, AP, AE, ID e SMB, respectivamente. E para o B, foram de 2,44, 1,96, 2,02, -1,42, -1,57, -7,24, -23,39%, para PROD, M100, NGE, AP, AE, ID e SMB, respectivamente.

Palavras-chave: *Zea mays*. Melhoramento genético de plantas. *Top-crosses*. Capacidade combinatória.

ABSTRACT

The objective of this work was to select partially self-fertilized progenies of maize, through the evaluation of their performance in top-crosses hybrids, identifying those that showed best combining ability for the traits of commercial interest. The experiment was carried out at the Center for Scientific and Technological Development of the Federal University of Lavras (UFLA), located in Lavras, Minas Gerais, during the 2020/2021 crop year. 220 top-crosses hybrids, obtained from crosses between 110 partially inbred progenies with two testers A and B, were evaluated. Five commercial maize hybrids (SHS 5560 PRO2, SHS 7939 PRO2, NS 45 VIP3, HL 1767 PRO2 e BM 790 PRO2), as well as the two testers (A and B), were used as checks. A randomized complete block design with two replicates was used. Data of maize diseases incidence (DI), maize white spot severity (MWS), plant height (PH), ear insertion height (EH), 100-kernel weight (KW), number of kernels per ear (NKE), and grain yield (GY), were collected. The statistical analyses were performed using the mixed model REML/BLUP approach through R software. The combining abilities of each hybrid were estimated, and progenies selection was performed based on Mulamba & Mock index. The top-crosses hybrids outperformed the commercial hybrids. The combining abilities with tester A were not significant for GY, NKE, PH, and EH traits. None of the top-crosses presented greater combining abilities for all traits jointly. However, the top-cross 292, in crossing with tester B, presented great and relevant combining abilities for GY and MWS traits. In conclusion, the evaluated progenies presented great potential for use in the maize breeding program, outperforming the commercial hybrids. 38 progenies were selected based on Mulamba & Mock index. The expected genetic gains for tester A were 0.88, -3.06, -3.74, -7.14, -28.54% for KW, PH, EH, DI, and SMB, respectively. And for B, they were 2.44, 1.96, 2.02, -1.42, -1.57, -7.24, -23.39%, for GY, KW, NKE, PH, EH, DI and MWS, respectively.

Keywords: *Zea mays*. Plant genetic improvement. Top-crosses. Combining ability.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador A, com base nas capacidades de combinação para os caracteres massa de 100 grãos (g) e altura de espigas (m).....39
- Figura 2- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador A, com base nas capacidades de combinação para os caracteres incidência de doenças e severidade de mancha branca.40
- Figura 3- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para os caracteres produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e massa de 100 grãos (g).....41
- Figura 4- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para os caracteres número de grãos por espiga e altura de plantas (m).42
- Figura 5- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para os caracteres altura da inserção da espiga (m) e incidência de doenças.43
- Figura 6- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para o caráter severidade de mancha branca.44

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Descrição dos tratamentos comuns. UFLA, Lavras – MG	10
Tabela 2 - Estimativas dos componentes de variância para blocos (σ_{bloco}^2), os híbridos <i>top-crosses</i> (σ_g^2), testemunhas (σ_{test}^2), variância do erro (σ_{erro}^2), coeficiente de variação genético (CV_g) coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), herdabilidade ampla (h^2), acurácia seletiva ($r\hat{g}g$) e média geral, para o testador A. UFLA, Lavras – MG.....	16
Tabela 3 - Estimativas dos componentes de variância para blocos (σ_{bloco}^2), os híbridos <i>top-crosses</i> (σ_g^2), testemunhas (σ_{test}^2), variância do erro (σ_{erro}^2), coeficiente de variação genético (CV_g) coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), herdabilidade ampla (h^2), acurácia seletiva ($r\hat{g}g$) e média geral, para o testador B. UFLA, Lavras – MG.....	16
Tabela 4 - Média das testemunhas e dos híbridos <i>top-crosses</i> para os dois testadores A e B, considerando todas as características avaliadas. UFLA, Lavras – MG.	20
Tabela 5 - Estimativas para ganhos de seleção percentuais de caracteres de interesse agrônômico em 22 híbridos de <i>top-crosses</i> de milho, pelo índice proposto por Mulamba & Mock (1978), com pesos econômicos (1, coeficiente de variação genética - CV_g) e o método de seleção direta (SD). UFLA, Lavras – MG.....	25
Tabela 6 – Híbridos <i>top-crosses</i> selecionados pelo índice de seleção Mulamba & Mock, com peso econômico 1, intensidade de seleção de 20%. UFLA, Lavras- MG, 2022.....	26
Tabela 7 – Médias ajustadas dos híbridos <i>top-cross</i> para todas as características avaliadas, com o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022.	33
Tabela 8 – Médias ajustadas dos híbridos <i>top-cross</i> para todas as características avaliadas, com o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022.	35
Tabela 9 – Ranqueamento dos híbridos <i>top-crosses</i> quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo cinco características de interesse agrônômico, para o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022.....	45
Tabela 10 –Ranqueamento dos híbridos <i>top-crosses</i> quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo sete características de interesse agrônômico, para o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022.	48

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	1
2	REFERENCIAL TEÓRICO	2
2.1	Importância econômica	2
2.2	Milho híbrido	3
2.3	Esquema <i>top-cross</i> e capacidade de combinação	5
3	MATERIAL E MÉTODOS	9
3.1	Local	9
3.2	Área experimental e manejo	9
3.3	Genótipos e obtenção dos <i>top-crosses</i>	9
3.4	Instalação dos experimentos	10
3.5	Caracteres avaliados	10
3.6	Análise de dados e estimativas dos parâmetros genéticos	12
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	16
4.1	Parâmetros genéticos	16
4.2	Comparação entre os híbridos <i>top-crosses</i> e testadores	19
4.3	Capacidade combinatória	21
4.4	Ranqueamento e seleção de progênies	24
5	CONCLUSÕES	28
	REFERÊNCIAS	29
	APÊNDICE	33

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma *commodity* agrícola de grande importância socioeconômica. No âmbito social, por ser um alimento de baixo custo, matéria-prima nas agroindustriais e possibilidade de cultivo por pequenos e grandes produtores. Já, a notoriedade econômica deve-se ao valor nutricional de seus grãos e a versatilidade de uso, que vai desde o consumo direto, humano e animal, até a indústria de alta tecnologia na produção de subprodutos (GALVÃO *et al.*, 2014).

O Brasil destaca-se na produção de milho, ocupando a terceira posição entre os maiores produtores mundiais, ficando atrás dos Estados Unidos e da China. De acordo os dados da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), a estimativa da produção dessa *commodity* no ano agrícola 2021/22 é de 117,2 milhões de toneladas, com um aumento percentual de 34,6% na produção em relação à safra passada.

O aumento do consumo mundial e a limitação da expansão de áreas agricultáveis evidencia a necessidade do aumento da produção de grãos nas áreas já exploradas. Uma alternativa para contornar esse cenário de uma forma economicamente viável é através dos programas de melhoramento voltados para a obtenção de milho híbrido com maior potencial produtivo que os já existentes.

Um programa de desenvolvimento de híbridos é fundamentado na obtenção de linhagens, na avaliação da capacidade de combinação e do potencial *per se* dessas. A avaliação das linhagens é um dos processos mais dispendiosos em um programa de obtenção de híbridos, tornando-se inviável a avaliação de todos os cruzamentos possíveis de um número elevado de linhagens, como prevê o método do dialelo (PATERNIANI *et al.*, 2010).

Com o intuito de facilitar a avaliação de linhagens, foi proposto por Davis (1929) o método de *top-cross*, que consiste no cruzamento de uma série de linhagens ou progênies com um ou mais testadores em comum, para obtenção de informações preliminares voltadas ao conhecimento da capacidade combinatória das mesmas.

O testador ideal utilizado em cruzamentos *top-cross* é aquele que fornece informações corretas quanto a classificação do mérito relativo das linhagens em combinações, aliado a maximização do ganho genético (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Por conseguinte, o trabalho tem por finalidade selecionar progênies parcialmente endogâmicas de milho, através da avaliação do seu desempenho em híbridos *top-crosses*, identificando aquelas que apresentaram melhor capacidade combinatória para os caracteres de interesse comercial.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância econômica

O milho é uma das *commodities* agrícolas de maior relevância no mundo, estando presente em diferentes segmentos de mercado. De acordo com a CONAB o seu destaque nos sistemas agroindustriais, está particularmente voltado à produção animal. Do mesmo modo, possui grande aplicabilidade na indústria química, como na produção do etanol, um combustível renovável. Essa cultura também está associada ao consumo humano, sendo a base alimentar da população de muitos países, devido às suas qualidades nutricionais (CONAB, 2020).

A cultura apresenta ampla distribuição geográfica, devido a sua grande variabilidade genética em função da natureza de polinização cruzada e processos de melhoramento, o que permite sua adaptabilidade desde região equatorial até o limite das zonas temperadas e do nível do mar até altas altitudes, superiores a 3600 metros, prosperando em climas tropicais, subtropicais e temperado (ELMYHUN *et al.*, 2020; MAGALHÃES; SOUZA, 2015).

A produção mundial do milho e o seu consumo vem mostrando um leve incremento, porém persistente, ao longo dos anos. Conforme apresentado pela CONAB (2020), acredita-se que o aumento no consumo se deve ao seu uso na alimentação animal, em decorrência da rápida expansão dos setores de gado, aves e suínos. É previsto que o consumo global de milho continue aumentando, porém, em um ritmo mais lento comparado a década anterior (CONAB, 2020).

No cenário mundial, o milho alcançou o patamar de maior cultura agrícola, sobressaindo às culturas do arroz e trigo, com uma estimativa de produção mundial de 1,2 bilhões de toneladas na safra 2021/22. Os principais países produtores desta *commodity* são os Estados Unidos, China e Brasil. Na safra 2020/2021, esses foram responsáveis por cerca de 63% da produção mundial de milho (CONTINI *et al.*, 2019; USDA, 2022).

No Brasil, a cultura é considerada como o alicerce do sistema produtivo, em virtude da do seu cultivo em diversas épocas. O milho está entre as três *commodities* mais produzidas no país, com área semeada de 19,7 milhões de hectares, atingindo uma produção de 85,8 milhões de toneladas e produtividade média de 4,3 ton.ha⁻¹. Esse volume deve-se à participação distribuída nas três safras, sendo 24,7 milhões de toneladas na primeira safra, 59,5 milhões na segunda e 1,5 milhão na terceira safra (CONAB, 2021). Na região Sudeste do país, encontra-

se um dos principais estados produtores de milho, Minas Gerais, que ocupa a quinta posição no ranking de maiores produtores nacionais. O estado de Minas Gerais na safra 2020/2021, até o mês de setembro, apresentou área cultivada de 1.310,9 mil hectares, obtendo produção total de 6,1 milhões de toneladas (CONAB, 2021).

Um dos pilares da produtividade dessa *commodity* é a utilização de milho híbrido, o que proporciona grande retorno econômico, devido à produção de sementes por empresas especializadas e a sua comercialização para os produtores (GALVÃO *et al.*, 2014).

2.2 Milho híbrido

É inquestionável a contribuição do melhoramento de plantas para a humanidade e para a agricultura. A intervenção genética teve papel fundamental no aumento expressivo da produtividade do milho, por meio da tecnologia do milho híbrido. O milho híbrido é definido como a geração F_1 , resultante do cruzamento entre indivíduos geneticamente divergentes e homocigotos, apresentando alta produtividade e uniformidade (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017; SHULL, 1909).

Os primeiros trabalhos com a hibridação artificial do milho foi realizado por William J. Beal, no final de 1800. O autor utilizou variedades de polinização aberta para desenvolver os primeiros híbridos intervarietais da espécie, apresentando indícios do efeito da heterose na cultura (LIMA; BÓREM, 2018).

Em 1909, o pesquisador e geneticista George H. Shull propôs em seu trabalho, o uso comercial de híbridos simples. Shull, ao autofecundar a planta por sucessivas gerações, produziu descendentes, geneticamente semelhantes, denominados linhas puras, com baixo vigor. No entanto, ao cruzar linhagens contrastantes, resultou em genótipos com produtividade muito superior às variedades disponíveis na época, o qual foi definido como vigor híbrido ou heterose.

A heterose ou vigor híbrido é conceituada como a superioridade da geração F_1 em relação à média dos seus genitores, ou seja, a diferença entre a média da característica avaliada (fenótipo) dos indivíduos oriundos de um cruzamento e a média desta mesma característica medida nos parentais (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; RAMALHO *et al.*, 2012).

Inicialmente, o uso de híbrido simples não foi adotado de imediato, pois era economicamente inviável a produção de sementes híbridas, devido às linhagens apresentarem

baixo vigor e produtividade (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). No entanto, a utilização de híbridos foi viabilizada quando Donald F. Jones, em 1918, propôs o uso de híbridos duplos de milho, o que, além de diminuir o custo de produção das sementes, possibilitou o desenvolvimento de empresas sementeiras.

No Brasil, o Instituto Agrônomo de Campinas - IAC, em 1932, foi pioneiro no programa de melhoramento de milho, onde Carlos A. Krug produziu o primeiro híbrido duplo brasileiro. Entretanto, o primeiro híbrido comercial brasileiro foi desenvolvido por Gladstone Drummond e Antônio Secundino, em 1935, em seus trabalhos de pesquisas de milho híbrido na Universidade Federal de Viçosa. Posteriormente, esses pesquisadores fundaram uma empresa privada de sementes, a companhia Sementes Agrocere S/A (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

Existem diversos trabalhos que comprovam o desempenho superior do milho híbrido e o aumento constante da sua produtividade. Guimarães *et al.* (2007) avaliaram a produtividade de 36 híbridos simples de milho obtidos de um dialelo. Reportaram em seu trabalho o desempenho superior do híbrido 4x3' com produtividade de 11402 kg.ha⁻¹, que superou a média das testemunhas comerciais, indicando complementação gênica e elevada diversidade genética entre as linhagens genitoras. Santos *et al.* (2021) avaliaram a produtividade de grãos de 78 genótipos em um ensaio valor de cultivo e uso e observaram que no ranqueamento os 10 primeiros genótipos mais produtivos eram híbridos (oito híbridos *top-cross*, um híbrido simples e um duplo), com desempenho superior as variedades utilizadas. Lourençoni *et al.* (2021) observaram em seu trabalho os híbridos DH1800007 e DH1800032, obtidos de linhagens duplo-haplóides, com produtividade de 13,51 ton.ha⁻¹ e 12,50 ton.ha⁻¹, respectivamente, superior aos híbridos comerciais utilizados.

Atualmente, há diversos tipos de híbridos de milho que podem ser sintetizados, conforme descrição feita por Sawazaki e Paterniani (2004):

- i. Híbrido Simples: obtido do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas contrastantes. Apresenta grande uniformidade e maior potencial produtivo que os demais híbridos.
- ii. Híbrido Simples Modificado: difere do anterior apenas quanto à linhagem genitora receptora de pólen, que será um híbrido entre duas linhagens aparentadas ($A \times A'$) e o genitor masculino outra linhagem (B), resultando a seguinte constituição: $[(A \times A') \times B]$. Dessa forma, tem-se uma redução no custo de produção de sementes.

- iii. Híbrido Duplo: obtido por meio do cruzamento de dois híbridos simples [(A x B) x (C x D)], ou seja, proveniente do cruzamento de quatro linhagens. Caracteriza-se por apresentar maior variabilidade genética em comparação com os híbridos simples e triplos, apresentando baixa uniformidade e menor custo da semente.
- iv. Híbrido Triplo: oriundo do cruzamento entre um híbrido simples (A x B) com uma terceira linhagem (C). Para o sucesso na obtenção desse híbrido, é preciso que a linhagem utilizada como polinizadora produza bastante pólen para ser plantada de maneira intercalada ao híbrido simples.
- v. Híbrido Triplo Modificado: difere do anterior quanto à linhagem polinizadora, que passa a ser utilizado um híbrido entre linhagens aparentadas (C x C'), resultando no seguinte esquema de cruzamento: [(A x B) x (C x C')].
- vi. Top-Cross: é um híbrido proveniente do cruzamento entre híbridos x variedades ou variedades x linhagem. Essa denominação também é comumente empregada nos cruzamentos entre linhagens com um testador em comum, podendo ser uma linhagem, híbrido ou variedade.
- vii. Híbrido Intervarietal: oriundo do cruzamento entre duas variedades de milho. Esse híbrido pode ser obtido pelos próprios produtores. Todavia, apresenta menor produtividade que os híbridos de linhagens, maior desuniformidade das plantas e maior variabilidade genética.

A aquisição das sementes híbridas pelos produtores é necessária em todos os anos, pois a sua alta produtividade é expressa somente na primeira geração F_1 . Uma vez que, nessa geração a heterose é máxima, enquanto nas gerações seguintes é reduzida em função da depressão por endogamia e carga genética (RAMALHO *et al.*, 2012).

À vista disso, os agricultores não podem usar as sementes colhidas para a semeadura na próxima safra, pois resultaria em perda vigor e uniformidade. Dessa forma, os aspectos comerciais do milho híbrido tornaram-se um negócio atraente, porque os parentais utilizados na sua obtenção são controlados pelos seus detentores, que são as empresas comerciais especializadas na produção e venda de sementes híbridas (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

2.3 Esquema *top-cross* e capacidade de combinação

Nos programas de melhoramento de milho híbrido é imprescindível a seleção de linhagens endogâmicas. Apesar de serem geradas inúmeras linhagens por ano, esse genótipo apresenta depressão por endogamia, sendo pouco competitivo e com baixo potencial *per se*, dificultando a avaliação e caracterização fenotípica desses materiais pelos melhoristas (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Ademais, a correlação existente entre o desempenho *per se* das linhagens e dos seus híbridos é baixa, ou seja, não é possível inferir sobre o potencial dos híbridos apenas com informações intrínsecas das linhagens.

No que tange às avaliações dos caracteres agronômicos das linhagens ou progênies parcialmente endogâmicas, os cruzamentos dialélicos e o *top-cross* constituem os métodos mais aplicados para a obtenção dessas informações, pois possibilitam avaliar o desempenho e a expressão da heterose em combinações híbridas.

O cruzamento dialélico é um sistema pelo qual n linhagens ou variedades são cruzadas par a par, gerando n^2 combinações híbridas, sendo um dos métodos mais empregados para avaliação da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) (CRUZ *et al.*, 2012; GRIFFING, 1956). Entretanto, torna-se impraticável para um número elevado de linhagens.

Diante disso, na tentativa de reverter essa situação, surgiu o método de *top-cross* proposto por Davis (1929), que implica na combinação de um ou mais genótipos testadores com um grande número de linhagens ou progênies a serem avaliadas. Esse esquema de cruzamento ganhou adeptos rapidamente e tornou-se um processo padrão nos programas de melhoramento, sendo indispensável para o estudo e desenvolvimento de híbridos (LIMA; BORÉM, 2018).

Um entrave na utilização do método *top-cross* está relacionado com a escolha do testador, pois este deve ser apropriado para a discriminação das linhagens em relação às características estudadas. Na concepção de Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), os testadores exercem papel fundamental na determinação da variabilidade genética dos *top-crosses*. O testador mais apropriado para ser utilizado nesse método é aquele capaz de classificar corretamente as linhagens ou progênies quanto ao seu desempenho, e que maximize o ganho genético. Segundo Lima e Borém (2018), na escolha do testador, deve-se definir o que será revelado sobre o valor genético do genótipo avaliado, ou seja, o real valor da capacidade de combinação intrínseca desse genótipo, de modo que provê confiabilidade nas informações, para que possa ser indicado para qualquer combinação híbrida.

Os híbridos *top-crosses*, apesar de não serem considerados de valor comercial, são largamente utilizados para avaliar a capacidade combinatória das progênes ou linhagens, nesse caso, a CGC e a CEC, além de possibilitar a seleção de linhagens ou progênes nos estágios iniciais do programa de melhoramento (GUEDES, 2009; SOMERA *et al.*, 2018). Perante o exposto, o melhorista consegue prosseguir no programa com um menor número de genótipos, o que facilita a condução, e, além disso, a eliminação dos genótipos que não seriam bons genitores.

A capacidade geral de combinação (CGC) é definida como o desempenho médio de um genitor em combinações híbridas, enquanto a capacidade específica de combinação (CEC) está associada ao comportamento de certas combinações híbridas a serem superiores ou inferiores em relação ao comportamento médio dos genitores utilizados (SPRAGUE & TATUM, 1942).

A CGC é resultado direto das diferenças de frequências alélicas, isto é, a diferença entre a frequência do alelo favorável para um determinado loco na linhagem que está sendo avaliada (p_i) e a frequência média alélica de todas as linhagens sob avaliação (\bar{p}). Entretanto, a CGC também depende da frequência alélica do testador que está sendo utilizado $CGC=(p_i-\bar{p})[a+(1-2t)d]$ em que o t é a frequência alélica do testador; a é o desvio dos locos homozigotos, em relação a média; e d o desvio dos locos heterozigotos, em relação a média (SANTOS, 2012; VENCOVSKY, 1987). Segundo Amaral (2020), na prática, não se tem conhecimento das frequências alélicas dos genitores e por essa razão, eles precisam ser testados em experimentos para obter as estimativas da capacidade de combinação.

Habitualmente, as correlações envolvendo a seleção de linhagens e o esquema *top-cross* tem despertado o interesse de vários pesquisadores. Bolson *et al.* (2016), estudaram a capacidade combinatória de linhagens de milho cruzadas em *top-cross* com dois híbridos comerciais adaptados à safrinha (P30K75 e AG9010). Os autores observaram para ambos os testadores utilizados, quadrados médios de *top-crosses* significativos, indicando a existência de variabilidade genética, para as linhagens, quanto às características estudadas. Para a CGC, foram detectadas diferenças significativas, favorável ao melhoramento, o que garante a possibilidade de seleção entre as linhagens. Selecionaram oito das 47 linhagens avaliadas no estudo, que apresentavam estimativas satisfatórias de CGC para os caracteres em estudo.

Somera *et al.* (2018), também utilizaram o esquema *top-cross* para avaliar a CGC de linhagens parcialmente endogâmicas. Os autores evidenciaram estimativas altas e positivas de CGC para produtividade. Em contrapartida, verificaram valores negativos de CGC para

híbridos *top-crosses* com relação às características como altura de inserção da espiga, dias para o florescimento masculino e feminino. Os autores elucidaram que esses resultados são desejáveis nos programas de melhoramento do milho, pois estão relacionados com a redução no acamamento, quebra do colmo e precocidade. Corroborando com os resultados obtidos por Seyoum, Wegary e Alamerew (2016), que trabalharam com a avaliação do desempenho dos *top-crosses* de linhagens endogâmicas e a capacidade de combinação para produtividade e outras características de importância agrônômica no sudoeste da Etiópia.

As metodologias de avaliação de linhagens, por meio de híbridos sintetizados em dialelos ou *top-cross*, têm grande aplicabilidade, pois permitem avaliar o mérito das linhagens genitoras com menores influências de erros experimentais e a melhoria dos processos dispendiosos em tempo e recursos, que envolvam o desenvolvimento de linhagens em programas de melhoramento (BOLSON *et al.*, 2016).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária pertencente à Universidade Federal de Lavras (UFLA), no município de Lavras, Minas Gerais, a 918 m de altitude, 21° 58' de latitude Sul e 42° 22' de longitude Oeste. Segundo a classificação de Koppen o clima da região é Cwa, clima temperado úmido com inverno seco e verão quente (KOTTEK *et al.*, 2006).

3.2 Área experimental e manejo

Para a instalação do experimento, foram coletadas amostras de solo 30 dias antes do plantio para análise de fertilidade. A área foi submetida à dessecação 10 dias antes do plantio, utilizando 3 L.ha⁻¹ do herbicida Roundup WG[®] (Glifosato) + 30 ml.ha⁻¹ Aurora 400 EC[®] (Triazolona). A adubação utilizada no plantio correspondeu a 250 kg.ha⁻¹ do formulado NPK 8-28-16, e a adubação de cobertura foi realizada 25 dias após o plantio, com 200 kg.ha⁻¹ de uréia (45% N). Os demais tratos culturais foram realizados de acordo as recomendações de Borém, Galvão e Pimentel (2017), para a cultura.

3.3 Genótipos e obtenção dos *top-crosses*

Os tratamentos regulares foram 220 híbridos, obtidos em esquema *top-cross*, por meio do cruzamento de 110 progênes parcialmente endogâmicas, oriundas do banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras- UFLA, com dois testadores (A e B). Esses testadores correspondem a duas populações que estavam no oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca (SRR), do Programa de Melhoramento Genético do Milho da UFLA, que apresentam boa complementariedade entre si, sendo consideradas divergentes.

Para obtenção dos híbridos *top-crosses*, o material foi disposto no campo conforme o método Irlandês (PATERNIANI; CAMPOS, 1999), a cada quatro linhas femininas (progênes) semeadas, intercalou-se com uma linha masculina (testador), sendo realizado um ensaio para cada população testadora. As linhas femininas foram despendoadas na fase de emissão da inflorescência masculina, garantindo que as progênes fossem polinizadas somente

com a mistura de pólen do testador. Os cruzamentos com os testadores A e B foram realizados no mesmo local, em áreas distintas com distância de 400 m.

Os tratamentos comuns (testemunhas) foram os híbridos comerciais SHS 5560 PRO2, SHS 7939 PRO2, NS 45 VIP3, HL 1767 PRO2 e BM 790 PRO2 e as duas populações testadoras (TABELA 1).

Tabela 1 - Descrição dos tratamentos comuns. UFLA, Lavras – MG.

Híbrido	Classificação	Empresa/Instituição	Tecnologia
SHS 5560	Híbrido triplo	Santa Helena Sementes	PRO 2
NS 45	Híbrido simples	Nidera Sementes	VIP 3
HL 1767	Híbrido simples	Helix Sementes	PRO 2
SHS 7939	Híbrido triplo	Santa Helena Sementes	PRO 2
BM 790	Híbrido simples	Biomatrix	PRO 2
Testador A	População	UFLA	-
Testador B	População	UFLA	-

PRO2: Tolerância a insetos da ordem lepidóptera e ao herbicida Glifosato. VIP3: controle de lagartas, das folhas, da espiga e elasmó.

Fonte: Do autor (2022).

3.4 Instalação dos experimentos

Os híbridos *top-crosses* originados pelo esquema *top-cross* com os dois testadores foram avaliados na primeira safra do ano agrícola 2020/2021. A data de plantio foi 25/11/2020.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados (DBC), com duas repetições. As parcelas foram constituídas por duas linhas de dois metros, com espaçamento de 0,6 m entre linhas e 0,25 m entre plantas, totalizando 16 plantas por parcela após desbaste. O desbaste foi efetuado 25 dias após a emergência das plantas (DAE), com uma densidade populacional equivalente a 66 mil plantas por hectare.

3.5 Caracteres avaliados

Foram avaliadas as seguintes características:

- i. Altura média da planta (AP): medida em três plantas por parcela a partir do nível do solo até a inserção do pendão, no estágio fenológico R1, expressa em metros (m);

- ii. Altura média da espiga (AE): medida em três plantas por parcela a partir do nível do solo até a inserção da espiga superior no colmo, no estágio fenológico R1, em metros (m);
- iii. Incidência doenças foliares (ID): foi utilizada a escala proposta por Agrocere (1996) adaptada, onde é dada uma nota geral para a parcela de 1 a 9, sendo que a nota 1 corresponde a ausência de sintoma das doenças foliares, nota 2 para 1% da área foliar afetada, nota 3 para 2,5%, nota 4 para 5%, nota 5 para presença de sintomas em 10% da área foliar, nota 6 para 25%, nota 7 para 50%, nota 8 para 75% e nota 9 para presença de sintoma em > 75% de área foliar. A porcentagem da área foliar afetada foi feita considerando três folhas da planta (folha imediatamente abaixo da espiga, folha da espiga e folha imediatamente acima da espiga). As avaliações da incidência de doenças foram realizadas com 90 e 100 dias após a semeadura (DAS), considerando as seguintes patologias: mancha branca (*Phaeosphaeria maydis* / *Pantoea ananatis*), mancha de diplodia (*Stenocarpella macrospora*), cercosporiose (*Cercospora zeaemaydis*) e helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*);
- iv. Severidade da mancha branca (SMB): foi utilizada a escala diagramática para o complexo mancha branca proposta por Sachs *et al.* (2011), as avaliações foram feitas com 100 DAS. Foram selecionadas três plantas de cada parcela ao acaso e avaliadas três folhas do terço médio da planta (folha imediatamente abaixo da espiga, folha da espiga e folha imediatamente acima da espiga);
 - i. Número de grãos por espiga (NGE): correspondente à multiplicação do número de fileiras da espiga x número de grãos por fileira de quatro espigas selecionadas aleatoriamente;
 - ii. Massa de 100 grãos (M100): pesagem de 100 grãos contados após a debulha das quatro espigas colhidas aleatoriamente na parcela, expresso em gramas (g);
 - iii. Produtividade de grãos (PROD): massa de grãos da parcela, obtido em kg.parcela⁻¹, sendo feita a correção para o teor de umidade de 13%, de acordo Schmidt *et al.* (2001) e transformado para kg.ha⁻¹.
 1. Equação para correção da umidade para 13% (3.1):

$$PGC = \frac{PROD(100-U)}{87} \quad (3.1)$$

em que:

PGC: massa de grãos corrigido, em kg.parcela⁻¹;

PROD: massa de grãos não corrigido, em kg.parcela⁻¹;

U: teor de umidade de grãos da parcela.

2. A correção da produtividade de grãos, em razão do estande variável, foi feito com seis métodos, regra de três, análise de covariância com correção para o estande ideal e médio, correção proposta por Vencovsky & Cruz (1991), Cruz (1971) e Zuber (1942), com o auxílio do software GENES (Cruz, 2016). Dentre os métodos utilizados foi escolhida a correção com análise de covariância para estande ideal.
3. O resultado foi extrapolado para kg.ha⁻¹, utilizando a produção de grãos por parcela a 13% de umidade (P_{13%}), a área útil da parcela, 4 m x 0,6 m que corresponde a 2,4 m² e a área equivalente a um hectare (10.000 m²), de acordo com a seguinte equação (3.2):

$$\text{PROD} = \frac{P_{13\%} * 10000}{2,4} \quad (3.2)$$

3.6 Análise de dados e estimativas dos parâmetros genéticos

Inicialmente, para a análise dos dados, foi verificado o atendimento aos pressupostos de normalidade dos erros pelo teste de Shapiro e Wilk (1965), e o da homogeneidade das variâncias residuais pelo teste de Bartlett (1937).

As análises foram realizadas via abordagem de modelos mistos, utilizando o melhor preditor linear não viesado (BLUP), para predição de valores genéticos, e o método da máxima verossimilhança restrita (REML) na estimação de componentes de variância.

Foram efetuadas as análises de acordo com o seguinte modelo (3.3):

$$y = I\mu + X_r\tau_r + X_t\tau_t + Z_g u_g + e \quad (3.3)$$

em que:

$y^{n \times 1}$: vetor de observações fenotípicas, em que, n é o número de observações;

$\mu^{n \times 1}$: constante inerente a todas as observações;

$X_r^{n \times 2}$: matriz de incidência dos efeitos de repetições;

$\tau_r^{2 \times 1}$: vetor dos efeitos de repetições (fixo);

$X_t^{n \times 7}$: matriz de incidência dos efeitos de testemunhas;

$\tau_t^{7 \times 1}$: vetor dos efeitos de testemunhas (fixo);

$Z_g^{n \times 110}$: matriz de incidência dos efeitos genotípicos;

$u_g^{110 \times 1}$: vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios);

$e^{n \times 1}$: vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I \sigma_e^2$, em que, I é uma matriz identidade de dimensão $n \times n$ e σ_e^2 é o erro experimental.

A precisão experimental foi avaliada segundo recomendações de Resende & Duarte (2007), utilizando estimativas do coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) (3.4) e acurácia seletiva ($r\hat{g}g$) (3.5):

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{Y}} \times 100 \quad (3.4)$$

em que:

$CV_e(\%)$: é o coeficiente de variação experimental;

σ_e^2 : é a variância do erro experimental;

\bar{Y} : é a média geral do experimento.

$$r\hat{g}g = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_g^2}\right)} \quad (3.5)$$

em que:

$r\hat{g}g$: é a acurácia seletiva;

PEV : é a variância do erro de predição dos BLUP's;

σ_g^2 : é a variância genotípica entre os tratamentos.

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos, herdabilidade (h^2) (3.6), coeficiente de variação genético (CV_g) (3.7) e coeficiente de variação relativo (CV_r) (3.8):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}} \quad (3.6)$$

em que:

σ_g^2 : é a variância genotípica entre os tratamentos;

σ_e^2 : é a variância do erro experimental;

r : número de repetições.

$$CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{Y}} \times 100 \quad (3.7)$$

em que:

σ_g^2 : é a variância genotípica entre os tratamentos;

\bar{Y} : é a média geral do experimento.

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (3.8)$$

em que:

CV_g : coeficiente de variação genético;

CV_e : é o coeficiente de variação experimental.

A estimativa da capacidade geral combinação (g_i) (3.9) foi obtida conforme a expressão abaixo:

$$g_i = (y_i - \bar{y}) \times h^2 \quad (3.9)$$

em que:

g_i : é o efeito da capacidade de combinação das progênies parcialmente endogâmicas;

y_i : é a média de cada híbrido *top-cross*;

\bar{y} : é a média geral dos *top-crosses*;

h^2 : herdabilidade do caráter.

Para facilitar a seleção dos melhores *top-crosses*, foi utilizado o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978). Previamente, foi estabelecido para cada um dos caracteres o sentido da seleção, para as características PROD, M100 e NGE a seleção foi no sentido de aumentar o caráter e para as características AP, AE, ID e SMB foi no sentido de reduzir. Foram aplicados pesos econômicos para todas as características de acordo com as seguintes estratégias: peso 1 e coeficiente de variação genético (CV_g). Adicionalmente, foi realizada a seleção direta das características para comprovar a eficiência do índice de seleção de Mulamba & Mock (M&M).

A soma das classificações de M&M foi calculada pela expressão (3.10):

$$I_i = \sum_k r_{ik} \quad (3.10)$$

em que: r_{ik} é o posto do híbrido *top-cross* i para o caráter k .

Após a obtenção dos valores genotípicos dos híbridos *top-crosses* e o ranqueamento para cada um dos dois pesos econômicos utilizados na seleção simultânea, foi aplicada uma intensidade de seleção de 20% para os genótipos superiores em cada cenário. Os diferentes ranqueamentos foram comparados entre si e com a seleção direta de acordo com os valores estimados de ganho com a seleção, para definir o índice que proporcionaria ganhos

homogêneos para todas as características, e, posteriormente, fazer a seleção das progênes superiores.

O ganho de seleção (3.11) foi estimado por:

$$GS\% = \frac{h^2 \times ds}{M_o} \quad (3.11)$$

em que:

h^2 : herdabilidade do caráter.

M_o : média original;

ds : diferencial de seleção (Média dos genótipos selecionados - M_o).

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software R v.3.6.2 (R CORE TEAM, 2019), as análises pela metodologia REML/BLUP foram realizadas com auxílio do pacote lme4 (BATES *et al.*, 2015). Os gráficos foram construídos pelo pacote ggplot2 (WICKHAM, 2016).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Parâmetros genéticos

Segundo Scapim, Carvalho e Cruz (1995) o uso do coeficiente de variação experimental é fundamental para fazer comparações entre experimentos diferentes, como, por exemplo, a respeito da significância dos efeitos para as fontes de variação. Os coeficientes de variação experimental (CV_e) apresentaram valores abaixo de 15% para a maioria dos caracteres, com exceção da SMB, que apresentou valores de 61,5% e 52,9% para o testador A e B, respectivamente, (TABELAS 2 e 3). Amaral (2020), trabalhando com a avaliação do desempenho de híbridos de milho constatou CV_e próximo de 20%, para o caráter severidade de mancha branca, inferior ao encontrado nesse trabalho. É comumente observado coeficientes de variação altos para esse tipo de característica, visto que sua média fenotípica é com base em notas e uma determinada repetição pode apresentar sintomas e a outras não, em virtude das doenças ocorrerem em reboleiras.

Tabela 2 - Estimativas dos componentes de variância dos híbridos *top-crosses* (σ_g^2), do erro (σ_{erro}^2), coeficiente de variação genético (CV_g) coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), herdabilidade ampla (h^2), acurácia seletiva ($r\hat{g}g$) e média geral, para o testador A. UFLA, Lavras – MG.

Parâmetros	PROD ¹	M100 ²	NGE ³	AP ⁴	AE ⁵	ID ⁶	SMB ⁷
σ_g^2	73728,69 ^{ns}	2,53**	648,87 ^{ns}	0,01.	0,01*	0,22**	0,49**
σ_{erro}^2	568066,10	6,01	3269,88	0,03	0,01	0,30	0,56
CV_e (%)	7,85	9,27	11,22	11,51	13,67	14,81	61,47
$r\hat{g}g$	0,43	0,64	0,50	0,55	0,58	0,74	0,77
CV_g (%)	2,83	6,02	5,00	5,77	7,49	12,61	57,67
CV_r	0,36	0,65	0,45	0,50	0,55	0,85	0,94
h^2	0,21	0,46	0,28	0,33	0,38	0,59	0,64
Média	9570,94	26,46	505,37	1,62	0,86	3,68	1,18

Legenda: ¹produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); ²massa de 100 grãos (g); ³número de grãos por espiga; ⁴altura de plantas; ⁵altura de inserção da espiga; ⁶incidência de doenças; ⁷severidade da mancha branca. ‘*’, ‘**’ e ‘.’ - significativo, a 1%, 5% e 10% de probabilidade, pelo teste LRT; ^{ns}- não significativo.

Fonte: Do autor (2022).

Tabela 3 - Estimativas dos componentes de variância dos híbridos *top-crosses* (σ_g^2), do erro (σ_{erro}^2), coeficiente de variação genético (CV_g) coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), herdabilidade ampla

(h^2), acurácia seletiva ($r\hat{g}g$) e média geral, para o testador B. UFLA, Lavras – MG.

Parâmetros	PROD ¹	M100 ²	NGE ³	AP ⁴	AE ⁵	ID ⁶	SMB ⁷
σ_g^2	351533,90**	2,98**	1609,86**	0,01**	0,01**	0,27**	0,52**
σ_{erro}^2	995491,50	7,27	2393,80	0,04	0,02	0,32	0,54
CV_e (%)	9,60	9,73	9,54	10,63	12,49	14,26	52,87
$r\hat{g}g$	0,64	0,66	0,75	0,64	0,69	0,79	0,81
CV_g (%)	5,71	6,23	7,82	6,25	8,56	13,19	52,09
CV_r	0,59	0,64	0,82	0,59	0,69	0,93	0,99
h^2	0,41	0,45	0,57	0,41	0,48	0,63	0,66
Média	10378,63	27,74	511,28	1,86	1,04	3,95	1,35

Legenda: ¹produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); ²massa de 100 grãos (g); ³número de grãos por espiga; ⁴altura de plantas; ⁵altura de inserção da espiga; ⁶incidência de doenças; ⁷severidade da mancha branca. ‘**’ - significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste LRT.

Fonte: Do autor (2022).

Conforme a classificação proposta por Fritsche-Neto *et al.* (2012), que proporcionaram CV_e 's para algumas características na cultura do milho, os caracteres PROD e M100 obtiveram um CV_e intermediário, enquanto AP e AE apresentaram um CV_e classificado como muito alto e alto, respectivamente. Esses resultados corroboram com a classificação proposta por Scapim, Carvalho e Cruz (1995), com base em dados da cultura do milho na área de genética e melhoramento de plantas. A baixa precisão experimental observada pode estar associada ao desbalanceamento, variação na quantidade de repetições analisadas, pois houve perda de parcelas, assim como o tipo de característica avaliada.

No entanto, basear-se apenas no coeficiente de variação para definir a precisão ou a qualidade experimental não é adequado, visto que não leva em consideração a variância genotípica associada ao caráter. A acurácia seletiva é um parâmetro importante para avaliar a precisão experimental, pois se refere à correlação entre o valor genotípico real do tratamento genético e aquele predito por meio das informações dos ensaios (RESENDE & DUARTE, 2007). Para os caracteres com σ_g^2 significativo foram observados valores de acurácia seletiva que variaram de 0,58 (AE) a 0,77 (SMB), nos ensaios com o testador A e de 0,64 (PROD) a 0,81 (SMB) com o testador B, considerando apenas as variáveis que apresentaram diferença significativa entre os genótipos (TABELAS 2 e 3). Esses valores são classificados como de moderado a alto e são desejados estimativas próximas de 100% ou da unidade (RESENDE & DUARTE, 2007). Os maiores valores de acurácias estão associadas a uma maior variância

genética e menor variância ambiental, que contribui para uma boa confiabilidade dos resultados obtidos.

A variância genética para os *top-crosses* com o testador A não foi significativa ($p > 0,05$) para as características PROD, NGE e AP (TABELA 2). Para os *top-crosses* com o testador B, a variância genética foi significativa ($p < 0,05$), para todas as características avaliadas (TABELA 3). Vale destacar que o efeito significativo observado para os caracteres estudados indica que as populações testadoras apresentaram diferentes contribuições genéticas para os *top-crosses*, o que era esperado, pois essas populações são provenientes do oitavo ciclo de SRR e possuem boa complementariedade gênica entre si, sendo alocadas em grupos heteróticos diferentes. Desta maneira, as progênies parcialmente endogâmicas, em combinação com os dois testadores, apresentaram desempenho diferenciadas para a maioria dos caracteres. A existência da variabilidade genética é imprescindível para a seleção dos genótipos superiores, o que permite êxito nos ganhos para as características estudadas.

Ramalho *et al.* (2012) demonstram a importância da variação genética existente na população pela expressão do ganho com a seleção ($GS = h^2 \times ds$). Essa variação influencia tanto na estimativa de herdabilidade (h^2), como no diferencial de seleção (ds). Uma alta estimativa de herdabilidade, em função de uma maior variabilidade genética e melhor controle ambiental, garante que maior proporção do diferencial de seleção será transmitida a descendência. É possível, desse modo, incrementar o ganho com a seleção explorando populações que apresentem uma maior variância genética.

Para o caráter produtividade de grãos, observa-se que o testador B proporcionou uma maior variabilidade genética nos híbridos *top-crosses*, ao contrário do testador A. Sendo assim, o testador B foi eficiente em discriminar as progênies com potencial de produtividade de grãos (TABELAS 2 e 3). Os resultados são concordantes com os obtidos por Elias, Carvalho e André (2000). Esses autores conduziram estudos com famílias S_2 de milho para comparar alguns testadores na discriminação das famílias e avaliação da capacidade de combinação, e concluíram que o desempenho dos *top-crosses* depende da influência do testador. De mesma forma, Bolson *et al.* (2016), observaram diferentes desempenhos das linhagens estudadas com os testadores distintos utilizados.

A herdabilidade variou de 0,46 (M100) a 0,64 (SMB), para o testador A, e de 0,41 (PROD) a 0,66 (SMB), para o testador B (TABELAS 2 e 3). A estimativa da herdabilidade reflete o quanto da variância fenotípica é de natureza genética e permite prever a possibilidade de sucesso com a seleção. Este parâmetro, expressa a confiança do valor

fenotípico como indicador do valor genético (Ramalho *et al.*, 2012). Conforme Borém, Miranda e Fritsche-Neto (2017), é esperado que características que se desenvolvam em um menor período de tempo apresentem uma maior herdabilidade, pois essas seriam menos influenciadas pelo ambiente, como, por exemplo, número de grãos por espiga, altura de plantas, dentre outras. Em contrapartida, a produção de grãos apresentaria menor estimativa de herdabilidade, visto que passa pela influência ambiental durante todo o ciclo da cultura.

Outro parâmetro importante é o coeficiente de variação genético (CV_g). Segundo Rodrigues *et al.* (2011), para milho os valores de CV_g acima de 7% são um bom indicador do potencial genético do material utilizado para os programas de melhoramento. Para o testador A, considerando apenas os caracteres com variância genética significativa o CV_g variou de 6,02% (M100) a 57,67 % (SMB) e, para o testador B, variaram de 5,71% (PROD) a 52,09% (SMB).

A relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental (CV_r) indica quanto da variação ocorrida foi em consequência da variância genética para os caracteres estudados. Conforme Vencovsky (1987) relata esta relação é útil para inferir sobre a possibilidade de sucesso com a seleção, quando apresenta um valor próximo ou superior a unidade. Para os caracteres aqui estudados, o CV_r variou de 0,55 (AE) a 0,94 (SMB), para o testador A, e de 0,59 (PROD) a 0,99 (SMB), para o testador B (TABELAS 2 e 3). O cenário mais favorável à seleção é observado para os caracteres relacionados a ID e SMB. Rodrigues *et al.* (2011), e Guimarães *et al.* (2019) obtiveram resultados superiores a unidade, trabalhando com híbridos de milho verde e variedades de milho, inferindo que a variância genética sobrepõe a variância ambiental.

4.2 Comparação entre os híbridos *top-crosses* e testadores

Na tabela 4 contém as médias das testemunhas utilizadas no experimento e a média de todas as progênes em cruzamento com o testador A e B. Nas tabelas 7 e 8 do apêndice estão às médias ajustadas para cada *top-cross*, com o testador A e B, respectivamente.

Para o testador A, observando os caracteres que apresentaram diferença significativa na tabela 2, à média geral do caráter massa de 100 grãos dos *top-crosses* A demonstrou um desempenho compatível com os híbridos comerciais (TABELA 4). Para o testador B, a média geral do caráter M100 de 27,74 g foi superior à média dos híbridos SHS 5560, NS 45, HL

1767 e SHS 7939, porém menor que a média do melhor híbrido BM 790 que apresentou um valor de 32,90 g (TABELA 4).

Tabela 4 - Média das testemunhas e dos híbridos *top-crosses* para os dois testadores A e B, considerando todas as características avaliadas. UFLA, Lavras – MG.

	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷
Testemunhas							
SHS 5560	11153,05	27,63	590,35	1,83	1,02	4,50	2,00
NS 45	9784,48	22,78	575,60	1,80	0,98	5,00	1,50
HL 1767	10244,02	24,80	608,90	1,73	0,93	4,00	2,50
SHS 7939	11171,83	24,40	634,43	1,74	1,04	3,00	4,25
BM 790	11047,00	32,90	554,88	1,95	1,01	3,75	1,50
Testador A	8682,50	21,95	437,50	1,33	0,71	3,75	1,25
Testador B	9819,64	29,25	453,95	1,65	0,94	3,00	0,75
Híbridos top-crosses							
Top-crosses A	9570,94	26,46	505,37	1,62	0,86	3,68	1,18
Top-crosses B	10378,63	27,74	511,28	1,86	1,04	3,95	1,35

Legenda: ¹produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); ²massa de 100 grãos (g); ³número de grãos por espiga; ⁴altura de plantas; ⁵altura de inserção da primeira espiga; ⁶incidência de doenças; ⁷severidade da mancha branca.

Fonte Do autor (2022).

Para o testador B, observando a média geral do caráter PROD, o desempenho dos híbridos *top-crosses* B foi similar aos híbridos comerciais (Tabela 4). Santos (2012) conduziu um trabalho de *top-cross* com o cruzamento de linhagens do grupo “Flint e Dent” com quatro testadores, sendo dois de base genética ampla e dois de base genética estreita, avaliando um total de 44 *top-crosses* e duas testemunhas comerciais (BR106 e UENF 508-8). O autor ao comparar os *top-crosses* com os híbridos comerciais também notou similaridade no desempenho agrônômico dos mesmos, evidenciando o potencial dessas linhagens em dar continuidade ao programa, inferindo sobre uma alta frequência de alelos favoráveis para o caráter em estudo.

Agora, comparando as médias ajustadas dos híbridos *top-crosses* com as médias das testemunhas, notaram-se híbridos *top-crosses* com produtividade de grãos superior às testemunhas (TABELA 8, APÊNDICE). Pode-se destacar os *top-crosses* 218, 292 e 454 com uma produtividade de grãos de 12135,83 kg.ha⁻¹, 11397,54 kg.ha⁻¹ e 11335,04 kg.ha⁻¹, respectivamente, superiores ao melhor híbrido SHS 7939, com uma produtividade de 11171,83 kg.ha⁻¹. Esse resultado revela o grande potencial de uso dessas progênies nos programas de melhoramento genético e indica que a seleção ocorrida, até o momento, está no

sentido de acumular alelos favoráveis para o caráter. Esses resultados concordam com os trabalhos de Elmyhun *et al.* (2020) e Simões (2021) que ao avaliarem linhagens e progênes parcialmente endogâmicas, respectivamente, em esquema *top-cross*, relataram híbridos *top-crosses* com produtividade de grãos superior ao dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas.

Para o caráter NGE, a média geral dos híbridos *top-crosses* A e B foram menores que a média dos híbridos comerciais (TABELA 4). Porém, foram superiores as médias dos testadores utilizados como testemunhas, indicando o potencial das progênes utilizadas em incrementar a produção de grãos, contribuindo para o aumento do número de grãos por espiga.

Em relação à altura de plantas e espigas, a média geral dos *top-crosses* com o testador A obteve-se valor inferior à média dos híbridos comerciais. Quando comparada a média dos *top-crosses* com o testador B foi observado valores mais similares. A redução no porte dos *top-crosses* A foi em função do testador utilizado, no caso o testador A, que apresentava AP e AE inferior aos híbridos comerciais. O foco dos programas de melhoramento é a obtenção de cultivares de milho com porte baixo, inferiores a 2,20 m, preferíveis em plantios comerciais, visto que permitem aumentar a densidade populacional, reduzir o autosombreamento das folhas, conseqüentemente, proporciona um incremento na produtividade por área (GABRIEL *et al.*, 2018; PINO *et al.*, 2010).

O mesmo é observado para ID e SMB, em que os híbridos *top-crosses* A e B apresentaram maior resistência a doenças quando comparado aos híbridos comerciais, pode-se inferir que estaria associado aos testadores utilizados que apresentaram maior resistência as doenças, contribuindo com alelos favoráveis para tal. No entanto, cabe ressaltar que, apenas observando a média de cada *top-cross*, muitos apresentaram características de interesse superiores e desejáveis em comparação aos híbridos comerciais avaliados, o que sugere que a continuidade do programa com as melhores progênes pode permitir o desenvolvimento de híbridos de milho que substituirão esses disponíveis no mercado (TABELAS 7 e 8, APÊNDICE).

4.3 Capacidade combinatória

No Apêndice, estão apresentados os gráficos Caterpillar para a capacidade de combinação das progênes com testador A, nas figuras 1 e 2, e com o testador B nas figuras 3,

4, 5 e 6. Não são apresentados os gráficos Caterpillar para o caráter PROD, NGE e AP com o testador A, pois não houve capacidade de combinação significativa ($p > 0,05$), já que não foi observada variabilidade genética para esses caracteres.

A análise da capacidade de combinação é útil na seleção de genitores a serem utilizados no programa de melhoramento para o desenvolvimento de híbridos, pois diz respeito à contribuição de alelos favoráveis de um genótipo em combinações (ELMYHUN *et al.*, 2020). Os valores obtidos das capacidades gerais de combinação para os dois testadores de todas as características estão apresentados nas tabelas 9 e 10.

Para o testador A, a magnitude de variação do caráter M100 foi de -2,05 g (225) a 2,41 g (351 e 548) observaram-se capacidades gerais de combinação significativas e favoráveis para os *top-crosses* 548 e 351, ambos apresentaram a estimativa de g_i igual a 2,41 g. Logo, essas progênes apresentam maior frequência de alelos favoráveis. Para o caráter altura de inserção de espigas (AE), não foi observado nenhum genótipo com capacidade de combinação significativa (FIGURA 1).

Para ID foi possível detectar o *top-cross* 488 com alelos favoráveis para a resistência de doenças, com um g_i de -0,70, diferente da média. Por outro lado, os *top-crosses* 367, 50, 408 e 70 apresentaram valores de g_i igual 1,34, 1,07, 0,77 e 0,77, respectivamente, o que representa maior frequência de alelos desfavoráveis, resultando em suscetibilidade às doenças consideradas. Essa inferência é fundamentada nos valores altos e positivos da capacidade geral de combinação para o caráter considerado (FIGURA 2). Para SMB, os valores de g_i variaram de -0,07 a 1,81, os híbridos *top-crosses* 218, 590, 541, 50 e 151 apresentaram valores de g_i positivo e significativo, contribuindo para o aumento da severidade da doença (FIGURA 2).

As estimativas de g_i referentes ao testador B, para o caráter PROD, variaram de 1757,20 kg.ha⁻¹ (218) a -737,34 kg.ha⁻¹ (222). Os *top-crosses* 218, 292 e 454 acusaram valores positivos e significativos, diferentes da média geral. Pode-se afirmar que a participação dessas progênes em cruzamentos irá contribuir para o aumento de alelos favoráveis, resultando em híbridos mais produtivos. Para o caráter M100, as estimativas variaram de -2,60 g (66) a 3,99 g (332). Os *top-crosses* que contribuíram para aumentar a massa de grãos foram os 332, 424, 425 e para diminuir foram os 66 e 506 (FIGURA 3). Não foi observada coincidência no desempenho das progênes, no que diz respeito à capacidade geral de combinação para essas duas características.

Ainda sobre o testador B, as estimativas de g_i para o caráter NGE variaram de -65,36 (222) a 83,51 (123). Os *top-crosses* 123, 66, 292 e 171 contribuíram para o aumento do número de grãos por espiga, o que é desejável, enquanto os *top-crosses* 222, 424, 420 e 518 contribuíram para a redução (FIGURA 4). Notou-se a existência de híbridos *top-crosses* que contribuíram para aumentar a massa de grãos, ao mesmo tempo em que contribuíram para reduzir o número de grãos. Em um estudo sobre as relações da massa de grãos com as características morfológicas da espiga de diferentes tipos de híbridos, Lopes *et al.* (2007) verificaram correlação negativa para massa de 100 grãos e o número de grãos por espiga. Rodrigues (2015) observou resultados semelhantes, trabalhando com caracteres correlacionados com a eficiência do uso de nitrogênio, para ambas as condições (alto e baixo teor de nitrogênio), os caracteres massa de 1000 grãos e NGE apresentaram uma correlação negativa.

No caráter AP é possível observar o *top-cross* 292 com g_i superior à média, um valor de 0,18 m, enquanto que o *top-cross* 38 apresentou uma estimativa de g_i negativa de -0,23 m, ou seja, esse genótipo em cruzamentos contribui para redução da altura das plantas, sendo mais desejado (FIGURA 4). Para AE, as capacidades gerais de combinação variaram de -0,16 m (38) a 0,18 m (292). Os *top-crosses* 292 e 367, com respectivos valores de g_i 0,18 m e 0,14 m, contribuíram para o aumento da altura de inserção de espigas, enquanto que os *top-crosses* 38 e 590 para a redução, com valores de g_i igual a -0,16 m e -0,13 m, respectivamente (FIGURA 5).

Valores negativos para altura de planta e inserção de espigas são desejáveis no melhoramento da cultura, pois indicam uma redução desse caráter. Segundo Oliveira (2018) no melhoramento é interessante à seleção de genótipos que propiciem redução desses caracteres, visto que plantas e espigas altas podem levar a perda na produtividade de grãos, devido ao aumento do quebramento, acamamento e dificuldade na realização da colheita mecanizada. Elmyhun *et al.* (2020), Somera *et al.* (2018) e Natol (2017), encontraram linhagens endogâmicas que apresentaram efeitos negativos da capacidade de combinação para altura da planta e da espiga.

Para o caráter ID, os valores de g_i variaram de -0,60 a 1,29, os *top-crosses* 42, 218, 590, 45, 217, 52, 46, 375, 374 e 151 apresentaram g_i positivos e significativos, contribuindo para a suscetibilidade as doenças (FIGURA 5). Com relação à SMB também foi observado valores de g_i significativos, os *top-crosses* 217, 50, 375, 590, 374, 305, 218, 151 ficaram acima da média, contribuindo para o aumento da suscetibilidade, em contrapartida, os *top-*

crosses 124, 143, 144, 21, 213, 292, 34, 497 e 523 contribuíram para o aumento da resistência à mancha branca (FIGURA 6). Essas progênies podem ser utilizadas como fonte de possíveis genes de resistência à mancha branca, uma doença que acomete a região, integrando populações-base do programa de melhoramento.

Não houve híbridos *top-crosses* que se destacaram simultaneamente para todos os caracteres, mas vale destacar o *top-cross* 292, em cruzamento com o testador B, que apresentou elevada capacidade combinatória e relevante para a produtividade de grãos e resistência à mancha branca. Certamente, a progênie parcialmente endogâmica correspondente a esse *top-cross* caracteriza-se como uma boa opção para dar continuidade ao programa de melhoramento. Resultados parecidos foram obtidos por Amaral (2020), que, trabalhando com a avaliação da capacidade combinatória de linhagens de milho em um dialelo, identificou híbridos que associavam boa produtividade e resistência à mancha branca.

As estimativas de capacidade geral de combinação demonstraram ampla variação entre os *top-crosses* e caracteres em estudo. Casos assim merecem atenção por parte do melhorista, principalmente, quando se deseja melhorar diversas características concomitantemente, a fim de obter sucesso. Nesse cenário, é de grande valia a utilização de índices de seleção para fazer uma escolha adequada dos genótipos promissores que irão dar prosseguimento ao programa no desenvolvimento de híbridos.

4.4 Ranqueamento e seleção de progênies

O índice de seleção de M&M utilizado foi capaz de distinguir os híbridos *top-crosses* mais promissores e pode ser utilizado como critério de seleção das progênies que melhor combinaram com cada um dos testadores (TABELAS 9 e 10).

Entre os pesos econômicos utilizados para o ranqueamento dos *top-crosses* foi adotado o peso 1, pois esse proporcionou ganhos mais equilibrados e próximos da seleção direta, sendo considerado, nesse caso, o mais eficiente. O índice resultou em aprimoramentos simultâneos para ganhos genéticos de todas as características estudadas, seja no sentido de aumenta-las ou diminuí-las (TABELA 5).

Os ganhos de seleção proporcionados pelo índice de M&M apresentam valores inferiores em relação à seleção direta, pois há uma tendência de redução do ganho à medida que características são adicionadas (TABELA 5). Segundo Cruz *et al.* (2012) o ganho sobre uma determinada característica é reduzido quando se utiliza índices de seleção, porém é

compensada por uma distribuição mais homogênea de ganhos para todas as outras características, proporcionando resultados mais satisfatórios. Nesse sentido, é importante fazer uma escolha adequada dos caracteres a serem incluídos para realizar-se a seleção dos genótipos superiores (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Tabela 5 - Estimativas para ganhos de seleção percentuais de caracteres de interesse agrônomo em 22 híbridos de *top-crosses* de milho, pelo índice proposto por Mulamba & Mock (1978), com pesos econômicos (1, coeficiente de variação genética - CV_g) e o método de seleção direta (SD). UFLA, Lavras – MG.

Peso	PROD	M100	NGE	AP	AE	ID	SMB
Testador A							
CV_g	-	-0,06	-	-1,31	-1,41	-6,96	-52,51
1	-	0,88	-	-3,06	-3,74	-7,14	-28,54
SD	-	5,56	-	-4,50	-5,57	-11,27	-54,71
Testador B							
CV_g	1,19	0,86	1,49	0,84	0,89	-10,86	-49,38
1	2,44	1,96	2,02	-1,42	-1,57	-7,23	-23,39
SD	5,26	6,19	8,08	-5,83	-8,15	-12,67	-50,47

Fonte: Do autor (2022).

Para o caráter PROD e NGE do experimento com o testador A não houve ganho, pois não foi observado variabilidade genética significativa, o que impossibilita a seleção. O caráter AP foi adicionado para estimação do índice, pois ele apresentou diferença significativa a 10% de probabilidade ($p < 0,10$). Para o testador A o ganho para M100 foi de 0,88%, infere-se que para esse caráter haverá incremento na massa de grãos nos próximos ciclos. Para os caracteres AP, AE, ID e SMB foram de -3,06, -3,74, -7,14, -28,54%, um ganho percentual negativo, como desejado.

Para o testador B os caracteres PROD, M100 e NGE, obtiveram-se ganhos percentuais de 2,44, 1,96 e 2,02 (TABELA 5). Um ganho de 2% para produtividade de grãos equivale a quase 2000 kg.ha⁻¹ por ciclo, o que é bastante favorável para o aumento da produção ao longo do programa de melhoramento. Para os caracteres AP, AE, ID e SMB o ganho percentual também foi negativo de -1,42, -1,57, -7,24, -23,39%, respectivamente. É possível observar ganhos altos no sentido de reduzir a suscetibilidade de doenças, um aspecto importante para o melhoramento. Obtiveram-se ganhos para todos os caracteres considerados e conforme Rodrigues *et al.* (2011) relataram, o sucesso com a seleção é maior quando se considera simultaneamente características de maior interesse agrônomo.

Sabe-se que o objetivo principal dos melhoristas é selecionar genótipos mais produtivos. Mesmo assim, os caracteres avaliados nesse trabalho são de grande importância nos programas de melhoramento genético. Então, optou-se por selecionar genótipos que contemplassem ganhos para todas as características que apresentaram efeitos significativos, visto que a seleção com base apenas na produtividade poderia levar a ganhos em características não desejadas, como, por exemplo, o *top-cross* 218 que, apesar de ter demonstrado o maior potencial produtivo com o testador B, é um dos mais suscetíveis às doenças avaliadas. Com a utilização do índice esse genótipo foi retirado das primeiras posições do ranking, não sendo selecionado, evidenciando a importância de adotar estratégias de seleção por meio dos índices.

Os híbridos *top-crosses* selecionados para cada testador estão apresentados na tabela 6, e, desses, seis foram selecionados para ambos os testadores. Esses resultados evidenciam que os *top-crosses* selecionados apresentaram base genética divergente, exceto aqueles que foram selecionadas para os dois testadores, podendo inferir que essas progênies pertencem a grupos heteróticos diferentes. Essa percepção é essencial para melhorar a eficiência de futuros cruzamentos utilizando as progênies selecionadas.

Tabela 6 – Híbridos *top-crosses* selecionados pelo índice de seleção Mulamba & Mock, com peso econômico 1, intensidade de seleção de 20%. UFLA, Lavras- MG, 2022.

Testadores	Progênies selecionadas
A	323, 418, 401, 374, 124, 497, 24, 377, 372, 361, 482, 359, 197, 34, 225, 430, 222, 549, 160, 163, 199 e 214.
B	509, 523, 143, 560, 144, 383, 292, 361, 497, 351, 146, 199, 171, 34, 149, 549, 544, 454, 331, 154, 359 e 301.
Progênies em comum	549, 497, 361, 359, 199 e 34.

Fonte: Do autor (2022).

Bolson *et al.* (2016), por meio das análises da capacidade específica de combinação, perceberam que as linhagens avaliadas pertenciam a grupos heteróticos diferentes, pois algumas linhagens apresentavam alto rendimento com o testador P30K75 e outras linhagens com o testador AG9010. Resultado semelhante foi obtido por Santos (2012) que observou separação das suas linhagens em grupos heteróticos. Os grupos heteróticos consistem na união de genótipos relacionados no mesmo grupo, ou seja, genótipos que não apresentam alta heterose quando combinados. Ao contrário do que é observado quando ocorre o cruzamento entre genótipos de grupos heteróticos distintos, expressando alto nível de heterose (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Nesse caso, poderiam ser formados três grupos heteróticos, o primeiro seria com progênies que combinam bem com o testador A, e, conseqüentemente, podem ser alocadas como parte do grupo heterótico do testador B. O segundo grupo heterótico seria com as progênies que combinam com o testador B e seriam alocadas no grupo heterótico do testador A. Por fim, o terceiro grupo seria das progênies 549, 497, 361, 359, 199 e 34 que apresentaram boa combinação com os dois testadores. Segundo Amaral (2020) a classificação em grupos heteróticos é de grande relevância na utilização dessas progênies para dar prosseguimento ao programa de melhoramento visando uma melhor heterose no desenvolvimento de híbridos. Assim, híbridos com melhores desempenhos são obtidos por meio do cruzamento de linhagens pertencentes a grupos heteróticos diferentes (ELMYHUN *et al.*, 2020)

5 CONCLUSÕES

Existem progênies com alto potencial para uso em programas de melhoramento genético, demonstrando serem superiores aos híbridos comerciais.

Não foi possível selecionar as progênies com maior capacidade de combinação para todas as características.

As progênies selecionadas dentre as avaliadas nesse estudo foram: 323, 418, 401, 374, 124, 24, 377, 372, 482, 197, 225, 430, 222, 160, 163, 214, 509, 523, 143, 560, 144, 383, 292, 351, 146, 171, 149, 544, 454, 331, 154, 301, 549, 497, 361, 359, 199 e 34.

REFERÊNCIAS

- AGROCERES. **Guia agrocere de sanidade**. São Paulo: Sementes Agrocere. p. 72,1996.
- AMARAL, R. C. **Desempenho de híbridos de milho e capacidade combinatória para escolha de genitores e classificação de grupos heteróticos**. 2020. 80 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2020.
- BATES, D. *et al.* Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015.
- BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A - Mathematical and Physical Sciences**, v. 160, n. 901, p. 268–282, 1937.
- BERNARDO, R. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 83, n. 5, p. 628–634, 1992.
- BOLSON, E. *et al.* Combining ability of maize inbred lines evaluated by testers adapted to the second crop. **Revista Ceres**, v. 63, n. 4, p. 492-501, 2016.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017.
- BORÉM, A; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017.
- CRUZ, C. D. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Perspectivas para a agropecuária**. Brasília : Conab, v.7, 2020. Disponível em: < <http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 12 de abril.2021.
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira – grãos**: Décimo segundo levantamento, fevereiro 2022 – safra 2020/2021. Brasília: Conab. 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/graos>. Acesso em: 04 fevereiro. 2022.
- CONTINI, E. *et al.* **Milho: caracterização e desafios tecnológicos**. Brasília: Embrapa. (Desafios do Agronegócio Brasileiro), 2019.
- CRUZ, V. F. **Estudo sobre a correção de produção de parcelas em ensaios com milho**. 1971. 143 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1971.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Ed. UFV, p.480, 2012.
- DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Annual Reports**, Porto Rico, p.14- 15, 1929.
- ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1135-1142, 2000.

ELMYHUN, M. *et al.* Combining ability performance and heterotic grouping of maize (*Zea mays*) inbred lines in testcross formation in Western Amhara, North West Ethiopia. **Cogent Food & Agriculture**, v. 6, n. 1, p. 1727625, 2020.

ze

FRITSCHÉ-NETO, R. *et al.* Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 34, p. 99-101, 2012.

GALVÃO, J. C. C. *et al.* Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. **Revista Ceres**, v. 61, p. 819-828, 2014.

GABRIEL, A. *et al.* Desempenho agrônômico e estabilidade de topcrosses de milho avaliados em Minas Gerais e Paraná. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 17, n. 2, p. 303-316, 2018.

GUIMARÃES, P. D. S. *et al.* Correlação da heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 811-816, 2007.

GUIMARÃES, A. G. *et al.* Seleção de genótipos superiores de milho para cultivo no município Couto de Magalhães de Minas-MG. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável (RBAS)**, v. 9, n. 2, p. 110-119, 2019.

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

GUEDES, F. L. **Avaliação de top-crosses de milho em duas doses de nitrogênio**. 2009. 66 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

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

JONES, D. F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 4, n. 8, p. 246, 1918

KOTTEK, M. *et al.* World Map of the Köppen-Geiger climate classification updated. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 15, p. 259–263, 2006.

LIMA, R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. Viçosa: Editora da UFV, 2018.

LOURENÇONI, L. J. *et al.* Agronomic performance of maize hybrids derived from doubled haploid lines compared to conventional hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 20, e1218, 2021.

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

MAGALHÃES, P. C.; SOUZA, T. C. Ecofisiologia. In: Cultivo do Milho. **Embrapa Milho e Sorgo**. 9. ed., 2015.

NATOL, B. Combining ability and heterotic grouping in maize (*Zea Mays* L.) inbred lines for yield and yield related traits. **World Journal of Agricultural Sciences**, v. 13, n. 6, p. 212-219, 2017.

OLIVEIRA, A. S. **Potencial genético de populações exóticas de milho para o melhoramento visando caracteres agrônômicos e resistência aos fitopatógenos**. 2018. 154. Tese (Doutorado em Fitotecnia)- Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, p. 429-485, 1999.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. *et al.* Potencial de Híbridos Top Crosses de Milho no Estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 9, n. 2, p. 163–176, 2010.

PINTO, A. P. *et al.* Avaliação de doze cultivares de milho (*Zea mays* L.) para silagem. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 4, p. 1071-1078, 2010.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria, 2019. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>

RAMALHO, M.A.P. *et al.* **Genética na agropecuária**. 5 ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.

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

RODRIGUES, F. *et al.* Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, 35, 278-286, 2011.

RODRIGUES, M. C. **Avaliação de linhagens de milho tropical para eficiência no uso de nitrogênio**. 2015. 46 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2015.

SACHS, P. J. D. *et al.* Escala diagramática para avaliação da severidade da mancha branca em milho. **Summa Phytopathologica**, v. 37, n. 4, p. 202–204, 2011.

SANTOS, P. H. A. D. **Capacidade combinatória em linhagens de milho estimada por testadores e monitorada por marcadores microssatélites**. 2012. 85 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2012.

SANTOS, V. B. *et al.* Seleção genotípica de variedades de milho via metodologia de modelos mistos. **Scientia Naturalis**, v. 3, n. 1, 2021.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de produção do milho**. Viçosa: Editora da Universidade Federal de Viçosa, p. 55-83, 2004.

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

SCHMILDT, E. R. *et al.* Avaliação de métodos de correção do estande para estimar a produtividade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 8, p. 1011-1018, 2001.

SEYOUM, A.; WEGARY, D.; ALAMEREW, S. Test cross performance and combining ability of elite highland maize (*Zea Mays* L.) Inbred Lines at Jimma, South West Ethiopia. **International Journal of Trend in Research and Development**, v. 3, n. 2, p. 13-26, 2016.

SIMÕES, E. L. **Seleção de progênies endogâmicas de milho tropical com base no cruzamento com dois testadores de base genética estreita**. 2021. 37 p. Dissertação (Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2021.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). **Biometrika**, v. 52, p. 591–611, 1965.

SHULL, G. H. A pure line method of corn breeding. **American Breeders' Association**, Minnesota, v.5, n. 1, p. 51-58, 1909.

SOMERA, A. *et al.* Inbreeding depression and performance of partially self-fertilized maize progenies in a top cross. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 78, n. 3, p. 318–326, 2018.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. Specific Combining Ability in Single Crosses of Corn1. **Agronomy Journal**, v. 34, n. 10, p. 923, 1942.

TROYER, A, F. Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 2, p. 528-543, Mar./Apr. 2006.

USDA- UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE – USDA. World Agricultural Production. Washington: USDA, 2022. 39 p. Disponível em: <http://www.usda.gov>. Acesso em: 04 de fevereiro. 2022.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção de rendimento de parcelas experimentais com estandes variados: I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 5, p. 647-657, 1991.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargil, p. 137–209, 1987.

ZUBER, M. S. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniform trial data. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 34, n. 1, p. 30-47, 1942.

APÊNDICE

Tabela 7 – Médias ajustadas dos híbridos *top-cross* para todas as características avaliadas, com o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷
10	9624,23	27,76	502,88	1,65	0,86	3,57	1,39
13	9558,24	25,54	522,81	1,58	0,83	3,57	0,43
20	9385,66	25,90	497,48	1,68	0,91	3,87	0,75
21	9679,44	27,33	527,23	1,61	0,85	3,87	1,12
24	9481,35	25,90	499,68	1,53	0,80	3,28	0,75
25	9706,10	27,39	496,57	1,65	0,90	3,57	1,07
34	9534,02	26,64	503,16	1,50	0,83	3,57	1,07
38	9379,57	24,81	515,14	1,58	0,81	3,57	1,39
42	9582,72	27,39	505,46	1,62	0,83	3,57	1,07
45	9502,02	25,17	502,77	1,56	0,82	3,87	0,43
46	9741,94	25,54	512,40	1,60	0,86	3,57	1,07
50	9512,76	27,02	494,44	1,59	0,81	4,76	2,35
52	9498,33	25,17	528,34	1,56	0,86	3,57	1,39
66	9669,20	26,27	518,04	1,68	0,91	3,57	1,39
70	9392,54	26,64	488,66	1,60	0,86	4,46	1,71
92	9432,74	25,15	499,23	1,55	0,84	4,16	2,03
93	9619,86	27,39	504,85	1,63	0,87	3,87	1,71
94	9762,54	26,27	524,33	1,62	0,87	3,87	1,07
100	9648,62	26,64	510,05	1,63	0,89	3,87	1,71
107	9501,14	25,88	500,63	1,55	0,82	3,87	0,65
123	9521,06	25,41	513,77	1,68	0,92	3,87	0,75
124	9517,56	26,83	503,69	1,57	0,82	3,45	0,65
140	9657,70	27,39	507,96	1,63	0,87	3,28	1,39
143	9563,62	25,37	517,47	1,56	0,81	3,76	0,61
144	9526,65	25,90	509,14	1,66	0,88	3,28	0,43
145	9599,08	25,17	497,94	1,67	0,85	3,57	0,43
146	9459,42	27,00	504,78	1,62	0,86	3,57	0,75
147	9481,61	25,90	497,58	1,55	0,86	3,87	1,07
148	9556,74	25,15	523,17	1,60	0,84	4,16	1,39
149	9718,58	26,66	512,01	1,70	0,91	3,87	2,03
151	9519,33	25,90	505,46	1,66	0,86	4,16	2,35
154	9478,04	24,78	524,36	1,58	0,83	3,28	1,39
159	9665,43	25,85	518,80	1,60	0,85	3,76	0,61
160	9466,57	25,85	494,81	1,53	0,82	3,34	1,08
163	9325,10	27,02	488,38	1,55	0,82	3,87	1,07
168	9635,20	27,39	494,11	1,63	0,89	3,57	1,71
170	9822,43	26,27	521,46	1,66	0,90	3,87	1,71
171	9651,08	25,88	525,07	1,65	0,89	3,45	1,59
184	9943,68	28,51	500,11	1,71	0,90	3,87	1,07
189	9617,18	28,51	480,01	1,67	0,93	3,57	0,75
190	9571,54	27,39	498,57	1,69	0,92	3,87	1,39

Tabela 7 – Médias ajustadas dos híbridos *top-cross* para todas as características avaliadas, com o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷
193	9442,07	27,77	485,80	1,64	0,86	4,18	1,08
197	9813,97	27,00	522,68	1,59	0,81	3,28	1,39
198	9501,93	25,54	506,37	1,58	0,81	3,87	0,75
199	9762,23	26,27	521,93	1,54	0,81	3,57	1,39
207	9740,29	27,30	492,11	1,58	0,85	3,76	1,08
209	9758,40	27,77	502,36	1,66	0,89	3,76	0,61
213	9565,38	25,90	511,22	1,53	0,83	3,57	1,39
214	9578,97	26,27	501,64	1,59	0,85	3,28	1,07
215	9597,16	26,29	501,08	1,63	0,86	3,57	1,39
217	9487,43	26,64	494,20	1,59	0,84	4,16	2,03
218	9727,28	27,00	512,92	1,68	0,90	4,16	2,98
220	9722,81	25,88	519,25	1,69	0,90	3,45	1,12
221	9498,81	25,37	499,46	1,60	0,82	3,34	1,08
222	9569,45	27,33	495,56	1,60	0,83	3,45	1,12
225	9418,99	24,42	499,48	1,50	0,79	3,57	0,75
226	9322,29	25,15	478,83	1,55	0,80	3,28	1,39
292	9548,22	24,87	523,58	1,62	0,86	3,34	1,08
301	9511,66	25,85	500,04	1,57	0,86	3,76	0,61
305	9519,82	26,83	512,88	1,59	0,87	3,45	1,12
307	9513,35	25,88	508,67	1,59	0,84	3,45	1,12
322	9586,65	26,36	518,79	1,68	0,93	3,45	1,59
323	9533,97	28,51	508,65	1,54	0,83	3,28	0,43
325	9517,15	26,27	500,59	1,63	0,86	3,28	0,43
331	9711,21	28,14	502,35	1,65	0,92	3,57	0,43
332	9662,51	27,39	501,70	1,66	0,94	3,57	0,43
336	9594,35	26,29	491,97	1,64	0,87	4,16	1,07
343	9517,89	24,90	500,79	1,69	0,91	3,87	0,65
345	9534,96	26,27	506,16	1,65	0,89	3,57	0,75
351	9775,99	28,88	516,09	1,66	0,88	3,57	0,75
357	9621,78	27,00	509,27	1,70	0,94	3,57	1,07
359	9589,81	27,30	512,69	1,61	0,83	3,28	1,07
361	9648,61	25,54	523,38	1,53	0,82	3,28	0,75
367	9471,08	24,87	496,86	1,62	0,87	5,02	2,02
371	9519,76	26,27	490,05	1,59	0,83	4,16	1,71
372	9530,95	27,76	490,36	1,61	0,87	3,28	0,43
374	9611,37	25,54	493,03	1,57	0,82	3,28	0,43
375	9764,10	27,02	518,63	1,69	0,91	4,16	1,39
377	9424,09	28,51	473,80	1,63	0,84	3,57	0,43
383	9252,61	25,90	473,27	1,58	0,82	3,87	1,39
401	9414,59	26,27	488,80	1,55	0,81	3,28	1,07
407	9673,08	26,36	513,39	1,64	0,86	3,87	1,12
408	9478,56	26,27	491,71	1,67	0,91	4,46	2,03

Tabela 7 – Médias ajustadas dos híbridos *top-cross* para todas as características avaliadas, com o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022. (conclusão)

TRAT	PROD ¹	M100 ²	NGE ³	AP ⁴	AE ⁵	ID ⁶	SMB ⁷
413	9587,04	27,76	497,51	1,67	0,90	3,57	2,03
418	9474,82	26,64	492,78	1,58	0,85	3,28	0,43
420	9521,18	25,90	500,32	1,62	0,89	3,87	1,71
424	9524,46	25,41	518,56	1,62	0,86	3,87	0,65
425	9668,66	26,83	514,20	1,64	0,87	3,87	1,59
430	9599,02	27,02	514,49	1,62	0,85	3,57	0,75
436	9697,25	27,30	526,53	1,63	0,88	3,34	1,08
454	9478,81	24,78	521,90	1,54	0,81	3,57	1,39
482	9532,39	26,32	500,82	1,59	0,83	3,34	0,61
488	9572,09	26,36	514,17	1,63	0,86	2,98	0,75
497	9472,01	26,27	489,34	1,57	0,86	3,28	0,43
499	9424,95	24,90	496,35	1,55	0,79	3,87	1,39
503	9477,32	25,17	502,69	1,64	0,88	3,28	0,75
505	9499,35	25,88	505,36	1,63	0,85	3,28	0,75
506	9561,84	25,90	515,44	1,63	0,86	3,87	1,39
508	9581,37	26,29	517,16	1,71	0,93	3,57	1,07
509	9597,42	25,88	519,95	1,63	0,87	3,57	1,07
518	9590,49	26,36	515,56	1,68	0,88	3,87	1,59
523	9696,85	26,64	508,12	1,72	0,89	3,28	0,75
530	9735,23	25,54	529,54	1,70	0,89	4,16	2,03
541	9616,80	27,78	501,27	1,64	0,86	3,87	2,35
544	9493,19	28,12	476,06	1,63	0,86	3,28	1,71
548	9582,55	28,88	502,79	1,63	0,83	3,87	1,71
549	9551,33	28,12	483,09	1,61	0,83	3,87	1,07
552	9680,68	27,39	519,54	1,70	0,93	4,16	2,03
560	9504,88	27,39	502,14	1,72	0,93	3,87	1,07
590	9534,86	27,30	499,26	1,60	0,81	4,18	2,48

Legenda: ¹produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); ²massa de 100 grãos (g); ³número de grãos por espiga; ⁴altura de plantas; ⁵altura de inserção da primeira espiga; ⁶incidência de doenças; ⁷severidade da mancha branca.

Fonte: Do autor (2022).

Tabela 8 – Médias ajustadas dos híbridos *top-cross* para todas as características avaliadas, com o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	PROD ¹	M100 ²	NGE ³	AP ⁴	AE ⁵	ID ⁶	SMB ⁷
10	10469,25	28,81	504,17	1,89	1,05	3,67	1,45
13	10773,23	28,68	506,01	1,86	1,02	3,67	2,11
20	10154,39	27,71	520,08	1,84	1,04	3,98	1,12
21	10791,36	27,35	557,16	1,95	1,05	3,98	0,46
24	10720,36	28,45	514,46	1,86	0,98	4,30	1,45
25	9985,91	26,60	514,92	1,92	1,01	4,30	1,78
34	10518,85	27,71	496,28	1,83	1,06	3,35	0,46

Tabela 8 – Médias ajustadas dos híbridos *top-cross* para todas as características avaliadas, com o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷
38	9982,43	25,83	533,35	1,63	0,88	3,67	1,12
42	10430,20	27,71	514,43	1,85	1,02	5,25	1,78
45	10427,41	27,32	537,95	1,86	1,04	4,93	1,12
46	10438,72	26,60	531,73	1,81	1,02	4,61	1,78
50	9748,06	26,96	477,35	1,85	1,02	4,30	2,77
52	10587,09	28,43	518,50	1,83	1,00	4,61	2,11
66	10637,44	25,14	571,42	1,94	1,11	3,98	1,45
70	10270,82	26,96	514,78	1,87	1,04	4,30	0,79
92	10529,28	27,71	525,16	1,85	1,04	3,98	2,11
93	10488,24	28,81	491,12	1,90	1,03	3,67	1,45
94	10423,10	27,35	525,90	1,87	1,05	3,98	1,12
100	9876,08	26,32	488,76	1,85	1,03	3,96	1,17
107	9862,74	26,76	487,51	1,73	0,98	3,99	1,68
123	11151,43	26,60	594,79	1,98	1,16	3,35	0,79
124	10096,28	26,60	540,33	1,91	1,02	3,35	0,46
140	10513,80	27,32	537,89	1,87	1,00	4,30	2,11
143	10842,34	27,68	546,64	1,85	1,03	3,35	0,46
144	10490,51	28,43	507,52	1,82	0,99	3,67	0,46
145	10480,19	27,32	520,94	1,87	1,05	3,35	0,79
146	10649,76	28,07	535,94	1,82	1,03	3,98	0,79
147	10210,58	27,35	507,46	1,80	0,96	3,67	1,12
148	10283,81	26,24	504,02	1,93	1,12	3,67	0,79
149	10297,47	26,96	526,68	1,83	1,01	3,35	0,79
151	10287,97	26,60	536,86	1,80	0,97	4,61	2,44
154	10703,49	28,43	511,68	1,77	0,98	4,30	1,45
159	10636,27	28,43	507,44	1,87	1,05	3,98	0,79
160	10302,42	27,32	544,63	1,89	1,11	4,30	0,79
163	10133,05	27,68	462,87	1,80	1,00	4,30	1,45
168	10128,57	27,72	477,34	1,75	1,00	3,67	1,12
170	10463,35	27,68	533,99	1,87	1,06	3,98	1,45
171	10793,11	28,07	566,20	1,82	1,00	3,98	2,11
184	10305,16	27,71	472,39	1,82	0,96	3,98	1,45
189	10063,95	28,43	483,29	1,85	1,02	3,98	0,79
190	9864,49	28,21	476,46	1,86	1,07	3,96	1,17
193	10120,51	28,07	505,54	1,86	1,08	3,67	1,12
197	10192,47	26,60	493,90	1,75	0,95	3,67	0,79
198	10318,83	27,68	545,26	1,78	1,00	4,30	2,11
199	10644,84	27,71	549,48	1,81	0,98	3,98	1,78
207	10009,95	28,07	460,63	1,74	0,92	4,30	1,45
209	10033,20	27,32	501,07	1,85	0,94	3,98	1,12

Tabela 8 – Médias ajustadas dos híbridos *top-cross* para todas as características avaliadas, com o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷
213	10095,25	28,07	474,97	1,96	1,11	3,35	0,46
214	10560,67	29,17	498,03	1,90	1,08	3,98	1,45
215	10823,18	29,17	522,23	1,93	1,12	3,67	0,79
217	10159,49	29,17	476,20	1,98	1,04	4,93	3,10
218	12135,83	27,68	549,42	1,99	1,13	5,25	2,44
220	10094,89	27,71	479,13	1,83	1,07	4,30	1,45
221	10700,21	26,96	542,02	1,86	1,02	4,30	1,12
222	9641,29	26,96	445,92	1,70	0,96	3,67	1,12
225	10574,99	26,96	554,93	1,87	1,02	4,30	1,45
226	10556,26	27,32	543,68	1,90	1,04	3,98	0,79
292	11397,54	28,79	570,70	2,03	1,23	3,35	0,46
301	10136,89	28,07	477,70	1,76	1,02	3,35	1,12
305	9801,18	26,60	483,40	1,91	1,12	4,30	2,44
307	9977,32	26,60	485,12	1,87	1,05	3,67	1,45
322	10796,94	28,81	537,43	1,94	1,08	3,98	1,45
323	10324,50	29,53	516,58	1,99	1,09	3,98	0,79
325	10906,48	29,53	509,59	2,01	1,16	3,67	1,45
331	10613,69	28,43	506,95	1,90	1,05	3,67	0,79
332	10829,72	31,74	482,14	1,93	1,13	3,35	0,79
336	10396,98	29,53	475,26	1,89	1,11	3,67	0,79
343	9962,59	26,96	494,59	1,92	1,10	3,98	1,12
345	10316,28	28,43	492,03	1,94	1,06	3,98	1,45
351	10367,95	29,15	484,44	1,84	1,01	3,67	0,79
357	10344,64	26,96	527,40	1,82	1,11	3,67	1,12
359	10454,74	28,21	499,58	1,69	0,93	3,98	2,11
361	10226,81	26,96	515,35	1,79	0,99	3,35	0,79
367	11112,74	26,96	556,96	1,91	1,18	4,30	2,11
371	10019,43	27,35	498,54	1,87	1,07	4,30	1,78
372	9870,84	28,07	471,21	1,97	1,09	3,67	1,12
374	10187,06	26,60	533,13	1,87	1,09	4,61	2,44
375	10225,36	26,96	500,24	1,91	1,08	4,61	2,77
377	10088,03	28,07	495,88	1,79	1,11	3,98	0,79
383	10762,11	27,71	557,48	1,86	1,05	3,67	1,12
401	10126,46	26,96	489,83	1,77	1,00	3,67	1,12
407	10035,69	26,24	517,82	1,90	1,10	4,30	1,45
408	10503,37	29,89	557,79	1,92	1,11	4,30	1,45
413	10246,78	29,15	477,12	1,84	1,06	3,98	2,11
418	10297,23	28,07	502,07	1,95	1,14	4,30	1,78
420	10096,31	27,71	456,90	1,88	1,02	3,98	1,45
424	10409,97	30,63	453,03	1,86	1,10	3,98	1,45

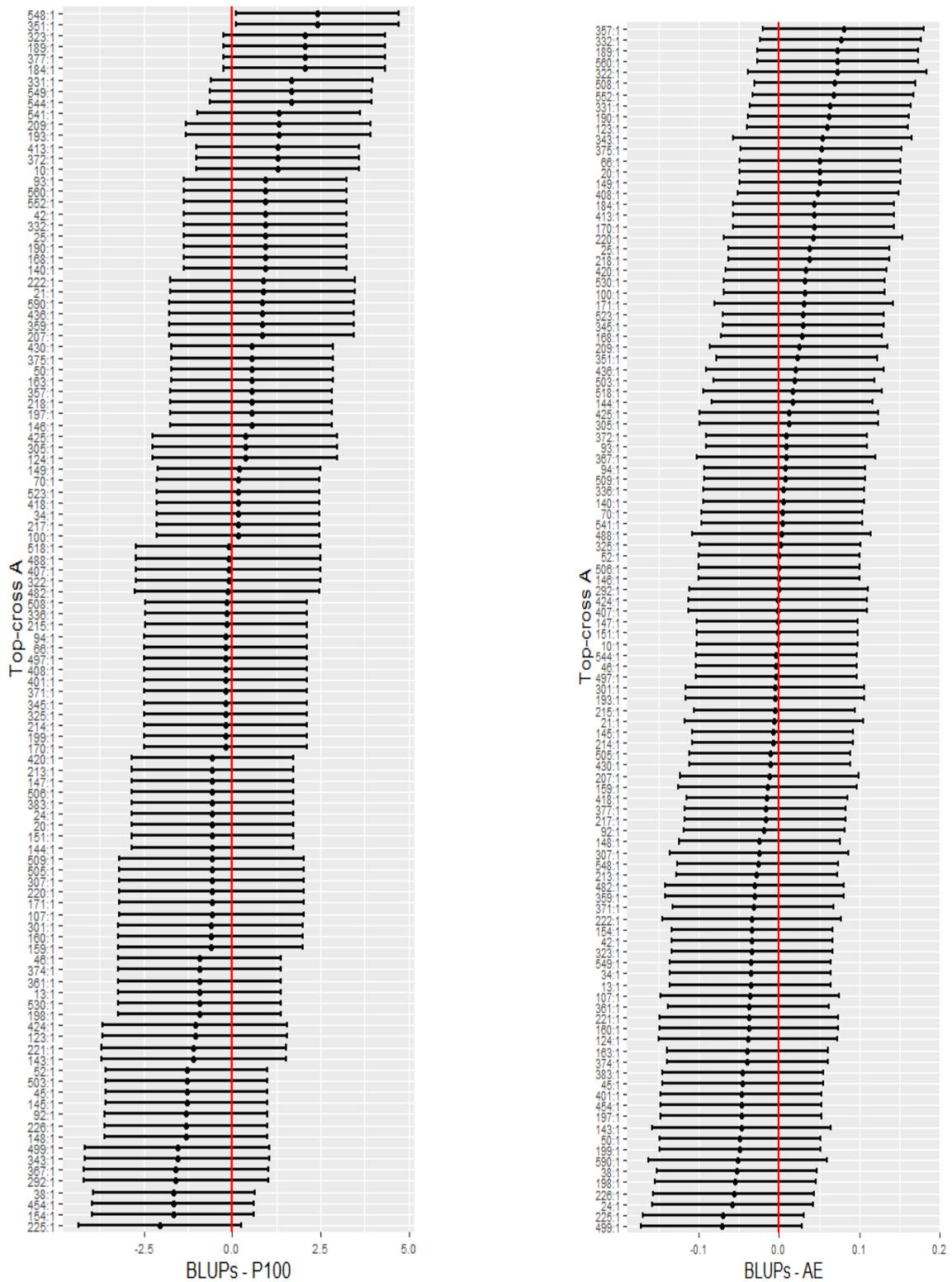
Tabela 8 – Médias ajustadas dos híbridos *top-cross* para todas as características avaliadas, com o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022. (conclusão)

TRAT	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷
425	10536,64	30,27	497,17	1,88	1,07	4,30	2,11
430	10152,50	25,86	537,86	1,80	0,99	3,98	1,45
436	10755,11	28,07	536,51	1,89	1,04	3,67	1,78
454	11335,04	29,53	543,02	1,92	1,13	3,67	1,45
482	10444,25	25,88	550,60	1,85	1,06	4,30	2,11
488	10189,95	26,60	528,40	1,88	1,06	3,35	0,79
497	10868,14	28,43	529,46	1,93	1,11	3,35	0,46
499	9901,84	25,88	473,74	1,69	0,98	3,98	1,12
503	10087,86	26,96	538,64	1,88	1,10	3,98	1,45
505	9814,47	26,96	487,85	1,80	1,07	3,98	1,12
506	9959,60	25,14	474,37	1,77	0,98	3,98	1,45
508	10237,48	27,35	522,43	1,91	1,10	3,67	0,79
509	10412,17	28,07	534,71	1,75	0,92	3,67	1,12
518	10293,63	27,71	459,20	1,89	1,03	3,67	1,12
523	10318,19	27,35	536,00	1,72	1,01	3,35	0,46
530	10385,27	26,60	541,45	1,91	1,10	3,35	1,45
541	10101,35	27,68	497,68	1,73	0,97	3,67	2,11
544	10571,67	28,81	508,61	1,86	1,11	3,67	1,12
548	9861,29	27,35	482,51	1,77	1,00	3,98	2,11
549	10635,33	30,25	471,47	1,86	1,01	3,98	1,12
552	10352,25	29,17	475,49	1,84	1,03	3,98	1,12
560	10868,29	29,53	500,32	1,80	0,95	3,98	1,45
590	10256,33	26,96	518,25	1,81	0,91	4,93	2,44

Legenda: ¹produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); ²massa de 100 grãos (g); ³número de grãos por espiga; ⁴altura de plantas; ⁵altura de inserção da primeira espiga; ⁶incidência de doenças; ⁷severidade da mancha branca.

Fonte: Do autor (2022).

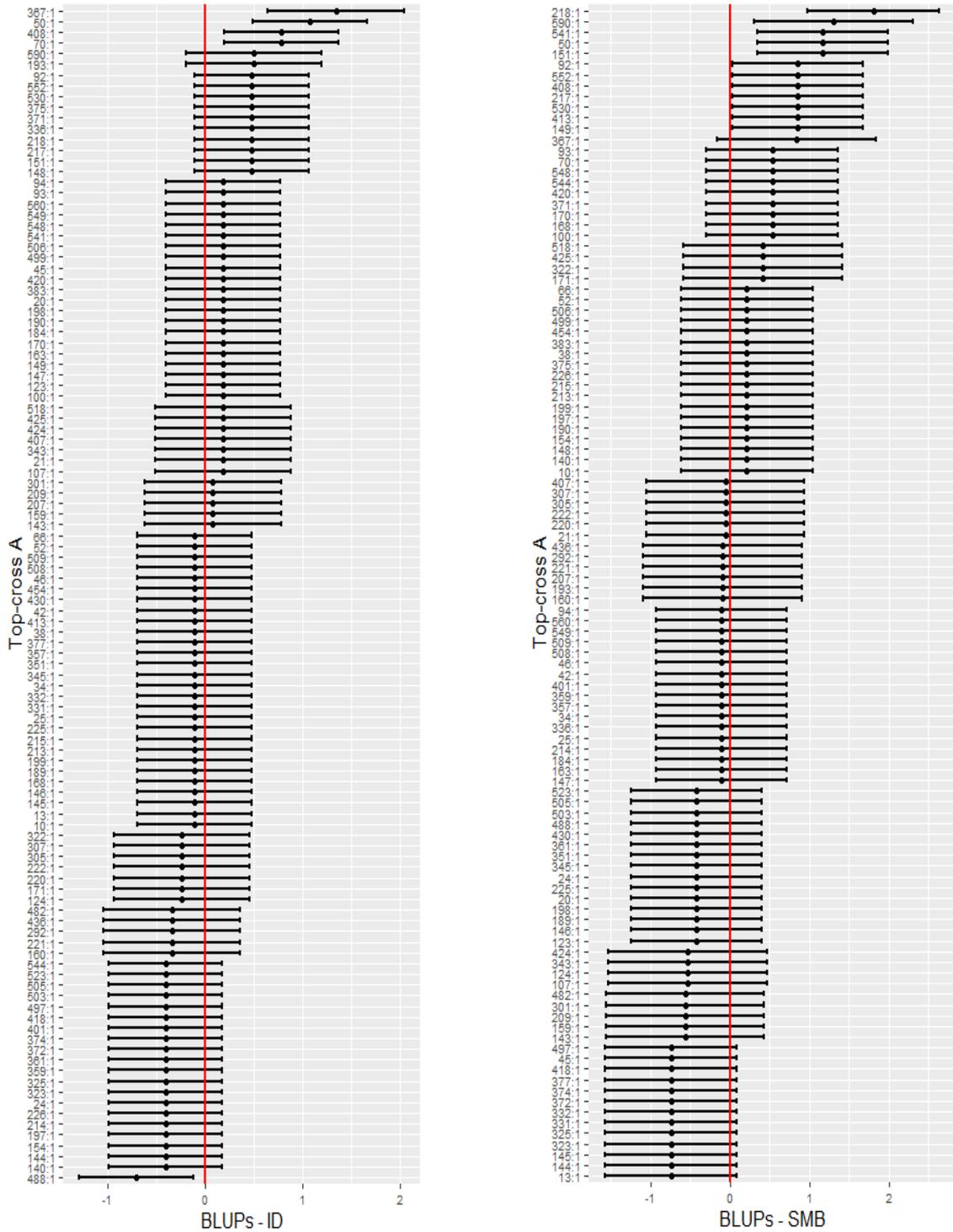
Figura 1- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador A, com base nas capacidades de combinação para os caracteres massa de 100 grãos (g) e altura de espigas (m).



Legenda: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: Do autor (2022).

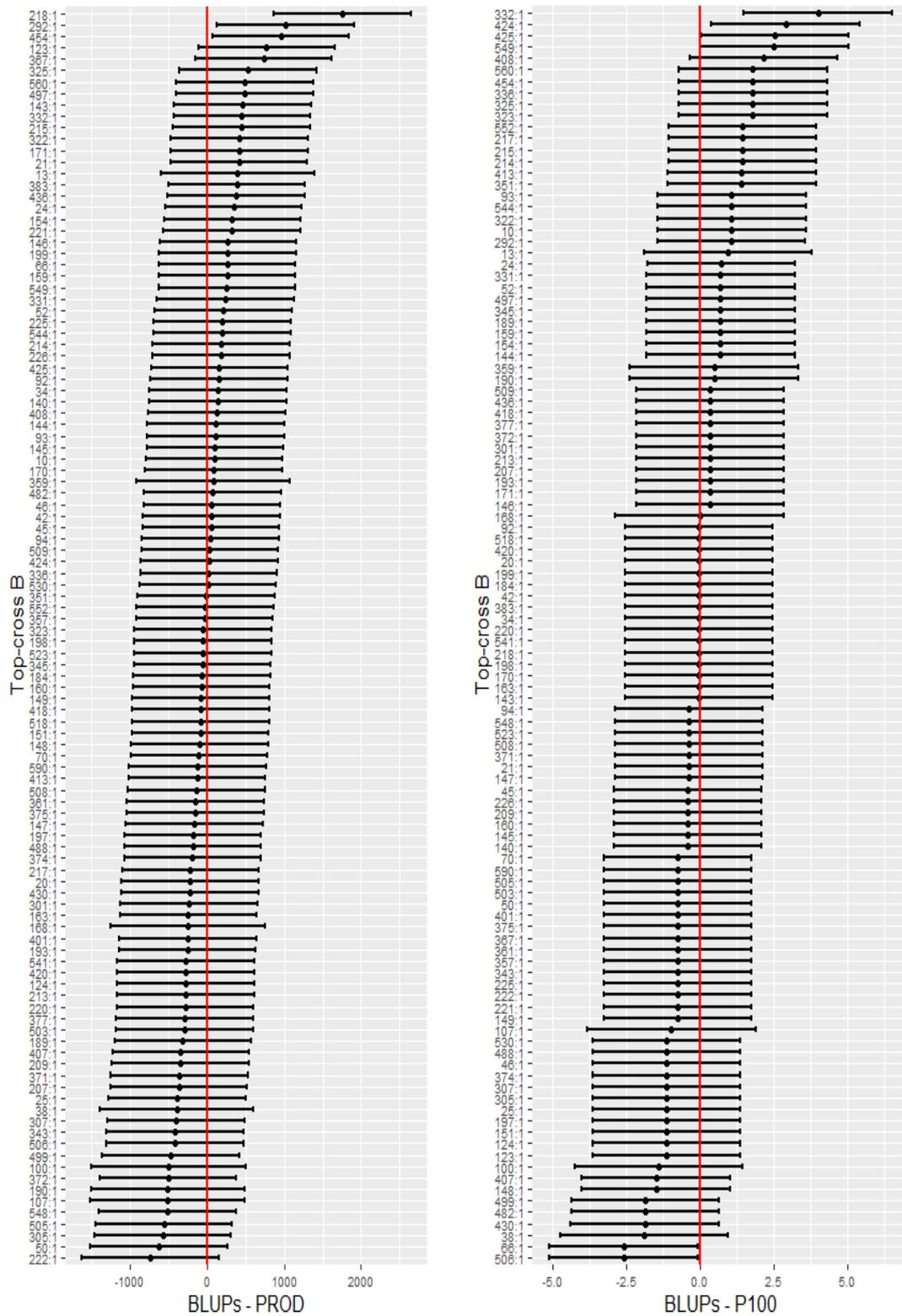
Figura 2- Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador A, com base nas capacidades de combinação para os caracteres incidência de doenças e severidade de mancha branca.



Legenda: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: Do autor (2022).

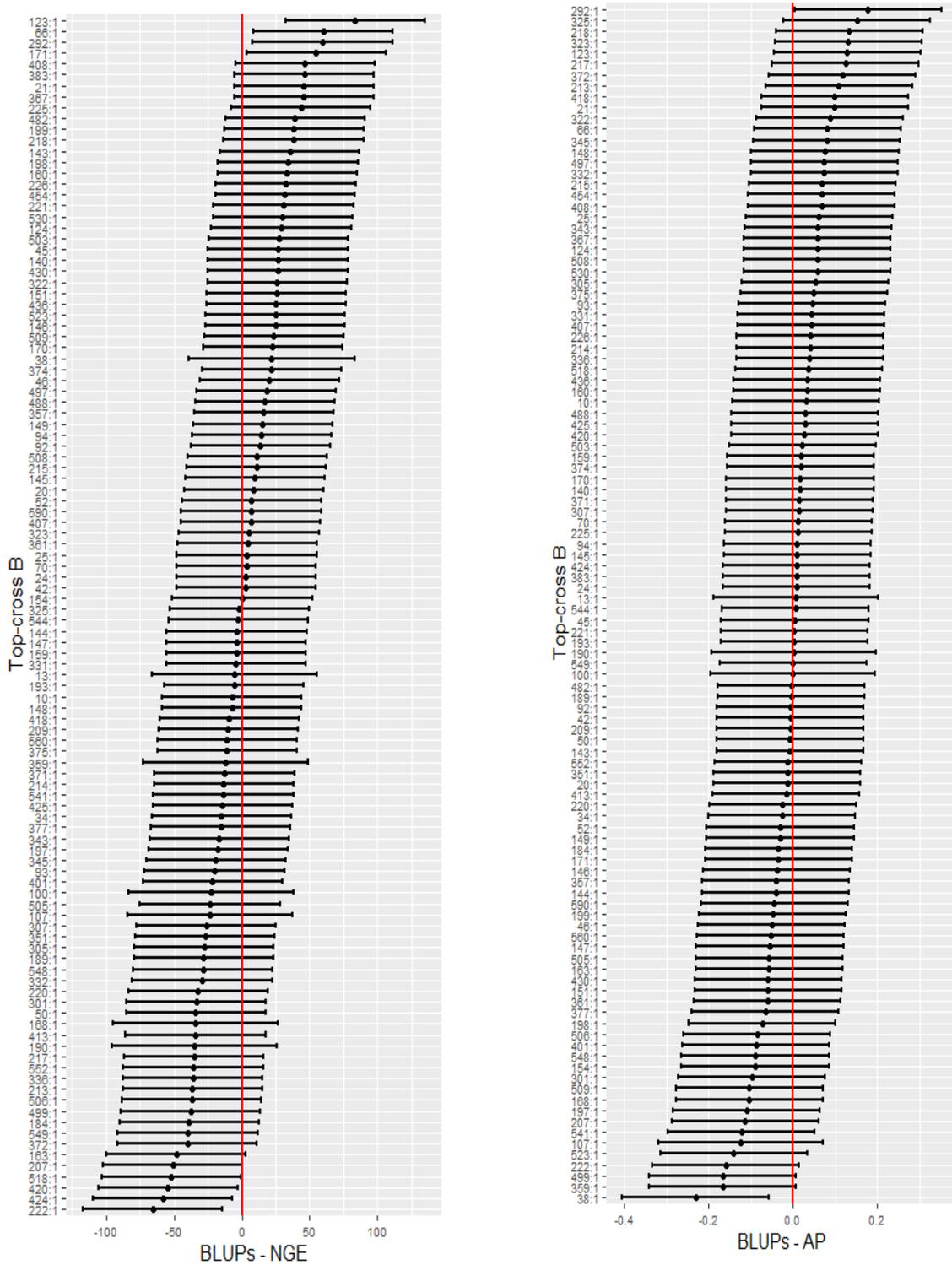
Figura 3 - Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para os caracteres produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e massa de 100 grãos (g).



Legenda: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: Do autor (2022).

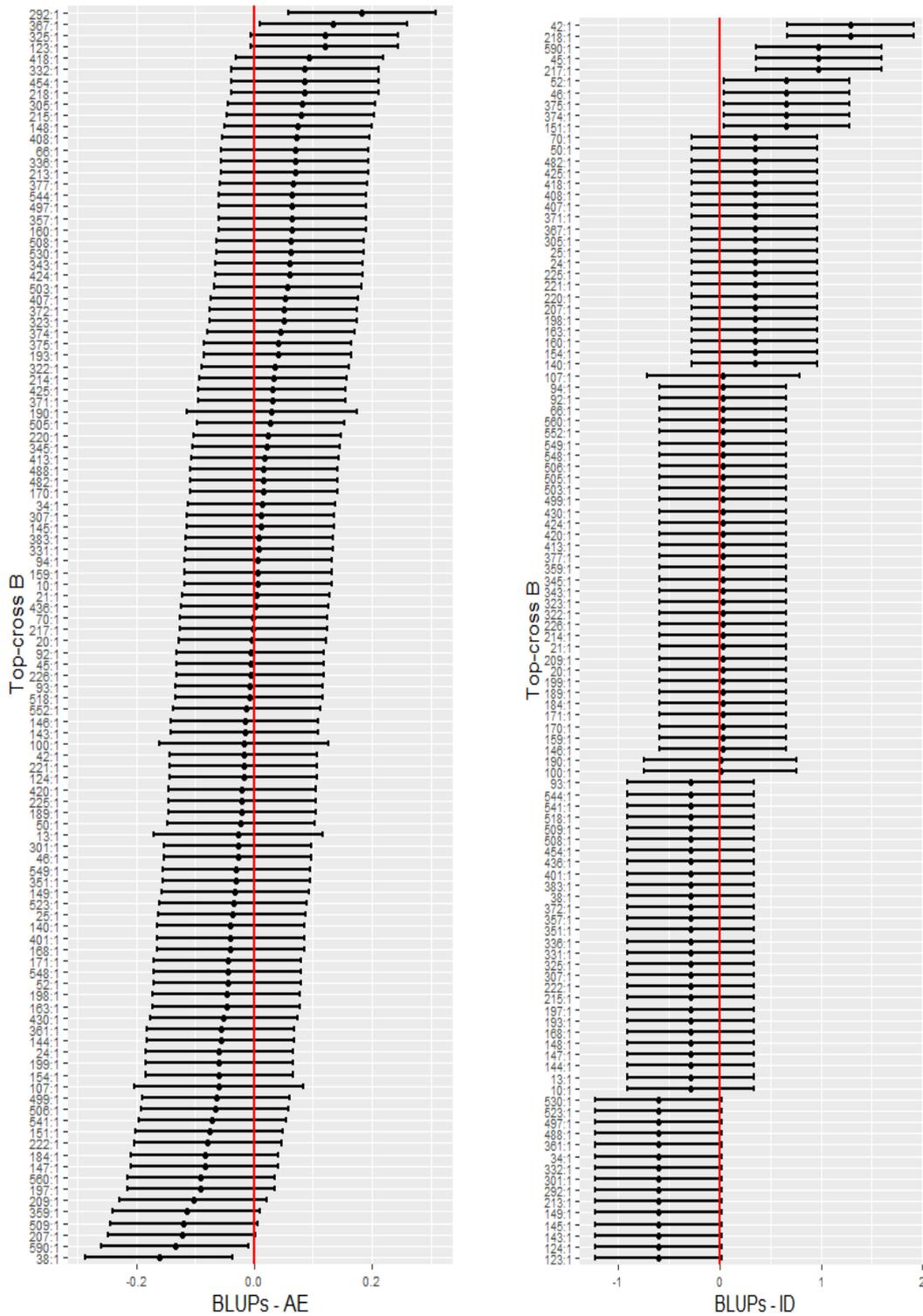
Figura 4 - Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para os caracteres número de grãos/espiga e altura de plantas (m).



Legenda: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

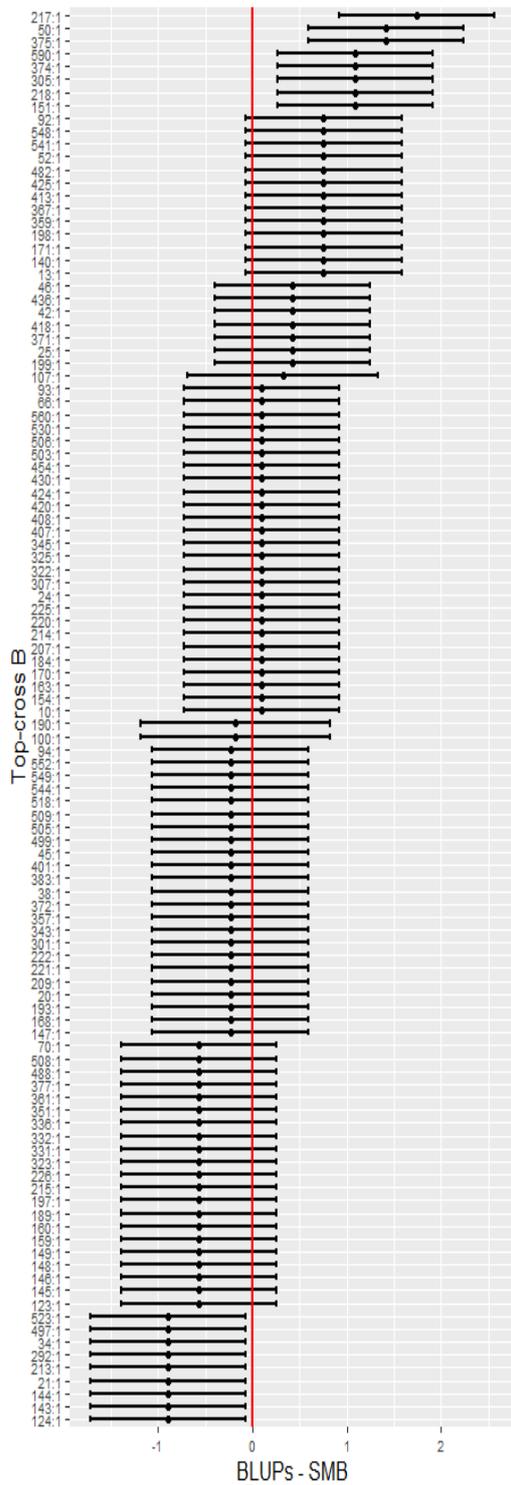
Fonte: Do autor (2022).

Figura 5 - Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para os caracteres altura da inserção da espiga (m) e incidência de doenças.



Legenda: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.
 Fonte: Do autor (2022).

Figura 6 - Ordenamento dos híbridos *top-crosses* com o testador B, com base nas capacidades de combinação para o caráter severidade de mancha branca.



Legenda: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado à estimativa BLUP.

Fonte: Do autor (2022).

Tabela 9 – Ranqueamento dos híbridos *top-crosses* quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo cinco características de interesse agrônomo, para o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	M100¹	AP²	AE³	ID⁴	SMB⁵	Índice M&M
323	2,046	-0,076	-0,034	-0,407	-0,743	494
418	0,172	-0,041	-0,015	-0,407	-0,743	437
401	-0,194	-0,071	-0,047	-0,407	-0,106	422
374	-0,926	-0,053	-0,040	-0,407	-0,743	420
124	0,366	-0,045	-0,038	-0,238	-0,526	419
497	-0,194	-0,048	-0,004	-0,407	-0,743	419
24	-0,560	-0,085	-0,058	-0,407	-0,425	414
377	2,046	0,009	-0,017	-0,111	-0,743	409
372	1,292	-0,006	0,009	-0,407	-0,743	405
361	-0,926	-0,091	-0,038	-0,407	-0,425	404
482	-0,143	-0,033	-0,031	-0,340	-0,565	404
359	0,835	-0,007	-0,031	-0,407	-0,106	392
197	0,538	-0,031	-0,047	-0,407	0,213	381
34	0,172	-0,115	-0,036	-0,111	-0,106	371
225	-2,046	-0,113	-0,070	-0,111	-0,425	365
430	0,560	-0,003	-0,011	-0,111	-0,425	365
222	0,870	-0,015	-0,034	-0,238	-0,058	364
549	1,658	-0,009	-0,036	0,185	-0,106	364
160	-0,617	-0,087	-0,038	-0,340	-0,097	360
163	0,560	-0,070	-0,040	0,185	-0,106	358
199	-0,194	-0,075	-0,049	-0,111	0,213	351
214	-0,194	-0,028	-0,008	-0,407	-0,106	351
488	-0,108	0,012	0,003	-0,703	-0,425	350
226	-1,314	-0,066	-0,056	-0,407	0,213	349
143	-1,092	-0,055	-0,047	0,080	-0,565	348
107	-0,583	-0,073	-0,036	0,182	-0,526	347
505	-0,583	0,007	-0,011	-0,407	-0,425	347
42	0,926	0,002	-0,034	-0,111	-0,106	344
325	-0,194	0,012	0,002	-0,407	-0,743	344
544	1,658	0,007	-0,004	-0,407	0,532	344
13	-0,926	-0,038	-0,036	-0,111	-0,743	340
207	0,835	-0,037	-0,013	0,080	-0,097	332
213	-0,560	-0,093	-0,028	-0,111	0,213	329
301	-0,617	-0,045	-0,006	0,080	-0,565	324
454	-1,680	-0,078	-0,047	-0,111	0,213	324
198	-0,926	-0,043	-0,055	0,185	-0,425	321
221	-1,092	-0,023	-0,038	-0,340	-0,097	321
45	-1,291	-0,056	-0,045	0,185	-0,743	319
351	2,412	0,039	0,022	-0,111	-0,425	319

Tabela 9 – Ranqueamento dos híbridos *top-crosses* quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo cinco características de interesse agrônômico, para o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	M100¹	AP²	AE³	ID⁴	SMB⁵	Índice M&M
307	-0,583	-0,029	-0,025	-0,238	-0,058	318
146	0,538	0,006	0,000	-0,111	-0,425	315
331	1,681	0,034	0,064	-0,111	-0,743	313
305	0,366	-0,027	0,012	-0,238	-0,058	312
159	-0,617	-0,023	-0,015	0,080	-0,565	307
140	0,926	0,007	0,006	-0,407	0,213	306
436	0,835	0,013	0,020	-0,340	-0,097	302
154	-1,680	-0,041	-0,034	-0,407	0,213	297
209	1,309	0,043	0,024	0,080	-0,565	296
21	0,870	-0,004	-0,006	0,182	-0,058	294
332	0,926	0,039	0,077	-0,111	-0,743	294
523	0,172	0,104	0,030	-0,407	-0,425	293
144	-0,560	0,038	0,017	-0,407	-0,743	292
383	-0,560	-0,038	-0,045	0,185	0,213	291
499	-1,561	-0,066	-0,071	0,185	0,213	290
548	2,412	0,016	-0,026	0,185	0,532	285
147	-0,560	-0,071	-0,002	0,185	-0,106	280
503	-1,291	0,019	0,019	-0,407	-0,425	278
38	-1,657	-0,034	-0,053	-0,111	0,213	272
189	2,046	0,056	0,073	-0,111	-0,425	269
509	-0,583	0,014	0,007	-0,111	-0,106	266
590	0,835	-0,019	-0,052	0,500	1,307	265
424	-1,057	0,006	-0,001	0,182	-0,526	264
46	-0,926	-0,014	-0,004	-0,111	-0,106	263
10	1,292	0,029	-0,002	-0,111	0,213	262
215	-0,171	0,016	-0,006	-0,111	0,213	261
50	0,560	-0,028	-0,049	1,073	1,170	260
345	-0,194	0,032	0,030	-0,111	-0,425	259
145	-1,291	0,056	-0,008	-0,111	-0,743	258
292	-1,595	0,003	-0,001	-0,340	-0,097	257
193	1,309	0,019	-0,006	0,500	-0,097	254
25	0,926	0,036	0,037	-0,111	-0,106	246
168	0,926	0,012	0,028	-0,111	0,532	243
407	-0,108	0,018	-0,001	0,182	-0,058	243
52	-1,291	-0,055	0,000	-0,111	0,213	240
371	-0,194	-0,024	-0,032	0,481	0,532	237
217	0,172	-0,026	-0,017	0,481	0,851	230
357	0,538	0,081	0,081	-0,111	-0,106	223
94	-0,194	0,006	0,007	0,185	-0,106	221

Tabela 9 – Ranqueamento dos híbridos *top-crosses* quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo cinco características de interesse agrônomo, para o testador A. UFLA, Lavras- MG, 2022. (conclusão)

TRAT	M100 ¹	AP ²	AE ³	ID ⁴	SMB ⁵	Índice M&M
413	1,292	0,054	0,043	-0,111	0,851	221
541	1,315	0,026	0,004	0,185	1,170	221
184	2,046	0,088	0,043	0,185	-0,106	217
506	-0,560	0,009	0,000	0,185	0,213	217
425	0,366	0,026	0,012	0,182	0,410	213
336	-0,171	0,026	0,006	0,481	-0,106	212
508	-0,171	0,089	0,069	-0,111	-0,106	212
560	0,926	0,099	0,073	0,185	-0,106	211
93	0,926	0,012	0,009	0,185	0,532	206
70	0,172	-0,019	0,004	0,777	0,532	197
148	-1,314	-0,014	-0,025	0,481	0,213	192
92	-1,314	-0,065	-0,019	0,481	0,851	191
171	-0,583	0,034	0,031	-0,238	0,410	189
220	-0,583	0,076	0,042	-0,238	-0,058	186
322	-0,108	0,062	0,072	-0,238	0,410	186
518	-0,108	0,064	0,017	0,182	0,410	179
100	0,172	0,007	0,032	0,185	0,532	176
190	0,926	0,068	0,062	0,185	0,213	175
420	-0,560	0,006	0,034	0,185	0,532	173
66	-0,194	0,061	0,051	-0,111	0,213	161
343	-1,561	0,074	0,054	0,182	-0,526	159
20	-0,560	0,058	0,051	0,185	-0,425	156
375	0,560	0,069	0,052	0,481	0,213	156
123	-1,057	0,058	0,060	0,185	-0,425	144
552	0,926	0,083	0,067	0,481	0,851	136
151	-0,560	0,041	-0,002	0,481	1,170	133
170	-0,194	0,043	0,043	0,185	0,532	132
218	0,538	0,061	0,037	0,481	1,808	125
367	-1,595	-0,003	0,008	1,341	0,839	121
149	0,195	0,086	0,051	0,185	0,851	120
408	-0,194	0,049	0,049	0,777	0,851	103
530	-0,926	0,086	0,032	0,481	0,851	78
Máximo	2,412	0,104	0,081	1,341	1,808	494
Mínimo	-2,046	-0,115	-0,071	-0,703	-0,743	78

Legenda: ¹massa de 100 grãos (g); ²altura de plantas; ³altura de inserção da primeira espiga; ⁴incidência de doenças; ⁵severidade da mancha branca.

Fonte: Do autor (2022).

Tabela 10 –Ranqueamento dos híbridos *top-crosses* quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo sete características de interesse agrônômico, para o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷	Índice M&M
509	33,543	0,323	23,428	-0,104	-0,120	-0,287	-0,234	597
523	-60,436	-0,397	24,718	-0,141	-0,035	-0,602	-0,894	589
143	463,711	-0,060	35,358	-0,008	-0,016	-0,602	-0,894	586
560	489,664	1,787	-10,957	-0,053	-0,091	0,029	0,096	563
144	111,885	0,683	-3,759	-0,041	-0,057	-0,287	-0,894	558
383	383,479	-0,037	46,198	0,008	0,009	-0,287	-0,234	523
292	1018,911	1,044	59,419	0,178	0,183	-0,602	-0,894	520
361	-151,815	-0,780	4,070	-0,061	-0,057	-0,602	-0,564	520
497	489,507	0,683	18,180	0,074	0,064	-0,602	-0,894	518
351	-10,676	1,404	-26,845	-0,014	-0,030	-0,287	-0,564	509
146	271,129	0,323	24,661	-0,039	-0,016	0,029	-0,564	505
199	266,215	-0,037	38,197	-0,049	-0,059	0,029	0,426	497
171	414,482	0,323	54,917	-0,035	-0,045	0,029	0,756	490
34	140,218	-0,037	-15,001	-0,026	0,014	-0,602	-0,894	489
149	-81,161	-0,780	15,398	-0,031	-0,033	-0,602	-0,564	489
549	256,706	2,507	-39,808	0,000	-0,030	0,029	-0,234	481
544	193,039	1,066	-2,669	0,006	0,064	-0,287	-0,234	480
454	956,413	1,787	31,745	0,068	0,086	-0,287	0,096	474
331	235,058	0,683	-4,333	0,043	0,009	-0,287	-0,564	473
154	324,862	0,683	0,399	-0,090	-0,059	0,345	0,096	471
359	76,110	0,470	-11,702	-0,167	-0,115	0,029	0,756	471
301	-241,737	0,323	-33,585	-0,098	-0,028	-0,602	-0,234	470
215	444,547	1,426	10,953	0,070	0,079	-0,287	-0,564	463
147	-168,053	-0,397	-3,817	-0,055	-0,084	-0,287	-0,234	460
436	376,484	0,323	25,235	0,033	0,001	-0,287	0,426	460
197	-186,158	-1,140	-17,381	-0,110	-0,091	-0,287	-0,564	459
145	101,558	-0,420	9,662	0,010	0,011	-0,602	-0,564	458
332	451,091	3,993	-29,139	0,074	0,086	-0,602	-0,564	455
552	-26,381	1,426	-35,793	-0,012	-0,013	0,029	-0,234	448
226	177,635	-0,420	32,404	0,041	-0,006	0,029	-0,564	447
38	-396,202	-1,913	22,074	-0,231	-0,161	-0,287	-0,234	445
13	394,604	0,935	-5,269	0,007	-0,028	-0,287	0,756	441
21	412,727	-0,397	45,883	0,098	0,004	0,029	-0,894	441
159	257,643	0,683	-3,845	0,019	0,006	0,029	-0,564	441
541	-277,276	-0,060	-13,596	-0,123	-0,071	-0,287	0,756	437
168	-250,054	-0,024	-33,938	-0,104	-0,040	-0,287	-0,234	434
401	-252,170	-0,780	-21,454	-0,088	-0,040	-0,287	-0,234	433
24	341,735	0,706	3,181	0,008	-0,059	0,345	0,096	426

Tabela 10 –Ranqueamento dos híbridos *top-crosses* quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo sete características de interesse agrônômico, para o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022. (continua)

TRAT	PROD¹	M100²	NGE³	AP⁴	AE⁵	ID⁶	SMB⁷	Índice M&M
221	321,584	-0,780	30,741	0,002	-0,018	0,345	-0,234	424
124	-282,351	-1,140	29,049	0,057	-0,018	-0,602	-0,894	420
198	-59,800	-0,060	33,981	-0,073	-0,047	0,345	0,756	420
488	-188,683	-1,140	17,119	0,029	0,016	-0,602	-0,564	420
123	772,800	-1,140	83,509	0,129	0,120	-0,602	-0,564	416
357	-33,988	-0,780	16,115	-0,041	0,064	-0,287	-0,234	415
322	418,308	1,066	26,152	0,088	0,035	0,029	0,096	412
430	-226,124	-1,883	26,582	-0,059	-0,052	0,029	0,096	411
52	208,465	0,683	7,225	-0,031	-0,045	0,660	0,756	407
336	18,356	1,787	-36,022	0,039	0,069	-0,287	-0,564	404
508	-141,146	-0,397	11,154	0,057	0,062	-0,287	-0,564	396
225	196,366	-0,780	43,646	0,012	-0,020	0,345	0,096	395
10	90,626	1,066	-7,115	0,031	0,006	-0,287	0,096	394
325	527,850	1,787	-1,694	0,151	0,120	-0,287	0,096	394
323	-54,128	1,787	5,303	0,131	0,050	0,029	-0,564	393
377	-290,596	0,323	-15,403	-0,065	0,067	0,029	-0,564	393
189	-314,678	0,683	-27,992	-0,004	-0,020	0,029	-0,564	392
408	124,738	2,147	46,514	0,068	0,072	0,345	0,096	392
93	109,613	1,066	-20,163	0,045	-0,008	-0,287	0,096	389
209	-345,432	-0,420	-10,212	-0,006	-0,103	0,029	-0,234	386
530	6,640	-1,140	30,167	0,057	0,062	-0,602	0,096	383
518	-84,998	-0,037	-52,082	0,037	-0,008	-0,287	-0,234	382
184	-73,472	-0,037	-38,890	-0,035	-0,084	0,029	0,096	381
222	-737,338	-0,780	-65,360	-0,159	-0,079	-0,287	-0,234	381
92	150,653	-0,037	13,878	-0,006	-0,006	0,029	0,756	379
94	44,472	-0,397	14,624	0,010	0,006	0,029	-0,234	378
20	-224,239	-0,037	8,802	-0,014	-0,004	0,029	-0,234	375
193	-258,116	0,323	-5,738	0,002	0,040	-0,287	-0,234	374
45	48,777	-0,420	26,668	0,004	-0,006	0,976	-0,234	368
214	182,045	1,426	-13,252	0,041	0,033	0,029	0,096	367
170	84,722	-0,060	22,711	0,017	0,016	0,029	0,096	364
499	-476,788	-1,861	-37,542	-0,167	-0,064	0,029	-0,234	363
207	-368,682	0,323	-50,648	-0,114	-0,122	0,345	0,096	360
424	31,345	2,890	-58,248	0,008	0,060	0,029	0,096	356
140	135,170	-0,420	26,611	0,017	-0,040	0,345	0,756	354
590	-122,296	-0,780	6,967	-0,045	-0,134	0,976	1,086	350
151	-90,658	-1,140	25,579	-0,059	-0,076	0,660	1,086	347
425	158,015	2,529	-14,112	0,029	0,031	0,345	0,756	346

Tabela 10 –Ranqueamento dos híbridos *top-crosses* quanto à capacidade de combinação, com base na soma de postos, envolvendo sete características de interesse agrônomo, para o testador B. UFLA, Lavras- MG, 2022. (conclusão)

TRAT	PROD ¹	M100 ²	NGE ³	AP ⁴	AE ⁵	ID ⁶	SMB ⁷	Índice M&M
46	60,092	-1,140	20,445	-0,051	-0,028	0,660	0,426	344
160	-76,204	-0,420	33,351	0,033	0,064	0,345	-0,564	344
548	-517,337	-0,397	-28,767	-0,090	-0,045	0,029	0,756	344
413	-131,845	1,404	-34,158	-0,016	0,018	0,029	0,756	340
213	-283,377	0,323	-36,309	0,108	0,069	-0,602	-0,894	338
42	51,573	-0,037	3,152	-0,006	-0,018	1,292	0,426	337
482	65,624	-1,861	39,316	-0,004	0,016	0,345	0,756	330
506	-419,027	-2,604	-36,911	-0,086	-0,067	0,029	0,096	330
505	-564,158	-0,780	-23,432	-0,057	0,028	0,029	-0,234	329
70	-107,805	-0,780	3,496	0,012	-0,001	0,345	-0,564	325
503	-290,766	-0,780	27,357	0,023	0,057	0,029	0,096	322
190	-514,135	0,470	-34,823	0,001	0,030	0,007	-0,182	321
345	-62,348	0,683	-19,245	0,080	0,021	0,029	0,096	320
107	-515,891	-0,983	-23,766	-0,125	-0,060	0,035	0,325	316
163	-245,574	-0,060	-48,411	-0,057	-0,047	0,345	0,096	316
420	-282,314	-0,037	-54,376	0,027	-0,020	0,029	0,096	307
367	734,109	-0,780	45,682	0,057	0,135	0,345	0,756	306
100	-502,553	-1,419	-22,519	-0,001	-0,018	0,007	-0,182	297
66	258,813	-2,604	60,136	0,082	0,069	0,029	0,096	290
148	-94,820	-1,500	-7,258	0,076	0,074	-0,287	-0,564	284
372	-507,788	0,323	-40,066	0,117	0,050	-0,287	-0,234	280
218	1757,203	-0,060	38,140	0,133	0,086	1,292	1,086	279
220	-283,742	-0,037	-32,151	-0,024	0,023	0,345	0,096	279
307	-401,305	-1,140	-26,157	0,014	0,011	-0,287	0,096	271
418	-81,395	0,323	-9,208	0,098	0,094	0,345	0,426	241
343	-416,039	-0,780	-16,693	0,059	0,060	0,029	-0,234	238
371	-359,195	-0,397	-12,736	0,014	0,031	0,345	0,426	237
25	-392,723	-1,140	3,640	0,061	-0,037	0,345	0,426	220
374	-191,570	-1,140	21,851	0,019	0,045	0,660	1,086	220
407	-342,936	-1,500	6,536	0,043	0,052	0,345	0,096	220
217	-219,135	1,426	-35,076	0,125	-0,001	0,976	1,746	215
50	-630,571	-0,780	-33,929	-0,008	-0,023	0,345	1,416	198
375	-153,272	-0,780	-11,044	0,049	0,040	0,660	1,416	186
305	-577,453	-1,140	-27,878	0,053	0,081	0,345	1,086	109
Máximo	1757,203	3,993	83,509	0,178	0,183	1,292	1,746	597
Mínimo	-737,338	-2,604	-65,360	-0,231	-0,161	-0,602	-0,894	109

Legenda: ¹produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); ²massa de 100 grãos (g); ³número de grãos por espiga; ⁴altura de plantas; ⁵altura de inserção da primeira espiga; ⁶incidência de doenças; ⁷severidade da mancha branca.

Fonte: Do autor (2022).