

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS SIMPLES COMO  
TESTADORES DE LINHAGENS DE MILHO EM  
“TOP-CROSSES”**

**PEDRO LUIZ NURMBERG**

2000

**PEDRO LUIZ NURMBERG**

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS SIMPLES COMO TESTADORES DE  
LINHAGENS DE MILHO EM "TOP-CROSSES"**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

Orientador

Prof. Dr. João Cândido de Souza

LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2000

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca Central da UFLA**

Nurmburg, Pedro Luiz

Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em  
"Top-Crosses" / Pedro Luiz Nurmburg. -- Lavras : UFLA, 2000.  
69 p. : il.

Orientador: João Cândodo de Souza.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Capacidade de combinação. 2. Melhoramento genético. 3. Dialelo parcial. 4.  
Milho híbrido. 5. Interação genótipo x ambiente. I. Universidade Federal de  
Lavras. II. Título.

idade Feder  
CDD-633.153

Intelectual d  
terior uso tan

**PEDRO LUIZ NURMBERG**

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS SIMPLES COMO TESTADORES DE  
LINHAGENS DE MILHO EM "TOP-CROSSES"**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

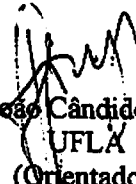
APROVADA em 05 de julho de 2000

Prof. Dr. Glauco Vieira Miranda

UFV

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho

UFLA

  
Prof. Dr. João Cândido de Souza  
UFLA  
(Orientador)

LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL



**A DEUS**

Que sempre me deu forças para lutar e buscar meus objetivos

**DEDICO**

A Agnaldo Pinto Ribeiro e Guiomar Pinto Ribeiro

*"in memoriam"*

Aos meus pais, Severino Nürnberg e Felícia Wessling Nürnberg

Aos meus irmãos, José, Helena, Paulo, Lenita, João, Lourdes,

Maria Gorete, Marli, Maurício, Catarina, Antônio,

Madalena e Célio.

**OFEREÇO**

## AGRADECIMENTOS

A Deus por ter iluminado nosso caminho.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Biologia, pela oportunidade de realizar este trabalho.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento Pessoal de Ensino Superior e ao Conselho Nacional de Pesquisa Científica e Desenvolvimento Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos professores João Cândido de Souza e Magno A. Patto Ramalho e ao pesquisador Pedro Hélio E. Ribeiro pela orientação, ensinamentos e amizade.

Aos professores César Brasil, João Bosco, Ângela e Lisete pela contribuição em nossa formação profissional e amizade.

À Dona Maria O. Ribeiro, Luciene e Eliane, que foram minha família aqui em Lavras durante estes sete anos.

Aos amigos e companheiros de república: Alex, Eduardo e Vanderlei.

Àquelas pessoas que, além das atividades acadêmicas, muito nos apoiaram: Bidú, Ariana, Maria Gabriela, Elisa, Ceará, Itamar, Hércules, Jair, Gorby, Gargamel, Haruo e Cíntia.

Aos colegas e amigos do programa de melhoramento do Milho: Dyeme, Eduardo, Flavinha, Agnaldo, Francislei, Carlos Ledo, Odair, Marilaine.

Aos demais amigos e colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, que de alguma forma contribuíram com nossa formação e aprendizagem.

A toda a minha família pelo apoio, confiança e compreensão.

A todos que, de alguma maneira, contribuíram conosco.

## SUMÁRIO

|  | Página |
|--|--------|
| RESUMO.....  | i      |
| ABSTRACT.....  | iii    |
| 1 INTRODUÇÃO.....  | 1      |
| 2 REFERENCIAL TEÓRICO.....   | 3      |
| 2.1 O Milho Híbrido.....   | 3      |
| 2.2 Etapas na Obtenção de Cultivares Híbridas.....                                     | 6      |
| 2.2.1 Escolha das populações.....  | 6      |
| 2.2.2 Obtenção de linhagens.....   | 8      |
| 2.2.3 Avaliação da capacidade de combinação.....                                       | 11     |
| 2.3 Efeitos da Interação Genótipos x Ambientes.....                                    | 17     |
| 3 MATERIAL E MÉTODOS .....   | 19     |
| 3.1 Material Genético.....   | 19     |
| 3.2 Caracterização das Regiões Experimentais.....                                      | 19     |
| 3.2.1 Lavras .....   | 19     |
| 3.2.2 Lambari.....   | 19     |
| 3.2.3 Boa Vista.....   | 20     |
| 3.3 Métodos.....   | 20     |
| 3.3.1 Obtenção dos híbridos "top-crosses".....   | 20     |
| 3.3.2 Delineamento experimental.....   | 21     |
| 3.3.3 Detalhes experimentais .....   | 21     |
| 3.3.4 Caracteres avaliados.....  | 21     |
| 3.4 Análise dos Dados.....   | 22     |
| 3.4.1 Estimativa dos componentes da variância, parâmetros genéticos e fenotípicos..... | 25     |
| 3.4.2 Estimativa do ganho esperado com a seleção.....                                  | 27     |
| 3.4.3 Análise dialélica.....   | 27     |
| 4 RESULTADOS.....  | 31     |
| 5 DISCUSSÃO.....   | 48     |
| 6 CONCLUSÕES.....  | 56     |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....  | 57     |
| ANEXOS.....  | 63     |



## RESUMO

NURMBERG, Pedro Luiz. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em "top-crosses". Lavras: UFLA, 2000. 64p. (Dissertação- Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).<sup>1</sup>

O presente trabalho foi realizado com o objetivo de comparar três híbridos simples como testadores de linhagens de milho. Foram utilizadas 61 linhagens endogâmicas provenientes do CIMMYT (México) em cruzamento "Top-cross" com três híbridos simples comerciais (AG-9012, C333 B e Z-8392), realizado na área experimental do Departamento de Biologia/UFLA (98/99). Os híbridos top-crosses de cada testador foram avaliados em três locais bastante contrastantes, Boa Vista (RR), Lavras (MG) e Lambari (MG). Os experimentos foram instalados utilizando-se o delineamento em látice simples 8x8. Como testemunhas foram utilizados os híbridos simples AG-9012, C333 B e Z-8392. A análise da variância conjunta, realizada com as médias ajustadas provenientes das análises individuais, indicou a existência de diferenças significativas para praticamente todas as fontes de variação. Em média os híbridos top-crosses foram mais produtivos em Boa Vista do que nos outros dois locais. Em relação a Lambari essa superioridade chega a 19%. Do mesmo modo, o desempenho médio dos top-crosses variou de acordo com o testador utilizado, sendo a maior média observada para o testador C333 B. A produtividade média das testemunhas foi cerca de 15% superior ao desempenho dos top-crosses. A interação top-crosses x testadores foi significativa, indicando que os testadores diferem quanto a capacidade de discriminação das linhagens sob avaliação. A existência de variabilidade genética entre testadores e entre linhagens foi detectada pela análise da variância e confirmada pela análise do dialelo parcial. Embora a capacidade específica de combinação (CEC) tenha sido significativa, cerca de 72.3% do desempenho médio dos híbridos top-crosses foi explicado pela capacidade geral de combinação (CGC), indicando que apesar de ocorrer dominância houve predominância dos efeitos aditivos dos genes. Considerando que houve predominância da capacidade geral de combinação sobre a capacidade específica de combinação, pode-se inferir que, a maioria dos locos dos testadores devem estar em heterozigose. Assim, é possível a partir do comportamento dos híbridos top-crosses, inferir a respeito do desempenho das linhagens "per se". Apesar da interação top-crosses x testadores e top-crosses x

---

<sup>1</sup> Orientador: Prof. Dr. João Cândido de Souza (UFLA); Co-orientadores: Prof. Dr. Magno Antônio P. Ramalho (UFLA) e Dr. Pedro Hélio E. Ribeiro (EMBRAPA/CPAF-RR).

locais terem sido significativas a herdabilidade realizada na maioria dos casos foi expressiva, em alguns casos, foi inclusive superior à herdabilidade estimada para o próprio local, evidenciando que independente da interação algumas linhagens sobressaíram em todas as situações. Dentre todos os híbridos triplos sintetizados e avaliados os seis mais produtivos são derivados do cruzamento das linhagens com o testador C 333B. Destacaram-se quanto a capacidade geral de combinação, o testador C333 B e as linhagens de número 61, 59, 51, 49 e 58. De acordo com as estimativas de herdabilidade, capacidade geral de combinação e o desempenho dos híbridos top-crosses, o testador C333 B foi mais eficiente na discriminação das linhagens.

## ABSTRACT

NURMBERG, P. L. Performance of single cross hybrids as tester of maize lines in testcrosses. Lavras: UFLA, 2000. 64p. (Thesis- Master degree in Genetics and Plant Breeding).<sup>1</sup>

The objective of this study was to compare three maize single cross hybrids as inbred line testers. Sixty one inbred lines from CIMMYT (Mexico) were used in testcross with three commercial single cross hybrids (AG-9012, C333 B and Z-8392), and evaluated in three different environments: Boa Vista (RR), Lavras (MG) and Lambari (MG). The experiments were conducted in a 8x8 lattice design, using the single cross hybrids (AG-9012, C333 B e Z-8392) as checkers. Significant differences for all sources of variation was found, and a combined analysis of variance was done with the adjusted means obtained from the individual analysis. The testcross hybrids were more productive at Boa Vista than in the other two locations. This superiority reached 19% in Lambari. The average performance varied according to the tester used and was greater for tester C333 B. The mean grain yield of the checks was 15% superior than the testcrosses. The testcrosses x testers interaction was significant indicating that the testers are different on the ability to discriminate the inbred lines. The occurrence of genetic variability between testers and between lines was detected by the variance analysis and was confirmed by the partial diallel analysis. Although the specific combining ability was significant, the general combining ability explained 72.3% of the testcrosses performance. This result shows the predominance of additive gene effects although the dominant effects were also present. It is possible to deduce that most of the loci in the testers are in heterozygous considering the predominance of the general combining ability over the specific combining ability. Thus, it is possible to get information about the performance of the lines considering the topcrosses means. Even though the testcrosses x testers and testcrosses x environment interactions were significant, the realized heritability was expressive in most cases. In some cases it was superior than the heritability estimated for the own environment. The six most productive three way cross hybrids between all the synthesized and evaluated ones were derived from the cross between inbred lines with C333 B tester. This tester and the lines number 49, 51, 58, 59 and 61 presented superior general combining abilities. According with the estimates of heritability, general

---

<sup>1</sup> Guidance Committee: João Cândido de Souza (Adviser); Magno Antônio P. Ramalho and Pedro Hélio E. Ribeiro.

combining ability and the performance of testcrosses, tester C333 B was the most efficient to discriminate the yield capacity of the lines.

## 1 INTRODUÇÃO

O desenvolvimento do milho híbrido tem sido um dos fatores responsáveis pelo aumento na produção mundial de alimentos, principalmente nas últimas décadas. Essa contribuição é verificada em todo o mundo e principalmente no Brasil, onde a produtividade média vem aumentando continuamente em função da utilização de cultivares superiores.

Na obtenção de uma cultivar híbrida existem algumas etapas a serem cumpridas. A primeira delas é a escolha da população para a extração de linhagens; a segunda consiste na autofecundação dessa população até atingir a homozigose, e a terceira é a avaliação das linhagens obtidas em combinações híbridas.

Dessas etapas, a mais trabalhosa e que exige maior dedicação é a avaliação da capacidade combinatória das linhagens. Essa avaliação é normalmente realizada por meio de um testador, obtendo-se "top-crosses" para serem avaliados em experimentos com repetições. Esse método tem por objetivo avaliar o mérito relativo das linhagens em cruzamentos com o testador, eliminando as de desempenho inferior, tornando mais racional e eficiente o programa de melhoramento.

Entre as inúmeras decisões que devem ser tomadas por ocasião da obtenção dos "top-crosses" está a escolha do testador apropriado. Há na literatura, fundamentos teóricos que possibilitam promover essa escolha (Vencovsky 1987). Entretanto, essa fundamentação teórica tem como princípio a frequência alélica no testador e o tipo de ação gênica. Principalmente a primeira informação é, na maioria das vezes, impossível de ser obtida na prática. Por essa razão, na grande maioria dos casos, na escolha destes, os melhoristas utilizam processos empíricos, sobretudo baseados na experiência de avaliações anteriores

ou na necessidade de identificar linhagens para combinações específicas com uma dada população.

Contudo, o uso de híbrido simples como testador pode ser aplicado a outras situações, sobretudo quando se deseja fazer alguma inferência teórica, pelo fato de que um dado loco (B) pode assumir apenas as frequências de 1, quando for BB,  $\frac{1}{2}$  quando for Bb ou 0 se bb. Assim, quando forem comparados dois ou mais híbridos simples, como testadores, é possível obter informações sobre a predominância de um dado tipo de loco, ou seja, se é BB, Bb ou bb.

Embora haja alguns trabalhos na literatura a respeito da capacidade de combinação e escolha de testadores (Aguilar, 1984; Aguilar, 1990; Elias, 1997), são escassos os casos em que foram utilizados híbridos simples com essa finalidade.

Desta forma, foi realizado o presente trabalho com a finalidade de comparar híbridos simples comerciais como testadores de linhagens.

## 2 REFERÊNCIAL TEÓRICO

### 2.1 O MILHO HÍBRIDO

O termo milho híbrido pode ser definido como a primeira geração proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações geneticamente divergentes (Allard, 1971).

Paterniani (1993) relata as vantagens do emprego de cultivares híbridas. A maior importância para esse tipo de cultivar deve-se à possibilidade de explorar os benefícios das interações gênicas na geração híbrida.

Os primeiros trabalhos de hibridação artificial em milho, segundo Allard (1971), foram realizados por Beal, em 1880, utilizando variedades de polinização aberta como genitores, quando foram obtidos híbridos cerca de 40% superiores às variedades cultivadas na época. Contudo, a maioria das populações cruzadas não apresentou desempenho significativamente diferente das populações "per se". De acordo com Hallauer (1990), esse baixo desempenho dos híbridos intervarietais foi devido ao cruzamento indiscriminado entre as cultivares da época, as quais, embora heterogêneas, eram geneticamente relacionadas.

Estudando a variabilidade genética dentro de uma população de milho, Shull (1908), citado por Hallauer (1990), concluiu que uma população de polinização aberta é composta por uma infinidade de genótipos heterozigotos. Este mesmo autor, após o intercruzamento entre uma série de linhagens, verificou que o vigor havia sido restaurado na descendência.

A partir das observações realizadas por Shull (1908, 1909), o mesmo autor (1910), citado por Paterniani e Miranda Filho (1987) e Hallauer (1990),

sugeriu um método para a produção de sementes híbridas na cultura do milho. Inicialmente, uma população heterogênea seria submetida a sucessivas autofecundações para a obtenção das linhagens; em seguida seriam realizados os cruzamentos entre as linhas puras e, por fim, seria feita a avaliação dos cruzamentos e seleção dos híbridos mais produtivos. Esse esquema é hoje denominado método padrão.

As conclusões de Shull (1908, 1909, 1910), relativas à composição das populações, não foram questionadas na época. Por outro lado, o método sugerido para o desenvolvimento de híbridos não foi imediatamente aceito. O baixo vigor das gerações endogâmicas, e conseqüentemente reduzida quantidade de sementes, constituía uma limitação à produção e comercialização de sementes híbridas (Hallauer, Russel e Lamkey, 1988).

A obtenção de híbridos duplos a partir do cruzamento entre híbridos simples foi sugerida por Jones (1918), o que além de remover as limitações econômicas impostas à utilização de sementes híbridas, culminou para o desenvolvimento da indústria sementeira.

O primeiro híbrido duplo comercial avaliado nos Estados Unidos entre 1920 e 1930 foi comparativamente superior às variedades da época. Além de mais produtivo, o híbrido mostrou maior estabilidade e tolerância às condições ambientais adversas. Essa superioridade do híbrido em relação às variedades da época revolucionou o cultivo de milho naquele país e posteriormente em outras partes do mundo. Em 1950, aproximadamente 100% da área cultivada com milho na região do "Corn Belt" eram ocupados com híbridos duplos (Hallauer, 1990).

A partir da proposta de Jones (1918), vários programas de melhoramento de milho foram instituídos com o objetivo de desenvolver linhagens para a produção de híbridos duplos. No entanto, a sofisticação da agricultura viabilizou a utilização de linhagens pouco vigorosas na síntese de



outros tipos de híbridos a um custo compatível com as necessidades dos agricultores (Hallauer, 1990). De acordo com Fehr (1987), a produtividade média dos híbridos simples sobre as variedades de polinização aberta tem sido superior em até mais de 50%.

Embora a produtividade média dos híbridos simples não seja muito superior aos demais híbridos de milho, esse tipo de cultivar vem se tornando preferência entre os agricultores devido principalmente a sua maior uniformidade fenotípica. A uniformidade é decrescente dos híbridos simples para triplos, duplos, e finalmente nas variedades (Wrike e Weber, 1986).

De acordo com Russel (1975) e Cardwell (1982), a produtividade média da cultura do milho foi elevada em mais de 300% entre os anos 30 e 80. A melhoria das práticas culturais, como a maior utilização de fertilizantes e defensivos agrícolas, controle de pragas e doenças, utilização de herbicidas, adequação de estande e da época de plantio, tem contribuído significativamente para aumentar a produtividade do milho. No entanto, estima-se que, isoladamente, a substituição das variedades de polinização aberta por híbridos foi responsável por um ganho de aproximadamente 57% na produtividade dessa cultura.

No Brasil, o primeiro trabalho realizado com a finalidade de introduzir o milho híbrido foi conduzido por Krug junto ao Instituto Agronômico de Campinas (IAC) (Krug, Viegas e Paoliéri, 1943). Atualmente, vários programas públicos e privados de melhoramento estão sendo conduzidos no país com a finalidade de desenvolver cultivares híbridas. Cultivares altamente produtivas e adaptadas às condições brasileiras são colocados anualmente à disposição dos agricultores (Paterniani e Campos, 1999).

## **2.2 ETAPAS NA OBTENÇÃO DE CULTIVARES HÍBRIDAS**

O desenvolvimento de novas cultivares híbridas de milho envolve três etapas distintas: escolha da população ou populações base para extração das linhagens, autofecundação dessas populações até atingir a homozigose e avaliação da capacidade combinatória das linhagens obtidas em combinações híbridas.

### **2.2.1 Escolha das populações**

A escolha e amostragem do germoplasma a ser empregado na extração de linhagens é fundamental para o sucesso do programa de melhoramento (Hallauer, 1990; Paterniani e Campos, 1999). Algumas considerações devem ser feitas por esta ocasião, tais como: o estágio de desenvolvimento do programa de melhoramento, resultados esperados a curto, médio e longo prazos, tipo de grãos e preferência do mercado e características agronômicas. Além disso, de acordo com Paterniani e Campos (1999), o conhecimento do germoplasma disponível, tanto dos materiais “landraces” quanto daqueles melhorados e disponíveis no mercado, é, sem dúvida, de grande importância.

As variedades de polinização aberta foram a fonte original da maioria das linhagens obtidas no passado; no entanto, a utilização direta dessas populações na síntese de novas linhagens vem sendo reduzida significativamente ao longo do tempo. Nos últimos anos, a seleção de linhas puras a partir de populações derivadas do inter cruzamento de linhagens elites passou a ser uma constante na maioria dos programas de melhoramento (Hallauer, 1990; Paterniani e Campos, 1999). Essa tendência foi devida, segundo os autores, à maior facilidade de predição do desempenho da descendência em relação aos demais tipos de germoplasmas.

Diversas metodologias podem ser empregadas pelos melhoristas para a escolha do germoplasma, as quais podem ser classificadas em duas categorias. No primeiro grupo estão aquelas metodologias que não necessitam de cruzamentos prévios, ou seja, a seleção é fundamentada no desempenho "per se" dos materiais, coeficiente de parentesco ou análise multivariada, que permite estimar a divergência genética entre pares de materiais. Na segunda categoria estão incluídas as metodologias que exigem a realização de cruzamentos prévios, como, por exemplo, os cruzamentos dialélicos, a estimativa de  $m+a$  e a metodologia para escolha de genitores proposta por Jinks e Pooni (1976) (Baenziger e Peterson, 1991).

O desempenho "per se" da população tem sido um método empregado com bastante frequência na escolha de germoplasma, no entanto, esta estratégia não possibilita a previsão da variabilidade a ser liberada pelo cruzamento, pois o fato de duas populações apresentarem média alta não implica que o híbrido entre elas apresentará variabilidade suficiente para garantir sucesso com a seleção (Ramalho, Santos e Zimmerman, 1993).

A estimativa de  $m+a$  corresponde à média de todas as  $n$  linhagens na geração  $S_{\infty}$ . Esta metodologia foi proposta por Vencovsky (1987) e para a obtenção dessas estimativas utiliza-se um contraste entre as gerações  $S_0$  e  $S_1$ . De posse desses valores é possível selecionar, a partir de um grupo de populações em gerações precoces, aquela que em média apresentará linhagens com melhor performance.

A utilização dessas metodologias, embora possibilite obter informações para auxiliar na escolha de populações genitoras, restringe-se mais às espécies autógamas, nas quais as dificuldades para a realização dos cruzamentos controlados são maiores. No caso específico do milho, os melhoristas pouco têm feito uso desses métodos, haja vista que um número elevado de combinações

híbridas pode ser obtido com relativa facilidade. Isto permite o descarte dos genitores menos promissores e seleção daqueles com melhor desempenho.

Geralmente os melhoristas procuram cruzar materiais contrastantes quanto a algumas características, como textura de grãos, com o objetivo de suprir as exigências do mercado. É prática comum o cruzamento entre materiais de grão tipo dentado com materiais de grão duro ou “flint”. Do cruzamento entre algumas populações, verificou-se que a geração híbrida apresentava elevado nível de heterose. A partir dessa observação foi criado o conceito de padrões heteróticos (Paterniani e Campos, 1999).

O conhecimento, a manutenção e o melhoramento desses grupos heteróticos tem se tornado um dos principais objetivos para a maioria dos programas de melhoramento de milho no mundo (Ordás, 1991; Vasal et al , 1992; Paterniani e Campos, 1999). Os grupos heteróticos constituem, hoje, o mais valioso patrimônio dos programas de melhoramento e a garantia de sucesso futuro no desenvolvimento de genótipos superiores.

### **2.2.2 Obtenção de linhagens**

O desenvolvimento de linhagens para uso potencial na síntese de híbridos com elevada performance é o principal objetivo dos programas de melhoramento de milho híbrido. No entanto, a proporção de linhagens desenvolvidas num programa e que realmente são utilizadas na produção comercial de sementes é muito pequena. Segundo estimativas de Hallauer (1990) e Hallauer e Miranda Filho (1988), apenas cerca de 0,01% das linhagens obtidas são empregadas na produção de híbridos comerciais.

Embora sejam necessárias várias gerações para se obter linhagens com elevado nível de homozigose, o método padrão ainda se constitui no principal

método de desenvolvimento de linhagens superiores, sendo os demais, na sua grande maioria, modificações deste (Paterniani e Campos, 1999).

Para a obtenção das linhagens, geralmente protege-se os órgãos masculinos e femininos com sacos de papel ou plástico apropriados, e no momento certo procede-se a autopolinização das plantas previamente selecionadas, de acordo com os objetivos do melhorista. Devido à facilidade de treinar mão-de-obra para executar essas operações, aliada ao grande número de sementes produzidas em cada espiga e à morfologia e localização dos órgãos reprodutivos na planta, um grande número de linhagens pode ser obtido com relativa facilidade (Paterniani e Campos, 1999; Hallauer, 1990).

No método padrão, sucessivas autofecundações são efetuadas na população escolhida. À medida que são avançadas as gerações de endogamia, procede-se a seleção entre e dentro das famílias. Esta seleção é feita com base em caracteres fenotípicos. Por ocasião da colheita, as espigas das plantas autofecundadas passam por um novo processo seletivo para eliminar aquelas espigas com características indesejáveis, como textura, coloração e grãos ardidos.

O método da cova única foi proposto por Jones e Singleton (1934), citado por Hallauer (1990), e difere do método padrão porque cada progênie é representada por uma única cova com três plantas, ao invés de uma linha com várias plantas. Essa metodologia possibilita reduzir a área plantada, bem como permite aumentar o número de progênies avaliadas, e conseqüentemente aplicar maior intensidade de seleção entre progênies.

O método genealógico, por sua vez, se aplica principalmente nos casos em que a seleção é efetuada dentro de uma população derivada de duas linhagens previamente selecionadas, de acordo com a capacidade combinatória. A obtenção de linhagens segue o mesmo esquema do método padrão, ou seja, sucessivas autofecundações.

Além destas, outras metodologias podem ser empregadas para o desenvolvimento de novas linhas. O método do híbrido críptico, sugerido por Hallauer (1967), corresponde a um teste precoce para a avaliação de novos materiais. Este método consiste na avaliação de famílias de irmãos germanos, obtidas pelo cruzamento entre plantas prolíficas e não endogâmicas. Simultaneamente ao cruzamento, a segunda espiga de cada planta é autofecundada. As famílias de irmãos germanos são avaliadas com repetições para identificar os melhores cruzamentos. As progênes  $S_1$  correspondentes às melhores combinações são plantadas aos pares e cruzadas para obter a nova geração. Esse processo é repetido até que se atinja o grau de homozigose desejado nas linhagens a serem usadas na síntese de híbridos. Esse esquema pode ter aplicação intra ou interpopulacional. As linhagens superiores podem, eventualmente, apresentar bom desempenho quando cruzadas com outras linhagens.

A seleção zigótica consiste de uma modificação no método do híbrido críptico e foi sugerida por Hallauer (1990). Plantas prolíficas de uma população heterogênea são simultaneamente autofecundadas e cruzadas com uma linhagem padrão. As famílias de irmãos germanos são avaliadas em ensaios e as progênes  $S_1$  correspondentes às melhores combinações são autofecundadas e cruzadas novamente com a linhagem padrão. O processo é repetido até atingir a endogamia adequada.

A obtenção de linhagens por meio de monoplóides, seguida de duplicação do número de cromossomos (cultura de anteras), objetiva reduzir o tempo necessário para se chegar à homozigose; no entanto, não permite avaliações a campo durante o desenvolvimento das linhagens. Embora o tempo requerido para a obtenção de genótipos homozigotos seja menor, esta metodologia não tem sido muito utilizada, principalmente devido à baixa

freqüência na ocorrência de monoplóides, e sobretudo pela dificuldade para a sua identificação (Hallauer, 1990).

A reciclagem de genótipos elites, híbridos e linhagens, vem aumentando de maneira significativa nos últimos anos. Uma linhagem selecionada pode ser considerada elite em relação às demais, porém, Miranda Filho e Viegas (1987), Zanoni e Dudley (1989) e Hallauer (1990) enfatizam a importância de se melhorar inclusive esses materiais elites, uma vez que cada uma dessas linhas puras poderá ser melhorada para alguma característica. No melhoramento de linhagens, o método mais empregado é o de retrocruzamentos.

Independente da metodologia empregada na obtenção de linhagens, um dos principais fatores a serem observados é o controle da contaminação durante a autopolinização. Todavia, contaminantes são facilmente reconhecidos e podem ser eliminados durante o "rouging" (Paterniani e Campos, 1999).

Com o objetivo de estudar a importância relativa das principais características consideradas no desempenho "per se" das linhagens, Hallauer (1979) e Bauman (1979), citados por Hallauer (1990), aplicaram, junto aos melhoristas de milho da região de Ohio (EUA), um questionário a respeito da seleção sobre dezessete caracteres. Uma escala de 1 (alta) a 4 (baixa) foi recomendada para uso dos melhoristas na determinação da importância dada e o sucesso esperado com a seleção referente a cada uma das características. Foram consideradas mais importantes as características produção de grãos e resistência ao acamamento (nota = 1,2), enquanto a coloração dos grãos e a arquitetura da planta foram os caracteres de menor importância entre os melhoristas. Os autores verificaram que a importância relativa de cada caráter, bem como a eficiência da seleção visual, é variável. De maneira geral, para aqueles caracteres considerados mais importantes, a eficiência da seleção visual é baixa. Por outro lado, a seleção visual tem sido altamente eficiente para caracteres de menor importância relativa.

### 2.2.3 Avaliação da capacidade de combinação

A avaliação da capacidade combinatória é, sem dúvida, a etapa do programa que maior atenção tem recebido dos melhoristas de milho (Hallauer, 1990; Paterniani e Campos, 1999). Essa é a fase mais difícil no desenvolvimento de novas linhagens e sobretudo a que exige maior atenção e rigor experimental. Na avaliação da capacidade de combinação, o procedimento mais apropriado é a utilização dos cruzamentos dialélicos. Nesse caso, as  $n$  linhagens são cruzadas duas a duas.

Há, na literatura, alguns procedimentos de análise dialélica que possibilitam obter estimativas de Capacidade Geral de Combinação (CGC) e da Capacidade Específica de Combinação (CEC) (Griffing, 1956) ou proceder estudos mais detalhados da heterose (Gardner e Eberhart, 1966). Como o número de linhagens é normalmente grande, é praticamente impossível obter e, sobretudo, avaliar todas as combinações híbridas. Assim, por exemplo, se estiverem envolvidas 100 linhagens no dialelo, devem ser sintetizadas e avaliados  $n(n-1)/2$  combinações híbridas, ou seja, 4950 híbridos. Mesmo com um número não tão expressivo de linhagens, o trabalho envolvido inviabiliza a aplicação dessa metodologia.

Há alternativas para atenuar a principal restrição dos cruzamentos dialélicos, tais como o dialelo parcial e o circulante, que reduzem consideravelmente o número de híbridos a serem obtidos e avaliados (Gerald e Miranda Filho, 1988).

Uma outra opção é avaliar a capacidade de combinação por meio de um testador, ou seja, realizar um “Top-cross”. Esse método foi proposto por Davis (1927) e utilizado por vários pesquisadores com o objetivo de avaliar o mérito relativo de linhagens de milho (Smith, 1986; Aguilar, 1990; Elias, 1997; Castellanos, Hallauer e Cordova, 1998). Contudo, foi só na década de quarenta



que o conceito de capacidade de combinação começou a ser melhor elucidado. Sprague e Tatum (1942) conceituaram dois tipos de capacidade combinatória: a Capacidade Geral de Combinação (CGC), que corresponde ao desempenho médio de uma linhagem em uma série de combinações híbridas, e a Capacidade Específica de Combinação (CEC) que, por sua vez, corresponde ao comportamento de uma dada linhagem quando cruzada com outro genitor específico. Além disso, esses dois pesquisadores associaram a CGC aos efeitos aditivos dos genes e CEC aos efeitos não aditivos.

O uso do "Top-cross" é generalizado entre os melhoristas de milho, sobretudo pela facilidade de obtenção das combinações híbridas e redução no número de híbridos avaliados. Embora seja amplamente utilizado, não há consenso em alguns dos procedimentos a serem realizados. O primeiro é o momento de realizar o "Top-cross". Muitos melhoristas sugerem que seja efetuado o mais precoce possível, em S<sub>2</sub> por exemplo (Ide, 1983; Martins, 1986). Já outro grande grupo recomenda que a sua aplicação seja postergada a gerações mais avançadas, quando a maioria dos locos estão em homozigose (Singleton e Nelson, 1945; Rickey, 1947).

A avaliação precoce é comprovadamente eficiente para caracteres que apresentam alta herdabilidade ( $h^2$ ), ou seja, características pouco influenciadas pelo ambiente. Em trabalho teórico, Bernardo (1991) obteve, a partir da equação  $r_{F_n G_n} = r_{G_n G_n} \cdot h_n$ , a estimativa de correlação entre o fenótipo do indivíduo ou família na geração S<sub>n</sub> e o genótipo na geração S<sub>∞</sub>. Esta estimativa é função apenas do coeficiente de endogamia (I) nas gerações n e n', ou seja,  $r_{G_n G_n} = [(1+I_n)/(1+I_n)]^{0.5}$ , e dos desvios da herdabilidade do caráter nas gerações precoces. Desse modo, a eficiência da avaliação precoce dos "Top-crosses", além do coeficiente de endogamia, depende ainda da herdabilidade do caráter sob seleção. Considerando a geração S<sub>0</sub> como n (I<sub>n</sub>=0) e n' como S<sub>∞</sub> (I<sub>n</sub>=1), a correlação genética é  $r_{G_n G_n} = [(1+0)/(1+1)]^{0.5} = 0,71$ . Entre S<sub>2</sub> e S<sub>∞</sub>, o valor dessa

estimativa passa a ser 0,87. Todavia, essa metodologia não leva em consideração a ocorrência de interações gênicas.

Um segundo questionamento é qual testador utilizar. Embora seja uma questão antiga, ainda não foi resolvida. De modo geral, os melhoristas têm suas preferências a respeito do testador e a maioria deles, por trabalharem em empresas privadas, não divulgam qual testador tem sido utilizado.

A teoria de genética quantitativa possibilita inferir a esse respeito. Assim, Vencovsky (1987) comenta que, considerando um loco, a capacidade de combinação (CC) é obtida pela expressão  $CC = (p_i - p) [\alpha + (1-2t)\delta]$ , em que  $p_i$  é a frequência do alelo favorável para o referido loco na linhagem ou família sob avaliação,  $p$  é a frequência alélica média da população de famílias ou linhagens,  $t$  é a frequência alélica do testador utilizado,  $\alpha$  é o desvio dos locos em homozigose em relação à média e  $\delta$  é o desvio do heterozigoto em relação à média, denominado efeito de dominância dos genes.

A partir desta equação, percebe-se que a capacidade de combinação (CC) é função direta de  $p_i - p$ , ou seja, é dependente da diferença nas frequências alélicas. Deste modo, maiores valores de CC serão observados para aqueles materiais com maior frequência de alelos favoráveis ( $p_i$ ), o que permite fazer inferências sobre a estrutura genética dos genótipos em avaliação.

A estimativa da capacidade de combinação, todavia, depende da frequência alélica do testador ( $t$ ), desde que haja contribuição dos efeitos de dominância na expressão do caráter. Nos casos em que os efeitos de dominância estiverem ausentes ( $\delta=0$ ), a expressão se resume a  $CC = [(p_i - p) \alpha]$ , ou seja, é possível identificar, dentre os materiais em avaliação, aqueles com maior frequência de alelos favoráveis, independente da constituição do testador.

A situação é diferente quando  $\delta \neq 0$ . Neste caso, poderemos ter diferentes resultados: 1 - quando  $t=1/2$ , a segunda parte da expressão é anulada e, novamente, apenas os efeitos aditivos dos genes passam a ser considerados, ou

seja,  $CC = (p_i - p) \alpha$ . 2 - Quando  $t \neq 1/2$ , como a frequência alélica normalmente não é  $1/2$ , a estimativa de CC é influenciada pelos efeitos de dominância. Há, neste caso, algumas alternativas: 2a) Quando  $t=1$ , a  $CC = [(p_i - p) (\alpha - \delta)]$ . Se houver dominância completa ( $\alpha = \delta$ ), tem-se  $CC=0$ . Esta é uma situação indesejável sob o ponto de vista de melhoramento, pois esses locos não contribuem em nada na discriminação dos materiais quanto a CGC, razão pela qual linhagens com boa performance geralmente não são utilizadas como testadoras. 2b) Se  $t=0$  ou  $<1/2$ , o valor  $(1-2t) \delta$  será diferente de zero, logo os efeitos de dominância passam a auxiliar na seleção de materiais para CGC. O mesmo é verificado para  $t \neq 1/2$  e  $\alpha > \delta$ .

De acordo com Green (1948), a capacidade combinatória é herdável; portanto, a probabilidade de seleção de novas linhagens de milho com alta capacidade de combinação será maior entre progênies segregantes oriundas de híbridos, cujos genitores também apresentavam alta capacidade combinatória. Por outro lado, a Capacidade Geral de Combinação não é propriedade fixa da linhagem, pois depende também da constituição genética do testador (Kempthorne e Curnow, 1961).

A avaliação de n linhagens em cruzamento "top-cross" com um ou mais testadores equivale a um cruzamento dialélico parcial. O "top-cross" permite, sobretudo, obter estimativas da capacidade geral e específica de combinação, tanto das linhagens avaliadas quanto dos testadores empregados (Vencovsky, 1987; Venkovsky e Barriga, 1992; Paterniani e Campos, 1999).

Um estudo comparativo da eficiência do cruzamento "top-cross" foi realizado por Baktash et al (1981). Estes autores estimaram coeficientes de correlação entre "top-crosses" e cruzamentos dialélicos entre um grupo de linhagens. Os valores das estimativas obtidas foram positivos e significativos, indicando que essa metodologia pode ser empregada com eficiência na avaliação de novas linhagens.

*avaliadas  
tanto*

Do cruzamento de um testador com  $n$  linhagens são obtidas famílias de meio-irmãos, as quais são avaliadas em experimentos com repetições. As diferenças de comportamento entre essas progênes refletem diferenças na capacidade combinatória das linhagens (Borém, 1997).

Apesar das controvérsias em relação aos tipos de testadores a serem empregados, os melhoristas são unânimes em afirmar que um bom testador é aquele que discrimina bem as linhagens testadas, com o máximo de simplicidade no uso e informação que classifique corretamente o mérito relativo das linhagens, maximizando o ganho genético (Hallauer, 1975; Hallauer, Russel e Lamkey, 1988; Castellanos, Hallauer e Cordova, 1998).

Quando um grupo de linhagens é avaliado em combinações híbridas com um testador heterogêneo, as diferenças entre "top-crosses" podem ser devidas a: 1 - diferenças entre as linhagens em avaliação; 2 - diferenças entre gametas produzidos pelo testador, isto é, erro de amostragem do testador; 3 - interação  $G \times E$  (Borém, 1997).

O mérito dos testadores de ampla base genética está na variabilidade, a qual pode representar as mais variadas possibilidades de combinações híbridas que as linhagens em avaliação poderiam apresentar. Por outro lado, testadores de base estreita apresentam como vantagens principais a menor chance de se incorrer em erro amostral de gametas e a possibilidade de utilização direta das novas linhagens na síntese de novos híbridos (Borém, 1997). O uso de híbrido simples como testador permite avaliar um grande número de linhagens e dá informações de uso mais imediato (Miranda Filho e Viégas, 1987).

Castellanos, Hallauer e Cordova (1998) compararam cinco híbridos simples, uma população sintética e uma linhagem endogâmica como testadores de um grupo de 21 linhagens. Estes autores, baseando-se nas estimativas de variância entre "top-crosses", estimativas de capacidade combinatória e correlações entre caracteres, concluíram que os híbridos simples foram mais

apropriados como testadores do que a linhagem endogâmica e a variedade sintética utilizadas. Da mesma forma, Gama et al (1993) verificaram que os híbridos simples podem ser eficientemente utilizados como testadores na identificação de linhagens superiores. Elias (1997) comparou três populações de ampla base genética como testadores de linhagens  $S_2$  e verificou ser possível diferenciar os testadores em função da capacidade combinatória e das estimativas de heterose expressas nos cruzamentos. Dentre os três materiais empregados, a população de menor média mostrou-se mais eficiente na discriminação de linhagens.

### **2.3 EFEITOS DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES**

Se for considerado um caráter como produção de grãos, o fenótipo (F) a ser obtido é função do genótipo (G), do ambiente (A) e da interação dos genótipos por ambientes (GA). Esse último componente ocorre porque o desempenho dos genótipos não é consistente nos vários ambientes, isto é, reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos às mudanças do ambiente (Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho, Santos e Zimmerman, 1993).

A variação ambiental responsável pelo comportamento não coincidente dos genótipos nos diversos ambientes é classificada por Allard e Bradshaw (1964) em dois grupos distintos: 1- Variações previsíveis: são aquelas devidas a fatores permanentes de ambiente, tais como fertilidade do solo e práticas culturais; e 2- Imprevisíveis: função das variações aleatórias relacionadas geralmente a fatores como temperatura, precipitação, pragas e doenças.

A interação genótipos x ambientes é um fenômeno amplamente disseminado entre plantas e consiste num dos principais complicadores do trabalho dos melhoristas, exigindo que o melhoramento seja conduzido nas

condições em que o genótipo será utilizado (Ramalho, Santos e Pinto, 1995). No entanto, em alguns casos ela pode ser capitalizada em favor do programa de melhoramento, desenvolvendo-se genótipos com adaptação específica para cada região.

O milho é cultivado em praticamente todo o território brasileiro, ocupando áreas desde próximo ao nível do mar até mais de 1500 m de altitude. Além do mais, pode ser produzido durante mais de uma época do ano em algumas regiões, em cultivos solteiros ou consorciados e sob variados níveis tecnológicos. Desse modo, considerando a existência de variabilidade genética, espera-se acentuada interação dos genótipos x ambientes.

A avaliação da interação genótipos x ambientes torna-se de grande importância no melhoramento, pois, no caso de sua existência, há possibilidades de o melhor genótipo em um ambiente não o ser em outro. Este fato influencia o ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptação. Pela importância dessa interação, cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e/ou seu aproveitamento (Cruz e Regazzi, 1997).

Há, na literatura, inúmeros trabalhos que comprovam a ocorrência da interação genótipos x ambientes na cultura do milho (Carvalho, Magnavaca e Leal, 1992; Alfonsi, 1996; Pacheco, Ramalho e Magnavaca, 1998; Gonçalves et al, 1999). Estes trabalhos não só quantificaram a interação, como também procuraram selecionar as cultivares e/ou famílias mais estáveis.

## **3 MATERIAL E MÉTODOS**

### **3.1 MATERIAL GENÉTICO**

Foram utilizadas 61 linhagens endogâmicas do programa de melhoramento do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA-Lavras- MG), provenientes do CIMMYT - México (Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo), em cruzamento "top-cross" com dois híbridos simples comerciais (Zeneca 8392, AG-9012) e um híbrido simples modificado (C-333 B) com bom potencial produtivo na região.

### **3.2 CARACTERIZAÇÃO DAS REGIÕES EXPERIMENTAIS**

Os híbridos "top-crosses" foram obtidos na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA no ano agrícola 98/99. Os experimentos para avaliação dos top-crosses foram conduzidos em três localidades durante o ano agrícola 99/2000:

**3.2.1 Lavras – MG:** os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, em sucessão a experimentos com a cultura do feijão, sendo o solo classificado como Latossolo Vermelho Distrófico, fase cerrado.

**3.2.2 Lambari – MG:** a condução dos experimentos foi realizada na Fazenda da Estação Experimental da EPAMIG. O solo está classificado como Latossolo Roxo, sendo os experimentos também instalados sob restos da cultura do feijão.

**3.2.3 Boa Vista – RR:** neste local os experimentos foram conduzidos na Fazenda do Centro de Pesquisa Agroflorestal de Roraima (CPAP – EMBRAPA). O solo da região de Boa Vista é classificado como Latossolo Vermelho-Escuro. Os experimentos foram conduzidos em área irrigada sob o sistema de pivô central.

As coordenadas geográficas e os dados climáticos das três localidades estão apresentados na Tabela 1.

**TABELA 1 -** Coordenadas geográficas e dados climáticos das três localidades utilizadas para a condução dos experimentos, Lavras (MG), Lambari (MG) e Boa Vista (RR).

| <b>CARACTERÍSTICA</b>          | <b>Lavras</b>         | <b>Lambari</b>        | <b>Boa Vista</b>      |
|--------------------------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|
| Latitude                       | 21 <sup>o</sup> 14' S | 21 <sup>o</sup> 58' S | 02 <sup>o</sup> 54' N |
| Longitude                      | 40 <sup>o</sup> 17' W | 45 <sup>o</sup> 22' W | 60 <sup>o</sup> 42' W |
| Altitude                       | 918,80 m              | 916 m                 | 92,0 m                |
| Clima (KOPPEN)                 | Cwb                   | Cwb                   | Aw                    |
| Precipitação média anual       | 1529,7 mm             | 1568,9 mm*            | 1033,0 mm             |
| Temp. média anual              | 19,14 °C              | 19,1 °C*              | 28,1 °C               |
| Média das temp. máximas        | 26,1 °C               | 27,1 °C*              | 33,9 °C               |
| Média das temp. mínimas        | 14,8 °C               | 13,3 °C*              | 23,9 °C               |
| Umidade relativa do ar (média) | 76,2 %                | 76,4 %*               | 67,0 %                |

\* Dados da Estação Climatológica situada na cidade de São Lourenço - MG.

### **3.3 MÉTODOS**

#### **3.3.1 Obtenção dos híbridos “top-crosses”**

Foi realizado o cruzamento entre três testadores e 61 linhagens endogâmicas, num esquema dialélico parcial, de modo que todas linhagens foram polinizadas com os diferentes testadores. Os cruzamentos foram efetuados manualmente, utilizando-se as linhagens endogâmicas como parental feminino



em área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, durante o ano agrícola 98/99.

### **3.3.2 Delineamento experimental**


Os topcrosses foram avaliados em três experimentos distintos, um para cada testador. O delineamento utilizado foi um látice 8x8, com duas repetições. Os tratamentos consistiram dos 61 topcrosses mais três testemunhas, os híbridos simples AG-9012, C333B e Z8392.

### **3.3.3 Detalhes experimentais**

Os experimentos conduzidos em Lavras e Lambari foram instalados durante a primeira quinzena do mês de outubro de 1999; em Boa Vista os experimentos foram instalados no mês de maio de 1999. A parcela constou de uma única linha de três metros de comprimento. A adubação de semeadura foi realizada de acordo com a análise de solo, e em cobertura foram aplicados 80 Kg/ha de N, aos 25 dias após a emergência das plântulas (DAE). Foi utilizado o espaçamento de 0,90 m entre as linhas, semeando-se 10 sementes por metro linear, objetivando deixar 5 plantas por metro no desbaste, o qual foi efetuado cerca de 25 DAE, coincidindo com a época da adubação nitrogenada em cobertura. Os tratos culturais realizados foram os normalmente recomendados para a cultura em cada região.

### **3.3.4 Caracteres avaliados**

Durante a condução dos experimentos, foram tomados dados relativos a diversas características; no entanto, em função do grande número de



experimentos conduzidos, neste trabalho será dada ênfase apenas ao caráter produção de espigas despalhadas (t/ha).

A produtividade de espigas despalhadas das parcelas experimentais foi transformada para t/ha, no entanto, inicialmente efetuou-se uma análise de variância para estande final de cada experimento. Nos casos em que não foram detectadas diferenças significativas, a produtividade foi corrigida pelo emprego da covariância. A análise de covariância foi realizada utilizando-se como covariável o estande final. Os dados referentes ao peso de espigas despalhadas (t/ha) foram corrigidos para a umidade padrão de 13%, utilizando-se a seguinte expressão:

$$P_{13}=[PC(1-U)/0,87]100$$

em que:

$P_{13}$ : é a produção de espigas despalhadas (t/ha) corrigida para a umidade padrão de 13%;

PC: é o peso das espigas sem a correção;

U: é a umidade dos grãos, observada no campo;

### 3.4 ANÁLISE DOS DADOS

Realizou-se a análise da variância individual para cada testador e local. Com as médias ajustadas provenientes das análises individuais, foram realizadas as análises da variância combinada para cada local, análise da variância conjunta para cada testador e análise conjunta considerando os três testadores e os três locais simultaneamente. A princípio foram realizados os testes de aditividade dos dados, normalidade dos erros e homogeneidade das variâncias. Não havendo

nenhuma restrição às pressuposições da análise da variância, estas foram realizadas de acordo com os respectivos modelos estatísticos.

A análise da variância individual para cada testador e local foi realizada de acordo com o seguinte modelo.

$$Y_{ijq} = m + t_i + r_j + b_{q(j)} + e_{ijq}$$

em que:

$Y_{ijq}$  : valor observado para o top-cross  $i$ , no bloco  $q$ , dentro da repetição  $j$ ;

$m$  : média geral do experimento;

$t_i$  : efeito aleatório do top-cross  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, 64$ );

$r_j$  : efeito da repetição  $j$  ( $j = 1, 2$ );

$b_{q(j)}$  : efeito do bloco  $q$ , dentro da repetição  $j$ , ( $q = 1, 2, \dots, 8$ );

$e_{ijq}$  : erro experimental associado à observação  $Y_{ijq}$ . NID ( $0, \sigma^2$ );

O modelo para a análise da variância combinada, dos três testadores, por local, é apresentado a seguir:

$$Y_{ijw} = m + t_i + z_w + tz_{(iw)} + r_{w(j)} + e_{ijw}$$

em que:

$Y_{ijw}$  : valor observado para o topcross  $i$ , na repetição  $j$ , dentro do testador  $w$ ;

$m$  : média geral dos experimentos;

$t_i$  : efeito aleatório do top-cross  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, 64$ );

$z_w$  : efeito do testador  $w$  ( $w = 1, 2, 3$ );

$r_{w(j)}$  : efeito da repetição  $j$ , dentro do testador  $w$ ;

$t_{z(iw)}$  : efeito da interação do tratamento  $i$  com o testador  $w$ ;

$e_{ijw}$ : erro médio. NID  $(0, \sigma^2)$ ;

As análises da variância conjunta foram realizadas de acordo com Ramalho, Ferreira e Oliveira (2000).

A análise da variância conjunta dos locais, para cada testador, foi realizada de acordo com o modelos estatístico:

$$Y_{ijk} = m + t_i + l_k + r_{k(j)} + tl_{(ik)} + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  : valor observado para o top-cross  $i$  dentro da repetição  $j$ , dentro do local  $k$ ;

$m$  : média geral dos três experimentos;

$t_i$  : efeito aleatório do top-cross  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, 64$ );

$l_k$  : efeito do local  $k$  ( $k = 1, 2, 3$ );

$r_{k(j)}$  : efeito da repetição  $j$  dentro do local  $k$ ;

$tl_{(ik)}$  : efeito da interação do top-cross  $i$  com o local  $k$ ;

$e_{ijk}$ : erro médio;

A análise da variância conjunta considerando os três testadores e os três locais simultaneamente foi realizada de acordo com o modelo:

$$Y_{ijwk} = m + t_i + r_{(k/wj)} + z_w + l_{(k)} + zl_{(wk)} + tl_{(ik)} + tz_{(iw)} + tzl_{(iwk)} + e_{ijzwk}$$

em que:

$Y_{ijwk}$  : valor observado para o top-cross  $i$  da repetição  $j$ , dentro do testador  $w$ , no local  $k$ ;

$m$  : média geral de todos os experimentos;  
 $t_i$  : efeito aleatório do top-cross  $i$ , ( $i = 1, 2, \dots, 64$ );  
 $r_{(k/wj)}$  : efeito da repetição  $j$  dentro do testador  $w$  no local  $k$ ;  
 $z_w$  : efeito do testador  $w$ , ( $w = 1, 2, 3$ );  
 $l_{(k)}$  : efeito do local  $l$ ; ( $l = 1, 2, 3$ );  
 $z_{l(wk)}$  : efeito da interação do testador  $w$  com o local  $k$ ;  
 $t_{l(ik)}$  : efeito da interação do top-cross  $i$  com o local  $k$ ;  
 $tz_{(iw)}$  : efeito da interação do top-cross  $i$  com o testador  $w$ ;  
 $tz_{l(iwk)}$  : efeito da interação do top-cross  $i$  com o testador  $w$ , dentro do local  $k$ ;  
 $e_{ijkw}$  : erro médio;

O teste de significância (F) das fontes de variação de cada experimento, individualmente (látice), foi realizado utilizando-se o quadrado médio de tratamentos (ajustado) e o quadrado médio do erro efetivo. Para a análise conjunta, o teste F foi realizado utilizando-se como resíduo a média dos erros de todos os experimentos, ponderada pelos respectivos graus de liberdade.

#### 3.4.1 Estimativa dos componentes da variância, parâmetros genéticos e fenotípicos

Como o efeito de locais e de testadores é fixo, não é possível isolar a variância genética sem a interação a partir das esperanças dos quadrados médios. Assim, para se estimar essas variâncias sem a presença das respectivas interações, elas foram estimadas pela covariância entre o desempenho médio dos top-crosses nos ambientes dois a dois.

As variâncias genéticas considerando cada testador e local foram obtidas pela covariância entre o desempenho dos 61 top-crosses nas duas repetições

experimentais. As demais estimativas foram obtidas pela covariância média entre o desempenho médio dos top-crosses em cada ambiente.

As estimativas de herdabilidade foram obtidas a partir da seguinte expressão:  $h^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_F^2$ , ou seja;  $h^2 = \hat{\sigma}_G^2 / QM_{\text{top-crosses}}$ .

em que:

$h^2$ : é a herdabilidade estimada;

$\hat{\sigma}_G^2$ : é variância genética;

$\hat{\sigma}_F^2$ : é a variância fenotípica;

Os coeficientes de variação genético ( $CV_G\%$ ) foram obtidos por:

$$CV_G\% = (\hat{\sigma}_G^2 / \bar{m}) 100$$

em que:

$\bar{m}$ : é a média populacional;

Os valores de herdabilidade realizada (%) foram obtidos pela expressão:

$$h_r = \left( \frac{ds_2 / \bar{m}_2}{ds_1 / \bar{m}_1} \right) 100;$$

em que:

$ds_1$ : é o diferencial de seleção dos top-crosses selecionados no ambiente 1;

$ds_2$ : é o diferencial de seleção dos top-crosses selecionados no local 2;

$\bar{m}_1$ : é a média geral de todos os top-crosses;

$\bar{m}_2$ : é a média dos top-crosses selecionados;

## Estimativas dos intervalos de confiança da herdabilidade

Foram obtidos o limite inferior e limite superior (intervalo de confiança) para as estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ), conforme as expressões apresentadas por Knap, Stoup e Ross (1985) (Tabela 2).

TABELA 2 - Expressões utilizadas na obtenção do intervalo de confiança das estimativas de herdabilidade.

|    |                              |  |
|----|------------------------------|--|
| LS | Limite Superior de confiança | $LS=1-[(Q_1/Q_2)F_{1-\alpha/2}(g_1;g_2)]^{-1}$ |
| LI | Limite inferior de confiança | $LI=1-[(Q_1/Q_2)F_{\alpha/2}(g_1;g_2)]^{-1}$   |

em que:

F: valor tabelado ao nível de  $1-\alpha/2$ ;

$\alpha$ : nível de significância ( no caso; 0,05)

gl1 e gl2: graus de liberdade de  $Q_1$  (tratamento)e  $Q_2$  (resíduo), respectivamente;

$Q_1$ : Quadrado médio de top-crosses

$Q_2$ : Quadrado médio do resíduo

### 3.4.2 Estimativa do ganho esperado com a seleção

O ganho esperado com a seleção foi estimado considerando-se uma intensidade de seleção de 10%, de acordo com a seguinte expressão:

$$GS=[(ds.h^2)/m]100;$$

em que:

GS: é o ganho esperado com a seleção;

ds: é o diferencial de seleção (ds= média dos selecionados menos a média geral);

$h^2$ : é a herdabilidade estimada;

m: é a média geral.

### 3.4.3 Análise dialélica

A partir das médias ajustadas dos tratamentos, realizou-se a análise dialélica conforme metodologia de Griffing (1956), adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988). Foram avaliadas “pq” combinações híbridas, sendo “p” linhagens endogâmicas (Grupo 1) e “q” testadores (Grupo 2), conforme apresentado na tabela 3. Para a realização da análise dialélica relativa a cada um dos três ambientes, adotou-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$ : valor médio da combinação híbrida entre o i-ésimo genitor do grupo 1 e o j-ésimo genitor do grupo 2;

$m$ : média geral;

$g_i$ : efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo 1;

$g_j$ : efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo 2;

$s_{ij}$ : efeito da capacidade específica de combinação entre os genitores de ordem i e j, dos grupos 1 e 2, respectivamente.

$e_{ij}$ : erro experimental médio.

TABELA 3 - Análise dialélica parcial constituindo os cruzamentos entre “p” linhagens (grupo 1) e “q” testadores (Grupo2)

| Grupo 1/Grupo 2 | T <sub>1</sub>  | T <sub>2</sub>  | T <sub>3</sub> (q) |
|-----------------|-----------------|-----------------|--------------------|
| 1               | Y <sub>11</sub> | Y <sub>21</sub> | Y <sub>1q</sub>    |
| 2               | Y <sub>21</sub> | Y <sub>22</sub> | Y <sub>2q</sub>    |
| ...             | ...             | ...             | ...                |
| 61 (p)          | Y <sub>p1</sub> | Y <sub>p2</sub> | Y <sub>pq</sub>    |



Na tabela 4 está apresentado o esquema da análise de variância do dialelo parcial ao nível de médias, envolvendo linhagens e testadores, para o estudo da capacidade combinatória, baseado somente nos cruzamentos "Top-crosses", considerando o efeito das linhagens como aleatório e efeito fixo para testadores.

TABELA 4 - Esquema de análise de variância ao nível de médias para dialelo parcial (Griffing, 1956), adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988).

| F.V.                | G.L.       | QM               | F                     |
|---------------------|------------|------------------|-----------------------|
| Trat. (Cruzamentos) | pq-1       |                  |                       |
| CGC (G1)            | p-1        | QMG <sub>1</sub> | QMG <sub>1</sub> /QMR |
| CGC (G2)            | q-1        | QMG <sub>2</sub> | QMG <sub>2</sub> /QMR |
| CEC                 | (p-1)(q-1) | QMS              | QMS/QMR               |
| Resíduo             | m          | QMR              |                       |

A análise dialélica conjunta dos três locais foi realizada de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + g_i + g_j + l_k + lg_{ik} + lg_{jk} + s_{ij} + ls_{ijk} + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  : valor médio da combinação híbrida entre o i-ésimo genitor do grupo 1 e o j-ésimo genitor do grupo 2, nos três locais;

m : média geral;

$g_i$  : efeito médio da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo 1;

$g_j$  : efeito médio da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo 2;

$l_k$  : efeito do local k; (k=1, 2,3);

$lg_{ik}$ : efeito da interação da capacidade geral de combinação do  $i$ -ésimo genitor do grupo 1 com o  $k$ -ésimo local;

$lg_{jk}$ : efeito da interação da capacidade geral de combinação do  $j$ -ésimo genitor do grupo 2 com o  $k$ -ésimo local;

$s_{ij}$ : efeito da capacidade específica de combinação entre os genitores de ordem  $i$  e  $j$ , dos grupos 1 e 2, respectivamente.

$ls_{ijk}$ : efeito da interação da capacidade específica de combinação dos genitores de  $i$  e  $j$ , dos grupos 1 e 2, respectivamente, com o local  $k$ ;

$e_{ijk}$ : erro experimental médio.

Na tabela 5 está apresentado o esquema de análise do dialelo parcial conjunta dos três locais.

TABELA 5 - Esquema de análise da variância conjunta para o dialelo parcial (Griffing, 1956), adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988).

| F.V.                           | G.L.              | QM                    | F                             |
|--------------------------------|-------------------|-----------------------|-------------------------------|
| <b>Ambientes (K)</b>           | $k-1$             | $QM_K$                | $QM_K / QM_{(C \times K)}$    |
| <b>Cruzamentos (C)</b>         | $pq-1$            | $QM_C$                | $QM_C / QM_{(C \times K)}$    |
| CGC $(G_1)$                    | $p-1$             | $QMG_1$               | $QMG_1 / QM_{(G_1 \times K)}$ |
| CGC $(G_2)$                    | $q-1$             | $QMG_2$               | $QMG_2 / QM_{(G_1 \times K)}$ |
| CEC                            | $(p-1)(q-1)$      | $QMS$                 | $QMS / QM_{(G_1 \times K)}$   |
| <b>Cruzamentos x ambientes</b> | $(pq-1)(k-1)$     | $QM_{(C \times K)}$   | $QM_{(C \times K)} / QMR$     |
| CGC $(G_1)$ x ambientes        | $(p-1)(k-1)$      | $QM_{(G_1 \times K)}$ | $QM_{(G_1 \times K)} / QMR$   |
| CGC $(G_2)$ x ambientes        | $(q-1)(k-1)$      | $QM_{(G_2 \times K)}$ | $QM_{(G_2 \times K)} / QMR$   |
| CEC x ambientes                | $(p-1)(q-1)(k-1)$ | $QM_{(S \times K)}$   | $QM_{(S \times K)} / QMR$     |
| <b>Resíduo</b>                 | $m$               | $QMR$                 |                               |

Para a realização da análise dialélica utilizou-se o Software Mapgen 3.0, desenvolvido por Ferreira (1993).

## 4 RESULTADOS

Os resumos das análises da variância por testador e local estão apresentados nas tabelas 1A, 2A e 3A. Observa-se que dentro de um mesmo local, especialmente em Lambari, a eficiência dos látices variou em função do experimento. Vale ressaltar que em Lavras, em nenhum dos experimentos o uso do látice foi vantajoso em relação ao delineamento de blocos casualizados. A maior eficiência foi observada em Lambari, quando se avaliou os top-crosses cujo testador foi o híbrido C333B.

Chama atenção nas análises por testador que a precisão experimental, avaliada pelo coeficiente de variação (CVe), foi semelhante, variando de 11,8% a 15,5%. Diferenças significativas entre os top-crosses foram detectadas em todos os casos, exceto quando se utilizou o AG-9012 como testador em Lavras e Boa Vista (Tabelas 1A, 2A e 3A).

Os resumos das análise da variância conjunta por testador estão apresentados na tabela 4A. Verifica-se que ocorreu diferença significativa ( $p < 0,01$ ) entre locais, para todos os testadores e entre top-crosses. A interação top-crosses x locais foi também significativa ( $p < 0,01$ ), exceto para os top-crosses derivados do AG-9012.

Foram realizadas também as análises combinadas dos diferentes testadores em cada local (Tabela 5A). Verifica-se que o desempenho médio dos top-crosses, em função dos testadores apresentou diferença significativa em Boa Vista e Lavras. Novamente foi detectada diferença significativa ( $p < 0,01$ ) entre os top-crosses nos três locais. Chama atenção o fato de que o contraste testemunhas vs top-crosses foi significativo ( $p < 0,01$ ) nos três locais. Já a interação top-crosses x testadores foi não significativa nos experimentos conduzidos em Boa Vista.

A análise da variância conjunta envolvendo todos os experimentos de cada local é apresentada na Tabela 6. Praticamente todas as fontes de variação foram significativas. A diferença entre os locais foi mais acentuada quando se comparou o desempenho médio do experimento de Lambari com os outros dois. Em Lambari, a produtividade média foi de 8,3 t/ha de espigas despalhadas, já em Lavras, a produtividade foi de 9,3 t/ha e, em Boa Vista, 9,9 t/ha.

TABELA 6 – Resumo da análise de variância conjunta para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos experimentos de Boa Vista (RR), Lavras (MG) e Lambari (MG).

| F.V.                           | G.L. | Soma Quadrados | Quadrado Médio      |
|--------------------------------|------|----------------|---------------------|
| Rep/Locais/Testadores          | 9    | 5,997          | 0,396 <sup>ns</sup> |
| Locais                         | 2    | 538,478        | 269,478**           |
| Tratamentos                    | 191  | 1311,828       | 6,868**             |
| Testadores                     | 2    | 217,05         | 108,525**           |
| Topcrosses                     | 60   | 532,954        | 8,883**             |
| Topcrosses x Testadores        | 120  | 294,74         | 2,456**             |
| Topcross/Testador 1            | 60   | 210,36         | 3,506**             |
| Topcross/Testador 2            | 60   | 340,46         | 5,674**             |
| Topcross/Testador 3            | 60   | 276,86         | 4,614**             |
| Entre Testemunhas              | 2    | 118,504        | 59,252**            |
| Testemunha/Testadores          | 6    | 42,78          | 7,13**              |
| Testemunha vs top-crosses      | 1    | 105,80         | 105,80**            |
| Local x Tratamento             | 382  | 1149,282       | 3,008**             |
| Local x Testadores             | 4    | 185,446        | 46,361**            |
| Local x Topcrosses             | 120  | 357,93         | 2,983**             |
| Local x Testad.x Topcrosses    | 240  | 547,448        | 2,281**             |
| Topcross x local/testador 1    | 120  | 241,92         | 2,016 <sup>ns</sup> |
| Topcross x local/testador 2    | 120  | 396,74         | 3,306**             |
| Topcross x local/testador 3    | 120  | 266,70         | 2,222*              |
| Local x Testemunha             | 4    | 34,986         | 8,746**             |
| Local x Testem./Testador       | 12   | 17,032         | 1,419 <sup>ns</sup> |
| Local x Testem. vs top-crosses | 1    | 6,440          | 6,440 <sup>ns</sup> |
| Erro médio                     | 483  | 811,44         | 1,68                |
| CVe(%)                         |      |                | 14,07               |

\*, \*\* significativo ao nível e 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Na decomposição da fonte de variação tratamentos, observaram-se diferenças entre os testadores. Isto é, o desempenho médio dos topcrosses variou de acordo com o testador. O maior desempenho médio foi obtido quando se utilizou o híbrido C333B como testador (9,6 t/ha); o menor desempenho ocorreu com o Z-8392 (8,5 t/ha), ou seja, uma diferença média de 12,9%. O contraste testemunhas vs top-crosses também foi significativo. A produtividade média das três testemunhas foi de 10,57 t/ha, enquanto o desempenho médio dos top-crosses foi de 9,2 t/ha, ou seja, as testemunhas foram cerca de 15% superiores à média dos híbridos top-crosses. A testemunha mais produtiva foi o híbrido simples C333 B (12,6 t/ha) e a menos produtiva foi o Z-8392 (9,0 t/ha), uma diferença de quase 40%.

Como a interação top-crosses x testadores foi significativa, procedeu-se o desdobramento do efeito de top-crosses dentro de cada testador. Em todos os casos foram detectadas diferenças significativas entre os top-crosses. As distribuições de frequência são apresentadas na Figura 1. Evidencia-se a existência de diferença entre os top-crosses. Veja que no caso dos testadores Z-8392 e AG-9012 as produtividades dos top-crosses variaram de 7 a 11,5 t/ha, enquanto no testador C333 B, essa variação foi de 8 a 12,5 t/ha de espigas despalhadas.

As distribuições de frequência da média dos top-crosses por testador e local são apresentadas nas figuras 2, 3 e 4. Observa-se que nos experimentos de Boa Vista, o desempenho dos top-crosses variou de 7,5 t/ha a 13 t/ha de espigas despalhadas quando o testador foi o AG-9012, nos outros dois casos a variação foi ligeiramente inferior. Veja, contudo, que para todos os testadores foram obtidos top-crosses com produtividade muito semelhante à das testemunhas, os três híbridos simples. No caso de Lavras, os resultados foram semelhantes, embora a amplitude de variação, principalmente quando se utilizou como testador o C333 B, foi maior. Nesse local, o híbrido C333 B, utilizado como

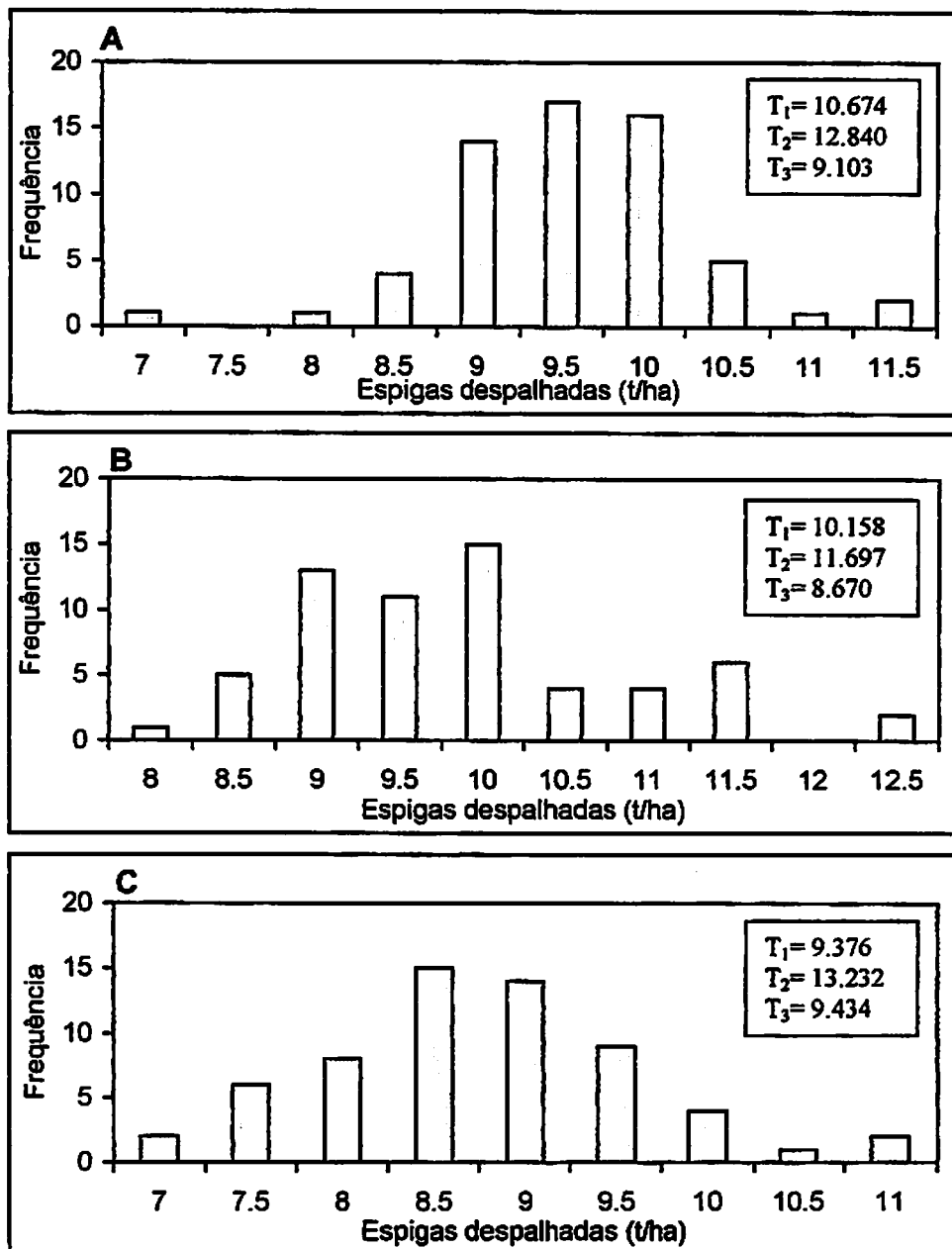


FIGURA 1 – Distribuição de frequência para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha) dos “top-crosses” na média dos três locais: A (AG-9012), B (C333 B) e C (Z-8392), e produtividade média das testemunhas (AG-9012, C333 B e Z-8392).

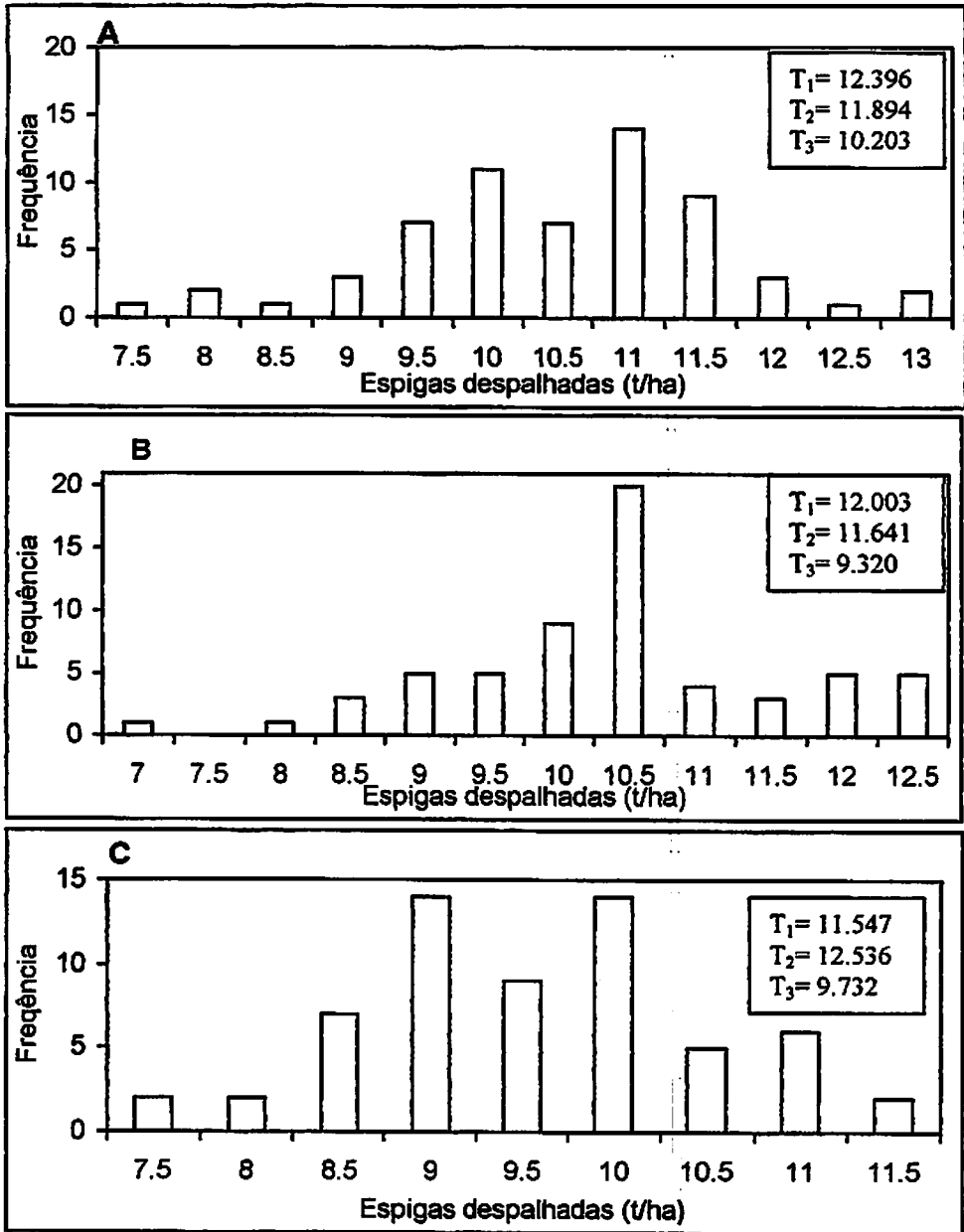


FIGURA 2 - Distribuição de frequência para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha) dos "top-crosses" de Boa Vista (RR): A (AG-9012), B (C333 B) e C (Z-8392) e produtividade média das testemunhas  $T_1$  (AG-9012),  $T_2$  (C333 B) e  $T_3$  (Z-8392).

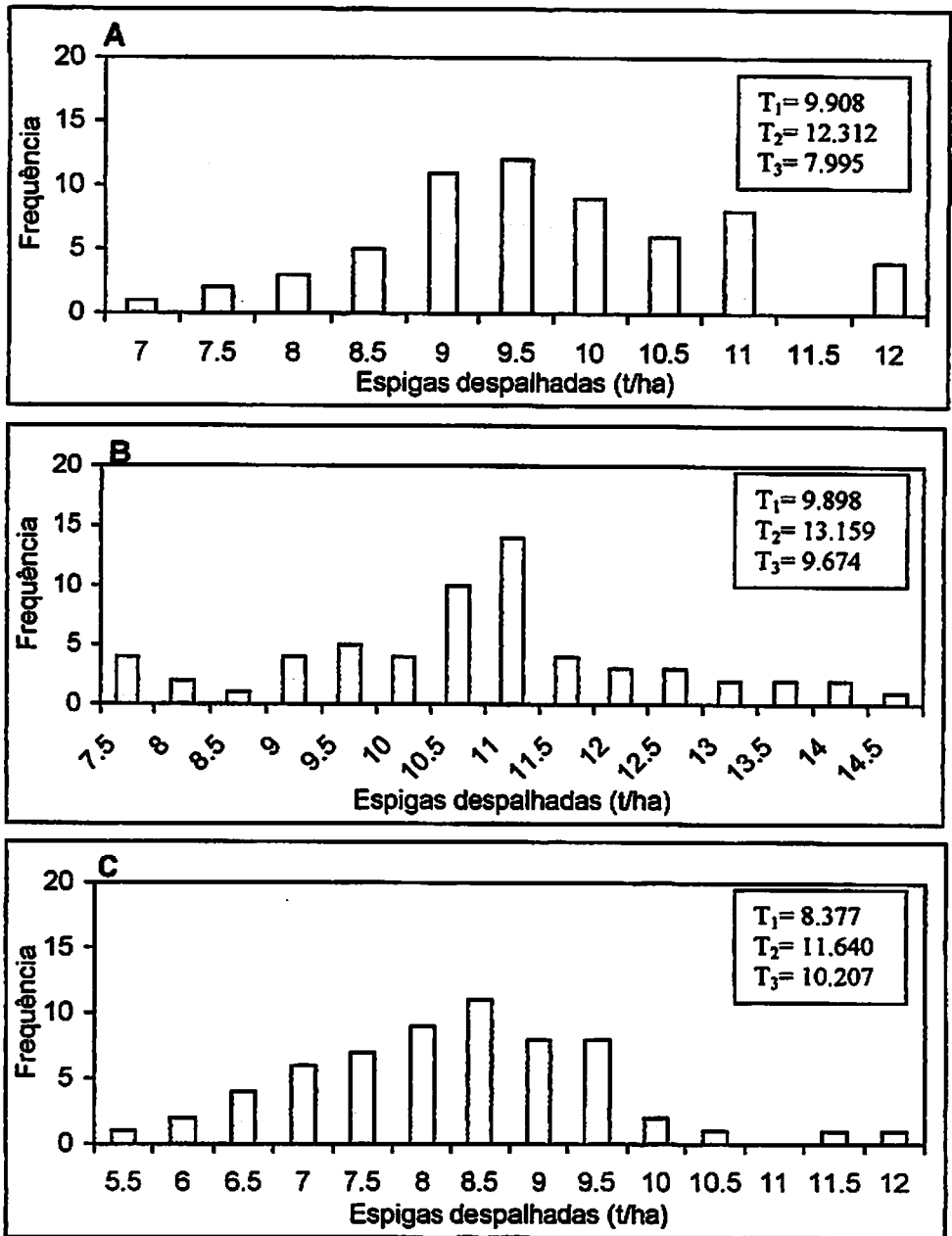


FIGURA 3 – Distribuição de frequência para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha) dos “top-crosses” de Lavras (MG): A (AG-9012), B (C333 B) e C (Z-8392) e produtividade média das testemunhas:  $T_1$  (AG-9012),  $T_2$  (C333 B) e  $T_3$  (Z-8392).



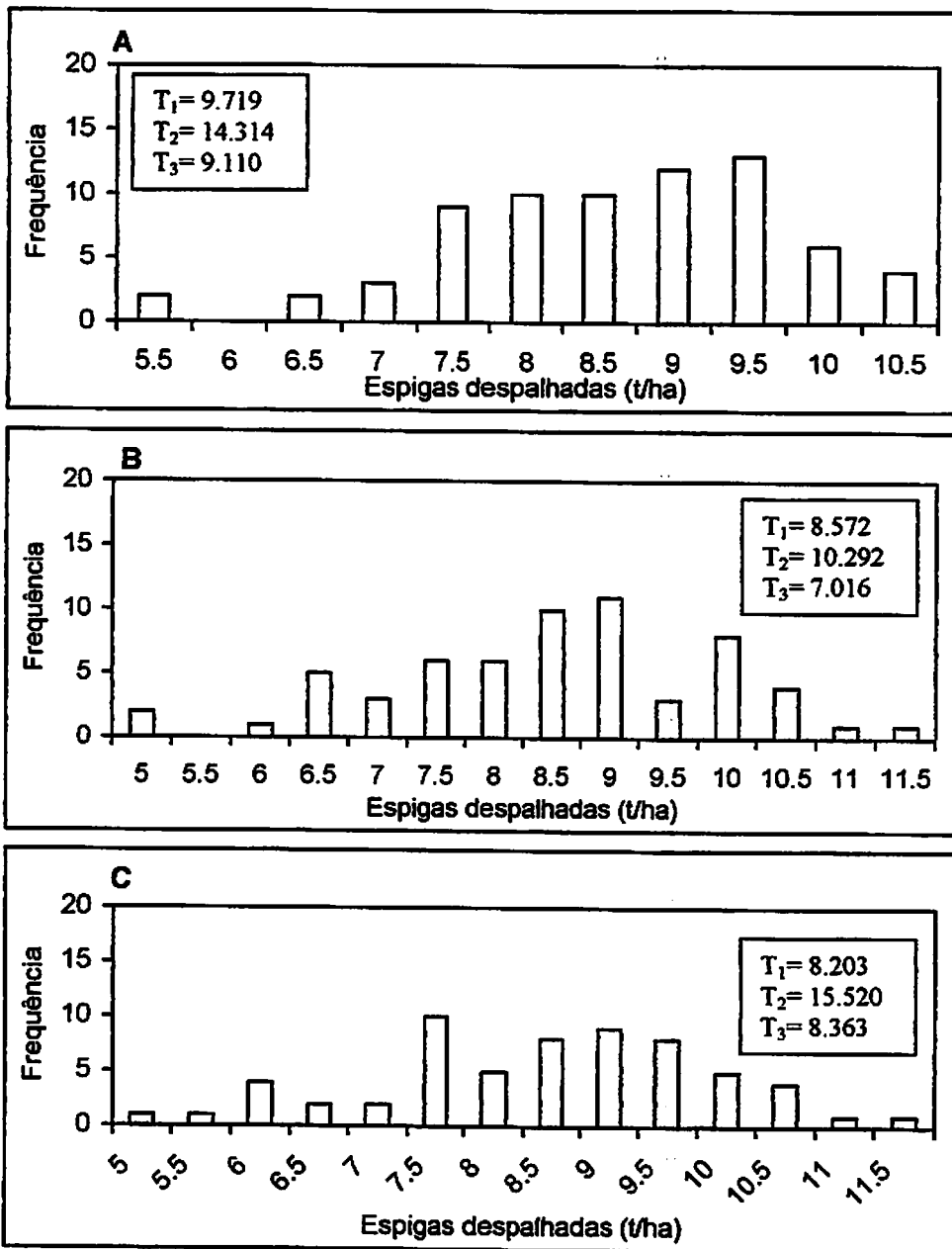


FIGURA 4 – Distribuição de frequência para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha) dos “Top-crosses” de Lambari (MG): A (AG-9012), B (C333 B) e C (Z-8392) e produtividade média das testemunhas:  $T_1$  (AG-9012),  $T_2$  (C333 B) e  $T_3$  (Z-8392).

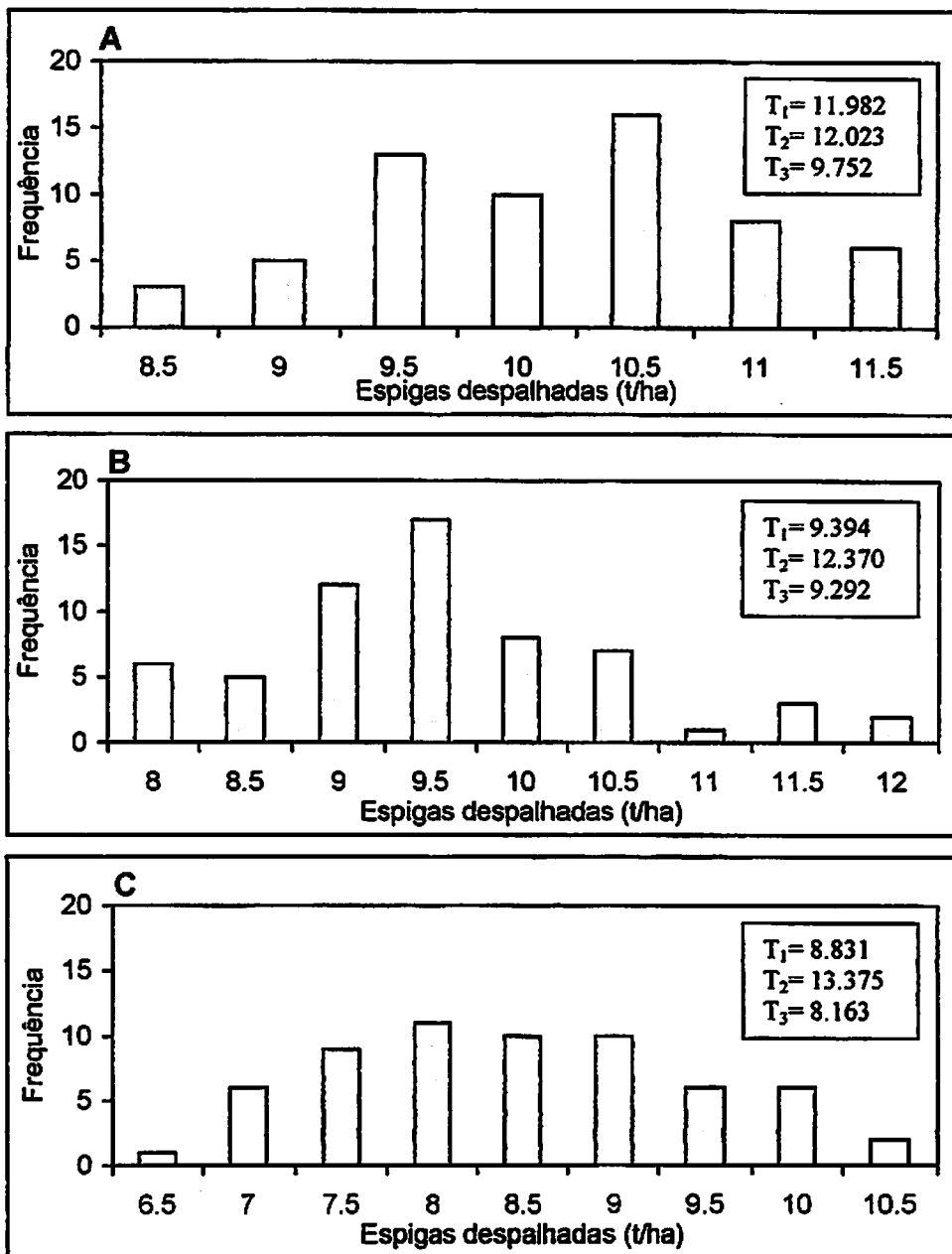


FIGURA 5 – Distribuição de frequência para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha) dos “Top-crosses” na média dos três testadores: A (Boa Vista-RR), B (Lavras-MG) e C (Lambari-MG), e produtividade média das testemunhas: T<sub>1</sub> (AG-9012), T<sub>2</sub> (C333 B) e T<sub>3</sub> (Z-8392).

testemunha obteve, as maiores médias; contudo, em todos os casos alguns top-crosses apresentaram produtividade média semelhante à do híbrido simples C333 B. Em Lambari, embora o desempenho médio tenha sido menor, como já salientado, os resultados também foram semelhantes. Contudo, nesse local, especialmente nos experimentos cujo testador foi o AG-9012 e Z-8392, nenhum top-cross apresentou desempenho comparável ao da testemunha C333 B.

Quando se avaliam top-crosses, as estimativas dos componentes da variância referem-se ao germoplasma sob teste, haja vista que o testador é constante. No presente caso, referem-se às linhagens utilizadas. As estimativas de variância genética ( $\sigma^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e do coeficiente de variação genético ( $CV_G$ ) estão apresentados na Tabela 7. Observa-se que considerando todos os testadores e locais simultaneamente, a herdabilidade foi 66,4%, indicando a existência de variabilidade genética entre as linhagens, como já realçado nas análise de variância e distribuição de frequência. Veja também que os limites dessa estimativa (LI=46,9% e LS=78,8%) possibilitam inferir que o valor de  $h^2$  é diferente de zero e dão segurança a respeito da possibilidade de sucesso com a seleção.

O bom testador é aquele que discrimina corretamente as linhagens sob avaliação. Constatou-se, considerando o desempenho médio dos testadores nos três locais, que as estimativas de variância genética ( $\sigma^2$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ) foram semelhantes. Veja que a  $h^2$  variou de 41,0% a 51,0%; porém, em todos os casos os valores estão contidos dentro do intervalo de confiança das estimativas obtidas, possibilitando inferir que elas não diferem. Depreende-se, então, que na média dos três locais, os testadores apresentaram a mesma eficiência.

TABELA 7 – Estimativas da variância genética ( $\sigma^2_G$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e coeficientes de variação genético ( $CV_G\%$ ) relativos à avaliação das 61 linhagens em cruzamento com três testadores.

| Efeito                                     | Var. Genét.<br>Linhagens          | herdabilidade |                    |           | CV <sub>G</sub><br>(%) | Média<br>(t/ha) |
|--|-----------------------------------|---------------|--------------------|-----------|------------------------|-----------------|
|  |                                   | LI<br>(%)     | h <sup>2</sup> (%) | LS<br>(%) |                        |                 |
| Linhagens independ.<br>Testador e do local | $\hat{\sigma}^2_{P_0} = 0,3278$   | 46,91         | 66,42              | 78,05     | 4,34                   | 9,209           |
| Linhagens independ.<br>do Testador/Local 1 | $\hat{\sigma}^2_{P_1} = 0,3008$   | 22,59         | 50,20              | 68,00     | 3,07                   | 9,903           |
| Linhagens independ.<br>do Testador/Local 2 | $\hat{\sigma}^2_{P_2} = 0,4648$   | 22,06         | 49,86              | 67,78     | 4,99                   | 9,303           |
| Linhagens independ.<br>do Testador/Local 3 | $\hat{\sigma}^2_{P_3} = 0,518$    | 30,15         | 54,91              | 71,12     | 6,23                   | 8,310           |
| Linhagens independ.<br>do Local/Testador 1 | $\hat{\sigma}^2_{L_1} = 0,250$    | 9,08          | 42,80              | 62,42     | 2,69                   | 9,302           |
| Linhagens independ.<br>do Local/Testador 2 | $\hat{\sigma}^2_{L_2} = 0,388$    | 7,81          | 41,05              | 61,89     | 4,04                   | 9,611           |
| Linhagens independ.<br>do Local/Testador 3 | $\hat{\sigma}^2_{L_3} = 0,392$    | 23,79         | 50,98              | 68,49     | 4,61                   | 8,513           |
| Linhagens dentro<br>Testador 1 local 1     | $\hat{\sigma}^2_{P_{11}} = 0,237$ | -17,49        | 30,98              | 60,05     | 2,30                   | 10,31           |
| Linhagens dentro<br>Testador 1 local 2     | $\hat{\sigma}^2_{P_{12}} = 0,901$ | -30,17        | 23,53              | 55,74     | 9,52                   | 9,468           |
| Linhagens dentro<br>Testador 1 local 3     | $\hat{\sigma}^2_{P_{13}} = 0,972$ | -1,69         | 38,98              | 63,39     | 11,64                  | 8,349           |
| Linhagens dentro<br>Testador 2 local 1     | $\hat{\sigma}^2_{P_{21}} = 0,378$ | 0,67          | 40,41              | 64,24     | 3,72                   | 10,187          |
| Linhagens dentro<br>Testador 2 local 2     | $\hat{\sigma}^2_{P_{22}} = 2,300$ | 7,27          | 44,37              | 66,62     | 22,03                  | 10,442          |
| Linhagens dentro<br>Testador 2 local 3     | $\hat{\sigma}^2_{P_{23}} = 0,858$ | 10,06         | 46,04              | 67,63     | 10,36                  | 8,284           |
| Linhagens dentro<br>Testador 3 local 1     | $\hat{\sigma}^2_{P_{31}} = 0,314$ | -8,89         | 36,03              | 62,97     | 3,34                   | 9,402           |
| Linhagens dentro<br>Testador 3 local 2     | $\hat{\sigma}^2_{P_{32}} = 1,161$ | 0,57          | 41,60              | 66,20     | 14,25                  | 8,146           |
| Linhagens dentro<br>Testador 3 local 3     | $\hat{\sigma}^2_{P_{33}} = 1,933$ | 24,44         | 55,62              | 74,31     | 23,30                  | 8,295           |

Testadores: 1 (AG9012), 2 (C333 b), 3 (Z-8392); Locais: 1 (Boa Vista), 2 (Lavras), 3 (Lambari).

Quando se observam as estimativas dos parâmetros genéticos por testador e local, a variação foi mais acentuada que as comentadas anteriormente, realçando a ocorrência de interação, como já foi salientado. A estimativa de herdabilidade variou de 23,53% do testador AG-9012 em Lavras a 55,62% do testador Z-8392 em Lambari. Em alguns casos, o limite inferior da estimativa foi até negativo, indicando uma possível não ocorrência de variação genética entre as linhagens naquela condição de avaliação. Esse resultado realça a importância dos top-crosses serem avaliados em mais de um local.

O reflexo da ocorrência da interação top-cross x locais x testadores ficou também evidenciado quando se obtiveram as estimativas de herdabilidade realizadas que foram inferiores as estimativas para cada local e testador (Tabela 8). Contudo, ao contrário do esperado em alguns casos, a herdabilidade realizada foi bem superior à estimativa de  $h^2$ . Veja, por exemplo, o caso envolvendo os testadores 1 e 2 em Lambari a herdabilidade realizada foi de 84,6%, ao passo que para o testador 2, no mesmo local, a  $h^2$  foi de 58,5%. Ressalta-se, entretanto, que exceto nos casos dos testadores 2 e 3, no local 1, cuja  $h^2$  realizada foi até negativa, na maioria dos demais casos os valores obtidos possibilitam inferir que a seleção efetuada em um local com um determinado testador possibilitaria resposta correlacionada com a seleção em outro local.

TABELA 8 - Valores de herdabilidade realizada com a seleção variando testadores 2 a 2 no mesmo local e para o mesmo testador em locais diferentes.

| Local     | Testador | Locais       |              |              |              |              |              |              |              |              |
|-----------|----------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
|           |          | Boa Vista    |              |              | Lavras       |              |              | Lambari      |              |              |
|           |          | 1            | 2            | 3            | 1            | 2            | 3            | 1            | 2            | 3            |
| Boa Vista | 1        | <u>30,98</u> | 19,86        | 50,27        | 26,69        | 45,84        | 13,52        | 12,48        | 7,71         | 61,20        |
|           | 2        |              | <u>40,41</u> | -2,39        | 10,44        | 46,76        | 7,42         | 12,73        | 24,17        | 17,79        |
|           | 3        |              |              | <u>36,03</u> | 16,63        | 36,38        | 26,89        | 15,25        | 49,34        | 50,12        |
| Lavras    | 1        |              |              |              | <u>23,53</u> | 75,75        | 59,63        | 35,86        | 61,38        | 77,61        |
|           | 2        |              |              |              |              | <u>44,37</u> | 58,88        | 48,35        | 52,83        | 23,66        |
|           | 3        |              |              |              |              |              | <u>41,60</u> | 5,74         | 35,49        | 64,07        |
| Lambari   | 1        |              |              |              |              |              |              | <u>38,98</u> | 84,63        | 35,14        |
|           | 2        |              |              |              |              |              |              |              | <u>41,60</u> | 63,52        |
|           | 3        |              |              |              |              |              |              |              |              | <u>55,62</u> |

\* Valores sublinhados referem-se a estimativa de  $h^2$  do testador em cada local. Testadores: 1 (AG-9012), 2 (C333 B) e 3 (Z-8392).

Considerando que os três testadores foram simultaneamente cruzados com as 61 linhagens, tem-se um dialelo parcial. Os resumos das análises da variância do dialelo para cada local são apresentadas na tabela 6A. Veja que tanto para os testadores quanto para as linhagens houve diferenças na capacidade geral de combinação (CGC), exceto para os testadores em Lambari. Já a capacidade específica de combinação não apresentou diferenças apenas em Boa Vista.

A contribuição proporcional das linhagens e dos testadores no desempenho médio dos híbridos top-crosses variou em função do ambiente (Tabela 6A). Em Lavras, por exemplo, a participação dos testadores (CGC 2) foi praticamente igual à contribuição das linhagens, ao passo que em Boa Vista e Lambari a CGC dos testadores foi consideravelmente inferior às linhagens. Nota-se, ainda, que em Lavras, cerca de 2/3 do desempenho médio dos top-crosses foram devidos aos efeitos aditivos dos genes, ao passo que nos outros

dois locais a contribuição relativa dos efeitos aditivos e dos efeitos não aditivos foi semelhante.

O resumo da análise dialética parcial conjunta é apresentado na Tabela 9. Verifica-se a existência de diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) para todas as fontes de variação. A existência de diferenças significativas entre ambientes indica que o desempenho médio dos top-crosses variou de acordo com o ambiente, como já havia sido relatado anteriormente. Já as interações de capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação x ambientes indicam que o comportamento dos testadores e das linhagens não foi coincidente nos diferentes ambientes, como já havia sido salientado anteriormente.

A significância para Capacidade Geral de Combinação indica que os genitores diferem quanto à capacidade de produzirem descendência superior, enquanto, se houver significância para Capacidade Específica de Combinação, os cruzamentos são heterogêneos, ou seja, o comportamento não corresponde ao esperado de acordo com a Capacidade Geral de Combinação. Além disso, a significância da Capacidade Específica de Combinação dá idéia de complementariedade entre os genitores, em relação à frequência de alelos favoráveis para os locos em que há dominância ou algum tipo de epistasia.

TABELA 9 – Resumo da análise dialéctica conjunta para o carácter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos experimentos de Boa Vista, Lavras e Lambari.

| F.V.                    | G.L. | Quadrados Médios |
|-------------------------|------|------------------|
| Ambientes               | 2    | 266,281**        |
| Cruzamentos             | 182  | 5,838**          |
| CGC 1                   | 60   | 8,882**          |
| CGC 2                   | 2    | 117,466**        |
| CEC                     | 120  | 2,576**          |
| Cruzamentos x Ambientes | 364  | 2,970**          |
| CGC 1 x Ambientes       | 120  | 2,982**          |
| CGC 2 x Ambientes       | 4    | 44,014**         |
| CEC x Ambientes         | 240  | 2,280**          |
| Resíduo                 | 511  | 1,678            |
| R <sup>2</sup> CGC 1    |      | 0,5015           |
| R <sup>2</sup> CGC 2    |      | 0,2211           |
| R <sup>2</sup> CGC 1+2  |      | 0,7227           |
| R <sup>2</sup> CEC      |      | 0,2774           |

\*, \*\* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Vale salientar a contribuição da soma de quadrados da capacidade geral de combinação dos testadores, das linhagens e da capacidade específica de combinação para explicar a variação total. Inicialmente observa-se que 72,3% da variação são explicados pela capacidade geral de combinação de ambos os grupos de genitores. Veja também que a contribuição da capacidade geral de combinação das linhagens foi 2,27 vezes a explicada pelos testadores, evidenciando que a variabilidade genética entre as linhagens é mais expressiva do que entre os híbridos simples utilizados como testadores.

Esse último fato é comprovado observando-se a amplitude de variação nas estimativas da capacidade geral de combinação das linhagens, média dos três locais, em relação à dos testadores. No caso das linhagens, a capacidade geral de combinação média variou de -1,2697 a 1,8297, enquanto para testadores, a variação foi -0,6293 (Z-8392) a 0,4693 (C333 B) (Tabela 11).



Na média dos três locais, o C333 B foi o melhor testador, com a maior estimativa de capacidade geral de combinação, e o pior testador foi o Z-8392. Já entre as linhagens, os destaques positivos foram as linhagens 61, 59, 51, 49 e 58, e as de pior performance foram 35, 43, 16, 39 e 26.

Considerando que a interação capacidade geral de combinação x locais foi significativa, é importante verificar o que ocorreu em termos da classificação das linhagens e dos testadores. Observa-se, nas tabelas 10 e 11, que em Boa Vista o melhor testador foi o híbrido simples AG-9012; embora a diferença na estimativa da Capacidade Geral de Combinação em relação ao C333 B tenha sido de pequena magnitude. Nos outros dois locais, o híbrido simples C333 B foi o que apresentou as maiores estimativas de capacidade geral de combinação. A classificação das linhagens, com relação às estimativas da capacidade geral de combinação, nos três locais, foi variável; contudo, algumas linhagens se destacaram nos três ambientes, as de número 51, 59 e 61, por exemplo. No extremo oposto, os destaques foram as linhagens 35 e 39.

TABELA 10 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação ( $g_i$  e  $g_j$ ) associados aos grupos 1 e 2 de acordo com metodologia de Griffing (1956), adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988).

| <b>EFEITO DA C.G.C. ASSOCIADO AO GRUPO 1</b> |        |          |         |                       |         |          |         |
|--|--------|----------|---------|-----------------------|---------|----------|---------|
| <b>Boa Vista</b>                             |        |          |         | <b>Lavras</b>         |         |          |         |
| linhagem                                     | efeito | linhagem | efeito  | linhagem              | efeito  | linhagem | efeito  |
| 48   | 1,4513 | 60       | -0,0134 | 59                    | 2,4129  | 12       | -0,1161 |
| 61   | 1,3743 | 24       | -0,0157 | 61                    | 2,222   | 37       | -0,1448 |
| 51   | 1,3729 | 32       | -0,0324 | 60                    | 2,0742  | 35       | -0,2131 |
| 55   | 1,3149 | 10       | -0,0507 | 49                    | 1,9876  | 19       | -0,2228 |
| 59   | 1,2993 | 5        | -0,2131 | 58                    | 1,7722  | 25       | -0,2291 |
| 47   | 1,1149 | 21       | -0,2241 | 51                    | 1,4369  | 7        | -0,2321 |
| 2  | 1,096  | 18       | -0,2844 | 8                     | 1,0912  | 52       | -0,2421 |
| 22   | 0,8513 | 45       | -0,3311 | 9                     | 1,0862  | 46       | -0,3054 |
| 57   | 0,8223 | 38       | -0,4017 | 28                    | 1,0549  | 42       | -0,3238 |
| 13   | 0,7869 | 23       | -0,4041 | 10                    | 1,0149  | 40       | -0,3314 |
| 49   | 0,6883 | 17       | -0,4357 | 50                    | 0,9702  | 44       | -0,3321 |
| 6  | 0,6046 | 42       | -0,4574 | 48                    | 0,7929  | 31       | -0,4924 |
| 52   | 0,6023 | 15       | -0,5394 | 55                    | 0,7246  | 36       | -0,5228 |
| 11   | 0,6003 | 53       | -0,5591 | 17                    | 0,6179  | 32       | -0,5854 |
| 58   | 0,5996 | 54       | -0,5754 | 13                    | 0,4962  | 2        | -0,6538 |
| 46   | 0,5373 | 3        | -0,6034 | 23                    | 0,3606  | 45       | -0,6974 |
| 27   | 0,5086 | 34       | -0,6224 | 14                    | 0,3472  | 38       | -0,7181 |
| 31   | 0,4466 | 7        | -0,7611 | 54                    | 0,3309  | 24       | -0,7348 |
| 4  | 0,4079 | 37       | -0,8254 | 34                    | 0,3099  | 56       | -0,7934 |
| 19   | 0,4073 | 43       | -0,8387 | 11                    | 0,2809  | 53       | -0,9078 |
| 56   | 0,3996 | 14       | -0,8481 | 4                     | 0,2262  | 29       | -0,9248 |
| 1  | 0,3989 | 9        | -0,8964 | 1                     | 0,1642  | 57       | -1,1544 |
| 50   | 0,3383 | 25       | -0,9444 | 18                    | 0,1559  | 16       | -1,2114 |
| 28   | 0,3253 | 8        | -0,9731 | 33                    | 0,1459  | 39       | -1,2488 |
| 29   | 0,3049 | 44       | -1,1141 | 41                    | 0,1172  | 15       | -1,3211 |
| 20   | 0,2953 | 39       | -1,1174 | 47                    | 0,0972  | 22       | -1,3331 |
| 40   | 0,1966 | 33       | -1,2011 | 26                    | 0,0809  | 27       | -1,3854 |
| 30   | 0,1926 | 35       | -1,4297 | 5                     | 0,0516  | 43       | -1,5178 |
| 41   | 0,1563 | 16       | -1,4574 | 3                     | -0,0291 | 20       | -1,6631 |
| 36   | 0,1339 | 26       | -1,4977 | 21                    | -0,0348 | 30       | -1,7484 |
| 12   | 0,0493 |          |         | 6                     | -0,0524 |          |         |
| <b>EFEITO DA C.G.C. ASSOCIADO AO GRUPO 2</b> |        |          |         |                       |         |          |         |
| AG-9012                                      |        | 0,3485   |         | AG-9012               |         | 0,1355   |         |
| C333b  |        | 0,2442   |         | C333b                 |         | 1,1164   |         |
| Z-8392                                       |        | -0,5927  |         | Z-8392                |         | -1,2520  |         |
| ERRO PADRÃO ( $G_j$ )                        |        | 0,2498   |         | ERRO PADRÃO ( $G_j$ ) |         | 0,321    |         |
| ERRO PADRÃO ( $G_j$ )                        |        | 0,017    |         | ERRO PADRÃO ( $G_j$ ) |         | 0,021    |         |

TABELA 11 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação ( $g_i$  e  $g_j$ ) associados aos grupos 1 e 2 de acordo com metodologia de Griffing (1956), adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988).

| EFEITO DA C.G.C. ASSOCIADO AO GRUPO 1 |         |          |         |          |         |          |         |
|---------------------------------------|---------|----------|---------|----------|---------|----------|---------|
| Lambari                               |         |          |         | Conjunta |         |          |         |
| linhagem                              | efeito  | linhagem | efeito  | linhagem | efeito  | linhagem | efeito  |
| 47                                    | 2,1103  | 14       | -0,1047 | 61       | 1,8297  | 25       | -0,1814 |
| 61                                    | 1,8927  | 41       | -0,1363 | 59       | 1,7504  | 14       | -0,2018 |
| 59                                    | 1,5390  | 13       | -0,2093 | 51       | 1,4128  | 36       | -0,2165 |
| 58                                    | 1,4410  | 8        | -0,2423 | 49       | 1,3652  | 33       | -0,2251 |
| 51                                    | 1,4287  | 36       | -0,2607 | 58       | 1,2696  | 32       | -0,2288 |
| 49                                    | 1,4197  | 12       | -0,2687 | 48       | 1,1802  | 7        | -0,2375 |
| 48                                    | 1,2963  | 16       | -0,4633 | 47       | 1,1075  | 18       | -0,2517 |
| 52                                    | 1,2897  | 45       | -0,5007 | 60       | 0,9387  | 27       | -0,2694 |
| 21                                    | 1,1533  | 44       | -0,5297 | 50       | 0,8011  | 20       | -0,3011 |
| 11                                    | 1,1237  | 1        | -0,5490 | 55       | 0,6789  | 2        | -0,3603 |
| 50                                    | 1,0947  | 18       | -0,6267 | 11       | 0,6683  | 34       | -0,3614 |
| 54                                    | 1,0927  | 3        | -0,6343 | 52       | 0,5499  | 15       | -0,3749 |
| 9                                     | 0,8403  | 38       | -0,6513 | 10       | 0,5135  | 22       | -0,3966 |
| 17                                    | 0,7867  | 22       | -0,7080 | 28       | 0,4586  | 57       | -0,4063 |
| 37                                    | 0,7713  | 6        | -0,7263 | 13       | 0,3579  | 19       | -0,4102 |
| 60                                    | 0,7553  | 39       | -0,7337 | 9        | 0,3434  | 3        | -0,4223 |
| 15                                    | 0,7357  | 53       | -0,7373 | 17       | 0,3229  | 45       | -0,5097 |
| 25                                    | 0,6293  | 34       | -0,7717 | 21       | 0,2982  | 24       | -0,5328 |
| 10                                    | 0,5763  | 24       | -0,8480 | 54       | 0,2827  | 40       | -0,5526 |
| 56                                    | 0,5460  | 43       | -0,8603 | 46       | 0,2518  | 38       | -0,5904 |
| 46                                    | 0,5237  | 57       | -0,8867 | 56       | 0,0507  | 44       | -0,6586 |
| 20                                    | 0,4647  | 30       | -0,9537 | 41       | 0,0457  | 29       | -0,6782 |
| 33                                    | 0,3800  | 4        | -1,1110 | 31       | 0,0215  | 42       | -0,6897 |
| 7                                     | 0,2807  | 42       | -1,2880 | 1        | 0,0047  | 53       | -0,7347 |
| 31                                    | 0,1103  | 29       | -1,4147 | 23       | -0,0128 | 30       | -0,8365 |
| 5                                     | 0,0803  | 19       | -1,4150 | 5        | -0,0271 | 26       | -0,9799 |
| 27                                    | 0,0687  | 2        | -1,5177 | 8        | -0,0414 | 39       | -1,0333 |
| 23                                    | 0,0050  | 26       | -1,5230 | 6        | -0,0581 | 16       | -1,0441 |
| 55                                    | -0,0027 | 40       | -1,5230 | 37       | -0,0663 | 43       | -1,0723 |
| 28                                    | -0,0043 | 35       | -2,1663 | 12       | -0,1118 | 35       | -1,2697 |
| 32                                    | -0,0687 |          |         | 4        | -0,1589 |          |         |

| EFEITO DA C.G.C. ASSOCIADO AO GRUPO 2 |  |         |                       |         |
|---------------------------------------|--|---------|-----------------------|---------|
| AG-9012                               |  | -0,0041 | AG-9012               | 0,1600  |
| C333b                                 |  | 0,0474  | C333b                 | 0,4693  |
| Z-8392                                |  | -0,0432 | Z-8392                | -0,6293 |
| ERRO PADRÃO ( $G_i$ )                 |  | 0,254   | ERRO PADRÃO ( $G_i$ ) | 0,275   |
| ERRO PADRÃO ( $G_j$ )                 |  | 0,017   | ERRO PADRÃO ( $G_j$ ) | 0,018   |

## 5 DISCUSSÃO

A estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos confiáveis é fundamental para o sucesso dos programas de melhoramento. A confiabilidade dessas estimativas depende da precisão com que os experimentos são conduzidos. Entre os fatores que afetam a precisão experimental, a escolha do delineamento apropriado é um dos mais importantes. Nesse trabalho, optou-se pelo emprego do delineamento em látice. Constatou-se que embora em apenas um dos 9 experimentos, a eficiência do látice em relação ao blocos casualizados tenha sido superior a 10%. A escolha desse delineamento foi correta, pois é um seguro para possíveis ocorrências de heterogeneidade dentro das repetições (Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2000).

A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação pode ser considerada média (14,07%). Scapin, Carvalho e Cruz (1995), a partir de levantamento dos coeficientes de variação (CVe) observados em 66 teses e dissertações com a cultura do milho, cujos experimentos foram conduzidos no estado de Minas Gerais, chegaram à conclusão de que, para o peso de espigas, podem ser considerados experimentos de precisão média aqueles cujo coeficiente de variação esteja entre 8 e 20%.

Os locais em que os experimentos foram conduzidos diferem amplamente nas condições ambientais (Tabela 1). Boa Vista, por exemplo, está localizada na região norte do Brasil, próximo à linha do Equador, com apenas 92 m de altitude. Em consequência, as temperaturas médias são cerca de 10 °C acima das médias dos demais locais; porém, a precipitação média anual é menor. Um outro fato expressivo é que nesse local a cultura do milho é semeada nos meses de maio a junho, ao passo que em Lavras e Lambari a semeadura é feita de outubro a dezembro.

Embora Boa Vista não esteja localizada dentro das regiões tradicionais de cultivo com a cultura do milho, o desempenho médio dos top-crosses nesse ambiente foi superior à média dos demais locais (Tabela 7). Essa superioridade foi mais expressiva em relação aos experimentos de Lambari, atingindo 19%. É preciso salientar que, provavelmente, a razão dessa superioridade seja atribuída ao fato de que, em Boa Vista, os experimentos tenham sido conduzidos em uma área de pivô central e foram efetuadas irrigações para suprir períodos com deficiência hídrica.

Os testadores utilizados são três híbridos simples, recomendados para a região Sudeste pelo seu elevado potencial produtivo. Esse fato foi confirmado nesse trabalho, pois a menor produtividade média desses híbridos, utilizados como testemunha, foi a do Z-8392, sendo porém superior a 8,0 t/ha de espigas despalhadas (Figura 5).

A existência de diferenças entre os híbridos contribuiu para que se detectasse a existência de interação significativa ( $p < 0,01$ ) top-crosses x testadores. Essa interação também mostra que os testadores diferem quanto à capacidade de discriminar as linhagens. A existência de diferenças significativas entre testadores na avaliação de linhagens e/ou famílias endogâmicas é frequentemente relatada na literatura (Castellanos, Hallauer e Cordova, 1998; Elias, 1997; Aguilar, 1990).

Não há consenso na literatura com relação aos critérios na escolha de um bom testador. Em princípio, o melhor testador é aquele que discrimina corretamente as linhagens sob avaliação. Como medida de discriminação de linhagens, pode-se utilizar as estimativas de variância genética entre os top-crosses. Verificou-se que essas diferiram amplamente entre os testadores e os locais de avaliação (Tabela 7). Contudo, as comparações dessas estimativas ficam prejudicadas pelos erros que são associados e pela interferência da produtividade do experimento na magnitude dessas estimativas. Nessa situação,

a estimativa da herdabilidade ( $h^2$ ) é mais apropriada, pois é comparável em qualquer situação. Se forem consideradas as estimativas de herdabilidade das linhagens por testador na média dos três locais, a variação é pequena, e todas estão dentro do limite de confiança da estimativa. A partir desse resultado poderia-se inferir que os três testadores foram igualmente eficientes em discriminar as linhagens.

Contudo, quando se consideram as estimativas por testador e locais, a variação foi mais expressiva, conforme era previsto em função da interação significativa top-crosses x locais x testadores (Tabela 6). Observa-se que no caso do testador AG-9012, o limite inferior dessa estimativa foi negativo nos três locais, o que possibilita inferir ineficiência desse testador na discriminação das linhagens. Do mesmo modo, para o Z-8392 o limite inferior da estimativa de herdabilidade em Boa Vista foi negativo e, em Lavras, muito próximo de zero. Considerando o comportamento coincidente nos três locais, o híbrido simples C333 B foi o que melhor discriminou as linhagens, embora o Z-8392, em Lambari, apresentasse uma estimativa de herdabilidade superior (Tabela 7). Estes resultados corroboram as estimativas de capacidade geral de combinação na discriminação dos testadores. Em trabalho comparando testadores, Elias (1997) também utilizou a estimativa de herdabilidade para identificar os melhores testadores quanto à capacidade de discriminação. Verificou também que as diferenças nas estimativas da herdabilidade foram pequenas.

A estimativa de herdabilidade também auxilia na avaliação da possibilidade de sucesso com a seleção das linhagens. Na média dos 9 experimentos, a herdabilidade foi de 66,4%. A comparação de estimativas de herdabilidade com estimativas obtidas em outros trabalhos é dificultada sobretudo pela diferença no número e tipo de famílias avaliadas. Em trabalho realizado em Lavras utilizando três testadores, Elias (1997) obteve valores ligeiramente inferiores aos relatados nesse trabalho (53,5%). Inúmeras

estimativas de herdabilidade são encontradas na literatura, porém envolvendo a avaliação de famílias "per se". No caso da avaliação de famílias de meios irmãos, também em Lavras, Aguiar (1986), Pacheco (1987) e Arriel, Pacheco e Ramalho (1993) obtiveram estimativas de herdabilidade variando entre 8% e 31%. Já em levantamento realizado por Lamkey e Hallauer (1987), a partir de experimentos conduzidos nos Estados Unidos, constatou-se herdabilidade média de 68% quando se utilizaram famílias de irmãos germanos, 58,5% para meios irmãos e 78,5 com  $S_1$  ou  $S_2$ .

Uma outra alternativa metodológica na identificação de testadores é por meio da análise dialélica. Esse procedimento foi utilizado por Castellanos, Hallauer e Cordova (1998) com a mesma finalidade. No presente trabalho, como as linhagens foram cruzadas com os híbridos simples, tem-se um dialelo parcial, em que as linhagens pertencem ao grupo 1 e os híbridos simples ao grupo 2 (Geraldi e Miranda Filho, 1988). Constatou-se que as linhagens diferiram na capacidade geral de combinação, o mesmo ocorrendo com os testadores (Tabela 9). Esses resultados evidenciam que há diferença tanto entre as linhagens quanto entre os híbridos.

Embora a capacidade específica de combinação também tenha sido significativa, 72% da variação entre os top-crosses foram explicados pela capacidade geral de combinação, indicando que apesar de ocorrer dominância, houve predominância dos efeitos aditivos dos genes. A existência de efeitos aditivos no controle da produtividade de grãos de milho é frequentemente relatada (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

A maior estimativa de capacidade geral de combinação entre os testadores foi observada para o híbridos simples C3333 B. É preciso enfatizar que a interação capacidade geral de combinação x ambientes foi significativa; porém, de um modo geral, o C333 B destacou-se nos três locais (Tabelas 10 e 11).

Em qualquer híbrido simples são esperados três categorias de locos, aqueles cujos alelos favoráveis estão em homozigose – portanto fixados com frequência do alelo favorável  $p=1$ ; os locos cujos alelos desfavoráveis estão fixados – frequência do alelo favorável  $p=0$  e o locos em heterozigose, frequência alélica  $p=1/2$ . Assim, quando se utiliza um híbrido simples, pode-se inferir sobre a contribuição de cada um desses tipos de locos, para o testador a partir da expressão da capacidade de combinação apresentada por Vencovsky (1987); isto é,  $CC = (p_1-p) [\alpha + (1-2t)\delta]$ . Veja que nos locos em que a frequência alélica do testador é  $1/2$  ( $t=1/2$ ), apenas os efeitos aditivos é que explicam a capacidade combinatória e, na realidade, está sendo medida a diferença entre a frequência alélica das linhagens e a frequência alélica da população.

Como houve predominância dos efeitos aditivos na análise dialélica, pode-se inferir que grande parte dos locos dos testadores devem estar em heterozigose. A depressão por endogamia é normalmente relatada para os híbridos simples utilizados no Brasil, conforme esses resultados (Lima, 1999; Souza Sobrinho, Ramalho e Souza, 1998). Em princípio, pode-se inferir que o híbrido simples C333 B, que apresentou o maior valor de capacidade geral de combinação, é provavelmente o que possui maior número de locos em heterozigose.

Nesse contexto, é interessante também comentar que o desempenho de um híbrido depende da contribuição dos locos em homozigose e dos locos em heterozigose, ou seja, a média do híbrido simples ( $H\bar{S}$ ) é fornecida pela expressão:  $H\bar{S} = m + a + d$  (VencovsKy, 1987), em que  $m+a$  corresponde ao desempenho médio das linhas “per se” e  $d$  aos efeitos de dominância dos genes. Assim, é importante proceder a avaliação do desempenho das linhagens “per se”. Essa avaliação é dificultada pelo baixo vigor das linhagens, o que reduz a precisão experimental e inviabiliza qualquer inferência. Se fosse possível



identificar um híbrido simples com todos os locos em heterozigose, esse seria o testador ideal para avaliar o desempenho das linhagens "per se".

Nos locos do híbrido simples em que a frequência alélica é 1 ou 0, os efeitos de dominância participam da capacidade de combinação. Como a capacidade específica de combinação foi significativa no cruzamento dialélico, isto implica, como era esperado, que os híbridos simples envolvidos possuem não só locos em heterozigose. Quando a frequência alélica do testador é  $t=1$ , observe que essa é uma condição desfavorável do testador, pois os efeitos de dominância contribuem para reduzir a estimativa da capacidade combinatória das linhagens, reduzindo a discriminação. Quando a frequência alélica do testador é 0, ocorre o oposto, o que é uma condição altamente favorável na discriminação das linhagens. Infelizmente, em função dos resultados já apresentados, não é possível fazer inferência precisa sobre o tipo de loco predominante em cada testador.

Embora as interações testadores x top-crosses e locais x topcrosses tenham sido significativas (Tabela 6), constatou-se que a herdabilidade realizada na maioria dos casos foi expressiva, chegando inclusive, em alguns casos, a ser superior à herdabilidade estimada para o próprio ambiente (Tabela 8). Em princípio isto indica que, mesmo ocorrendo interação, algumas linhagens sobressairam independente do testador e do local de avaliação. Entre elas estão as linhagens de número 61, 59, 51, 49 e 58. O mesmo fato foi constatado no extremo oposto, isto é, algumas linhagens apresentaram baixo desempenho nas diferentes condições, como as de número 35, 43, 16, 39 e 26.

Foi estimado o diferencial de seleção para cada local e testador, considerando as 6 melhores linhagens de cada "ambiente" (Tabela 12). Também foi estimado o diferencial de seleção que seria obtido considerando as 6 melhores linhagens, na média dos três locais e três testadores. Verifica-se que em nenhuma das condições os dois diferenciais de seleção coincidiram,

indicando que em nenhuma situação houve concordância nas seis melhores linhagens, o que era esperado considerando a presença de interação. Veja, contudo, que em nenhuma situação o valor do ds considerando as 6 melhores linhagens na média dos ambientes seria inferior a 54,8%, o que evidencia que embora os locais sejam bem contrastantes e os testadores diferentes em potencial produtivo, a seleção na média propiciaria ganhos expressivos em todas as condições. O progresso esperado com a seleção das 6 melhores linhagens em todas as condições seria de 10,34% da média geral  $\{((ds \cdot h^2)/m) \cdot 100 = ((1,434 \cdot 0,6642)/9,209) \cdot 100\}$ , o que é um ganho expressivo.

**TABELA 12 – Diferencial de seleção (ds) das seis melhores linhagens em cada local e testador, diferencial de seleção das seis melhores linhagens na média geral dos ambientes (ds<sub>1</sub>) e porcentagem do diferencial de seleção das seis melhores linhagens na média geral em relação ao diferencial de seleção para cada testador e local.**

| Local     | Testador | ds    | (ds <sub>1</sub> ) | ds <sub>1</sub> /ds (%) |
|-----------|----------|-------|--------------------|-------------------------|
| Boa Vista | AG-9012  | 1,766 | 1,248              | 70,67                   |
|           | C-333 B  | 2,087 | 1,143              | 54,77                   |
|           | Z-8392   | 1,686 | 0,998              | 59,19                   |
| Lavras    | AG-9012  | 2,043 | 1,255              | 61,43                   |
|           | C-333 B  | 3,134 | 2,079              | 66,34                   |
|           | Z-8392   | 2,263 | 1,978              | 87,41                   |
| Lambari   | AG-9012  | 1,813 | 1,072              | 59,13                   |
|           | C-333 B  | 2,14  | 1,699              | 79,39                   |
|           | Z-8392   | 2,191 | 1,738              | 79,32                   |

Quando se cruza uma linhagem com um híbrido simples, tem-se um híbrido triplo. Assim, na presente situação têm-se 183 híbridos triplos, sendo possível identificar aqueles que são mais promissores. A produtividade média dos híbridos triplos variou de 7,0 t/ha de espigas despalhadas a 12,5 t/ha (Figura 1). Os seis híbridos triplos mais produtivos foram todos derivados do cruzamento das linhagens com o testador C333 B. As melhores linhagens em

top-cross com o C333 B foram as de número 61 (12,40 t/ha), 59 (12,05 t/ha), 50 (11,18 t/ha), 4 (11,17 t/ha), 49 (11,13 t/ha) e 60 (11,12 t/ha). Chama atenção, ainda, o fato de que desses seis híbridos triplos mais produtivos, em três deles as linhagens parentais estão entre as cinco melhores quanto à capacidade geral de combinação.

De um modo geral, o testador ideal depende dos objetivos e características dos programas de melhoramento (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Contudo, nesse trabalho, embora as diferenças não fossem expressivas, sobretudo na discriminação das melhores linhagens, o melhor testador foi o híbrido simples C333 B.

## 6 CONCLUSÕES

- 1 – É possível, a partir do desempenho dos híbridos top-crosses, inferir a respeito do desempenho “per se” das linhagens, uma vez que houve predominância dos efeitos aditivos sobre os efeitos de dominância dos genes.
- 2 – Baseado nas estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ), Capacidade Geral de Combinação e no desempenho médio dos híbridos top-crosses, o testador C333 B, o de maior média, mostrou-se mais eficiente na discriminação das linhagens.
- 3 - As linhagens 61, 59, 51, 49 e 58 são as mais promissoras considerando o desempenho médio de todos os ambientes, embora a interação top-crosses x locais e top-crosses x testadores tenha sido significativa.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, P.A. Avaliação de progênies de meios irmão da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente. Lavras: ESAL, 1986. 68p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- AGUILAR, J.F.M. Avaliação do potencial genético de linhagens endogâmicas e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ, 1984. 118p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- AGUILAR, J.F.M. Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ, 1990. 166p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ALFONSI, R.R. Épocas de semeadura para a cultura do milho (*Zea mays* L.) no Estado de São Paulo, baseada na probabilidade do atendimento hídrico em fases fenológicas críticas. Piracicaba: ESALQ, 1996. 141p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ALLARD, R.W. Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotypes-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, Madison, v.4, n.5, p.503-508, Sept/Oct. 1964.
- ARRIEL, E.F.; PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P. Avaliação de famílias de meios irmãos da população de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília. v.28, n.7, 1993.
- BAENZIGER, P.S.; PETERSON, E.J. Genetic variation: Its origin and use for breeding self pollinated species. In: STALKER, H.T.; MULTRIPHY, J.P. *Plant breeding in the 1990's*. North Caroline State University, 1991. p.69-100.
- BAKTASH, F.Y.; UOUNIS, M.A.; AL-YOUNIS, A.H.; AL-ITHAWI, S.A. Correlations coefficients between top-crosses and diallel crosses in corn (*Zea mays* L.). *Mesopotamia Journal of Agriculture*, Mosul, v.15, p.51-58, 1981.

- BERNARDO, R.** Correlation between tests cross performance of lines at early and last selfing generation. *Theoretical Applied Genetics*, Berlin, v. 82, n.2 p.17-21, May 1991.
- BORÉM, A.** **Melhoramento de plantas.** Viçosa: UFV, 1997. 547p.
- CARDWELL, V.B.** Fifty years of minnesota corn production: Sources of yield increase. *Agronomy Journal*, Madison, v. 74, n.6, p.984-990, Nov./Dez. 1982.
- CARVALHO, H.W.L. de; MAGNAVACA, R.; LEAL, M.L.S.** Estabilidade da produção de cultivares de milho no Estado de Sergipe. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.27, n.7, p.1073-1082, jul. 1992.
- CASTELLANOS, A.R.; HALLAUER, A.R.; CORDOVA, H.S.** Relative performance of testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.). *Maydica*, Ames, v.43, p.217-226, 1998.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.** **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: 2. ed. UFV, 1997. 390 p.
- DAVIS, R.L.** **Report of the plant breeder.** Puerto Rico: Puerto Rico Agricultural Experiment Station, 1927, p.14-15. (Annual Report).
- ELIAS, H.T.** **Comparação de testadores na avaliação de famílias S<sub>2</sub> de milho (*Zea mays* L.).** Lavras: UFLA, 1997. 61p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- FEHR, W.R.** **Principles of cultivars development.** New York: Mcmillian, 1987. 761p.
- FERREIRA, D. F.** **Mapgen**, 1993. (Não publicado).
- GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; PARENTONI, S.N.; PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, P.E.O.; OLIVEIRA, A.C.** Evaluation of maize (*Zea mays* L.) top crosses for their potential use in a breeding program. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.28, n.4. p.481-487, abr. 1993.
- GARDNER, C.P.; EBERHART, S.A.** Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, Raleigh, v.22, pt. 3, p.439-452, Sept. 1966.

- GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. de. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallelcrosses. **Revista Brasileira de Genética**, Brasília, v.11, n.2, p.419-430, June 1988.
- GONÇALVES, F.M.A.; CARVALHO, S.P.; RAMALHO, M.A.P.; CORRÊA, L.A. Importância das interações cultivares x locais e cultivares x anos na avaliação de milho na safrinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n.17. p.1175-1181, 1999.
- GREEN, J.M. Relative value of two testers for estimating top-cross performance in segregating maize progenies. **Agronomy Journal**, Madison, v. 40, p.45-57, 1948.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal Biological Science**, Camberra, v.9, p.463-493, 1956.
- HALLAUER, A.R. Development of single-cross hybrids from two-eared maize populations. **Crop Science**, Madison, v.7, n. 3, p.192-195, May/June 1967.
- HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbreds. **Maydica**, Ames, v.35, p.1-16, 1990.
- HALLAUER, A.R. Relation of gene action type of tester in maize breeding procedures. **Procedure Corn and Sorghum Research Conference**, v.30, p.150-165, 1975.
- HALLAUER, A.R. Maize. In: FEHR, W.R.(ed.) **Principles of cultivars development**. New York: Mcmillian, 1987. 761p.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University, 1988. 468p.
- HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W.(ed.) **Corn and corn improvment**. New York: ASA/CSSA/SSSA, 1988. p.463-563.
- IDE, F. **Avaliação da capacidade de combinação de progênies S<sub>2</sub> e S<sub>3</sub> de milho (*Zea mays* L.) obtidas do composto ESALQ VD-2**. Piracicaba: ESALQ, 1983. 66p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. *Heredity*, Essex, v. 36, n.2, p.253-266, 1976.
- JONES, D.F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. *Bulletin. Connecticut Agricultural Experiment Station*. New Haven, p.5-100, 1918.
- KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R.N. The partial diallel cross. *Biometrics*, Raleigh, v.17, p.229-250, 1961.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. *Crop Science*, Madison, v.25, n.1, p.192-944, Jan./Fev. 1985.
- KRUG, C.A.; VIÉGAS, G.P.; PAOLIÉRI, L. Híbridos comerciais de milho. *Bragantia*, Campinas, v.3, p.367-552, 1943.
- LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. *Maydica*, Ames, v.32, p.61-78, 1987.
- LIMA, M.W.P. Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens. Lavras: UFLA, 1999. 49p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MARTINS, C.S. Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba: ESAL/USP, 1986. 143p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho Híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. *Melhoramento e produção do milho*. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.277-340.
- ORDÁS, A. Heterosis in crosses between american and spanish populations of maize. *Crop Science*, Madison, v. 31, n.4, p. 931-935, July/Aug. 1991.
- PACHECO, C. A. P. Avaliação de progênis de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente - 2º ciclo de seleção. Lavras:ESAL, 1987. 109p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)



- PACHECO, C. A. P.; RAMALHO, M. A. P.; MAGNAVACA, R. Interação genótipos x ambientes na avaliação de progênies de meio-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.4. p.433-439, abr. 1998.
- PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento do milho. In: BULL, L. T.; CANTARELLA, H. **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: POTAFÓS, 1993. p.23-42.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BOREM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p.429-486.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.217-274.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras:UFLA, 2000. 303p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 4. ed. São Paulo: Globo, 1995. 359 p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética Quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. p. 137-169.
- RICKEY, F.D. Corn breeding gamete selection, the Oenothera method and relative miscellany. **Agronomy Journal**, Madison. v.39, p.403-411, 1947.
- RUSSEL, W.A. **Melhoramento de populações de milho como fonte de linhagens**. Campinas: Fundação Cargill, 1975. 53p.
- SCAPIN, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. v. 30, n.5, p.683-686, maio 1995.
- SINGLETON, W.R.; NELSON, O. E. The improvment of naturally cross pollinated plants by selection in self-fertilied lines. IV. Combining ability of sucessive generations of inbred sweet corn. **Bulletin: Connecticut Agricultural Experiemnt Station**, New Haven, v.490, p.458-498. 1945.
- SMITH, O.S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, Madison, v. 26, n.3, p.540-543, May/June 1986.

- SOUZA SOBRINHO, F.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, J.C. Heterose de alguns híbridos em uso na região sudeste. In: **CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO**. 22, 1998, Recife. **Resumo exp...** Recife: ABMS/IAPA/EMBRAPA MS, 1998.
- SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General and specific combining ability in single crosses of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v.34, p.923-932, 1942.
- VASAL, S.K.; SRINIVASAN, G.; HAN, G.C.; GONZALES, F.C. Heterotic patterns of eighty-eighty white subtropical CIMMYT maize lines. **Maydica**, Ames, v. 37, p.319-327, 1992.
- VENKOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137-214.
- VENKOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.
- WRICKE, G.; WEBER, E. Hybrid Varieties. In: WRICKE, G.; WEBER, E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Berlin, 1986. p.257-279.
- ZANONI, U.; DUDLEY, J.W. Comparison of different methods of identifying inbreds useful for improvement elite maize hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 29, n.3, p.577-582, May/June 1989.

## ANEXOS

| <b>Tabela</b> |   | <b>Página</b> |
|---------------|---|---------------|
| 1A            | Resumo das análises de variância para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três experimentos de Boa Vista (RR)                                   | 58            |
| 2A            | Resumo das análises de variância para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três experimentos de Lavras.  | 59            |
| 3A            | Resumo das análises de variância para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três experimentos de Lambari.   | 60            |
| 4A            | Resumo das análises de variância conjunta para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três topcrosses incluindo as testemunhas.                    | 61            |
| 5A            | Resumo das análises de variância combinada para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos experimentos de Boa Vista (RR), Lavras (MG) e Lambari (MG). | 62            |
| 6A            | Resumo das análises dialélicas para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos experimentos de Boa Vista (RR), Lavras (MG) e Lambari (MG).             | 63            |

Tabela 1A - Resumo das análises de variância para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três experimentos de Boa Vista (RR).

| F.V.              | G.L. | Quadrados Médios    |        |        |
|-------------------|------|---------------------|--------|--------|
|                   |      | AG-9012             | C333b  | Z-8392 |
| Top-crosses       | 63   | 2.619 <sup>ns</sup> | 2.923* | 2.137* |
| Resíduo           | †    | 1.708               | 1.709  | 1.237  |
| CVe (%)           |      | 12.68               | 12.83  | 11.83  |
| Eficiência Látice |      | 102.87              | 101.78 | < 100  |

\*, \*\* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

† 49 para AG-9012 e Z-8392 e 63 para o topcross C333b.

Tabela 2A - Resumo das análises de variância para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três experimentos de Lavras.

| F.V.              | G.L. | Quadrados Médios    |         |         |
|-------------------|------|---------------------|---------|---------|
|                   |      | AG-9012             | C333b   | Z-8392  |
| Top-crosses       | 63   | 2.825 <sup>ns</sup> | 5.384** | 3.508** |
| Resíduo           | 63   | 1.979               | 2.610   | 1.284   |
| CVe (%)           |      | 14.86               | 15.47   | 13.91   |
| Eficiência Látice |      | < 100               | < 100   | < 100   |

\*, \*\* significativo ao nível e 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 3A - Resumo das análises de variância para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três experimentos de Lambari. UFLA, Lavras - MG, maio de 2000.

| F.V.              | G.L. | Quadrados Médios |         |         |
|-------------------|------|------------------|---------|---------|
|                   |      | AG-9012          | C333b   | Z-8392  |
| Top-crosses       | 63   | 3.535**          | 4.039** | 5.687** |
| Resíduo           | †    | 1.520            | 1.557   | 1.588   |
| CVe (%)           |      | 14.76            | 15.06   | 15.19   |
| Eficiência Látice |      | < 100            | 130.92  | 103.73  |

\*, \*\* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

† 63 para AG-9012 e 49 para Z-8392 e C333b.

Tabela 4A – Resumo das análises de variância conjunta para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos três top-crosses incluindo as testemunhas.

| F.V.            | GL  | Quadrados Médios    |          |         |
|-----------------|-----|---------------------|----------|---------|
|                 |     | AG-9012             | C 333b   | Z-8392  |
| Locais (L)      | 2   | 123.93**            | 177.93** | 60.34** |
| Top-crosses (T) | 63  | 4.68**              | 5.93**   | 6.604** |
| (T x L)         | 126 | 2.148 <sup>ns</sup> | 3.209**  | 2.36**  |
| Resíduo         | †   | 1.738               | 2.015    | 1.352   |
| CVe (%)         |     | 14.06               | 14.72    | 13.49   |

\*, \*\* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

† 175 graus de liberdade para AG-9012 e Z-8392 e 161 para C333b.

Tabela 5A – Resumo das análises de variância combinada para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos experimentos de Boa Vista (RR), Lavras (MG) e Lambari (MG). UFLA, Lavras - MG, maio de 2000.

| F.V.                   | G.L. | Quadrados Médios    |                     |                    |
|------------------------|------|---------------------|---------------------|--------------------|
|                        |      | Boa Vista           | Lavras              | Lambari            |
| Testadores             | 2    | 31.03**             | 170.07**            | 0.15 <sup>ns</sup> |
| Entre Tratamentos      | 63   | 4.241**             | 6.209**             | 7.908**            |
| Entre Topcross         | 60   | 3.595**             | 5.593**             | 5.659**            |
| Entre Testemunhas      | 2    | 10.140**            | 18.34**             | 48.26**            |
| Testem. vs Topcross    | 1    | 31.223**            | 18.894**            | 62.123**           |
| Topcross x Testadores  | 120  | 1.760 <sup>ns</sup> | 2.757*              | 2.500**            |
| Entre Topcross/Test. 1 | 60   | 1.609               | 2.826*              | 3.535**            |
| Entre Topcross/Test. 2 | 60   | 1.843               | 5.384**             | 4.038**            |
| Entre Topcross/Test. 3 | 60   | 1.041               | 3.508**             | 5.687**            |
| Testemunhas x Ensaio   | 4    | 0.395 <sup>ns</sup> | 1.985 <sup>ns</sup> | 4.11**             |
| Erro Médio             | †    | 1.524               | 1.957               | 1.552              |

\*, \*\* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

† 161 graus de liberdade para Boa Vista e Lambari e 189 em Lavras.



Tabela 6A – Resumo das análises dialélicas para o caráter produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos experimentos de Boa Vista (RR), Lavras (MG) e Lambari (MG). UFLA, Lavras – MG, maio de 2000.

| F.V.                   | GL  | Quadrados Médios    |           |                     |
|------------------------|-----|---------------------|-----------|---------------------|
|                        |     | Boa Vista           | Lavras    | Lambari             |
| Cruzamentos            | 182 | 2.7028**            | 5.560**   | 3.516**             |
| CGC 1                  | 60  | 3.5954**            | 5.592**   | 5.658**             |
| CGC 2                  | 2   | 32.4788**           | 172.766** | 0.252 <sup>ns</sup> |
| CEC                    | 120 | 1.760 <sup>ns</sup> | 2.758*    | 2.500**             |
| Resíduo                | 161 | 1.524               | 1.958     | 1.552               |
| R <sup>2</sup> CGC 1   |     | 0.4385              | 0.3316    | 0.5305              |
| R <sup>2</sup> CGC 2   |     | 0.1320              | 0.3415    | 0.0008              |
| R <sup>2</sup> CGC 1+2 |     | 0.5706              | 0.6731    | 0.5313              |
| R <sup>2</sup> CEC     |     | 0.4294              | 0.3270    | 0.4688              |

\*, \*\* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.