

**ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO E DA  
CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO EM  
HÍBRIDOS DE MILHO**

**JUAREZ CAMPOLINA MACHADO**

**2007**

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

Machado, Juarez Campolina

Estabilidade de produção e da capacidade de combinação em híbridos de milho / Juarez Campolina Machado. – Lavras : UFLA, 2007.

68 p. : il.

Orientador: João Cândido de Souza.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Milho. 2. Produção. 3. Capacidade de combinação. 4. Híbrido. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.1523

**JUAREZ CAMPOLINA MACHADO**

**ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO E DA CAPACIDADE DE  
COMBINAÇÃO EM HÍBRIDOS DE MILHO**

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 a obtenção do título de "Mestre".

Orientador

Prof. Dr. João Cândido de Souza

LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL

2007

**JUAREZ CAMPOLINA MACHADO**

**ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO E DA CAPACIDADE DE  
COMBINAÇÃO EM HÍBRIDOS DE MILHO**

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 a obtenção do título de "Mestre".

APROVADA em 26 de fevereiro de 2007.

Dr. Antônio Carlos de Oliveira

EMBRAPA/CNPMS

Dr. Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães

EMBRAPA/CNPMS

Prof. Dr. João Cândido de Souza

UFLA

(Orientador)

LAVRAS

MINAS GERAIS – BRASIL

*A todos que me incitam na busca pelo conhecimento*

**DEDICO**

*“Jamais se poderá expressar em frias  
letras a ternura de um filho ao  
compreender os sacrifícios de seus pais.”*

(Raumsol)

## AGRADECIMENTOS

A Deus.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade concedida.

Ao CNPq, pelo auxílio financeiro e pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus pais, Quélvia e Machado, pelo apoio constante, em todos os momentos de minha vida.

Ao meu avô Machado, pelo carinho.

Ao professor, amigo e orientador João Cândido, pela prazerosa convivência, ensinamentos transmitidos e confiança em todos os momentos da pós-graduação.

Ao professor Magno, pela dedicada co-orientação, estímulo, exemplo profissional e pelo incansável esforço em transmitir seus conhecimentos.

Ao professor Daniel Furtado Ferreira, pelas valiosas sugestões e pela disponibilidade nas etapas finais da realização deste trabalho.

À pesquisadora Ângela de Fátima Barbosa Abreu (“tia” Ângela), pela prazerosa convivência ao longo do curso.

Ao professor Moacil, pela orientação durante a graduação e pelo incentivo profissional.

Aos membros da banca, pela disponibilidade e valiosas sugestões apresentadas para a melhoria do presente trabalho.

Ao amigo Lauro, pelas sugestões na redação.

Aos colegas do “milho” e “feijão”, pela colaboração nos trabalhos e amigável convivência.

Aos demais colegas do GEN, pela possibilidade de aprendermos juntos, em especial aos amigos Alex, Aisy, Matheus, Vanessa, Bruzi, Ricardo, Dheyne,

Aninha, Marcus, Admilson, César, Marciane, Mônica, Cris, Diego, Márcio, Flávio, Wila, Helton, Marcelo, Livia, Francine, Josi e Fabrício.

A querida amiga Flavinha, pelo carinho, incentivo, exemplo e pelos valiosos conselhos ao longo da pós-graduação.

Aos grandes amigos “irmãos”, José Ângelo e José Luís, pela amizade cultivada, confiança e prazerosa convivência.

Aos professores César, João Bosco, Elaine, Flávia Avelar, Samuel e Renzo, pelos ensinamentos.

Aos funcionários de campo, Leo e Lindolfo, pelo auxílio na condução dos experimentos e pelo companheirismo.

Aos funcionários do DBI, Zélia, Rafaela e Irondina, pela convivência amigável.

À grande companheira Elaine, pela amizade e ajuda em todos os momentos.

Aos produtores rurais, pela disponibilidade em fornecer as áreas para condução dos experimentos, em especial aos Srs. Adelino, Fausto, Pedro Milanez e Bráulio.

Enfim, a todos aqueles que, direta ou indiretamente, estiveram envolvidos na realização deste trabalho, meu MUITO OBRIGADO!!!

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO .....	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO .....	3
2.1 Heterose no melhoramento do milho.....	3
2.2 Análise dialélica .....	7
2.3 Interação genótipos x ambientes.....	13
2.4 Estatísticas não-paramétricas .....	17
3 MATERIAL E MÉTODOS .....	19
3.1 Material genético.....	19
3.2 Condução dos experimentos.....	20
3.3 Análise estatística dos dados .....	23
3.3.1 Adaptabilidade e estabilidade.....	23
3.3.2 Análise dialélica .....	25
3.3.3 Estabilidade dos efeitos da capacidade de combinação .....	27
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	29
4.1 Adaptabilidade e estabilidade de híbridos simples e duplos de milho.....	29
4.2 Análise dialélica de híbridos comerciais de milho .....	36
4.3 Estabilidade dos efeitos da capacidade de combinação .....	40
5 CONCLUSÕES.....	43
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	44
ANEXOS .....	53



## RESUMO

MACHADO, Juarez Campolina. **Estabilidade de produção e da capacidade de combinação em híbridos de milho**. 2007. 68 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, MG.\*

O presente trabalho foi conduzido com os objetivos de estudar a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples e duplos de milho, estimar os efeitos da capacidade geral e específica de combinação, e avaliar a estabilidade das estimativas desses parâmetros. Foram avaliados 55 tratamentos, sendo dez híbridos simples comerciais (DKB 199, 30F90, A2555, DKB 333B, DOW 657, AG 8060, 30F87, DOW 8420, 30K75, AG 7000) utilizados como parentais e 45 híbridos duplos resultantes de um dialelo completo. As sementes dos híbridos duplos foram obtidas na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (DBI/UFLA). Os experimentos foram conduzidos em 15 ambientes, no ano agrícola de 2005/06, em propriedades de agricultores e estações experimentais. Os tratos culturais foram os normalmente utilizados pelos agricultores para a cultura do milho. Os tratamentos foram avaliados utilizando-se o delineamento de blocos casualizados. O caráter avaliado foi a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha), corrigida para 13% de umidade. Para o estudo da adaptabilidade e da estabilidade dos híbridos, adotou-se a estatística não-paramétrica. Obteve-se a contribuição de cada híbrido para a interação genótipos x ambientes e o desvio em relação ao desempenho máximo em cada ambiente. Procedeu-se à análise dialélica conjunta envolvendo todos os ambientes e realizou-se o estudo da estabilidade dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação. Adotando-se a estatística não-paramétrica obteve-se também a contribuição de cada efeito para a interação genótipos x ambientes. Os híbridos duplos foram, em média, mais estáveis, contudo, identificaram-se híbridos simples tão estáveis quanto os duplos, como, por exemplo, o AG 8060. Os efeitos não aditivos foram mais importantes que os efeitos aditivos para a variação dos híbridos. Os genitores com as maiores estimativas do efeito da CGC foram AG 8060 e 30F90. O genitor AG 8060 associa alta estimativa do efeito da CGC à estabilidade desse parâmetro.

---

\*Comitê de orientação: João Cândido de Souza – UFLA (Orientador); Magno Antonio Patto Ramalho – UFLA (Co-orientador)

## ABSTRACT

MACHADO, Juarez Campolina. **Yield and combining ability stabilities in maize hybrids**. 2007. 68 p. Dissertation (Master's degree in Genetics and Plant Breeding) – Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, Brazil.\*

The objectives of the present work were to study the adaptability and stability of single and double-cross maize hybrids, estimate the effects of general and specific combining abilities and to evaluate the stability of the estimates of these parameters. The commercial single-cross hybrids DKB 199, 30F90, A2555, DKB 333B, DOW 657, AG 8060, 30F87, DOW 8420, 30K75, AG 7000 and all possible double-cross hybrids, obtained from a complete diallel, were the treatments evaluated. Seeds of the double-cross hybrids were obtained on an experimental area of the Biology Department at Universidade Federal de Lavras (DBI/UFLA). The experiments were conducted in 15 environments in the 2005/06 growing season, on farms and in research stations. The cultural practices were the ones normally used by maize farmers. Treatments were evaluated in randomized complete blocks design. The trait under study was husked ears yield (kg/ha), corrected to 13% moisture content. Nonparametric statistics were used to study hybrids adaptability and stability. The contribution of each hybrid to the genotype-by-environment interaction and the deviation in relation to the maximum performance in each environment was determined. The joint diallel analysis involving all environments was performed and the stability of general and specific combining ability effects were investigated. The underlying nonparametric statistics evaluated the contribution of each effect to the genotype-by-environment interaction. The double-cross hybrids were on average more stable, although some single-cross hybrids were identified as stable as the double-cross hybrids, as for instance, the AG 8060. The non-additive effects were more important than the additive effects for hybrid variation. The parents with the highest GCA effect estimates were AG 8060 and 30F90. AG 8060 associated a high GCA effect with stability of the parameter.

---

\*Advisor committee: João Cândido de Souza – UFLA (Advisor); Magno Antonio Patto Ramalho – UFLA (Co-advisor)

## 1 INTRODUÇÃO

A cultura do milho alcança altos níveis de produtividade, em ambientes apropriados e com técnicas de cultivo adequadas (Duvick, 2005). Em um ambiente, a manifestação fenotípica é o resultado da ação do genótipo sob influência do meio. Entretanto, quando se considera uma série de ambientes, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação desses fatores. A interação é um complicador no momento de recomendar cultivares superiores, pois, quando significativa, pode ocorrer alteração na classificação relativa dos genótipos avaliados nos diferentes ambientes, dificultando a identificação de cultivares estáveis e exigindo a adoção de medidas que controlem ou minimizem seus efeitos (Cruz et al., 2004; Ramalho et al., 1993).

Um dos fatores que exercem grande influência na adaptabilidade e na estabilidade de uma cultivar é sua estrutura genética. Na literatura, há relato de que os híbridos duplos de milho são mais estáveis que os híbridos simples para a produtividade de grãos (Guillen-Portal et al., 2003), entretanto, podem ser identificados híbridos simples tão estáveis quanto os duplos para o mesmo caráter (Carvalho et al., 2005). Nas condições brasileiras, a comparação entre híbridos com diferentes estruturas genéticas é particularmente importante, devido às variadas condições ambientais nas quais o milho é cultivado e, principalmente, porque, no Brasil, os diferentes tipos de híbridos disponíveis são ainda bastante utilizados pelos agricultores.

Em programas de melhoramento de milho, as estimativas da capacidade de combinação auxiliam na escolha de genitores e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (Cruz et al., 2004). Essas estimativas podem ser obtidas por meio de análises dialélicas e têm sido

amplamente empregadas (Melani & Carena, 2005; Rodrigues et al., 2006; Welcker et al., 2005). Contudo, são escassas as informações a respeito da estabilidade dos parâmetros da capacidade de combinação. Pacheco et al. (1999) estudaram a estabilidade desses parâmetros por meio do desdobramento dos desvios de regressão de Eberhart & Russel, em efeitos genéticos aditivos ( $g_i$  e  $g_j$ ) e de dominância ( $s_{ij}$ ), utilizando variedades de polinização aberta. Entretanto, não foram encontrados relatos, na literatura, envolvendo híbridos comerciais de milho.

Diante do exposto, os objetivos do presente trabalho foram estudar a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples e duplos de milho, estimar os efeitos da capacidade geral e específica de combinação, e avaliar a estabilidade das estimativas desses parâmetros.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Heterose no melhoramento do milho

O milho híbrido foi um dos primeiros exemplos de sucesso na aplicação da teoria genética à produção de alimentos (Duvick, 2001). A heterose, definida há quase um século por Shull e aplicada à produção de híbridos, foi uma das maiores contribuições práticas da genética à agricultura mundial.

O procedimento para a obtenção de híbridos de milho foi proposto por Shull e East independentemente, ao constatarem que, quando plantas eram autofecundadas, ocorria perda de vigor. No entanto, quando cruzadas, o desempenho do híbrido poderia ser superior à média da população original (Troyer, 2006).

Uma grande limitação à aplicabilidade dessa técnica era o alto custo, o que inviabilizava a produção comercial das sementes híbridas, sobretudo devido à baixa produtividade das linhagens disponíveis. Esse problema foi contornado após o trabalho de Jones (1918), que sugeriu a produção de híbridos duplos. Nesse caso, como a produção de sementes era realizada a partir de um híbrido simples, o processo tornou-se comercialmente viável (Paterniani, 2001).

A utilização de híbridos possui enormes vantagens, tais como: associar fenótipos de interesse que se encontram separados nos genitores, utilizar interações alélicas na geração híbrida e obter cultivares superiores e uniformes em um prazo relativamente curto. Existem diferentes tipos de híbridos que podem ser produzidos: a) híbrido *Top cross*; b) híbrido simples; c) híbrido simples modificado; d) híbrido triplo; e) híbrido triplo modificado; f) híbrido duplo e g) híbrido intervarietal. Detalhes de cada tipo podem ser encontrados em Miranda Filho & Viégas (1987).

Nos Estados Unidos, os primeiros híbridos duplos foram lançados entre os anos de 1920 e 1930 e superavam as variedades de polinização aberta. A partir de então, a produtividade, que estava estagnada, aumentou consideravelmente. Por volta dos anos de 1960, quando os híbridos simples foram disponibilizados aos agricultores, verificaram-se incrementos ainda maiores, evidenciando o êxito com a utilização de híbridos de milho na agricultura norte-americana (Figura 1). Atualmente, a produtividade média de milho nos Estados Unidos é da ordem de 10.000 kg/ha, ou seja, 400% superior à produtividade média no início do século XX.

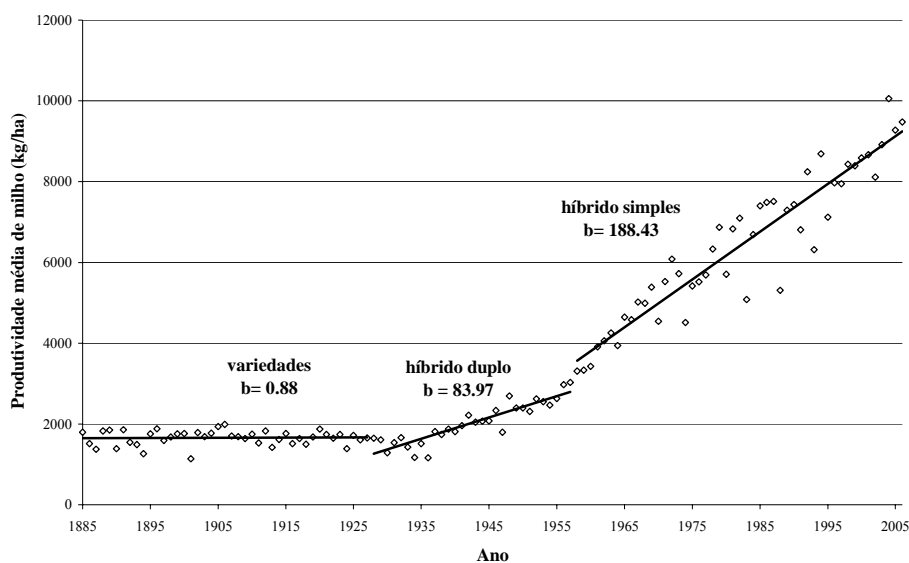


FIGURA 1. Produtividade média de milho e os principais tipos de cultivares utilizadas nos Estados Unidos, de 1885 a 2006. Valores de “b” (kg/ha) indicando o ganho de produtividade por ano (USDA-NASS, 2006).

Esse enorme sucesso tem sido atribuído, em grande parte, ao melhoramento genético. Alguns pesquisadores quantificaram que mais de 50% dos ganhos em produtividade observados se devem à inclusão das cultivares híbridas no sistema produtivo (Duvick, 2005; Troyer, 1999). No Brasil, o êxito dos programas de melhoramento de milho também foi expressivo. Os resultados apresentados na Tabela 1, envolvendo estimativas de progresso genético, evidenciam esse fato.

Apesar de muito bem utilizada na produção de alimentos, a heterose é um fenômeno pouco compreendido (Troyer, 2006). As principais hipóteses explicativas são: da dominância, da sobredominância e da epistasia. As evidências empíricas indicam que a heterose é função do papel da dominância parcial e ou dominância completa, porém, a conclusão sobre as causas genéticas da heterose é difícil, pois os genes quantitativos envolvidos no controle dos caracteres são ainda pouco conhecidos (Bernardo, 2002).

TABELA 1. Estimativas do progresso genético com a cultura do milho no Brasil, relatadas na literatura.

<b>Anos</b>	<b>Aumento de produtividade (kg/ha/ano)</b>	<b>Fonte</b>
1964-1983	72-109 (PE) <sup>1/</sup>	Vencovsky et al. (1988)
1946-1986	60 (PG)	Paterniani (1990)
1970-1990	31-51 (PG)	Araújo (1995)
1964-1993	123 (PE)	Fernandes & Frazon (1997)
1998-2002	175 (PG)	Storck et al. (2005)

<sup>1/</sup> PE - peso de espigas; PG - peso de grãos.

Surpreendentemente, aumentos na heterose não têm sido os principais responsáveis pelas produtividades alcançadas. Alguns trabalhos têm demonstrado que a heterose se manteve constante ao longo dos anos. Dessa forma, o desenvolvimento de híbridos superiores tem sido atribuído ao progresso genético com o melhoramento das linhagens endogâmicas (Duvick, 2001; Troyer, 2006).

Em um programa de melhoramento visando à obtenção de híbridos de milho, as etapas envolvidas são: a escolha das populações, a obtenção das linhagens, a avaliação das capacidades de combinação das mesmas e o teste intensivo dos híbridos obtidos (Paterniani & Campos, 1999).

Entre essas etapas, a escolha das populações é de fundamental importância, pois todo o sucesso dependerá dela. As populações com maior potencial poderão ser utilizadas para extrair linhagens e ou para iniciar um programa de seleção recorrente recíproca. Nesse intuito, os melhoristas de milho têm preferido utilizar populações de base genética estreita (Koutsika-Sotiriou & Karagounis, 2005; Troyer, 1999). A utilização de híbridos comerciais é uma das alternativas. Os híbridos comerciais são adaptados, possuem produtividade média alta e, provavelmente, concentram alta frequência de alelos favoráveis, devido ao longo processo de melhoramento e à pressão de seleção durante as etapas de desenvolvimento. Como existem inúmeras opções de híbridos comerciais, é importante identificar populações, derivadas desses híbridos, com o máximo potencial de originar cultivares superiores.

Dessa forma, para se ter segurança na escolha das populações mais promissoras, é essencial que a avaliação seja realizada no maior número possível de ambientes representativos da região alvo do programa de melhoramento.



## **2.2 Análise dialélica**

O milho, entre as espécies vegetais, foi o que mais contribuiu para o conhecimento dos princípios teóricos do melhoramento de plantas e para o desenvolvimento de delineamentos genéticos para diversos tipos de cruzamentos. Nesse contexto, os cruzamentos dialélicos se destacaram no que diz respeito à sua importância e abrangência de utilização (Miranda Filho & Gorgulho, 2001).

Por definição, cruzamentos dialélicos são delineamentos genéticos estatísticos em que  $n$  parentais são cruzados dois a dois (Cruz et al., 2004; Ramalho et al., 1993). Os procedimentos de análise dialélica têm por finalidade a estimação de parâmetros úteis na seleção de genitores e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (Cruz et al., 2004).

Entre os métodos mais utilizados, citam-se os propostos por Griffing (1956), pelos quais são estimados os efeitos da capacidade geral e específica de combinação; o método proposto por Gardner & Eberhart (1966), no qual são avaliados os efeitos de variedades e heterose varietal e o proposto por Hayman (1954), que fornece informações sobre os mecanismos básicos de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos e do limite de seleção.

A origem dos procedimentos para análises dialélicas é atribuída a Schmidt, por volta dos anos de 1920 (Ghosh & Biswas, 2003). Porém, os primeiros a definirem os termos capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram Sprague & Tatum (1942). Segundo esses autores, a CGC refere-se ao comportamento médio de cada genitor em cruzamento com os demais do grupo estudado e a CEC é interpretada como um efeito na expressão do híbrido que não é explicado pelos efeitos da CGC dos genitores.

Nos vários métodos de análise dialélica que foram propostos, as combinações híbridas são avaliadas em experimentos com repetições e as médias dos tratamentos são utilizadas para formar uma tabela dialélica  $n \times n$ . As  $n^2$  combinações possíveis podem ser avaliadas, incluindo os genitores e seus híbridos recíprocos. Dessa forma, Griffing (1956) idealizou quatro possíveis métodos de análise (Tabela 2). No método 1 são analisados todos os cruzamentos possíveis, incluindo os genitores e os recíprocos; no método 2 são incluídos somente os genitores e os híbridos; no método 3 são incluídos apenas os híbridos e seus recíprocos e no método 4 somente os híbridos são utilizados na análise.

Os métodos apresentados por Griffing (1956) podem ser aplicados a um conjunto fixo ou aleatório de genótipos, dependendo de os tratamentos experimentais fornecerem conclusões que lhes são particulares ou que possam ser extrapoladas para uma população na qual os tratamentos representam uma amostra (Hallauer & Miranda Filho, 1988). Apesar de terem sido desenvolvidos para linhagens, os métodos de Griffing podem ser utilizados para outros tipos de populações com qualquer grau de endogamia.

TABELA 2. Métodos de análise dialélica propostos por Griffing (1956).

<b>Método</b>	<b>Inclusão dos genitores</b>	<b>Inclusão dos recíprocos</b>	<b>Números de genótipos avaliados</b>
1	sim	sim	$n^2$
2	sim	não	$\frac{n(n+1)}{2}$
3	não	sim	$n(n-1)$
4	não	não	$\frac{n(n-1)}{2}$

Fonte: Adaptado de Wricke & Weber, 1986.

Além dos métodos propostos por Griffing (1956), outros também foram sugeridos. O modelo de análise dialélica proposto por Gardner & Eberhart (1966) considera um conjunto fixo de variedades e seus híbridos, tendo como base os efeitos de variedade ( $v_i$ ) e de heterose ( $h_{ii'}$ ), sendo este último subdividido nos componentes: heterose média ( $\bar{h}$ ), heterose de variedades ( $h_i$ ) e heterose específica ( $s_{ii'}$ ).

Apesar das diferenças existentes entre os procedimentos de análise dialélica de Griffing e Gardner & Eberhart, em um trabalho visando comparar os dois métodos, Cruz & Vencovsky (1989) demonstraram como os vários parâmetros se inter-relacionam e concluíram que os dois métodos são basicamente equivalentes na quantidade de informações genéticas que fornecem. Concluíram também que a estimativa de  $g_i$  (efeito da capacidade geral de combinação do genitor  $i$ ) ainda é o melhor critério para a seleção de genitores. Nesse mesmo trabalho, os autores interpretaram o parâmetro  $s_{ii}$  (capacidade específica de combinação de um genitor com ele mesmo) e demonstraram que esse parâmetro é um importante indicador da existência de dominância unidirecional e de heterose varietal.

É oportuno destacar o método proposto por Hayman (1954), o qual exige que o conjunto de genótipos avaliados seja aleatório, isto é, representem uma amostra aleatória da população para a qual as informações serão generalizadas. Por meio desse procedimento, os dados da tabela dialélica podem ser utilizados para testar a presença dos efeitos genéticos aditivos e dominantes, além de possibilitar a estimação de componentes da variância genética e parâmetros de importância prática, como herdabilidade e grau médio de dominância (Mather & Jinks, 1971). Os dados da tabela dialélica permitem, ainda, efetuar uma análise gráfica que classifica os genótipos quanto à proporção de alelos dominantes e recessivos e estimar os limites seletivos das populações avaliadas (Hayman, 1954; Santos, 1984).

Algumas variações metodológicas para a análise de dialelos foram sugeridas. Kempthorne & Curnow (1961) propuseram o método de cruzamentos dialélicos parciais, os quais envolvem dois grupos diferentes de genitores e seus respectivos cruzamentos. Esse procedimento apresenta, como principal vantagem, uma maior flexibilidade aos cruzamentos dialélicos, possibilitando o emprego de um grande número de genitores, de forma a maximizar as informações sobre os genótipos estudados (Miranda Filho & Geraldi, 1984; Ramalho et al., 1993).

Outros métodos de análise dialélica que podem também ser utilizados são: dialelos circulantes, dialelos incompletos e dialelos desbalanceados. Detalhes desses métodos poderão ser encontrados em Cruz et al. (2004) e Vencovsky & Barriga (1992).

Na literatura, são encontrados vários exemplos de aplicação dos métodos de análise dialélica. A relação de alguns trabalhos que utilizaram modelos dialélicos na cultura do milho é apresentada na Tabela 3. Pode-se observar que diferentes métodos foram adotados para os mais diversos caracteres.

Apesar de amplamente empregados, são escassas as informações em relação à estabilidade dos parâmetros da análise dialélica. Pacheco (1997) desdobrou os desvios de regressão de Eberhart & Russel em efeitos genéticos aditivos ( $g_i$  e  $g_j$ ) e de dominância ( $s_{ij}$ ) e concluíram que os programas de melhoramento teriam sua eficiência melhorada se fossem selecionados genitores que apresentassem estabilidade dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação.

TABELA 3. Aplicação de métodos de análise dialélica na cultura do milho.

<b>Método empregado</b>	<b>Número de genitores</b>	<b>Tipo de genitor</b>	<b>Caráter<sup>1/</sup></b>	<b>Fonte</b>
Griffing (1956) - Método I	4	Linhagens	MS da parte aérea MS da raiz Conteúdo de clorofila Altura de plantas Comprimento da raiz	Silva et al., 2006
Griffing (1956) - Método II	7	Linhagens	Reação à <i>Phaeospheria maydis</i>	Pegoraro et al., 2002
Griffing (1956) - Método II	10	Linhagens	Produtividade de espigas Produtividade de espigas despalhadas Rendimento de espigas	Lemos et al., 2002
Griffing (1956) - Método IV	10	Híbridos simples e triplos	Produtividade de espigas despalhadas	Melo et al., 2001
Griffing (1956) - Método IV	11	Variedades	Vigor Altura de plantas Dias para o florescimento ASI Espigas por planta Produção de grãos	Welcker et al., 2005
Griffing (1956) - Método IV	17	Linhagens	Produção de grãos	Bétran et al., 2003

“...continua...”

“TABELA 3. Cont.”

<b>Método empregado</b>	<b>Número de genitores</b>	<b>Tipo de genitor</b>	<b>Caráter<sup>1/</sup></b>	<b>Fonte</b>
Griffing (1956) - Método IV	14	Linhagens	Concentração de Fe em farelo Concentração de Zn em farelo Concentração de Fe no grão Concentração de Zn no grão	Long et al., 2004
Griffing (1956) - Métodos IV; Gardner & Eberhart (1966)	10	Variedades	Produção de grãos Umidade de grãos % plantas acamadas % plantas quebradas	Melani & Carena, 2005
Dialelo parcial adaptado por Geraldi & Miranda Filho (1984)	16	Variedades	% plantas acamadas % plantas quebradas Altura de plantas Florescimento	Rodrigues et al., 2006
Hayman (1954)	6	Linhagens	Fileiras por espiga Grãos por fileira Peso de 100 grãos Produção de grãos por planta	Saeed et al., 2000

<sup>1/</sup>MS - matéria seca; ASI - assincronia entre o florescimento masculino e feminino

### **2.3 Interação genótipos x ambientes**

É de amplo conhecimento dos melhoristas que, ao se avaliar cultivares em vários ambientes, não se nota um comportamento consistente das mesmas. Esta resposta diferenciada dos genótipos à variação do ambiente é denominada interação genótipos x ambientes. Isso significa que os efeitos genéticos e ambientais não são independentes, uma vez que as respostas dos genótipos podem diferir com as variações ambientais (Souza Júnior & Vencovsky, 1989).

A existência da interação está associada a fatores fisiológicos e bioquímicos de cada cultivar. Em termos genéticos, a interação ocorre quando a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos não é coincidente entre os ambientes. Isso porque a expressão dos genes é influenciada e ou regulada pelo ambiente (Kang & Gauch Jr., 1996).

Como o principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos de consistente e elevada produtividade, nos mais diversos ambientes, a interação desses fatores pode representar um problema para os melhoristas, por reduzir a precisão na seleção de um ambiente para outro. A presença da interação genótipos x ambientes provoca um aumento no desvio padrão fenotípico, reduz a herdabilidade ao longo dos ambientes e, conseqüentemente, diminui os ganhos genéticos potenciais (Matheson & Raymond, 1986).

Pela importância dessa interação, cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para a sua minimização e ou o seu aproveitamento (Cruz et al., 2004). Detectada a interação, é possível a seleção de genótipos de adaptação ampla ou específica, escolher locais de seleção, identificar o nível de estresse nos ambientes escolhidos para as fases iniciais de

seleção e determinar o número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados em cada fase (Fox et al., 1997). Nesse contexto, os métodos para estudos de adaptabilidade e estabilidade merecem destaque. Na literatura, são encontradas diferentes definições para esses termos.

Adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos em assimilarem vantajosamente o estímulo ambiental, uma vantagem do ponto de vista do rendimento agrícola, isto é, a adaptabilidade é avaliada pelo desempenho médio do genótipo (Mariotti et al., 1976).

A estabilidade, para Mariotti et al. (1976), é definida como a capacidade dos genótipos de exibirem um desempenho o mais constante possível, em função das variações da qualidade do ambiente.

Lin et al. (1986) sugeriram três conceitos: a) estabilidade do tipo 1, a cultivar será considerada estável se sua variância entre ambientes for pequena; b) tipo 2, em que a cultivar será estável se sua resposta aos ambientes for paralela ao desempenho médio de todas cultivares avaliadas e c) tipo 3, será estável a cultivar que apresentar o quadrado médio do desvio da regressão baixo, próximo a zero, ou seja, alta confiabilidade na resposta estimada.

Os três conceitos apresentados por Lin et al. (1986) não levam em consideração as variações imprevisíveis do ambiente. Nesse sentido, Lin & Binns (1988a) sugeriram o tipo 4, no qual a cultivar com maior estabilidade será aquela que apresentar menor quadrado médio da interação genótipos x anos, ou seja, indivíduos estáveis frente às variações imprevisíveis.

Becker & Léon (1988) dividem a estabilidade em dois tipos: estática, associando aqueles genótipos que apresentam desempenho constante com as variações ambientais, e dinâmico, associando os genótipos que apresentam um comportamento previsível dentro das variações ambientais.

Vários estudos têm sido realizados, no intuito de verificar o controle genético da estabilidade. Torres (1988) constatou que o grau de determinação



genético e a repetibilidade da produtividade de grãos foram maiores que os da estabilidade e, assim, é de esperar maiores dificuldades em selecionar para esse último caráter. Lee et al. (2003), estudando os componentes genéticos da estabilidade, concluíram que esse caráter é herdável, preditível e com predominância de efeitos gênicos aditivos. Entretanto, não há nenhum resultado conclusivo em relação ao número de locos que o controlam, mas acredita-se que seja um número grande e de herança complexa, o que dificultaria a seleção (Rosse, 1999).

São muitas as metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade destinada a um grupo de cultivares testadas em vários ambientes. A diferença entre elas origina-se nos próprios conceitos de estabilidade e nos procedimentos biométricos de quantificar a interação entre cultivares e ambientes (Vencovsky & Barriga, 1992). Existem métodos baseados em variância da interação cultivares x ambientes, regressão linear, regressão linear bissegmentada, regressão não-linear, métodos não-paramétricos, métodos multivariados e aqueles que integram métodos univariados e multivariados.

Esses métodos deverão ser empregados quando ocorrerem interações entre cultivares e ambientes significativas, sendo complementares às análises de variância, individuais e conjunta, realizadas em uma série de ambientes. Revisões sobre esses procedimentos são comuns na literatura (Cruz et al., 2004; Langer et al., 1979; Lin et al., 1986; Oliveira, 1976; Veronesi, 1995).

Estudos têm sido realizados com o objetivo de verificar se a estrutura genética de uma população lhe confere maior estabilidade ou adaptação. No caso do milho, uma variedade de polinização aberta apresenta maior heterogeneidade que uma linhagem ou híbrido simples, entretanto, sua heterozigosidade pode ser menor. Dessa forma, um híbrido simples deve possuir maior homeostase individual e uma variedade maior homeostase populacional (Allard & Bradshaw, 1964).

Existem relatos na literatura que comparam a magnitude relativa da interação genótipos x ambientes, utilizando populações com diferentes estruturas genéticas (Tabela 4). Observe que a estrutura genética das populações influencia a magnitude da interação genótipos x ambientes. Em híbridos de milho, a estabilidade está intensamente relacionada com o nível de heterozigosidade de cada grupo, porém, heterozigosidade intrínseca não é suficiente para explicar a estabilidade nesta espécie (Adams & Shank, 1959).

Realizando uma comparação entre genótipos de milho com diferentes estruturas genéticas, Schnell & Becker (1986) constataram que os híbridos duplos foram mais estáveis que os simples para produtividade de grãos, concluindo que a estrutura genética exerce grande influência na estabilidade de uma população. Entretanto, podem ser identificados híbridos simples tão estáveis quanto os duplos para o mesmo caráter (Carvalho et al., 2005). Dessa forma, estratégias utilizadas para o desenvolvimento de cultivares de melhor adaptação às diferentes condições ambientais requerem cuidadosa escolha da estrutura genética das populações a serem recomendadas aos agricultores.

TABELA 4. Magnitude relativa do quadrado médio da interação genótipos x ambientes ( $QM_{GA}$ ), em híbridos simples (HS) e duplos (HD) de milho.

Fonte	$QM_{GA}$	
	HS	HD
Eberhart & Russel (1969)	100	68
Weatherspoon (1970)	100	45
Schnell & Becker (1986)	100	57

## 2.4 Estatísticas não-paramétricas

Estatística não-paramétrica pode ser considerada como sendo os procedimentos estatísticos para os quais não são relacionados parâmetros específicos. Algumas razões para a sua utilização foram apresentadas por Campos (1983): a) menor exigência nas pressuposições a serem atendidas; b) obtenção de probabilidades nos testes com exatidão; c) independência quanto à forma da população da qual a amostra foi obtida; d) maior facilidade de aplicação; e) menor volume de cálculos e f) maior eficiência quando os dados não apresentam distribuição normal.

No melhoramento de plantas, os métodos não-paramétricos podem ser utilizados para o estudo da interação genótipos x ambientes e para a avaliação da estabilidade fenotípica de cultivares. Alguns métodos foram propostos com esse objetivo. Huehn (1990) sugeriu a avaliação de forma não-paramétrica da estabilidade fenotípica baseada na classificação dos genótipos em cada ambiente, utilizando o princípio da homeostase para caracterizar os genótipos. No método em questão, um genótipo é considerado estável se a classificação apresentada pelo efeito da interação genótipos x ambientes é similar. Nesse caso, os parâmetros que medem a estabilidade ( $S_1$ ,  $S_2$  e  $S_3$ ) são iguais a zero.

Apesar da simplicidade de obtenção das estatísticas que avaliam a estabilidade, o método de Huehn (1990) tem recebido algumas críticas, inerentes ao processo de classificação. A primeira é a de não levar em consideração a magnitude dos valores obtidos; outro aspecto é que as estatísticas  $S_1$ ,  $S_2$  e  $S_3$  contemplam a estabilidade, independente da classificação ser boa ou ruim. Dessa forma, as estatísticas só serão úteis se consideradas simultaneamente à média dos genótipos avaliados (Cruz & Carneiro, 2003).

Além do método sugerido por Huehn (1990), outros procedimentos também foram propostos. O método de Kang (1988), no qual se faz uma

classificação para a média do caráter (posto um para o maior valor) e para o parâmetro de estabilidade de Shukla (1972) (posto um para o menor valor). A soma dos dois postos provê um índice final, sendo o valor mais baixo relativo ao genótipo desejável.

O método de Fox et al. (1990) utiliza uma estratificação da posição da cultivar em três grupos (superior, médio, inferior). Um genótipo que concentra-se, principalmente, no grupo superior é considerado como o desejável.

Outro método que também pode ser utilizado é o de Thennasaru (1993), citado por Sabaghnia et al. (2006). Nesse método, as medidas de estabilidade  $NPi^{(1)}$ ,  $NPi^{(2)}$ ,  $NPi^{(3)}$  e  $NPi^{(4)}$ , baseadas em postos ajustados para cada ambiente, são utilizadas no estudo. O genótipo mais estável é aquele cuja posição em relação aos outros permanece inalterada nos ambientes avaliados.

Uma alternativa que pode ser implementada para o estudo da estabilidade fenotípica de forma não-paramétrica é a efetuação dos testes via reamostragem. Desse modo, podem-se adaptar alguns métodos clássicos de estudos da estabilidade ao enfoque não-paramétrico.

Um método de reamostragem que vem sendo cada vez mais utilizado é o “bootstrap”. Nesse método, os dados são utilizados em sua própria análise. Dessa forma, todo resultado “bootstrap” depende diretamente da amostra observada, isto é, os resultados são consistentes para a amostra original. A noção básica é que os dados em si, vistos como distribuições de frequência, representam a melhor imagem disponível da distribuição da qual eles são amostrados (Crowley, 1992).

Nos casos não-paramétricos, o método reamostra os dados, com reposição, de acordo com uma distribuição empírica estimada, tendo em vista que, em geral, não se conhece a distribuição subjacente aos dados (Lavoranti, 2003).

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Material genético

Foram avaliados 55 tratamentos, sendo dez híbridos simples comerciais utilizados como parentais (Tabela 5) e 45 híbridos duplos resultantes de um dialelo completo. As sementes dos 45 híbridos duplos foram obtidas na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (DBI/UFLA), no ano agrícola de 2004/05. Para cada cruzamento, as espigas foram debulhadas em conjunto e as sementes misturadas, de forma a representar uma amostra única para o preparo dos experimentos de avaliação.

TABELA 5. Descrição dos dez híbridos simples comerciais.

Híbrido	Nome	Empresa	Textura dos grãos	Ciclo <sup>1/</sup>
1	DKB 199	Monsanto	Semiduro	SMP
2	30F90	Pioneer	Duro	SMP
3	A 2555	Nidera Sementes	Duro	SMP
4	DKB 333B	Monsanto	Semiduro	SMP
5	DOW 657	Dow AgroScience	Semiduro	P
6	AG 8060	Monsanto	Semiduro	P
7	30F87	Pioneer	Duro	SMP
8	DOW 8420	Dow AgroScience	Duro	P
9	30K75	Pioneer	Semiduro	SMP
10	AG 7000	Monsanto	Semiduro	SMP

<sup>1/</sup> P- ciclo precoce; SMP- ciclo semiprecoce

### **3.2 Condução dos experimentos**

Os experimentos foram conduzidos em 15 ambientes (Tabela 6), no ano agrícola de 2005/06, em propriedades de agricultores e estações experimentais. Os tratamentos foram avaliados utilizando-se o delineamento de blocos casualizados. O caráter avaliado foi a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha), corrigida para 13% de umidade.

Em todos os ambientes, procedeu-se à correção da produtividade de espigas utilizando o estande como covariável, conforme Schmildt (2000). Por ocasião da semeadura, foram distribuídas 50 sementes por parcela, sendo realizado o desbaste quando as plantas apresentavam em torno de 4 a 5 folhas completamente expandidas. Em todos os ambientes as parcelas foram constituídas de duas fileiras, empregando-se uma densidade populacional equivalente a 55.000 plantas por hectare. Os demais tratos culturais foram os normalmente utilizados pelos agricultores para a cultura do milho. Detalhes experimentais dos ambientes de condução dos experimentos são apresentados na Tabela 7.

TABELA 6. Características dos ambientes de condução dos experimentos.

<b>Ambiente</b>	<b>Local</b>	<b>Município</b>	<b>Latitude</b>	<b>Longitude</b>	<b>Altitude (m)</b>
1	Área Experimental DBI/UFLA	Lavras, MG	21°13'S	44°58'W	910
2	Área Experimental Geneze	Guarda-Mor, MG	17°34'S	47°08'W	1010
3	Área Experimental Bionacional	Barreiras, BA	12°08'S	45°00'W	452
4	Área Experimental Prezzotto	Jussara, GO	23°35'S	52°28'W	250
5	Fazenda Experimental Vitorinha	Lavras, MG	21°12'S	44°58'W	951
6	Área Experimental Coopadap	São Gotardo, MG	19°18'S	46°03'W	1058
7	Fazenda Faepe	Ijaci, MG	21°09'S	44°56'W	859
8	Fazenda Faepe	Ijaci, MG	21°09'S	44°56'W	859
9	Fazenda Mato Dentro	Lavras, MG	21°13'S	45°03'W	918
10	Fazenda Morro do Guerra	Ribeirão Vermelho, MG	21°10'S	45°04'W	884
11	Fazenda Candeias	Candeias, MG	20°46'S	45°19'W	967
12	Fazenda Chimarrão	Paracatu, MG	17°13'S	46°39'W	580
13	Fazenda Milanez	Carrancas, MG	21°24'S	44°38'W	1005
14	Fazenda dos Coelho	Itutinga, MG	21°23'S	44°46'W	958
15	Fazenda da Pedra	Ingaí, MG	21°22'S	44°45'W	980

TABELA 7. Detalhes experimentais dos ambientes de condução dos experimentos.

<b>Ambiente</b>	<b>Data de plantio</b>	<b>Repetições</b>	<b>Tamanho da parcela (m<sup>2</sup>)</b>	<b>Espaçamento entre linhas (m)</b>	<b>Produtividade média de espigas (kg/ha)</b>
1	08/11/2005	3	4,0	0,50	10803
2	21/12/2005	3	4,8	0,80	6212
3	13/12/2005	3	4,8	0,80	4549
4	05/04/2006	3	4,8	0,80	5152
5	12/11/2005	3	4,8	0,60	6246
6	07/11/2005	3	4,8	0,80	8085
7	13/10/2005	3	4,0	0,50	13192
8	31/01/2006	3	4,8	0,60	8896
9	28/11/2005	3	4,8	0,80	8685
10	03/11/2005	3	4,0	0,50	8737
11	13/11/2005	3	4,8	0,80	9876
12	20/02/2006	3	4,8	0,80	7768
13	21/12/2005	3	4,8	0,80	7353
14	06/12/2005	3	4,8	0,80	8041
15	17/11/2005	2	4,8	0,80	9166



### 3.3 Análise estatística dos dados

#### 3.3.1 Adaptabilidade e estabilidade

As análises individuais por ambientes, tendo como referência a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha), foram realizadas no PROC GLM do SAS (SAS, 2000), adotando-se o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + h_i + r_j + e_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$  : observação referente ao híbrido  $i$  na repetição  $j$ ;

$\mu$  : média geral;

$h_i$  : efeito fixo do híbrido  $i$ ,  $i=1, 2, 3, \dots, 55$ ;

$r_j$  : efeito aleatório da repetição  $j$ ,  $j=1, 2, 3$ ;

$e_{ij}$  : erro experimental  $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$ .

O efeito de híbridos foi decomposto ortogonalmente em efeitos de híbridos simples, híbridos duplos e o contraste entre os dois tipos de híbridos. Posteriormente, procedeu-se à análise conjunta envolvendo todos os ambientes, também no PROC GLM do SAS (SAS, 2000), adotando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijl} = \mu + h_i + a_l + r_{j(l)} + (ha)_{il} + e_{ijl}$$

em que:

$Y_{ijl}$  : observação referente ao híbrido  $i$  na repetição  $j$  no ambiente  $l$ ;

$\mu$  : média geral;

$h_i$  : efeito fixo do híbrido  $i$ ,  $i= 1, 2, 3, \dots, 55$ ;

$a_l$  : efeito fixo do ambiente  $l$ ,  $l= 1, 2, 3, \dots, 15$ ;

$r_{j(l)}$  : efeito aleatório da repetição  $j$  no ambiente  $l$ ;

$(ha)_{il}$  : efeito fixo da interação híbridos x ambientes;

$e_{ijl}$  : erro experimental  $e_{ijl} \cap N(0, \sigma^2)$ .

Para o estudo da adaptabilidade e da estabilidade dos híbridos em avaliação, adotou-se a estatística não-paramétrica.

Primeiramente, o estudo da estabilidade foi realizado utilizando-se a contribuição de cada híbrido para a interação genótipos x ambientes. A partir das médias dos híbridos, foi realizada a ordenação dos dados em uma tabela de dupla entrada entre híbridos (dispostos nas linhas) e ambientes (dispostos nas colunas), tendo o híbrido de menor média em cada ambiente recebido o posto 1 e o de maior média, o posto 55. A partir dessa classificação, foi obtida a estimativa da ecovalência (Wricke, 1965), utilizando-se a seguinte expressão:

$$W_i = \sum (R_{ij} - \bar{R}_{i.} - \bar{R}_{.j} + \bar{R}_{..})^2$$

em que:

$W_i$  : ecovalência;

$R_{ij}$  : posto referente à observação do híbrido  $i$  no ambiente  $j$ ;

$\bar{R}_{i.}$  : posto médio do híbrido  $i$ ;

$\bar{R}_{.j}$  : posto médio do ambiente  $j$ ;

$\bar{R}_{..}$  : média geral.

Estimou-se também o desvio de cada híbrido em relação ao desempenho máximo em cada ambiente. Nesse caso, realizou-se a ordenação de todos os dados em uma tabela de dupla entrada entre híbridos (dispostos nas linhas) e ambientes (dispostos nas colunas), tendo o híbrido de menor média recebido o posto 1 e o de maior média, o posto 825. A partir dessa classificação, foi obtida a estimativa do parâmetro de adaptabilidade e estabilidade de Lin e Binns (1988b), com os testes realizados via “bootstrap”, utilizando-se a seguinte expressão:

$$P_i = \sum_{j=1}^n (R_{ij} - M_j)^2 / 2n$$

em que:

$P_i$  : índice de adaptabilidade e estabilidade do híbrido  $i$ ;

$R_{ij}$  : posto referente à observação do híbrido  $i$  no ambiente  $j$ ;

$M_j$  : posto máximo entre todos os híbridos no ambiente  $j$ ;

$n$  : número de ambientes.

As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional R (R CORE TEAM, 2006).

### 3.3.2 Análise dialélica

Para as análises dialélicas individuais utilizou-se o modelo I (modelo fixo), proposto por Griffing (1956) – Método II, no qual são avaliados todos os cruzamentos possíveis, incluindo os genitores. O modelo estatístico adotado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + r_k + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  : observação referente à combinação híbrida  $ij$  ou ao genitor ( $i=j$ ), na repetição  $k$ ;

$\mu$  : média geral;

$r_k$  : efeito aleatório da repetição  $k$ ,  $k=1, 2, 3$ ;

$g_i, g_j$  : efeito fixo da capacidade geral de combinação do  $i$ -ésimo ou  $j$ -ésimo genitor ( $i, j= 1, 2, 3, \dots, 10$ ), respectivamente;

$s_{ij}$  : efeito fixo da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre genitores de ordem  $i$  e  $j$ ;

$e_{ijk}$  : erro experimental

A análise dialélica conjunta foi realizada conforme Zhang et al. (2005), de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + a_l + r_{k(l)} + g_i + g_j + s_{ij} + (ag)_{il} + (ag)_{jl} + (as)_{ijl} + e_{ijkl}$$

em que:

$Y_{ijkl}$  : observação referente à combinação híbrida  $ij$  ou ao genitor ( $i=j$ ), na repetição  $k$  no ambiente  $l$ ;

$\mu$  : média geral;

$a_l$  : efeito fixo do ambiente  $l$ ,  $l= 1, 2, 3, \dots, 15$ ;

$r_{k(l)}$  : efeito aleatório da repetição  $k$  no ambiente  $l$ ;

$g_i, g_j$  : efeito fixo da capacidade geral de combinação do  $i$ -ésimo ou  $j$ -ésimo genitor ( $i, j= 1, 2, 3, \dots, 10$ ), respectivamente;

$s_{ij}$  : efeito fixo da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre genitores de ordem  $i$  e  $j$ ;

$(ag)_{il}, (ag)_{jl}$  : efeito fixo da interação capacidades gerais de combinação x ambientes;

$(as)_{ijl}$  : efeito fixo da interação capacidades específicas de combinação x ambientes;

$e_{ijkl}$  : erro experimental.

Foram estimados os componentes quadráticos que expressam a variabilidade dos genitores estudados, referentes à capacidade geral de combinação ( $\hat{\phi}_g$ ) e específica de combinação ( $\hat{\phi}_s$ ), conforme Cruz et al. (2004). Para verificar se as estimativas das capacidades gerais e específicas de combinação são diferentes de zero, foi realizado o teste de significância t de Student (Zhang et al., 2005).

### **3.3.3 Estabilidade dos efeitos da capacidade de combinação**

A estabilidade das estimativas dos parâmetros da análise dialélica de Griffing foi obtida de forma não-paramétrica, utilizando-se a contribuição de cada estimativa para a interação genótipos x ambientes.

Os efeitos estimados das capacidades gerais de combinação, obtidos na análise dialélica, foram ordenados em uma tabela de dupla entrada entre efeitos (dispostas nas linhas) e ambientes (dispostos nas colunas). A menor estimativa em cada ambiente recebeu o posto 1 e a maior recebeu o posto 10. O mesmo procedimento foi adotado para os efeitos das capacidades específicas de combinação, porém, a maior estimativa em cada ambiente recebeu o posto 55.

A partir dessa classificação, foi obtida a estimativa da ecovalência (Wricke, 1965), utilizando-se a seguinte expressão:

$$W_i = \sum (R_{ij} - \bar{R}_i - \bar{R}_{.j} + \bar{R}_{..})^2$$

em que:

$W_i$ : ecovalência;

$R_{ij}$ : posto referente à observação da estimativa do parâmetro  $i$  no ambiente  $j$ ;

$\bar{R}_i$ : posto médio da estimativa do parâmetro  $i$ ;

$\bar{R}_{.j}$ : posto médio do ambiente  $j$ ;

$\bar{R}_{..}$ : média geral.

As análises de estabilidade foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional R (R CORE TEAM, 2006).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Adaptabilidade e estabilidade de híbridos simples e duplos de milho

As análises de variância individuais evidenciaram que a precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação (CV) foi relativamente boa, com estimativas inferiores a 21% em todos os experimentos. Esse fato também é comprovado pela proporção da variação explicada pelo modelo ( $R^2$ ), que foi de magnitude elevada na maioria dos casos e sempre superior a 44% (Tabela 1A).

Foram constatadas diferenças significativas ( $P \leq 0,05$ ) para a fonte de variação híbridos, em 93% dos experimentos. A média dos híbridos simples (HS) foi superior à média dos híbridos duplos (HD), na maioria dos experimentos, tendo o contraste entre os dois tipos de híbridos sido significativo ( $P \leq 0,05$ ) nos ambientes 1, 4, 6, 8, 9, 10, 12 e 13 (Tabela 1A).

Na análise de variância conjunta, envolvendo os 15 ambientes, verificou-se que o CV foi de 13,9%. Ressalta-se que o modelo explicou 87,6% da variação total, confirmando que os híbridos foram avaliados sob boas condições experimentais (Tabela 8). É oportuno comentar que, dos 15 experimentos de avaliação, nove foram conduzidos em propriedades de agricultores, utilizando-se os tratos culturais normalmente empregados pelos mesmos. Apesar das dificuldades de ordem prática, a representação desses ambientes aumenta a probabilidade de sucesso no desenvolvimento de cultivares superiores, uma vez que é a condição para a qual se pretende recomendar (Ceccarelli et al., 2006).

Foi constatado, na análise de variância conjunta, que a fonte de variação ambientes foi significativa pelo teste de F ( $P \leq 0,01$ ) (Tabela 8), com produtividade média variando de 4549 kg/ha, no ambiente 3 a 13192 kg/ha, no

ambiente 7. Esse fato era esperado, uma vez que as condições ambientais diferiram bastante em relação a alguns fatores, como a fertilidade do solo, o espaçamento entre plantas e a época de semeadura.

As demais fontes de variação também apresentaram significância pelo teste de F ( $P \leq 0,01$ ). Infere-se, portanto, que há diferença entre os híbridos avaliados e que o desempenho desses híbridos não foi coincidente nos diferentes ambientes. Verificou-se também que a média dos híbridos simples diferiu da média dos híbridos duplos, tendo o desempenho desses diferentes tipos de híbridos variado em função do ambiente (Tabela 8).

A superioridade dos híbridos simples em relação aos híbridos duplos foi, em média, de 6,9%, considerando todos os ambientes. O híbrido simples mais produtivo (AG 8060) foi 3,3% superior ao híbrido duplo de melhor desempenho (AG 8060 x 30F87) (Tabelas 8 e 9), contudo, formaram um único grupo pelo teste de Scott & Knott (1974). Resultados semelhantes foram relatados por Wricke & Weber (1986) em um estudo teórico de comparação de diferentes tipos de híbridos. Estes autores consideraram que, se os valores genotípicos de híbridos simples seguem uma distribuição normal, a média dos diferentes tipos de híbridos pode ser predita. No exemplo apresentado por Wricke & Weber (1986), o híbrido simples mais produtivo foi 3% superior ao híbrido duplo de melhor desempenho, valor muito próximo ao obtido no presente trabalho.

No Brasil, tem-se constatado uma rápida substituição dos híbridos duplos pelos triplos e simples. Em consequência, nota-se uma tendência de elevação no custo das sementes híbridas, o que inviabiliza a sua adoção por um grande contingente de agricultores (Cruz & Pereira Filho, 2006). Dessa forma, é importante levar em consideração, no momento da recomendação da cultivar, se o maior potencial produtivo dos híbridos simples compensaria o maior custo das sementes.



TABELA 8. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de espigas despalhadas (kg/ha) de dez híbridos simples (HS) e 45 híbridos duplos (HD) de milho, avaliados em 15 ambientes, no ano agrícola de 2005/2006.

<b>F.V.</b>	<b>G.L.</b>	<b>QM</b>
AMBIENTES (A)	14	794873096**
REPETIÇÃO/AMBIENTE	29	6585709**
HÍBRIDOS (H)	54	18097540**
HS	9	19467194**
HD	44	15885586**
HS vs HD	1	103096622**
H X A	756	2554880**
HS x A	126	2928380**
HD x A	616	2396571**
HS vs HD x A	14	6158962**
ERRO	1566	1289652
CV (%)		13,9
R <sup>2</sup> (%)		87,6
MÉDIA (kg/ha)		8162
MÉDIA HS (kg/ha)		8643
MÉDIA HD (kg/ha)		8082

\*\* Significativo, pelo teste de F, a 1% de probabilidade.

Para o estudo da estabilidade dos híbridos, adotou-se o método de Wricke (1965). Verificou-se, pelas estimativas de ecovalência ( $W_i$ ), que os híbridos duplos (HD) contribuíram, em média, com 1,73% para a interação genótipos x ambientes, e os híbridos simples (HS), com 2,20% (Tabela 9). Essa diferença pode parecer pequena, contudo, correspondem a estimativas de  $W_i$ , 21% inferiores para os híbridos duplos, em relação às obtidas pelos híbridos simples.

TABELA 9. Produtividade média de espigas despalhadas (PED), em kg/ha e estimativas da contribuição para a interação genótipos x ambientes ( $W_i$ ) obtidas na avaliação de híbridos de milho, envolvendo 15 ambientes, no ano agrícola de 2005/2006.

HÍBRIDO	PED (kg/ha)	$W_i$ (%)	HÍBRIDO	PED (kg/ha)	$W_i$ (%)
DKB 199	9013b <sup>1/</sup>	2,24	A 2555 x DOW 657	6531g	0,07
30F90	9054b	2,54	A 2555 x AG 8060	7907e	1,88
A 2555	7923e	2,33	A 2555 x 30F87	8007e	2,41
DKB 333B	9187b	2,59	A 2555 x DOW 8420	8242d	2,08
DOW 657	7475e	2,21	A 2555 x 30K75	7783e	1,99
AG 8060	9656a	0,55	A 2555 x AG 7000	8060d	2,46
30F87	8870c	1,92	DKB 333B x DOW 657	7971e	3,59
DOW 8420	8187d	2,34	DKB 333B x AG 8060	8388c	2,96
30K75	8225d	3,00	DKB 333B x 30F87	7163f	0,29
AG 7000	8839c	2,30	DKB 333B x DOW 8420	7718e	0,96
DKB 199 x 30F90	8973b	1,56	DKB 333B x 30K75	8497c	2,25
DKB 199 x A 2555	8243d	1,27	DKB 333B x AG 7000	7004f	0,75
DKB 199 x DKB 333B	6678g	1,17	DOW 657 x AG 8060	8397c	1,86
DKB 199 x DOW 657	7929e	1,45	DOW 657 x 30F87	8137d	2,74
DKB 199 x AG 8060	9036b	1,16	DOW 657 x DOW 8420	7723e	1,47
DKB 199 x 30F87	7958e	1,45	DOW 657 x 30K75	7956e	2,28
DKB 199 x DOW 8420	8655c	1,88	DOW 657 x AG 7000	8177d	1,41
DKB 199 x 30K75	8264d	2,06	AG 8060 x 30F87	9344a	0,32
DKB 199 x AG 7000	6635g	0,36	AG 8060 x DOW 8420	8272d	2,05
30F90 x A 2555	8341d	1,83	AG 8060 x 30K75	8320d	1,68
30F90 x DKB 333B	8875c	1,80	AG 8060 x AG 7000	8868c	1,02
30F90 x DOW 657	7971e	2,49	30F87 x DOW 8420	7538e	0,98
30F90 x AG 8060	8618c	1,85	30F87 x 30K75	8019e	1,25
30F90 x 30F87	8738c	1,58	30F87 x AG 7000	8101d	3,49
30F90 x DOW 8420	8217d	2,12	DOW 8420 x 30K75	7885e	2,14
30F90 x 30K75	8008e	1,63	DOW 8420 x AG 7000	8157d	1,58
30F90 x AG 7000	8597c	2,91	30K75 x AG 7000	8004e	1,36
A 2555 x DKB 333B	7790e	2,11			

<sup>1/</sup> Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott & Knott (1974), a 5% de probabilidade.

Na literatura, são encontrados estudos com o objetivo de verificar se a estrutura genética de uma população confere-lhe maior estabilidade. No caso do milho, um híbrido duplo apresenta maior heterogeneidade que um híbrido simples; conseqüentemente, deve possuir maior homeostase populacional (Allard & Bradshaw, 1964).

A maior estabilidade dos híbridos duplos de milho tem sido relatada na literatura (Guillen-Portal et al., 2003; Schnell & Becker, 1986), indicando que a homeostase populacional é importante para a obtenção de cultivares estáveis. Entretanto, podem ser identificados híbridos simples tão estáveis quanto os duplos para o mesmo caráter (Carvalho et al., 2005). No presente trabalho, identificaram-se híbridos simples com estimativas de  $W_i$  equivalentes às dos híbridos duplos, como o híbrido AG 8060, que contribuiu com 0,55% para a interação genótipos x ambientes (Tabela 9).

O híbrido duplo A 2555 x DOW 657 foi o mais estável, apresentando menor contribuição para a interação genótipos x ambientes (Tabela 9), entretanto, está entre os de menor produtividade média de espigas despalhadas. Esse tipo de estabilidade é referido, por Lin et al. (1986), como estabilidade biológica. A utilização de híbridos que apresentam estabilidade do tipo biológica não é desejável, pois, normalmente, está associada a baixas produtividades (Cruz et al., 2004).

Na Tabela 10 está apresentada a estimativa do parâmetro de adaptabilidade e estabilidade ( $P_i$ ) de Lin & Binns (1988b). O híbrido AG 8060 (HS) apresentou o melhor desempenho, seguido do híbrido DKB 333B (HS) e do híbrido AG 8060 x 30F87 (HD). Constatou-se que, na média, os híbridos simples obtiveram menores estimativas de  $P_i$ , em comparação aos híbridos duplos, ou seja, apresentaram menores desvios, em relação ao desempenho máximo em cada ambiente.

Considerando os critérios produtividade média de espigas despalhadas, contribuição para a interação genótipos x ambientes e a estimativa do desvio em relação ao máximo em cada ambiente, os híbridos que se destacaram foram o AG 8060 (HS) e AG 8060 x 30F87 (HD), associando alta produtividade média, baixa estimativa de  $P_1$  e estabilidade de produção nos ambientes avaliados (Tabela 9 e 10).

Na comparação dos híbridos simples e duplos de milho, verificou-se que podem ser selecionados híbridos estáveis e produtivos, independente da estrutura genética. Desse modo, para os agricultores que utilizam altos níveis de tecnologia, objetivando máxima produtividade e uniformidade, a utilização de híbridos simples é justificável. Contudo, a utilização dos híbridos duplos pode ser vantajosa para condições de baixo investimento (Ribeiro, 1998), principalmente com o emprego da geração  $F_2$  ou das populações em equilíbrio, para a produção de sementes híbridas (Souza Sobrinho, 2001).

TABELA 10. Estimativas do parâmetro de adaptabilidade e estabilidade de Lin & Binns (1988b), obtidas na avaliação de híbridos de milho, envolvendo 15 ambientes no ano agrícola de 2005/2006.

HÍBRIDO	P <sub>i</sub>	Valor-p <sup>1/</sup>	HÍBRIDO	P <sub>i</sub>	Valor-p <sup>1/</sup>
DKB 199	19539	0,50	A 2555 x DOW 657	93828	0,00
30F90	19982	0,46	A 2555 x AG 8060	47787	0,00
A 2555	40605	0,00	A 2555 x 30F87	41234	0,00
DKB 333B	10133	0,99	A 2555 x DOW 8420	31469	0,01
DOW 657	58442	0,00	A 2555 x 30K75	46067	0,00
AG 8060	7874	1,00	A 2555 x AG 7000	43484	0,00
30F87	19926	0,46	DKB 333B x DOW 657	44192	0,00
DOW 8420	38785	0,00	DKB 333B x AG 8060	30317	0,01
30K75	36079	0,00	DKB 333B x 30F87	63821	0,00
AG 7000	22521	0,27	DKB 333B x DOW 8420	47703	0,00
DKB 199 x 30F90	13528	0,91	DKB 333B x 30K75	22229	0,29
DKB 199 x A 2555	29072	0,03	DKB 333B x AG 7000	72590	0,00
DKB 199 x DKB 333B	80714	0,00	DOW 657 x AG 8060	30651	0,01
DKB 199 x DOW 657	38932	0,00	DOW 657 x 30F87	41148	0,00
DKB 199 x AG 8060	14848	0,85	DOW 657 x DOW 8420	48874	0,00
DKB 199 x 30F87	38877	0,00	DOW 657 x 30K75	39108	0,00
DKB 199 x DOW 8420	24865	0,14	DOW 657 x AG 7000	31073	0,01
DKB 199 x 30K75	26147	0,09	AG 8060 x 30F87	11553	0,97
DKB 199 x AG 7000	84312	0,00	AG 8060 x DOW 8420	34819	0,00
30F90 x A 2555	30072	0,02	AG 8060 x 30K75	29478	0,02
30F90 x DKB 333B	17848	0,65	AG 8060 x AG 7000	19040	0,54
30F90 x DOW 657	41365	0,00	30F87 x DOW 8420	55476	0,00
30F90 x AG 8060	23748	0,19	30F87 x 30K75	38093	0,00
30F90 x 30F87	20013	0,46	30F87 x AG 7000	40311	0,00
30F90 x DOW 8420	40917	0,00	DOW 8420 x 30K75	48121	0,00
30F90 x 30K75	39461	0,00	DOW 8420 x AG 7000	38053	0,00
30F90 x AG 7000	26672	0,07	30K75 x AG 7000	44314	0,00
A 2555 x DKB 333B	46095	0,00			

<sup>1/</sup> Nível crítico para testar a hipótese de que um genótipo não desvia do desempenho máximo.

## 4.2 Análise dialélica de híbridos comerciais de milho

Os resumos das análises de variância individuais com a decomposição do efeito de híbridos em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) são apresentados na Tabela 2A. Foram constatadas diferenças significativas ( $P \leq 0,05$ ) em 13 dos 15 experimentos, para as fontes de variação CGC e CEC (Tabela 2A).

Na análise de variância conjunta, envolvendo os 15 ambientes foram detectadas diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) para todas as fontes de variação. Infere-se, portanto, que os genitores em avaliação diferem nas suas frequências alélicas médias, contribuindo diferentemente para os cruzamentos em que eles estão envolvidos e que as combinações híbridas apresentaram desempenhos diferentes dos esperados somente pelos efeitos das CGC. Os efeitos significativos das fontes de variação CGC x A e CEC x A indicam que tanto os efeitos das CGC quanto os da CEC não foram coincidentes nos ambientes avaliados (Tabela 11).

O componente quadrático referente à CEC ( $\hat{\phi}_k$ ), foi 4,1 vezes superior ao componente quadrático referente à CGC ( $\hat{\phi}_k$ ), indicando que os efeitos não aditivos foram mais importantes que os efeitos aditivos. É importante comentar que as estimativas das capacidades gerais de combinação são funções das diferenças genéticas dos genitores e do efeito médio de uma substituição alélica,  $CGC_i = (p_i - \bar{p})[a + (1 - 2\bar{t})d]$  ou  $CGC_j = (p_j - \bar{p})[a + (1 - 2\bar{t})d]$ , e estão associadas aos efeitos aditivos (Hallauer & Miranda Filho, 1988; Vencovsky, 1987). As capacidades específicas de combinação, por sua vez, são funções dos efeitos de dominância e do produto das diferenças de frequências alélicas dos genitores,  $CEC = 2d[(p_i - \bar{p})(\bar{t} - t_i)]$ , fazendo com que as mesmas estejam relacionadas aos efeitos de dominância e epistáticos (Hallauer & Miranda Filho,

1988; Vencovsky, 1987). A predominância dos efeitos não aditivos, assim como constatado no presente trabalho, tem sido relatada na literatura (Fuzatto et al., 2002; Machado et al., 2006).

As estimativas das capacidades gerais de combinação ( $\hat{g}_i$ ) dos híbridos avaliados variaram de -358,1 a 540,4. As maiores estimativas foram obtidas pelos híbridos AG 8060 e 30F90, indicando que esses híbridos possuem alta frequência de alelos favoráveis para a produtividade de espigas (Tabela 12). É conveniente salientar que esses dois genitores, que obtiveram as maiores estimativas de  $\hat{g}_i$ , também foram os que apresentaram as maiores produtividades.

Em relação às estimativas de capacidades específicas de combinação, verificou-se que 15% foram significativamente diferentes de zero ( $P \leq 0,05$ ). A porcentagem de estimativas positivas foi de 38% e negativas de 62%, variando de -1532,7 a 1619,4 (Tabela 12).

Constatou-se, ainda, que a estimativa da capacidade específica de combinação de um genitor com ele mesmo ( $\hat{s}_{ii}$ ) foi positiva para todos os casos (Tabela 12). Segundo Cruz & Vencovsky (1989), isso é um indicativo de dominância unidirecional no sentido de diminuir a expressão do caráter. Esse resultado era esperado, uma vez que os genitores em avaliação eram híbridos simples, com alto potencial produtivo, logo os híbridos duplos oriundos do cruzamento desses híbridos deveriam apresentar menores produtividades, como constatado no presente trabalho.

Foram identificados genitores que, além de possuir alta estimativa de  $\hat{g}_i$ , produzem combinações híbridas superiores. Dentre essas, se destacaram as combinações AG8060 x 30F87, DKB 199 x 30F90, DKB 199 x AG 8060 e 30F90 x AG 8060, que apresentaram alta produtividade, alta frequência de alelos favoráveis dos seus genitores e possibilidade de exploração da heterose de forma satisfatória (Tabela 12).

TABELA 11. Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de espigas despalhadas (kg/ha), com decomposição do efeito de híbridos na capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, obtida na avaliação do cruzamento dialélico entre dez genitores de milho envolvendo 15 ambientes, no ano agrícola de 2005/2006.

<b>F.V.</b>	<b>G.L.</b>	<b>QM</b>
AMBIENTES (A)	14	794873096**
REPETIÇÃO/AMBIENTE	29	6585709**
HÍBRIDOS (H)	54	18097540**
CGC	9	39020099**
CEC	45	14193119**
H X A	756	2554880**
CGC x A	126	5159456**
CEC x A	630	2033964**
ERRO	1566	1289652
CV (%)		13,9
R <sup>2</sup> (%)		87,6
MÉDIA (kg/ha)		8162

\*\* Significativo, pelo teste de F, a 1% de probabilidade.



TABELA 12. Efeitos das capacidades gerais ( $\hat{g}_i$ ) e específicas de combinação ( $\hat{\delta}_{ij}$ ) para a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha), nos 15 ambientes de condução dos experimentos, no ano agrícola de 2005/2006.

GENITOR	DKB 199	30F90	A 2555	DKB 333B	DOW 657	AG 8060	30F87	DOW 8420	30K75	AG 7000	$\hat{g}_i$
<b>DKB 199</b>	789,4*	365,1 <sup>ns</sup>	302,9 <sup>ns</sup>	-1376,2**	79,5 <sup>ns</sup>	237,4 <sup>ns</sup>	-325,6 <sup>ns</sup>	550,3 <sup>ns</sup>	120,6 <sup>ns</sup>	-1532,7**	22,6 <sup>ns</sup>
<b>30F90</b>		129,0 <sup>ns</sup>	75,0 <sup>ns</sup>	451,1 <sup>ns</sup>	-218,8 <sup>ns</sup>	-440,3 <sup>ns</sup>	140,4 <sup>ns</sup>	-236,3 <sup>ns</sup>	-471,7 <sup>ns</sup>	77,5 <sup>ns</sup>	359,4**
<b>A 2555</b>			319,0 <sup>ns</sup>	-26,2 <sup>ns</sup>	-1002,9**	-525,3 <sup>ns</sup>	34,0 <sup>ns</sup>	431,3 <sup>ns</sup>	-96,0 <sup>ns</sup>	169,2 <sup>ns</sup>	-275,7**
<b>DKB 333B</b>				1268,6**	250,5 <sup>ns</sup>	-178,9 <sup>ns</sup>	-965,0**	-226,1 <sup>ns</sup>	542,9 <sup>ns</sup>	-1009,3**	-123,3 <sup>ns</sup>
<b>DOW 657</b>					18,3 <sup>ns</sup>	2,7 <sup>ns</sup>	278,9 <sup>ns</sup>	-8,6 <sup>ns</sup>	176,7 <sup>ns</sup>	405,5 <sup>ns</sup>	-358,1**
<b>AG 8060</b>						424,7 <sup>ns</sup>	532,0 <sup>ns</sup>	-334,2 <sup>ns</sup>	-358,7 <sup>ns</sup>	216,2 <sup>ns</sup>	540,4**
<b>30F87</b>							573,8 <sup>ns</sup>	-630,1 <sup>ns</sup>	-150,5 <sup>ns</sup>	-61,8 <sup>ns</sup>	69,6 <sup>ns</sup>
<b>DOW 8420</b>								212,6 <sup>ns</sup>	-124,6 <sup>ns</sup>	153,2 <sup>ns</sup>	-97,8 <sup>ns</sup>
<b>30K75</b>									199,4 <sup>ns</sup>	-37,3 <sup>ns</sup>	-78,5 <sup>ns</sup>
<b>AG 7000</b>										1619,4*	-58,6 <sup>ns</sup>

\* e \*\* Significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5% e a 1 % de probabilidade, respectivamente.

<sup>ns</sup> Não significativo.

### 4.3 Estabilidade dos efeitos da capacidade de combinação

Admitindo que a estabilidade esteja sob controle genético, os melhoristas deveriam incluir, como critério de escolha de genitores para a formação de uma população base para os programas de melhoramento, aqueles que possuam estabilidade de parâmetros que auxiliem em tal escolha, como os parâmetros da análise dialélica. No estudo da estabilidade dos parâmetros da análise dialélica do método II de Griffing constatou-se que tanto os efeitos da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ) quanto os efeitos da capacidade específica de combinação ( $\hat{s}_{ij}$ ) variaram em função do ambiente, contribuindo de forma diferenciada para a interação.

Na Tabela 13, estão apresentados os valores da ecovalência ( $W_i$ ), para os efeitos da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ), bem como suas estimativas. Os valores de  $W_i$  para os efeitos de  $\hat{g}_i$  variaram de 3% a 13,8%. Constatou-se que o híbrido AG 8060 associa estabilidade do efeito de capacidade geral de combinação a uma estimativa de alta magnitude, sendo promissor para a formação de populações base para a extração de linhagens que gerem híbridos estáveis e produtivos.

TABELA 13. Efeitos das capacidades gerais de combinação ( $\hat{g}_i$ ) e respectivas estimativas da ecovalência ( $W_i$ ), obtidas na avaliação do cruzamento dialélico entre dez genitores de milho, envolvendo 15 ambientes, no ano agrícola de 2005/2006.

<b>Genitor</b>	$\hat{g}_i$	$W_i$ (%)
DKB 199	22,6	9,5
30F90	359,4	9,9
A 2555	-275,7	10,1
DKB 333B	-123,3	13,8
DOW 657	-358,1	8,2
AG 8060	540,4	3,0
30F87	69,6	12,6
DOW 8420	-97,8	12,3
30K75	-78,5	7,0
AG 7000	-58,6	13,6

Para o efeito da capacidade específica de combinação ( $\hat{s}_{ij}$ ), os valores de  $W_i$  variaram de 0,18% a 3,92%. Foi verificado que os efeitos de  $\hat{s}_{ij}$  com as menores contribuições para a interação normalmente estão associados a estimativas de baixa magnitude, como no caso dos efeitos  $s_{1.10}$ ,  $s_{3.5}$  e  $s_{4.7}$ , que contribuíram com menos de 0,50% para a interação, porém, apresentaram estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  iguais a -1532,7, -1002,9 e -965,0, respectivamente (Tabela 14).

TABELA 14. Efeitos das capacidades específicas de combinação ( $\hat{s}_{ij}$ ) e respectivas estimativas da ecovalência ( $W_i$ ), obtidos na avaliação do cruzamento dialélico entre dez genitores de milho, envolvendo 15 ambientes, no ano agrícola de 2005/2006.

$\hat{s}_{ij}$ <sup>1/</sup>	Estimativa	$W_i$ (%)	$\hat{s}_{ij}$ <sup>1/</sup>	Estimativa	$W_i$ (%)
S1.1	789,4	0,92	S4.5	250,5	3,92
S1.2	365,1	1,94	S4.6	-179,0	3,01
S1.3	302,9	1,67	S4.7	-965,0	0,47
S1.4	-1376,2	0,74	S4.8	-226,1	0,86
S1.5	79,5	1,97	S4.9	542,9	1,99
S1.6	237,4	2,49	S4.10	-1009,3	1,15
S1.7	-325,6	1,82	S5.5	18,3	2,35
S1.8	550,3	0,83	S5.6	2,7	1,54
S1.9	120,6	2,19	S5.7	278,9	2,74
S1.10	-1532,7	0,18	S5.8	-8,6	0,79
S2.2	129,0	2,64	S5.9	176,7	1,5
S2.3	75,0	2,29	S5.10	405,5	1,31
S2.4	451,1	1,41	S6.6	424,7	1,96
S2.5	-218,8	2,07	S6.7	532,0	1,22
S2.6	-440,3	1,62	S6.8	-334,2	1,58
S2.7	140,4	2,18	S6.9	-358,7	1,13
S2.8	-236,3	1,36	S6.10	216,2	2,18
S2.9	-471,7	1,06	S7.7	573,8	1,91
S2.10	77,5	2,62	S7.8	-630,1	1,49
S3.3	319,0	2,27	S7.9	-150,5	1,67
S3.4	-26,2	1,91	S7.10	-61,8	1,82
S3.5	-1002,9	0,40	S8.8	212,6	1,63
S3.6	-525,3	2,38	S8.9	-124,6	2,63
S3.7	34,0	2,28	S8.10	153,2	1,61
S3.8	431,3	1,43	S9.9	199,4	3,11
S3.9	-96,0	2,98	S9.10	-37,3	2,24
S3.10	169,2	2,46	S10.10	1619,4	3,01
S4.4	1268,6	1,08			

<sup>1/</sup> Os índices i e j referem-se aos genitores do dialelo, conforme numeração apresentada na Tabela 5.

## 5 CONCLUSÕES

Os híbridos duplos foram, em média, mais estáveis, contudo, identificaram-se híbridos simples tão estáveis quanto os duplos, como, por exemplo, o híbrido AG 8060.

Os efeitos não aditivos foram mais importantes que os efeitos aditivos para a variação dos híbridos. Os genitores com as maiores estimativas do efeito da capacidade geral de combinação (CGC) foram AG 8060 e 30F90.

O genitor AG 8060 associa alta estimativa do efeito da CGC à estabilidade desse parâmetro.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADAMS, M. W.; SHANK, D. B. The relationship of heterozygosity to homeostasis in maize hybrids. **Genetics**, Baltimore, v. 44, n. 5, p. 777-786, 1959.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environment interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, July/Aug. 1964.
- ARAÚJO, J. S. **Ganhos genéticos obtidos em híbridos e variedades de milho representativos de três décadas de melhoramento no Brasil**. 1995. 64 p. Dissertação (Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- BECKER, H. C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, n. 1, p. 1/23. Aug. 1988.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, Minnesota, 2002. 368 p.
- BÉTRAN, F. J.; BECK, D.; BANZIGER, M.; EDMEDS, G. O. Genetic analysis of inbred and hybrid grain yield under stress and nonstress environments in tropical maize. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 807-817. May/June 2003.
- CAMPOS, H. **Estatística experimental não paramétrica**. Piracicaba: ESALQ, 1983. 349 p.
- CARVALHO, H. W. L. de; CARDOSO, M. J.; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos; TABOSA, J. N.; SOUZA, E. M. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 5, p. 471-477, maio 2005.
- CECCARELLI, S.; GRANDI, S.; BAUM, M. Plant breeding for dry areas In: **Anais do X Simpósio Sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras: UFLA, 2006. p. 29-57.
- CROWLEY, P. H. Resampling methods for computation-intensive data analysis in ecology and evolution. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 23, p. 405-447, 1992.

- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. de S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003, v. 2. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. de S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480 p.
- CRUZ, C. D.; VENCOSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 425-438, jun. 1989.
- CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Cultivares de milho disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2006/07**. 2006. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 31 jan. 2007.
- DUVICK, D. N. Biotechnology in the 1930's: the development of hybrid maize. **Nature Reviews Genetics**, Hampshire, v. 2, n. 1, p. 69-74, Jan. 2001.
- DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.), **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 86, p. 83-145, 2005.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Yield stability for a 10-line diallel of single-cross and double-cross maize hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 9, n. 3, p. 357-361, May/June 1969.
- FERNANDES, J. S. C.; FRAZON, J. F. Thirty years of genetic progress in maize (*Zea mays* L.) in a tropical environment. **Maydica**, Bergamo, v. 42, n. 1, p. 21-27, May/June 1997.
- FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype x environment interaction. In: KENPTON R. A.; FOX, P. N. [Eds.] **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman and Hall, 1997. p. 117-138.
- FOX, P. N.; SKOVMAND, B.; THOMPSON, B. K.; BRAUN, H. J.; CORMIER, R. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. **Euphytica**, Dordrecht, v. 47, n. 1, p. 57-64, Apr. 1990.
- FUZATTO, S. R.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 1, p. 22-32, jan./fev. 2002.

- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. **Biometrics**, Alexandria, v.22, n. 3, p. 439-452, Sept. 1966.
- GHOSH, D. K.; BISWAS, P. C. Complete diallel crosses plans through balanced incomplete block designs. **Journal of Applied Statistics**, Hants, v. 30, n. 6, p. 697-708, July 2003.
- GRIFFING, B. A. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, East Melbourne, v. 9, p. 463-493, 1956.
- GUILLEN-PORTAL, F. R.; RUSSELL, W. K.; BALTENSBERGER, D. D.; ESKRIDGE, K. M.; D'CROZ-MASON, N. E.; NELSON, L. A. Best types of maize hybrids for the western high plains of the USA **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 6, p. 2065-2070, Nov./Dec.2003.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Baltimore, v. 39, n. 6, p. 789-809, 1954.
- HUEHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part I: Theory. **Euphytica**, Dordrecht, v. 47, n. 3, p. 189-194, June 1990.
- JONES, D. F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agricultural Experimental Station Bulletin**, New Haven, p. 5-100, 1918.
- KANG, M. S. A rank-sum method for selecting high-yielding, stable corn genotypes. **Cereal Research Communications**, Szeged, v. 16, n. 1/2, p. 113-115, 1988.
- KANG M. S.; GAUCH Jr., H. G. **Genotype by environment interaction**. New York: CRC Press, 1996. 416 p.
- KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. **Biometrics**, Alexandria, v. 17, n. 2, p. 229-250, 1961.
- KOUTSIKA-SOTIRIOU, M. S.; KARAGOUNIS, C. A. Assessment of maize hybrids. **Maydica**, Bergamo, v. 50, n. 1, p. 63-70, 2005.



LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "Bootstrap" no modelo AMMI**. 2003. 166 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.

LANGER, I; FREY, K. J.; BAILEY, T. Associations among productivity, production response and stability indexes in oat varieties. **Euphytica**, Dordrecht, v. 28, n. 1, p. 17-24, 1979.

LONG, J. K.; BANZIGER M.; SMITH M. E. Diallel analysis of grain iron and zinc density in southern African-adapted maize inbreds. **Crop Science**, Madison v. 44, n. 6, p. 2019-2026, Nov./Dec. 2004.

LEE, E. A.; DOERKSEN, T. K.; KANNENBERG, L. W. Genetic components of yield stability in maize breeding populations. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 6, p. 2018-2027, Nov./Dec. 2003.

LEMOES, M. A.; GAMA, E. E. G. e; MENEZES, D.; SANTOS, V. F. dos; TABOSA, J. N. Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialelo completo. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 167-170, jun. 2002.

LIN, C. S.; BINNS M. R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 3, p. 425-430, 1988a.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis: where do we stand? **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 5, p. 894-900, Sept./Oct. 1986.

LIN, C. S.; BINNS M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, n. 3, n. 1, p. 193-198, Jan. 1988b.

MACHADO, J. C.; SOUZA, J. C. de; LIMA, J. L.; REIS, M. C. dos; Capacidade de combinação entre híbridos de milho no sul de Minas Gerais. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 26., 2006, Belo Horizonte, **Resumos...** Sete Lagoas: ABMS, 2006. 1CD-ROM.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M.; BULACIO, A. N. R.; ALMADA, G. H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar I: Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, Tucumán, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. Ithaca: Cornell University Press, 1971. 382p.

MATHESON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **Commonwealth Forestry Review**, Oxford, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986.

MELANI, M. D.; CARENA M. J. Alternative maize heterotic patterns for the northern Corn Belt. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 6, p. 2186-2194, Nov./Dec. 2005.

MELO, W. M. C.; VON PINHO, R. G.; FERREIRA, D. F. Capacidade combinatória e divergência genética em híbridos comerciais de milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 821-830, jul./ago. 2001.

MIRANDA FILHO, J. B. de.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 7, n. 4, p. 677-688, Dec. 1984.

MIRANDA FILHO, J. B. de; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 649-671.

MIRANDA FILHO, J. B. de; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. [Ed.]. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 275-340.

OLIVEIRA, A. C. **Comparação de alguns métodos de determinação da estabilidade em plantas cultivadas**. 1976. 64 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Universidade de Brasília, Brasília, DF.

PACHECO, C. A. P. **Associação das metodologias de análise dialélica de Griffing e de análise de adaptabilidade e de estabilidade de Eberhart e Russell**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

PACHECO, C. A. P.; CRUZ, C. D.; SANTOS, M. X. dos. Association between Griffing's diallel and the adaptability and stability of Eberhart and Russel. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 22, n. 3, p. 451-456, Sept. 1999.

PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. **Critical Review in Plant Sciences**, Philadelphia, v. 9, n. 2, p. 125-154, 1990.

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

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Use of heterosis in maize breeding: history, methods and perspectives: A review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 1, n. 2, p. 159-178, Apr./June 2001.

PEGORARO, D. G.; BARBOSA NETO, J. F.; DAL SOGLIO, F. K.; VACARO, E.; NUSS, C. N. ; CONCEIÇÃO, L. D. H. Herança da resistência à mancha foliar de feosféria em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 329-336, mar. 2002.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Áustria: R Foundation for Statistical Computing, 2006.

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

RIBEIRO, P. H. E. **Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho em diferentes épocas de semeadura, níveis de adubação e locais do estado de Minas Gerais**. 1998. 126 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

RODRIGUES, M. C.; CHAVES, L. J.; PACHECO, C. A. P. Heterosis in crosses among white grain maize populations with high quality protein. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 59-66, jan. 2006.

ROSSE, L. N. **Modelo de regressão não-linear aplicado na avaliação da estabilidade fenotípica em plantas**. 1999. 179 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

SABAGHNIA, N.; DEGHANI, H.; SABAGHPOUR, S. H. Nonparametric methods for interpreting genotype x environment interaction of lentil genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 3, p. 1100-1106, May/June 2006.

SAEED, M. T.; SALEEM, M.; AFZAL, M. Genetic analysis of yield and its components in maize diallel crosses (*Zea mays* L.). **International Journal of Agriculture & Biology**, Hamilton, v. 2, n. 4, p. 376-378. 2000.

SANTOS, J. B. dos. **Controle genético de caracteres agronômicos e potencialidades de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para o**

**melhoramento genético**. 1984. 223 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT User’s Guide, Version 8**. Cary, 2000.

SCHMILDT, E. R. **Correção de rendimento de parcelas, estratificação ambiental e adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho**. 2000. 110 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

SCHNELL, F. W.; BECKER, H. C. Yield and yield stability in a balanced system of widely differing population structures in *Zea mays* L.. **Plant Breeding**, Berlin, v. 97, n. 1, p. 30-38, 1986.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, Sept. 1974.

SHUKLA, G. K. Some aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. **Heredity**, London, v. 28, p. 237-245, Oct. 1972.

SILVA, S. D. A. e; SERENO, M. J. C. M.; SILVA, C. F. L; BARBOSA NETO, J. F. Capacidade combinatória de genótipos de milho para tolerância ao encharcamento do solo. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 2, p. 391-396, mar./abr. 2006.

SOUZA JUNIOR, C. L.; VENCOVSKY, R. Covariância entre parentes na presença da interação genótipos x ambientes. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA A EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 3., **Resumos...** Lavras: ESAL, 1989. p. 50-51.

SOUZA SOBRINHO, F. de. **Divergência genética de híbridos simples e alternativa para obtenção de híbridos duplos de milho**, 2001. 96 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

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

STORCK, L.; BISOGNIN, D. A.; CARGNELUTTI FILHO, A. Ganho genético decorrente da substituição anual de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 9, p. 881-886, set. 2005.

TORRES, R. A. de A. **Estudo do controle genético da estabilidade fenotípica de cultivares de milho (*Zea mays* L.)**. 1988. 133 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

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

TROYER, A. F. Background of U. S. hybrid corn. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 3, p. 601-626, May/June 1999.

USDA-NASS. **USDA National Agricultural Statistics Service**. 2006. Disponível em: <[http://www.nass.usda.gov/QuickStats/PullData\\_US.jsp](http://www.nass.usda.gov/QuickStats/PullData_US.jsp)>. Acesso em: 29 nov. 2006.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., VIÉGAS, G.P. [Ed.]. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas : Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A. R.; GARCIA, J. C.; TEIXEIRA, N. M. Avaliação do progresso genético devido ao melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1986, Belo Horizonte. **Anais...** Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS, 1988.

VERONESI, J. A. **Comparação de métodos e avaliação da adaptabilidade e estabilidade de comportamento de vinte genótipos de milho (*Zea mays* L.) em dez ambientes do estado de Minas Gerais**. 1995. 90 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG.

WEATHERSPOON, J. H. Comparative yields of single, three-way, and double crosses of maize. **Crop Science**, Madison, v. 10, n. 2, p. 157-159. Mar./Apr. 1970.

WELCKER, C.; THE, C.; ANDREAU, B.; DE LEON, C.; PARENTONI, S. N.; BERNAL, J.; FÉLICITÉ, J.; ZONKENG, C.; SALAZAR, F.; NARRO, L.; CHARCOSSET, A.; HORST, W. J. Heterosis and combining ability for maize adaptation to tropical acid soils: implications for future breeding strategies. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 6, p. 2405-2413, Nov./Dec. 2005.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer. **Zeitschrift für Pflanzenzuchtung**, Hamburg, v. 52, n. 2, p. 127-138, 1965.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: W. de Gruyter, 1986. 406 p.

ZHANG, Y.; KANG, M. S.; LAMKEY, K. R. Diallel-SAS05: a comprehensive program for griffing's and gardner-eberhart analyses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 97, p. 1097-1106, 2005.

## ANEXOS

TABELA 1A.	Resumos das análises individuais, por ambientes, para a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha) obtidas na avaliação de dez híbridos simples (HS) e 45 híbridos duplos (HD) de milho, no ano agrícola de 2005/2006.....	54
TABELA 2A.	Resumos das análises individuais, para a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha) com decomposição do efeito de híbridos na capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, obtidas na avaliação do cruzamento dialélico entre dez genitores de milho, no ano agrícola de 2005/2006.....	57
ROTINA 1.	Rotina utilizada para a obtenção da estimativa da ecovalência ( $W_i$ ), de Wricke (1965), utilizando estatística não-paramétrica, com o auxílio do aplicativo computacional R.....	58
ROTINA 2.	Rotina utilizada para a obtenção dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de Lin & Binns (1988b), utilizando estatística não-paramétrica, com o auxílio do aplicativo computacional R.....	63

TABELA 1A. Resumos das análises individuais, por ambientes, para a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha) obtidas na avaliação de dez híbridos simples (HS) e 45 híbridos duplos (HD) de milho, no ano agrícola de 2005/2006.

F.V.	AMBIENTES				
	1	2	3	4	5
HÍBRIDOS	10676229**	2384802**	924703**	1247119**	3074601**
HS	4440473 <sup>ns</sup>	3660722**	1292575**	676938 <sup>ns</sup>	4398337**
HD	10614596**	2170705**	860476**	947837*	2870591*
HS vs HD	69509889**	321759 <sup>ns</sup>	439859 <sup>ns</sup>	19547130**	137412 <sup>ns</sup>
ERRO	2333345	699880	296402	416969	1692794
CV (%)	14,1	13,5	12,0	12,5	20,8
R <sup>2</sup> (%)	69,7	63,0	61,8	60,1	49,1
MÉDIA (kg/ha)	10803	6212	4549	5152	6246
MÉDIA HS (kg/ha)	12180	6306	4440	5882	6185
MÉDIA HD (kg/ha)	10497	6191	4573	4990	6260

“...continua...”



“TABELA 1A, Cont.”

F.V.	AMBIENTES				
	6	7	8	9	10
HÍBRIDOS	4337997**	6218107**	3014583**	2489157*	4671759**
HS	4504569**	5433782**	5866474**	1772356 <sup>ns</sup>	8835568**
HD	4007224**	6392960**	2334399**	2360923 <sup>ns</sup>	3037492 <sup>ns</sup>
HS vs HD	17392843**	5583476 <sup>ns</sup>	7275678**	14582653**	39105204**
ERRO	835100	1791855	912827	1606169	2243216
CV (%)	11,3	10,1	10,7	14,6	17,1
R <sup>2</sup> (%)	72,7	64,3	65,0	44,2	51,3
MÉDIA (kg/ha)	8085	13192	8896	8685	8737
MÉDIA HS (kg/ha)	8773	13582	9341	9316	9770
MÉDIA HD (kg/ha)	7932	13105	8797	8545	8508

“...continua...”

“TABELA 1A, Cont.”

F.V.	AMBIENTES				
	11	12	13	14	15
HÍBRIDOS	1860229*	4205038**	2745087**	3372170**	2877687 <sup>ns</sup>
HS	1221894 <sup>ns</sup>	7402960**	4989321**	4459572*	1922185 <sup>ns</sup>
HD	1963835*	2964374**	2260901**	3109595*	3110114 <sup>ns</sup>
HS vs HD	3046575 <sup>ns</sup>	30012939**	3851158*	5138814 <sup>ns</sup>	1250424 <sup>ns</sup>
ERRO	1136266	871661	879601	1904152	2159436
CV (%)	10,8	12,0	12,8	17,2	16,0
R <sup>2</sup> (%)	51,0	75,0	61,3	48,7	61,5
MÉDIA (kg/ha)	9876	7768	7353	8041	9166
MÉDIA HS (kg/ha)	10164	8672	7677	8415	8940
MÉDIA HD (kg/ha)	9812	7567	7281	7958	9217

\* , \*\* Significativo, a 5% e 1% de probabilidade, pelo teste de F.

<sup>ns</sup> Não significativo

TABELA 2A. Resumos das análises individuais para a produtividade de espigas despalhadas (kg/ha) com decomposição do efeito de híbridos na capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, obtidas na avaliação do cruzamento dialélico entre dez genitores de milho, no ano agrícola de 2005/2006.

F.V.	AMBIENTES				
	1	2	3	4	5
HÍBRIDOS	10676229**	2384802**	924703**	1247119**	3074601**
CGC	19519047**	7065954**	2754199**	877389*	3391938*
CEC	8907665**	1448571**	558804**	1321065**	3011133**
ERRO	2333345	699880	296402	416969	1692794
	6	7	8	9	10
HÍBRIDOS	4337997**	6218107**	3014583**	2489157*	4671759**
CGC	13565878**	16588791**	6051963**	760723.5 <sup>ns</sup>	8622292**
CEC	2492420**	4143970**	2407107**	2834844**	3881652*
ERRO	835100	1791855	912827	1606169	2243216
	11	12	13	14	15
HÍBRIDOS	1860229*	4205038**	2745087**	3372170**	2877687 <sup>ns</sup>
CGC	4529294**	11848405**	6227269**	5164352**	4284991 <sup>ns</sup>
CEC	1326416 <sup>ns</sup>	2676364**	2048651**	3013733*	2596226 <sup>ns</sup>
ERRO	1136266	871661	879601	1904152	2159436

\* , \*\* Significativo, a 5% e 1% de probabilidade, pelo teste de F.

<sup>ns</sup> Não significativo

ROTINA 1. Rotina utilizada para a obtenção da estimativa da ecovalência ( $W_i$ ), de Wricke (1965), utilizando estatística não-paramétrica, com o auxílio do aplicativo computacional R.

```
# programa para obtenção do  $W_i$  não-paramétrico de Wricke (1965)
# (Ecovalência)
# será utilizado um exemplo com 55 genótipos de milho e 15 ambientes

# Leitura dos dados
dados = read.table("milhofim.txt",header=TRUE)
dados = as.matrix(dados)
p = 55; q = 15;

# transformação em postos
Rij <- rank(dados[,3])

# Acrescentando a coluna de postos
dados = cbind(dados,Rij)

# transformando a matriz de dados em uma matriz G
# genótipos nas linhas e ambientes nas colunas
GRij = function(X,g,a,col)
{
  cont = 1
  G=matrix(0,g,a)
  for (i in 1:a)
  {
    for (j in 1:g)
    {
      G[X[cont,2],X[cont,1]] = X[cont,col]
      cont = cont + 1
    }
  }
  G
}

# função que transforma em postos os dados dos genótipos (1 a p)
# em cada ambiente e substitui o conjunto de dados na 4 col pelos Rij's
y1_a_p_em_dij = function(dad,g,a)
{
  G = GRij(dad,g,a,3)
```

```

for (j in 1:a)
{
  G[,j] = rank(G[,j])
}
GA = matrix(0,1,g*a)
cont = 1
for (i in 1:a)
{
  for (j in 1:g)
  {
    GA[cont] = G[dad[cont,2],dad[cont,1]]
    cont = cont + 1
  }
}
dad[,4] = GA
dad
}

```

# função das médias genótipos, ambientes, geral e máximo em cada

# ambiente(Mj)-entrar com matriz de postos p x q (G), p=g, q=a

Gmedia = function(G,g,a)

```

{
  # médias dos ambientes
  um = matrix(1,g,1)
  ambbar = (t(G) %*% um)/g

```

```

  # médias dos genótipos
  um = matrix(1,a,1)
  genbar = (G %*% um)/a

```

```

  # média geral
  xbargeral = mean(G)

```

```

  # Máximo Mj
  Mj = matrix(0,a)
  for (i in 1:a)
  {
    Mj[i] = max(G[,i])
  }

```

```

  # QMGA

```

```

QMGA = 0
for (i in 1:g)
{
  QMGA = QMGA + sum((G[i,]- ambbar - matrix(genbar[i],a)+
    matrix(xbargeral,a))^2)
}
QMGA = QMGA/((a-1)*(g-1))

list(Rip=genbar, Rpj=ambbar,Mj = Mj, Rpp=xbargeral,QMGA = QMGA)
}

# Transformar os Yij em dij (efeitos de interação) e retorna conjunto de dados
# com a 4 coluna com os efeitos dos postos da interação - deve ser chamado
# como alternativa a primeira geração de Postos
yij_em_dij = function(dad,g,a)
{
  G = GRij(dad,g,a,3)
  GAsum = Gmedia(G,g,a)
  GA = matrix(0,g,a)
  for (i in 1:a)
  {
    for (j in 1:g)
    {
      GA[j,i] = G[j,i]-GAsum$Rpj[i]-GAsum$Rip[j]+GAsum$Rpp
    }
  }
  G = matrix(0,1,g*a)
  cont = 1;
  for (i in 1:a)
  {
    for (j in 1:g)
    {
      G[cont] = GA[dad[cont,2],dad[cont,1]]
      cont = cont + 1
    }
  }
  Rij = rank(G)
  dad[,4] = Rij
  dad
}

```

```

# Transformar os Yij em dij (dij=Yij-Yip+Ypp) e retorna conjunto de
# dados com a 4 coluna com os efeitos dos postos da interação - deve
# ser chamado como alternativa na geração de postos (5a opção)
yijhuhn_em_dij = function(dad,g,a)

```

```

{
  G = GRij(dad,g,a,3)
  GAsum = Gmedia(G,g,a)
  GA = matrix(0,g,a)
  for (i in 1:a)
  {
    for (j in 1:g)
    {
      GA[j,i] = G[j,i]-GAsum$Rip[j]+GAsum$Rpp
    }
  }
  for (j in 1:a)
  {
    GA[,j] = rank(GA[,j])
  }
  G = matrix(0,1,g*a)
  cont = 1
  for (i in 1:a)
  {
    for (j in 1:g)
    {
      G[cont] = GA[dad[cont,2],dad[cont,1]]
      cont = cont + 1
    }
  }
  dad[,4] = GA
  dad
}

```

```

# função para obter a ecovalência Wi a partir dos postos
# para o i-ésimo genótipo retorna uma matriz com:
# 1 col: Rank médio, col 2: Desvio padrão Rij, col 3: Wi
# op = 1: utilizar dados originais, op = 2: postos de todos os Yij,
# op = 3: postos das interações, op = 4: postos dos dados por ambiente
# op = 5: tranforma dados em dij=Yij-Yip+Ypp (Huhn) e os postos/ambiente

```

```

Wi_ecov = function(dad,g,a,op)
{
  if (op == 3) dad = yij_em_dij(dad,g,a)
  if (op == 4) dad = y1_a_p_em_dij(dad,g,a)
  if (op == 5) dad = yijhuhn_em_dij(dad,g,a)
  if (op == 1) {
    G = GRij(dad,g,a,3)
  } else G = GRij(dad,g,a,4)
  IR = matrix(0,g,3)
  # médias dos genótipos
  um = matrix(1,a,1)
  IR[,1] = (G %*% um)/a
  # desvio padrão
  IR[,2] = sqrt(diag(var(t(G))))
  # médias dos ambientes
  um = matrix(1,g,1)
  Mj = (t(G) %*% um)/g
  # Ecovalência
  MG = mean(G)
  for (i in 1:g)
  {
    IR[i,3] = sum((G[i,] - IR[i,1]-Mj+MG)^2)
  }
  IR
}

```

```

# op = 1: utilizar dados originais, op = 2: postos de todos os Yij,
# op = 3: postos das interações, op = 4: postos dos dados por ambiente
# op = 5: tranforma dados em dij=Yij-Yip+Ypp (Huhn) e os postos/ambiente
op = 4
Wi_ecov(dados,p,q,op)

```



ROTINA 2. Rotina utilizada para obtenção dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de Lin & Binns (1988b), utilizando estatística não-paramétrica, com o auxílio do aplicativo computacional R.

```
# programa para obtenção do Pi não-paramétrico de Lin e Binns (1988b)
# cujos testes são efetuados via bootstrap ou via teste da permutação
# será utilizado um exemplo com 55 genótipos de milho e 15 ambientes

# Leitura dos dados
dados = read.table("milhofim.txt",header=TRUE)
dados = as.matrix(dados)
p = 55; q = 15;

# transformação em postos
Rij <- rank(dados[,3])

# Acrescentando a coluna de postos
dados = cbind(dados,Rij)

# transformando a matriz de dados em uma matriz G
# genótipos nas linhas e ambientes nas colunas
GRij = function(X,g,a,col)
{
  cont = 1
  G=matrix(0,g,a)
  for (i in 1:a)
  {
    for (j in 1:g)
    {
      G[X[cont,2],X[cont,1]] = X[cont,col]
      cont = cont + 1
    }
  }
  G
}

# função das médias genótipos, ambientes, geral e máximo em cada
ambiente(Mj)
# entrar com matriz de postos p x q (G), p=g, q=a
Gmedia = function(G,g,a)
```

```

{
# médias dos ambientes
um = matrix(1,g,1)
ambbar = (t(G) %*% um)/g

# médias dos genótipos
um = matrix(1,a,1)
genbar = (G %*% um)/a

# média geral
xbargeral = mean(G)

# Máximo Mj
Mj = matrix(0,a)
for (i in 1:a)
{
Mj[i] = max(G[,i])
}

# QMGA
QMGA = 0
for (i in 1:g)
{
QMGA = QMGA + sum((G[i,]- ambbar - matrix(genbar[i],a)+
matrix(xbargeral,a))^2)
}
QMGA = QMGA/((a-1)*(g-1))

list(Rip=genbar, Rpj=ambbar,Mj = Mj, Rpp=xbargeral,QMGA = QMGA)
}

# Transformar os Yij em dij (efeitos de interação) e retorna conjunto de dados
# com a 4 coluna com os efeitos dos postos da interação - deve ser chamado
# como alternativa a primeira geração de Postos
yij_em_dij = function(dad,g,a)
{
G = GRij(dad,g,a,3)
GAsum = Gmedia(G,g,a)
GA = matrix(0,g,a)
for (i in 1:a)
{

```

```

for (j in 1:g)
{
  GA[j,i] = G[j,i]-GAsum$Rpj[i]-GAsum$Rip[j]+GAsum$Rpp
}
}
G = matrix(0,1,g*a)
cont = 1;
for (i in 1:a)
{
  for (j in 1:g)
  {
    G[cont] = GA[dad[cont,2],dad[cont,1]]
    cont = cont +1
  }
}
Rij = rank(G)
dad[,4] = Rij
dad
}

# função para obter os Pi's e sua decomposição em efeito genético
# e contribuição para a interação. Os resultados serão armazenados em
# um matriz G.result com: col 1: Pi, col 2: efeito genético, col 3: contr
# para interação, col 4: % explicação, col 5: estatística F e col 6: valor-p
GPi = function(G,g,a,Gmedia)
{
  G.Result = matrix(0,g,6)
  for (i in 1:g)
  {
    G.Result[i,1] = sum((G[i,]-Gmedia$Mj)^2)/(2*a)
    G.Result[i,2] = (Gmedia$Rip[i]- mean(Gmedia$Mj))^2/2
    G.Result[i,3] = sum((G[i,]- Gmedia$Mj-matrix(Gmedia$Rip[i],a)+
      matrix(mean(Gmedia$Mj),a))^2)/(2*a)
  }
  G.Result[4] = G.Result[3]/(sum(G.Result[,3]))*100
  G.Result[5] = G.Result[1]/Gmedia$QMGA
  G.Result
}

# função para permutar a matriz dos postos

```

```

Gpermut = function(G,g,a)
{
  np = g*a
  Gp = G
  while (np >= 2)
  {
    ip = trunc(runif(1)*np)+1 # gera numero aleatório entre 1 e np
    # desmonta o índice do número gerado em ip e ia
    ig = ip %/% a
    ia = ip - ig*a
    if (ia!=0) ig = ig + 1
    if (ia==0) ia = a
    # desmonta o índice do maior elemento np de Gp em ipp e iaa
    igg = np %/% a
    iaa = np - igg*a
    if (iaa!=0) igg = igg + 1
    if (iaa==0) iaa = a
    # permuta o elemento Gp[ig,ia] com Gp[igg,iaa]
    aux = Gp[igg,iaa];
    Gp[igg,iaa] = Gp[ig,ia]
    Gp[ig,ia] = aux
    # np é atualizado para np-1
    np = np - 1
  }
  Gp
}

```

```

# função para reamostrar (bootstrap) a matriz dos postos
Gboot = function(G,g,a)
{
  Gb = matrix(0,g,a)
  for (ii in 1:g)
  {
    for (jj in 1:a)
    {
      ig = trunc(runif(1)*g)+1 # gera numero aleatório entre 1 e g
      ia = trunc(runif(1)*a)+1 # gera numero aleatório entre 1 e a
      Gb[ii,jj] = G[ig,ia]
    }
  }
  Gb
}

```

```
}
```

```
# Fazer análise de variancia, obter  $F_i = P_i/QMGA$ , fazer permutação e  
# confrontar  $P_i$  com  $P_{ib}$ , para obter p-valores  $H_0: P_i \neq \text{Máximo}$   
# op = 1: utilizar dados originais, op = 2: postos de todos os  $Y_{ij}$ ,  
# op = 3: postos das interações  
Pi.permut = function(dad,g,a,op,nsim)  
{  
  if (op == 3) dad = yij_em_dij(dad,g,a)  
  if (op == 1) {  
    G = GRij(dad,g,a,3)  
  } else G = GRij(dad,g,a,4)  
  GA.sumario = Gmedia(G,g,a)  
  Pi = GPi(G,g,a,GA.sumario)  
  for (i in 1:nsim)  
  {  
    Gp = Gpermut(G,g,a)  
    GA.sumariop = Gmedia(Gp,g,a)  
    Pip = GPi(Gp,g,a,GA.sumariop)  
    for (ii in 1:g)  
    {  
      if (abs(Pip[ii,5])>=abs(Pi[ii,5])) {  
        Pi[ii,6] = Pi[ii,6] + 1/nsim;  
      }  
    }  
  }  
}  
Pi  
}
```

```
# Fazer análise de variancia, obter  $F_i = P_i/QMGA$ , fazer bootstrap e  
# confrontar  $P_i$  com  $P_{ib}$ , para obter p-valores  $H_0: P_i \neq \text{Máximo}$   
# op = 1: utilizar dados originais, op = 2: postos de todos os  $Y_{ij}$ ,  
# op = 3: postos das interações  
Pi.boot = function(dad,g,a,op,nsim)  
{  
  if (op == 3) dad=yij_em_dij(dad,g,a)  
  if (op == 1) {  
    G = GRij(dad,g,a,3)  
  } else G = GRij(dad,g,a,4)  
  GA.sumario = Gmedia(G,g,a)  
  Pi = GPi(G,g,a,GA.sumario)
```

```

for (i in 1:nsim)
{
  Gb = Gpermut(G,g,a)
  GA.sumariob = Gmedia(Gb,g,a)
  Pib = GPi(Gb,g,a,GA.sumariob)
  for (ii in 1:g)
  {
    if (abs(Pib[ii,5])>=abs(Pi[ii,5])) {
      Pi[ii,6] = Pi[ii,6] + 1/nsim;
    }
  }
}
}
Pi
}

# op = 1: dados, op = 2: postos dados, op = 3: postos interação
# neste caso - não faz sentido fazer em cima de postos de interação
# não usar op = 3
op = 2
nsim=10000

Pi = Pi.permut(dados,p,q,op,nsim)
Pi

Pi = Pi.boot(dados,p,q,op,nsim)

```