



JEFERSON RODRIGO PESTANA

**SELEÇÃO DE MILHO BRANCO E CAPACIDADE DE
COMBINAÇÃO EM DIFERENTES REGIÕES DE PRODUÇÃO
NO BRASIL**

**LAVRAS - MG
2021**

JEFERSON RODRIGO PESTANA

**SELEÇÃO DE MILHO BRANCO E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO EM
DIFERENTES REGIÕES DE PRODUÇÃO NO BRASIL**

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

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho
Orientador
Dr. Geraldo Afonso de Carvalho Júnior
Coorientador

**LAVRAS - MG
2021**

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

Pestana, Jeferson Rodrigo.

Seleção de milho branco e capacidade de combinação em
diferentes regiões de produção no Brasil / Jeferson Rodrigo
Pestana. - 2021.

47 p.

Orientador(a): Renzo Garcia Von Pinho.

Coorientador(a): Geraldo Afonso de Carvalho Júnior.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de
Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. Melhoramento. 2. Zea mays. 3. Line x Tester. I. Von Pinho,
Renzo Garcia. II. de Carvalho Júnior, Geraldo Afonso. III. Título.

JEFERSON RODRIGO PESTANA

**SELEÇÃO DE MILHO BRANCO E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO EM
DIFERENTES REGIÕES DE PRODUÇÃO NO BRASIL**

**WHITE CORN SELECTION AND COMBINING ABILITY IN DIFFERENT
PRODUCTION REGIONS IN BRAZIL**

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

APROVADA em 23 de agosto de 2021.

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Prof^a. Dra. Heloísa Oliveira dos Santos

Dr. Geraldo Afonso de Carvalho Júnior

UFLA

UFLA

Helix Sementes

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho
Orientador

**LAVRAS - MG
2021**

AGRADECIMENTOS

A Deus pela dádiva da vida e o entusiasmo pela pesquisa.

Aos meus pais, Luzia e Valdir, irmã Jessica e todos os familiares pelo carinho e incentivo, em especial pela minha esposa Juliana pela paciência, companheirismo, incentivo e pelo apoio oferecido na condução dos trabalhos.

Ao sistema de ensino público, que, nesta etapa, através da Universidade Federal de Lavras, me deu a oportunidade de realizar este mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio concedido ao Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA.

A toda equipe do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Mestrado Profissional, pelo trabalho, apoio e disponibilidade durante a realização do mestrado.

Ao Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho pela orientação neste trabalho e pelo apoio e ensinamentos transmitidos durante o curso de pós-graduação.

Ao Dr. Geraldo Afonso de Carvalho Júnior pela fundamental orientação e auxílio, não só na interpretação das análises estatísticas, mas também na contribuição com todo projeto da dissertação.

A toda equipe técnica e de campo da Helix sementes, especialmente Dr. Caillet, Thiago, Airton, Humberto e Jânio que sem a ajuda não seria possível a realização deste trabalho.

À empresa Helix Sementes e Mudas pelo apoio, incentivo e disponibilização de tempo para a conclusão do mestrado.

Aos professores pelos conhecimentos transmitidos, os quais muito ajudarão em minha vida profissional.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, meu muito obrigado.

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo a avaliação da adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho branco em diferentes regiões do Brasil, estimar a capacidade de combinação geral e específica de genótipos de milho branco e classificar quanto aos grupos heteróticos: Tuxpeño e Não-Tuxpeño. Os genótipos foram obtidos através de cruzamentos de dois testadores (L193W e L208W) com 25 linhagens e 12 híbridos simples. Os híbridos foram testados em cinco locais na safreinha de 2019 e em quatro locais na safra verão de 2019/20. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com duas repetições e parcela de duas fileiras de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,70 m. A produtividade de grãos foi obtida após colheita com colhedora mecanizada de parcelas, por meio da pesagem dos grãos de cada parcela, corrigida para 13% de umidade e extrapolada para quilogramas por hectare. Após a coleta dos dados, foi efetuada a análise de variância por local e conjunta. A análise de adaptabilidade e estabilidade foi processada através da metodologia de Eberhart e Russell e capacidade geral combinação (CGC) dos parentais e a capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos foram estimados pelo uso do método de análise Line x Tester. As análises foram realizadas utilizando o programa Genstat[®]. As linhagens L193W e L208W possibilitaram a discriminação de grupos heteróticos de linhagens de milho branco. Há linhagens com adaptabilidade diferencial em função da época de cultivo (safra/safreinha). O Híbrido triplo HT30B, pelo método de Heberhart & Russell, possui adaptabilidade e estabilidade, além de associar alta produtividade, características adequadas para híbrido comercial.

Palavras-chave: Melhoramento. *Zea mays*. Line x Tester. Adaptabilidade e estabilidade.

ABSTRACT

This work aimed to evaluate the adaptability and stability of white maize hybrids in different regions of Brazil, estimate the general and specific combining ability of white maize genotypes and classify according to heterotic groups: Tuxpeño and Non-Tuxpeño. The genotypes were obtained by crossing two testers (L193W and L208W) with 25 inbred lines and 12 single-way hybrids (females). The hybrids were tested in five locations in the 2019 “safrinha” season and in four locations in the 2019/20 summer season. The experimental design used was a randomized block design with two replications and a plot of two rows and five meters in length, spaced at 0.70 m. Grain yield was obtained after harvesting with a combined harvester adapted to parcel harvester, by weighing the grains of each parcel, corrected for 13% moisture and extrapolated to kilograms per hectare. After data collection, analysis of variance by location and joint was performed. The adaptability and stability analysis was processed using the Eberhart and Russell methodology and the general combining ability (GCA) and the specific combining ability (SCA) were estimated using the Line x Tester method of analysis. Analyzes were performed using the Genstat® program. Lines L193W and L208W enabled the discrimination of heterotic groups of white corn lines. There are inbred lines with differential adaptability depending on the growing season (summer/”safrinha”). The three-way Hybrid HT30B, by the method of Heberhart & Russell, has adaptability and stability, in addition to associating high productivity, characteristics suitable for commercial hybrids.

Keywords: Maize Breeding. *Zea mays*. Line x Tester. Adaptability and stability.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Linhagens de milho branco utilizados para obtenção de híbridos simples testados (“continua”).....	14
Tabela 2 - Genótipos de milho branco utilizados como fêmeas para obtenção de híbridos triplos testados.	15
Tabela 3 - Locais de avaliação dos híbridos testados na segunda safra 2019/20.	15
Tabela 4 - Locais de avaliação dos híbridos testados na primeira safra 2019/20.....	16
Tabela 5 - Resumo da análise de variância dos 74 híbridos de milho branco avaliadas em nove ambientes de produção de milho branco, safra 2019/20.	20
Tabela 6 - Resumo da análise de variância conjunta dos 74 híbridos simples e triplos avaliados para produtividade de grãos em nove ambientes do Brasil, safra 2019/20.	21
Tabela 7 - Produtividade de grãos em quilogramas por hectare (kg ha ⁻¹), média de 9 locais, para as diferentes linhagens em cruzamentos com dois testadores, L193W e L208W.	22
Tabela 8 - Produtividade de grãos em quilogramas por hectare (kg ha ⁻¹) para as diferentes fêmeas (híbridos simples) em cruzamentos com dois testadores, L193W e L208W.....	23
Tabela 9 - Teste para efeito de capacidade de combinação.....	24
Tabela 10 - Estimativa de Capacidade Geral de Combinação (CGC) para rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, em diferentes locais, 2019/20.....	26
Tabela 11 - Estimativa de Capacidade Específica de Combinação (CEC) rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, em diferentes locais, 2019/20.....	28
Tabela 12 - Estimativa de Capacidade Geral de Combinação (CGC) para rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, dos locais de verão, 2019/20.	30
Tabela 13 - Estimativa de Capacidade Geral de Combinação (CGC) para rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, dos locais de safrinha, 2019/20.	30
Tabela 14 - Classificação dos ambientes utilizando o índice ambiental na avaliação dos híbridos de milho branco para produtividade (Kg ha ⁻¹) em nove ambientes na safra 2019/20.	32
Tabela 15 - Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia de Eberhart & Russell (1966), dos híbridos de milho branco em nove ambientes na safra 2019/20.	33

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	1
2	REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1	Cultura do Milho	3
2.2	Milho Branco	3
2.3	Programa de Melhoramento de Milho	7
2.4	Adaptabilidade e Estabilidade.....	9
2.5	Grupos Heteróticos.....	10
2.6	Método REM BLUP	12
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	14
3.1	Análises Estatísticas.....	16
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	19
5	CONCLUSÕES	34
6	REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA.....	35
7	ANEXO – PRODUTO TÉCNICO ATRELADO	44

1 INTRODUÇÃO

A cultura do milho é de extrema importância para o Brasil, servindo como base da alimentação animal, provendo insumos para a indústria e ainda sendo utilizada no consumo humano. Na safra 2019/20, a produção mundial do cereal aproximou-se de 1,1 bilhão de toneladas em uma área de 194,0 milhões de hectares. O Brasil é o terceiro maior produtor de milho, com produção de 102,5 milhões de toneladas e área cultivada de aproximadamente 18,5 milhões de hectares. O surgimento do milho híbrido na década de 1920 foi marcado como um dos maiores impulsos à agricultura moderna e hoje a grande maioria da produção global de milho advém de cultivares híbridas (MASUKA et al. 2017).

Nesse contexto, a produção de grãos especiais vem crescendo no Brasil, sendo os principais produtos dessa cadeia: a pipoca, o minimilho, o milho doce e o milho branco para grãos. Geralmente, esses produtos têm valor agregado maior do que o milho amarelo comum, o que gera maior remuneração ao agricultor. Paterniani et al. (2020) verificaram valores 75% maiores de milho branco quando comparados com milho convencional. No Brasil, o milho branco é utilizado predominantemente para o consumo humano, como canjica e farinha, sendo a indústria moageira a principal responsável por sua exploração.

Os dados sobre cultivo e cultivares de milho branco no Brasil são escassos. Segundo dados da EMBRAPA (2018) para a safra 2017/18, dentre 298 cultivares menos de 1% foi de milho branco, sendo as principais IPR 119, IPR 127 e RS 21. A ausência de estatísticas oficiais e a diminuta comercialização de sementes de milho branco apontam para a necessidade de informações e obtenção de novos híbridos de milho branco (ROVARIS, 2015).

O melhoramento genético do milho no Brasil tem contribuído significativamente para o aumento de produtividade, havendo incremento de 3800 kg ha⁻¹, desde 1960 (ANDORF et al., 2019). Para a formação do híbrido é importante o conhecimento de um fenômeno denominado heterose ou vigor híbrido. Esse fenômeno ocorre quando os híbridos apresentam média superior à média de seus genitores (BALDISSERA et al., 2014). Normalmente os valores heteróticos expressivos estão relacionados com o grau de divergência genética dos parentais envolvidos, o que sugere que quanto maior a divergência genética, maior será a resposta heterótica, sendo que a classificação adequada de grupos heteróticos melhora a eficiência dos programas melhoramento (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995; MAGNAVACA, 1998).

Em diversos programas como os desenvolvidos nos Estados Unidos da América, México e África, dois padrões heteróticos são adotados com intuito de otimizar eficiência de seleção, da exploração da heterose e recursos. No presente trabalho, os grupos Tuxpeño (T) e

Não-Tuxpeño (NT) foram adotados como padrões heteróticos. A capacidade de combinação de linhagens é relacionada com a quantidade de alelos favoráveis que uma linhagem apresenta para determinada característica. As linhagens que apresentam valores elevados para essa estimativa devem resultar em cruzamentos superiores, devido ao seu alto valor genético (NASS et al., 2001; VENCOVSKY, 1987).

Além disso, as diferenças entre os anos e as regiões de cultivo podem influenciar o comportamento das cultivares devido à interação genótipo x ambiente (GxA). Assim, a avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos cultivares é uma alternativa para amenizar os efeitos da interação e identificar cultivares com comportamento previsível e responsivos às melhorias do ambiente (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dentre as diversas metodologias empregadas para estudar estabilidade e adaptabilidade em milho, destaca-se pela sua ampla utilização, fácil aplicação e interpretação dos resultados, o método proposto por Eberhart e Russell (1966), baseado em regressão linear.

Diante disso, o objetivo com este trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho branco em diferentes regiões do Brasil, estimar a capacidade de combinação de linhagens de milho branco e classificá-las quanto aos grupos heteróticos: Tuxpeño e Não-Tuxpeño.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultura do Milho

O milho é uma cultura agrícola de grande importância não só como alimentação humana e animal, mas também como fonte de biocombustível e insumos para a indústria. Na safra 2019/20 a produção mundial do cereal foi de aproximadamente 1,1 bilhão de toneladas em uma área de 194,0 milhões de hectares, sendo um dos cultivos mais difundidos em todo o planeta (BOUCHET et al., 2013; UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA, 2021). O Brasil é o terceiro maior produtor de milho, atrás de Estados Unidos e China, com produção de 102,5 milhões de toneladas e área cultivada de aproximadamente 18,5 milhões de hectares. A produtividade brasileira no ano agrícola de 2019/20 ficou em 5500 kg ha⁻¹ (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2021).

No Brasil, a produção de milho tem-se caracterizado pela divisão em duas épocas de plantio. O cultivo de verão, chamada de primeira safra, é realizada na época tradicional, durante o período chuvoso, com a semeadura realizada entre o fim de agosto (na região sul) até o mês de novembro. Nos últimos dez anos, foi consolidada a produção obtida na safrinha, ou segunda safra. A safrinha refere-se ao milho de sequeiro e de semeadura realizada entre os meses de janeiro a março, quase sempre depois da soja precoce, predominantemente na região Centro-Oeste e nos estados do Paraná, São Paulo e Minas Gerais (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 2010). A produção de verão é liderada pelos estados do Sul e Sudeste, com 26,3 milhões de toneladas, em torno de 70% do total, enquanto na safrinha a maior produção vem dos estados do Centro-oeste e Paraná com 70,7 milhões de toneladas (85% da produção da safrinha).

2.2 Milho Branco

O milho branco pertence à mesma espécie do milho comum ou amarelo (*Zea mays* L.). No Brasil, esse tipo de milho é caracterizado como um tipo especial, alcançando valor comercial de até duas vezes ao do grão comum, o que proporciona vantagem econômica considerável para o produtor (CANAL RURAL, 2018), sugerindo que sua produção é um nicho de mercado atrativo a ser explorado por agricultores. No Brasil, o milho branco é utilizado predominantemente para consumo humano, como canjica, e é a base da alimentação diária da população em países da África e América Latina, destacando sua importância na segurança

alimentar (ROVARIS, 2015).

Os últimos dados disponíveis revelam que a produção de milho branco dos EUA foi de aproximadamente 2 milhões de toneladas, correspondendo a menos de 1% do milho amarelo e tendo como principais produtores os estados do Texas e Nebraska. A produção reduzida pode ser relacionada diretamente à diminuição do uso desse tipo de grão como alimentação animal. O uso de milho branco cresceu durante o final dos anos 1970 e 1980 para alimentos étnicos e lanches como tortilhas, tacos, e produtos extrusados (AGRICULTURAL MARKETING RESOURCE - AGMRC, 2018; HALLAUER, 1994).

A ausência de estatísticas oficiais e a diminuta comercialização de sementes de milho branco apontam para a necessidade de informações e obtenção de novas cultivares desse tipo comercial (ROVARIS, 2015). Além disso, o Brasil também carece de dados oficiais de produção de milhos especiais, dentre eles o milho branco. Relatos não oficiais variam entre 40 e 80 mil hectares de milho branco cultivado no Brasil, sendo a maior parte cultivado na safrinha no Mato Grosso e Goiás (Comunicação Pessoal GENERAL MILLS, 2020).

A maior parte do milho branco é produzida por pequenos produtores e consumida diretamente como alimento numa grande variedade de formas dependendo das regiões, visto que mais de 90% do consumo de milho branco ocorre em países em desenvolvimento (CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO DE MAÍZ Y TRIGO - CIMMYT; FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION - FAO, 1997). A África e a América Central representam por volta de 90% do consumo mundial de milho branco, de modo que na África Meridional (parte sul da África) o cereal representa o principal alimento básico. Já o milho amarelo é preferido na maior parte da América do Sul e do Caribe, sendo também muito utilizado como ração animal ao redor do mundo, visto que proporciona cor amarela às aves caipiras, gema de ovo e gordura animal (INTERNATIONAL INSTITUTE OF TROPICAL AGRICULTURE - IITA, 2019).

Os alimentos na África são geralmente ensopados ou cozidos, enquanto nas Américas eles geralmente são assados ou fritos. Os dois tipos de milho branco - milho dentado e milho duro - estão amplamente associados a certos tipos de produtos alimentares ou pratos. O milho dentado é macio e farinhento e é usado principalmente para fazer sopas e mingaus. O milho duro, por outro lado, que tem um endosperma vítreo e duro, é usado principalmente para mingau ou para um tipo de cuscuz que substitui o arroz ou o cuscuz do trigo em vários países da África. Em algumas partes da África, o milho duro é preferível ao milho dentado por causa das menores perdas sob os métodos tradicionais de armazenamento e processamento (CIMMYT; FAO, 1997).

O milho moído é preparado em forma de sopa na África Oriental e Austral, enquanto a farinha de milho é preparada como mingau na África Ocidental. O milho moído também é frito ou assado em vários países. Em todas as partes da África, o milho verde (fresco) é cozido ou assado na espiga e servido como um lanche. A pipoca também é um alimento popular (IITA, 2019).

No Brasil, há uma crescente produção de grãos especiais como pipoca, minimilho, milho doce e milho branco para grãos, devido ao valor agregado ao produto, gerando maiores lucros para o agricultor e representando nichos de mercado específicos. Em particular, um saco de 60 kg de milho branco para grãos pode atingir o dobro do valor comercial de um saco de 60 kg de milho amarelo, o que proporciona uma considerável vantagem para o produtor (ROVARIS et al., 2017). Paterniani et al. (2020) verificaram valores 75% maiores de milho branco quando comparados com milho convencional.

A principal responsável pela utilização do milho branco é a indústria moageira, a qual situa-se principalmente nos estados das regiões Sudeste e Sul, como São Paulo e Paraná e em alguns estados da região Centro-Oeste, como Goiás (BIGNOTTO, 2011). Na maioria das vezes, o milho branco é plantado com contratos prévios de venda para as indústrias beneficiadoras do grão. No Brasil, 4% do milho produzido é consumido diretamente e 10% é utilizado por indústrias alimentícias, transformando os grãos a partir dos processos de moagem úmida ou moagem seca, gerando diversos produtos, tais como amido, farinhas, canjica, flocos de milho, óleo e xaropes; e subprodutos, como o gérmen de milho, dentre outros (CASTRO et al., 2009).

Os dados sobre cultivo e cultivares de milho branco no Brasil são escassos. Segundo dados da EMBRAPA (2018) para a safra 2017/18, dentre 298 cultivares, menos de 1% foi de milho branco, sendo as principais IPR 119, IPR 127 e RS 21. Nesse contexto, há a necessidade de desenvolvimento de novos materiais para o mercado de milho branco. Programas de melhoramento de milho procuram desenvolver novas cultivares mais produtivas e adaptadas a múltiplos ambientes. O sucesso de cada programa depende da seleção eficiente dos genitores a serem utilizados no desenvolvimento de híbridos que possuam caracteres de interesse (RODRIGUES et al., 2009).

Do ponto de vista biológico e genético, o milho branco é muito semelhante ao amarelo, contudo há diferença na coloração devido à ausência de pigmentos carotenoides que proporcionam a cor do grão amarelo. Ainda assim, as condições de produção e métodos de cultivo em grande parte são idênticas (CIMMYT; FAO, 1997).

A presença ou ausência de pigmentação ou descoloração nos grãos de milho é controlada por muitos genes e alguns desses genes podem dificultar o desenvolvimento e

obtenção de novas cultivares de milho branco (ROVARIS, 2015).

Três das quatro cores do grão de milho, amarelo, vermelho e roxo, são produzidos por pigmentos sintetizados a partir de duas vias metabólicas, a via dos carotenoides (pigmentos amarelos) ou a via das antocianinas (pigmento vermelho e roxo). Já a cor branca é resultado da falta de pigmentos produzidos a partir de qualquer um dos caminhos. Os quatro principais genes para coloração do grão do milho são *Pr1*, *C1*, *R1* e *Y1* (COE et al. 1988).

A coloração amarela do endosperma é expressa pela ação do gene *Y* (*yellow*) que, em dominância, determina a coloração amarela aos grãos de milho e na forma recessiva *y*, proporciona a cor branca. Este foi um dos primeiros genes de cor de milho documentados na literatura, sendo descrito em 1901. Este gene, localizado no cromossomo 6, codifica para a fitoeno sintase, uma enzima na via dos carotenoides (FORD, 2000).

Os pigmentos controlados por esses genes estão presentes no endosperma do grão, que é um tecido triploide ($3n$). Desse modo, o endosperma com o genótipo *yyy* tem coloração branca e os outros genótipos (*Yyy*, *YYy* e *YYY*) apresentam uma intensificação da cor amarela, em direção à cor laranja, com o aumento do número de genes *Y*. Outros relatos na literatura referem-se a este loco como *y1*, que deve ser considerado um símbolo equivalente (HALLAUER, 1994; OLIVEIRA et al., 2007).

FIGURA 1 - Linhagem de milho branco do banco de Germoplasma da Helix Sementes e Mudas Ltda



Fonte: Do autor (2021).

2.3 Programa de Melhoramento de Milho

Os primeiros estudos abordando a hibridação em milho foram conduzidos por East (1909) e Shull (1909), e foi observado que a partir de uma população constituída de muitos genótipos é possível a obtenção de linhagens puras que, quando cruzadas entre si, restauram o vigor perdido com as sucessivas autofecundações (SHULL, 1909).

O surgimento do milho híbrido na década de 1920, foi marcado como um dos maiores impulsos à agricultura moderna. Os primeiros híbridos comerciais apareceram por volta dos anos 30, substituindo gradualmente as variedades de polinização aberta. No final da década de 30 os híbridos já representavam 75% da área cultivada com milho nos Estados Unidos, atingindo o índice de 95% na década de 60 (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001; PATERNIANI; VIÉGAS, 1987).

O Brasil foi o segundo país a adotar a tecnologia do milho híbrido e, em 1932, no Instituto Agrônomo (IAC), em Campinas, foi instituído o primeiro programa de melhoramento genético de milho. No IAC, Carlos Arnaldo Krug e colaboradores produziram o primeiro híbrido duplo de milho brasileiro. Contudo, em 1935, Gladstone Almeida Drummond e Antônio Secundino de São José iniciaram trabalhos de pesquisas em milho na Universidade Federal de Viçosa, produzindo, em 1938, o primeiro híbrido comercial, resultante do cruzamento entre as variedades Cateto e Amarelão. Os trabalhos destes pesquisadores tiveram como resultado a fundação da empresa “Sementes Agrocere S/A” (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). A contribuição desta tecnologia para o desenvolvimento do agronegócio no Brasil é inquestionável (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000). Hoje, a grande maioria da produção global de milho é provida por cultivares híbridas (MASUKA et al. 2017). Sawazaki et al (2008), ao avaliar híbridos intervarietais de milho branco, encontrou resultados promissores em dois híbridos para rendimento de grãos.

O melhoramento genético do milho no Brasil tem contribuído significativamente para o aumento de produtividade, havendo incremento de 3800 kg ha⁻¹, desde 1960 (ANDORF et al., 2019). Embora não estejam disponíveis as informações sobre percentual dos fatores (genético ou ambiental) responsáveis por este aumento, o melhoramento genético, associado às inovações no manejo fitotécnico da cultura, mostra-se fundamental para o aumento dessa produtividade (SANTOS, 2016).

Para a formação do híbrido é importante o conhecimento de um fenômeno denominado heterose ou vigor híbrido, que consiste na expressão genética dos efeitos benéficos da hibridação (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1995; FALCONER, 1987). Esse fenômeno

ocorre quando os híbridos apresentam média superior à média de seus genitores (BALDISSERA et al., 2014). Fenotipicamente, a heterose se manifesta em maior produtividade, altura de planta, tamanho de frutos (BUENO, 2006) e em outras características, como altura e tamanho de espiga e massa de grãos em milho.

A obtenção de híbridos é um método de melhoramento que tem como objetivo tirar o máximo de proveito da heterose. A hibridação, no sentido mais amplo, tem-se constituído uma ferramenta de grande importância no melhoramento de grande parte das espécies cultivadas, pois sua prática permite tanto a exploração do vigor de híbrido na geração F1 como também permite a exploração da variabilidade genética em populações (MIRANDA FILHO; NASS, 2001).

Dentre as várias hipóteses explicativas para a heterose, as principais são a de dominância e a de sobredominância. Essas foram formuladas após muitas especulações científicas, nas quais se analisava o fato da heterozigose ser uma condição necessária ou não para sua manifestação (BUENO, 2006). Segundo Hallauer (2007), a heterose tem sido explorada em diferentes espécies de plantas. Devido ao interesse por determinar os tipos de efeitos genéticos que estão envolvidos na expressão da heterose, vários relatos que procuram explicar qual tem maior importância, dentre esses tipos de efeito, podem ser encontrados na literatura.

Segundo Silva e Miranda Filho (2003), a expressão da heterose depende do grau de dominância que controla o caráter. Para o peso de grãos, é esperado que os cruzamentos expressem heterose como consequência da presença de genes de dominância, completa ou parcial, que controlam a expressão deste caráter. Além disso, a expressão da heterose também depende do nível de divergência genética entre os parentais, ou seja, é necessário que haja diferenças nas frequências alélicas para haver expressão da heterose.

Segundo Souza Júnior (1999), os conceitos de dialelo e capacidade de combinação, em conjunto com os conceitos de predição de médias, e a associação entre heterose e divergência genética, levaram ao desenvolvimento do conceito de grupo heterótico. Esta evolução concentrou os esforços dos melhoristas de milho no estabelecimento de grupos heteróticos, constituídos por materiais de diferentes conjuntos gênicos que, quando cruzados, apresentam alta resposta heterótica e/ou elevada capacidade de combinação (ROVARIS, 2015).

Em geral, valores heteróticos expressivos estão diretamente relacionados com o grau de divergência genética dos parentais envolvidos. Isso sugere que quanto maior for a divergência genética maior será a resposta heterótica, sendo que a classificação adequada de grupos heteróticos melhora a eficiência dos programas melhoramento (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995; MAGNAVACA, 1998).

2.4 Adaptabilidade e Estabilidade

As diferenças entre os anos e as regiões de cultivo podem influenciar o comportamento das cultivares devido à interação genótipo x ambiente (GxA). A avaliação dessa interação nos programas de melhoramento é de grande importância, e compete ao melhorista quantificar a magnitude e a significância de seus efeitos para adotar estratégias que possam minimizá-la ou aproveitá-la (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Assim, a avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos cultivares é uma alternativa para amenizar os efeitos da interação, e identificar cultivares com comportamento previsível e responsivos às melhorias do ambiente (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Cruz e Carneiro (2004) especificaram diferentes conceitos de adaptabilidade e estabilidade, e, dentro desses conceitos estão os de Mariotti et al. (1976), que define o termo adaptabilidade como a capacidade dos genótipos responderem vantajosamente à melhoria do ambiente; uma vantagem do ponto de vista do rendimento agrícola. A estabilidade é conceituada como a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento altamente previsível em função das variações ambientais.

Diferentes métodos têm sido propostos para a análise da estabilidade e adaptabilidade, de modo que a escolha por um deles depende de fatores como a quantidade de genótipos e ambientes avaliados, da precisão requerida, e do tipo de informação desejada (CHAVES, 2001).

Visto as diversas metodologias empregadas para estudar estabilidade e adaptabilidade em milho, destaca-se, pela sua ampla utilização, fácil aplicação e interpretação dos resultados, o método proposto por Eberhart e Russell (1966), baseado em regressão linear. Segundo Murakami et al. (2004), é notório o emprego dessa metodologia, devido à sua praticidade de uso e aos resultados satisfatórios por ela fornecida. Apesar de ser uma das mais antigas, esta metodologia é uma das mais utilizadas até hoje para avaliação de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de diferentes culturas.

Entre as novas abordagens propostas para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade, destaca-se a metodologia de modelos mistos por REML/BLUP (FARIA, 2016). A metodologia baseada em modelos mistos proposta por Resende (2007), apresenta inúmeras vantagens em relação aos métodos mais tradicionais, tais como, considerar erros correlacionados dentro de locais, bem como a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de genótipos superiores, fornece valores genéticos já descontados da instabilidade, pode ser aplicado a qualquer número de ambientes e a experimentos desbalanceados. Além de tudo, o resultado é gerado na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores

genéticos, o que os outros métodos não permitem. Esse método também possibilita inferências adicionais, como: seleção de genótipos específicos para cada local; seleção de genótipos estáveis através dos locais; seleção de genótipos responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente; e seleção pelos três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade) (RESENDE, 2007).

2.5 Grupos Heteróticos

Em diversos programas como os desenvolvidos nos Estados Unidos da América, México, África e outros (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; OLVER, 1988) dois padrões heteróticos são adotados com intuito de otimizar eficiência de seleção, exploração da heterose e recursos. No presente trabalho os grupos Tuxpeño (T) e Não-Tuxpeño (NT) foram adotados como padrões heteróticos.

A seleção de pais adequados e bons desenhos de cruzamentos são chaves para o sucesso dos esquemas de melhoramento de plantas (KHAN et al., 2009). No entanto, existem vários fatores que afetam as escolhas dos projetos de acasalamento. Os fatores que influenciam a escolha do projeto de cruzamento são: (i) o tipo de polinização (auto polinizada ou polinizada); (ii) o tipo de cruzamento a ser utilizado (artificial ou natural); (iii) o tipo de disseminação de pólen (vento ou inseto); (iv) a presença de um sistema de esterilidade masculina; (v) o objetivo do projeto (para reprodução ou estudos genéticos); e (vi) o tamanho da população requerida (ACQUAAH, 2012).

Os delineamentos de cruzamentos têm quatro funções importantes, desde fornecer informações sobre o controle genético da espécie sob investigação, gerar uma população reprodutora a ser usada como base para a seleção e desenvolvimento de variedades potenciais, fornecer estimativas de ganho genético, e também fornecer informações para avaliação dos pais utilizados no programa de melhoramento (ACQUAAH, 2012).

Nos programas de melhoramento de milho, consegue-se obter muitas linhagens, com desempenho *per se* satisfatório para a produção comercial de híbridos. Entretanto, a maior dificuldade encontrada pelos melhoristas é a avaliação do desempenho das linhagens em combinações híbridas (HALLAUER et al., 1988). Um dos métodos mais utilizados para obtenção de informações com relação ao desempenho dos genitores e a identificação de grupos heteróticos é o método de cruzamentos dialélicos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Este método consiste no cruzamento em pares de n genitores, resultando um conjunto de $n(n-1)/2$ híbridos, podendo estar incluídos, além dos respectivos pais, os híbridos

recíprocos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Apesar de os cruzamentos dialélicos serem empregados para avaliação da capacidade de combinação, sua praticidade é reduzida quando o número de linhagens é elevado, não sendo possível realizar todas as combinações híbridas, já que as combinações são feitas de forma manual, desse modo, os melhoristas devem avaliar a capacidade de combinação relativa das linhagens, ou seja, utilizar um testador comum (ALVES, 2006).

Dessa forma, foi proposto por Davis (1927) um método denominado de *topcross*, no qual muitas linhagens são avaliadas cruzando-as com um testador comum. Este método tem por objetivo avaliar a superioridade relativa das linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando as que apresentam desempenho agrônômico inferior, tornando mais eficiente a identificação dos melhores híbridos (NURMBERG et al., 2000).

Bernardo (2002), considerando vários *loci*, relata que, a partir de cruzamentos de linhagens de um grupo heterótico com um testador de baixo desempenho do mesmo grupo heterótico, e um testador elite de um grupo heterótico oposto, as variâncias genéticas liberadas nos *testcrosses* apresentaram valores similares. Entretanto, os *testcrosses* com o testador elite do grupo heterótico oposto obtiveram maior média. Isto ocorre pois somente o testador do grupo heterótico oposto possui alelos que não estão presentes no outro grupo heterótico, fazendo com que sejam maximizadas tanto a variância quanto a média.

Ao se utilizar, como testadores, genótipos (linhagens ou híbridos simples) elite de grupos heteróticos diferentes das linhagens a serem avaliadas, elas são discriminadas de forma tão eficiente quanto uma linhagem de baixo desempenho do mesmo grupo heterótico. Contudo, ao utilizar linhagens ou híbridos simples elites, há a oportunidade de, além de selecionar as linhagens com maior concentração de alelos favoráveis, selecionar, também, híbridos simples ou triplos com potencial comercial (ALVES, 2006; ENTRINGER, 2015).

Desse modo, é importante ressaltar que a seleção para o testador elite do grupo heterótico oposto é mais efetiva, pois a resposta à seleção é função da média dos indivíduos selecionados subtraída da média original do *testcross*, multiplicado pelo coeficiente de herdabilidade. Portanto, maior será a resposta à seleção quando utilizada linhagem elite do grupo heterótico divergente e maior média da população selecionada (FALCONER; MACKAY, 1996).

O Line x Tester (L x T) é basicamente uma extensão do delineamento *topcross* no sentido de que, ao invés de um único testador como usado no *topcross*, mais de um testador é usado em delineamento L x T. O delineamento Line x Tester foi inicialmente proposto por Kempthorne em 1957 (SHARMA, 2006).

Este delineamento envolve hibridação entre linhas (f) e testadores de base ampla (m) em modelo um para um, gerando $f \times m =$ híbridos fm (SHARMA, 2006). É o delineamento de cruzamento mais simples que fornece tanto irmãos completos quanto meios-irmãos ao mesmo tempo, em oposição ao *topcross* que fornece apenas meios-irmãos. Além disso, esta metodologia fornece a capacidade específica de combinação (CEC) de cada cruzamento e a capacidade geral de combinação (CGC) de linhas e dos testadores, de modo que, linhas e testadores são ambos conjuntos de diferentes genótipos (SHARMA, 2006). Por fim, esse delineamento é usado na estimativa de vários tipos de importantes ações gênicas na expressão de características quantitativas (RASHID et al., 2007).

2.6 Método REM BLUP

O sucesso do melhoramento genético está diretamente ligado com a obtenção de estimativas precisas por meio de procedimentos que representem, com a maior exatidão possível, os valores genéticos dos indivíduos avaliados (RESENDE, 2002). Desse modo, várias ferramentas estatísticas são oferecidas para reduzir os efeitos que não são relacionadas ao genótipo. A seleção entre diferentes métodos disponíveis depende das diferentes situações experimentais e de balanceamento associados aos dados (RESENDE et al., 1996). A grande maioria dos estudos tem considerado somente os modelos para fatores de efeitos fixos. Nestes estudos, os delineamentos de blocos ao acaso, látice, parcelas subdivididas ou fatoriais são os mais utilizados. No entanto, algumas limitações econômicas em programas de melhoramento forçam estes a limitar o número de ambientes para a avaliação dos materiais genéticos. Outros fatores como perdas de plantas e parcelas, números diferentes de sementes, experimentos com números de repetições e delineamentos experimentais variados estão associados ao desbalanceamento de dados. Desta maneira, os modelos baseados em efeitos mistos têm como função contornar esses problemas, assumindo grande importância no estudo de efeitos aleatórios (GIORGENON, 2015).

A realização de inferências sobre genótipos selecionados, seja em fase inicial ou final de um programa de melhoramento, deve incidir sobre os verdadeiros valores genotípicos, devendo ser embasada em dados genotípicos e não fenotípicos (BORGES et al., 2010).

A análise de variância (ANAVA), desde sua criação por Ronald Fisher, junto à análise de regressão, foi por muito tempo, a base da análise da modelagem estatística. Entretanto, após o desenvolvimento dos métodos BLUP (Melhor preditor linear não viciado) por Henderson, na década de 1940 (BERNARDO, 2002; RESENDE, 2004), e REML (Máxima verossimilhança

restrita) por Patterson e Thompson, em 1971 (RESENDE, 2002), fez com que se tornassem modelos de maior precisão para a análise em uma gama de aplicações, suprimindo, com vantagem, o método da ANAVA, apesar de que, segundo Bernardo (2002), o procedimento BLUP não fosse usado no melhoramento de plantas até o início dos anos 90.

Logo, os procedimentos ótimos de estimação/predição podem ser sintetizados em dois: (a) análise de variância/índice multiefeitos para os casos balanceados; (b) REML/BLUP para os casos balanceados e desbalanceados. No caso de dados balanceados, os dois procedimentos acarretam resultados análogos; em casos de dados com pequenos desbalanceamentos, ambos os procedimentos conduzem a resultados similares e, na presença de grande desbalanceamento, o procedimento (b) é, em alto grau, superior ao (a) (RESENDE, 2002).

A metodologia de modelos mistos foi inicialmente proposta para o melhoramento de gado de leite e, a partir da década de 1980, devido ao avanço computacional, foi expandida e aplicada principalmente nos estudos de melhoramento animal e de plantas perenes. Embora tenha sido desenvolvido para conjuntos de dados desbalanceados, o método BLUP também pode ser aplicado em dados balanceados. O uso do REML/BLUP promove vantagens como melhor estimação dos parâmetros genéticos e maior poder de discriminação entre genótipos (RESENDE, 2002).

Conforme White e Hodge (1989), as principais vantagens do uso do BLUP no melhoramento genético de plantas são: estimação e predição não-viesada num único método; pode-se levar em consideração efeitos de seleção e de endogamia ao longo das gerações, desde que o parentesco entre indivíduos avaliados seja conhecido; a correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos é máxima entre as classes de preditores lineares não-viesados; é possível prever o valor genético de indivíduos; e as variâncias e os erros do melhor preditor linear não-viesado são menores em relação a outros métodos.

O método BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos, contudo, na prática, não se tem acesso aos verdadeiros valores desses componentes. Assim, são necessárias estimativas confiáveis de componentes de variância. Os principais métodos para estimação dos componentes da variância são: método dos quadrados mínimos (LS), máxima verossimilhança (ML), máxima verossimilhança restrita (REML) e método R, que se baseia no coeficiente de regressão linear (RESENDE et al., 1996).

Nesse sentido, o método REML, proposto por Patterson e Thompson (1971), se baseia na estimação de componentes de variância por máxima verossimilhança sem considerar os efeitos fixos, servindo para qualquer modelo de análise de variância. Suas principais vantagens são: estimar os parâmetros genéticos de maneira não tendenciosa; considerar a covariância

genética entre as observações; e ponderar os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou nas diferentes gerações. Por isso, este método é considerado ótimo para estimação de componentes de variância, sejam os dados balanceados ou desbalanceados, sendo mais eficaz que os métodos dos mínimos quadrados para a seleção de genitores, clones e famílias, com uso de informação do indivíduo e sua genealogia, avaliados no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (RESENDE et al., 1996; BUENO FILHO, 1997; RESENDE, 1999).

Desse modo a metodologia REML/BLUP é uma ferramenta muito útil quando aplicado no melhoramento do milho, permitindo ao melhorista a predição de valores genotípicos com alta acurácia (FRITSCH NETO, 2008).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Para a obtenção dos híbridos simples foram utilizadas 25 linhagens. Por sua vez, para a obtenção dos híbridos triplos foram utilizadas 12 fêmeas (híbridos simples) de milhos brancos tropicais, subtropicais, e dois testadores (linhagens) de base restrita provenientes do germoplasma da Helix Sementes e Mudanças Ltda. A base genética dos genótipos provém de fontes distintas, sendo desde materiais oriundos de híbridos da América Latina, como também linhagens provenientes de contratos de cooperação com o CIMMYT. Portanto, várias das linhagens são exóticas, necessitando serem provadas em ambiente edafoclimático brasileiro.

Tabela 1 - Linhagens de milho branco utilizados para obtenção de híbridos simples testados (“continua”)

Linhagem	Adaptação	Origem
L44W	Tropical Baixa	Am Latina
L102W	Tropical Alta	África
L104W	Tropical Alta	África
L140PRO2	Tropical Baixa	Am Latina
L147W	Tropical Baixa	Am Latina
L160	Tropical Baixa	Am Latina
L211W	Subtropical	Am Latina
L273W	Subtropical	Am Latina
L287W	Tropical Alta	África
L295W	Tropical Alta	África
L344W	Tropical Alta	África
L345W	Tropical Alta	África
L391W	Tropical Baixa	Am Latina
L394W	Tropical Baixa	Am Latina
L398W	Tropical Baixa	Am Latina

L414W	Tropical Alta	África
L418W	Subtropical	Am Latina
L422W	Tropical Alta	África
L423W	Tropical Alta	África
L455W	Tropical Baixa	Am Latina
L467W	Subtropical Alta	África
L194W	Subtropical Alta	África
L476W	Tropical Baixa	Am Latina
L32W	Tropical Alta	Am Latina
L66W	Tropical Alta	Am Latina
Testador - L193W	Tropical Baixa	Am Latina
Testador - L208W	Subtropical Alta	África

Fonte: Do autor (2021).

Tabela 2 - Genótipos de milho branco utilizados como fêmeas para obtenção de híbridos triplos testados.

Híbrido	Fêmea	Adaptação
HS1	L44W/L273W	Tropical
HS2	L44W/L414W	Tropical
HS3	L273W/L417W	Subtropical
HS4	L394W/L273W	Tropical
HS5	L417W/L437W	Subtropical
HS6	L423W/L44W	Subtropical
HS7	L437W/L273W	Subtropical
HS8	L437W/L391W	Tropical
HS9	L345W/L394W	Tropical
HS10	L423W/L394W	Tropical
HS11	L83W/L102W	Subtropical
HS12	L83W/L552W	Tropical
Testador - L193W	Tropical Baixa	Am Latina
Testador - L208W	Subtropical Alta	África

Fonte: Do autor (2021).

Os híbridos foram avaliados durante a safrinha de 2019 em cinco locais: Campo Novo (MT), Nova Mutum (MT), Sorriso (MT), Patos de Minas (MG) e Ibiaporã (PR); e quatro locais na safra de verão 2019/20: Patos de Minas (MG), Abelardo Luz (SC), Ibiá (MG), Ponta Grossa (PR), Tabelas 3 e 4.

Tabela 3 - Locais de avaliação dos híbridos testados na segunda safra (safrinha) 2019.

Local	Sigla	Estado	Altitude (m)	Latitude	longitude
Campo Novo do Parecis	CNP	MT	550	-13.658	-53.892
Nova Mutum	NMT	MT	475	-13.815	-56.093

Sorriso	SRS	MT	350	-12.450	-55.819
Patos de Minas	PMS	MG	889	-18.754	-46.641
Ibiporã	IBP	PR	379	-23.165	-50.981

Fonte: Do autor (2021).

Tabela 4 - Locais de avaliação dos híbridos testados na primeira safra (verão) 2019/20.

Local	Sigla	Estado	Altitude (m)	Latitude	longitude
Patos de Minas	PMV	MG	889	-18.754	-46.641
Ibiá	IBA	MG	930	-19.487	-46.545
Ponta Grossa	PTG	PR	829	-25.093	-50.351
Abelardo Luz	ABL	SC	790	-26.575	-52.194

Fonte: Do autor (2021).

O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas fileiras de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,70 m. Foi feito desbaste manual com o objetivo de obter uma população de 60000 plantas ha⁻¹ para safrinha (segunda safra) e 70000 plantas ha⁻¹ na safra verão (primeira safra).

A semeadura dos ensaios ocorreu em área de plantio direto sobre soja, exceto em Patos de Minas, no qual foi feito sobre área de pousio. Em todos os locais, a semeadura foi feita por meio de semeadora adaptada de parcelas da marca Stara. O manejo e os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho (CRUZ et al., 2008).

A produtividade de grãos foi obtida após colheita com colhedora mecanizada de parcelas marca New Holland, por meio da pesagem dos grãos de cada parcela, corrigida para 13% de umidade e extrapolada para quilogramas por hectare.

3.1 Análises Estatísticas

Após a coleta dos dados, a análise de variância foi efetuada para cada ambiente a fim de avaliar a existência de variabilidade genotípica entre os híbridos de milho branco. As análises individuais para o delineamento em blocos casualizados foram realizadas seguindo modelo estatístico abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + B_j + G_i + E_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação do genótipo i , na repetição j ;

μ : média geral;

G_i : efeito do i -ésimo genótipo;

B_j : efeito do j -ésimo bloco; e

E_{ij} : erro aleatório associado à observação Y_{ij} , $E_{ij} \sim N(0, \sigma_E^2)$.

Análise de variância conjunta foi efetuada para avaliar a influência do ambiente sobre o desempenho de cada genótipo. Após a avaliação da homogeneidade das variâncias residuais, considerando as observações de Ramalho et al. (2012), os graus de liberdade foram ajustados. Então, realizou-se uma análise de variância conjunta para testar a significância e magnitude da interação Genótipos x Ambientes (G x A), de acordo com modelo apresentado a seguir. Neste caso os efeitos para genótipos e ambientes foram considerados fixos.

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação avaliada no i -ésimo genótipo, no j -ésimo ambiente, no k -ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i -ésimo genótipo;

B/A_{jk} : efeito do bloco k dentro do ambiente j ;

A_j : efeito do ambiente j ;

GA_{ij} : efeito da interação do i -ésimo genótipo com j -ésimo ambiente; e

E_{ijk} : erro aleatório associado à observação Y_{ijk} , $E_{ijk} \sim N(0, \sigma_E^2)$.

.

A análise de adaptabilidade e estabilidade foi realizada através da metodologia de Eberhart e Russell (1966):

$$Y_{ij} = \beta_{oi} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \underline{\varepsilon}_{ij}$$

Y_{ij} : média do genótipo i , no ambiente j ;

β_{oi} : constante da regressão e representa a média geral do genótipo i ;

β_{1i} : coeficiente da regressão linear, que mede a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente;

I_j : índice ambiental codificado;

δ_{ij} : desvio da regressão e;

$\underline{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram obtidas através do coeficiente de regressão (β_{1i}) de cada genótipo em relação ao índice ambiental e pelos desvios dessa regressão (σ_{di}^2). Na metodologia de Eberhart e Russell (1966), o conceito de adaptabilidade refere-se à capacidade de os genótipos responderem ao estímulo do ambiente. Genótipos com adaptabilidade geral são aqueles com $\beta_{1i}=1$; genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis são aqueles com $\beta_{1i}>1$; e genótipos com previsibilidade de comportamento são aqueles com $\sigma_{di}^2=0$ e genótipos com comportamento imprevisível são aqueles com $\sigma_{di}^2 \neq 0$.

Para a obtenção dos BLUPs, utilizou-se a metodologia dos modelos mistos, descrita por Henderson (1975), que tem por objetivo obter predições dos valores genotípicos considerando-os como de efeito aleatório. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood – REML), proposto por Patterson & Thompson (1971). A predição dos valores genotípicos de cada indivíduo foi obtida pelo melhor preditor linear não viesado (BLUP), conforme Resende & Mendes (1996).

O modelo misto é matricialmente representando por:

$$y = Xr + Zg + e$$

Em que:

y : é o vetor de observações; r : é o vetor dos efeitos fixos de repetição somados à média geral; g : é o vetor dos efeitos aleatórios genotípicos; X : é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z : é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios g (genéticos); e : é o vetor de erros, assumido como aleatório.

Análise de modelos mistos (REML) foi utilizada para avaliação dos cruzamentos entre os dois testadores L193W e L208W e os genótipos sob teste, seguindo o design Line x Tester, sendo possível categorizar os genótipos sob avaliação no grupo heterótico adequado e estimar a magnitude das capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação das linhagens e testadores em questão. A rotina VLINEBYTESTER faz uma análise de modelo misto de dados de um experimento line by tester, usando REML. Estes são ensaios em que várias "linhas" (geralmente fêmeas) são cruzadas com um menor número de testadores (geralmente machos).

Para tal, a rotina VLINEBYTESTER desenvolvida por Payne et al. (2009) foi utilizada no software GenStat 20th Edition, de acordo com o modelo a seguir:

$$Y_{ijk} = Y_{ijkw} = \mu + t_i + l_j + a_w + tl_{ij} + la_{jw} + ta_{iw} + lta_{ijw} + r/a_{kw} + e_{ijkw}$$

Em que:

Y_{ijk} : valor da i -ésima observação do cruzamento envolvendo a j -ésima linhagem e o i -ésimo testador na k -ésima repetição;

μ : média geral;

t_i : efeito do i -ésimo testador;

l_j : efeito da j -ésima linhagem;

a_w : efeito do w -ésimo ambiente;

tl_{ij} : efeito do cruzamento envolvendo a j -ésima linhagem e o i -ésimo testador;

la_{jw} : efeito da j -ésima linhagem no w -ésimo ambiente;

ta_{iw} : efeito da i -ésimo testador no w -ésimo ambiente;

lta_{ijw} : efeito do cruzamento envolvendo a j -ésima linhagem e o i -ésimo testador no w -ésimo ambiente;

r/a_{kw} : efeito da repetição no w -ésimo ambiente; e

e_{ijkw} : erro aleatório.

Neste caso, o efeito dos testadores (linhagens macho) foi considerado fixo. Os efeitos das linhagens e das combinações linhagens x testadores foram considerados aleatórios, bem como as fontes de variação restantes no modelo. Os BLUPs (best linear unbiased predictions) para as linhagens e linhagens x testadores correspondem as CGC e CEC, respectivamente. BLUEs foram também calculados para estimar os efeitos de cada testador. A presença do efeito das linhagens (fêmeas) e as possíveis interações com testadores e ambiente foi estudada pela análise de deviance.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas análises de variâncias por ambiente, foram constatadas diferenças significativas ($P \leq 0,01$) entre os tratamentos pelo teste F para o carácter produtividade de grãos (Tabela 5). As médias de rendimento oscilaram entre 5970 kg ha⁻¹, em Sorriso, e 11741 kg ha⁻¹, em Abelardo

Luz, e média geral de 8248 kg ha⁻¹. Foi observada uma maior produtividade nos ambientes de verão, visto que a cultura do milho necessita que os fatores climáticos, especialmente temperatura, precipitação pluviométrica e fotoperíodo, alcancem níveis considerados ótimos, para que o seu potencial genético de produção se expresse ao máximo (LANDAU et al., 2016). Uma exceção de alta produtividade no ambiente de verão foi pelo local de Patos de Minas, em que houve grande incidência de tombamento por doenças de solo e colmo. A incidência de podridão de colmo tem correlação direta com a diminuição de produtividade de milho do (KUHN, 2018). Apesar disso, no geral, os valores de coeficiente de variação (CV%) variaram entre 9,08% e 15,15%, e os valores de acurácia oscilaram entre 0,72 e 0,93 indicando boa precisão dos experimentos (FRITSCHÉ-NETO et al., 2012; RESENDE e DUARTE, 2007).

Tabela 5 - Resumo da análise de variância dos 74 híbridos de milho branco avaliadas em nove ambientes de produção de milho branco, safra 2019/20.

FV	GL	Quadrado médio (safrinha)				
		CNP	IBP	NMT	PMS	SRS
Bloco	1	10540,5	11506,9	77420,4	192240,2	1222314,2
Híbrido	73	1820409,8**	1937578,7**	1933774,8**	3379216,1**	1613785,1**
Resíduo	73	405793,5	410086,2	534336,6	442760,4	778125,1
Média		6485,2	6774,4	7965,5	7325,8	5970,4
CV (%)		9,82	9,45	9,18	9,08	14,77
Acurácia		0,88	0,89	0,85	0,93	0,72

FV	GL	Quadrado médio (verão)			
		ABL	IBA	PMV	PTG
Bloco	1	16170,3	1265585,1	127443,6	18,3
Híbrido	73	8477404,5**	8479068,3**	2573258,2**	9311322,8**
Resíduo	73	3163622,7	1466992,0	523596,7	2016870,5
Média		11741,3	10396,0	5971,8	11609,1
CV(%)		15,15	11,65	12,12	12,23
Acurácia		0,79	0,91	0,89	0,89

** : significativo pelo teste F a 1% de probabilidade.

Fonte: Do autor (2021).

Na análise de variância conjunta, foi verificada diferença significativa pelo teste *F* para o efeito de ambientes e híbridos, na avaliação de produtividade (Tabela 6). A diferença significativa entre ambientes evidencia a diversidade edafoclimáticas entre os mesmos. Além disso, o efeito significativo da interação (Híbridos x Ambientes) HxA evidencia que os híbridos apresentaram respostas distintas em função das diferenças ambientais. Nos trabalhos de Silva et al. (2014) e Santos et al. (2019) também foram observadas respostas diferenciadas na

produtividade de grãos em híbridos comerciais de milho, quando submetidos ao cultivo em diferentes ambientes.

A média geral de rendimento de grãos foi de 8248 kg ha⁻¹, com coeficiente de variação de 16,43%, sendo classificado como médio para a produtividade de grãos de milho (FRITSCHÉ-NETO et al., 2012). Contudo, considerando o número de locais e híbridos, a precisão experimental foi considerada boa, sendo confirmado pelo alto valor de acurácia (0,95) da análise conjunta (RESENDE e DUARTE, 2007).

Tabela 6 - Resumo da análise de variância conjunta dos 74 híbridos simples e triplos avaliados para produtividade de grãos em nove ambientes do Brasil, safra 2019/20.

FV	GL	Quadrado Médio
Bloco/Ambiente	9	324804,4
Híbridos	73	17896161,5**
Ambientes	8	826801670,5**
Híbridos x Ambientes	362	4361781,6**
Resíduo	387	1837672,9
Média		8248,3
CV (%)		16,43
Acurácia		0,95

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Do autor (2021).

Segundo Mi et al. (2011), a resposta à seleção é maior quando aplicado o método BLUP. A seleção baseada em BLUP é superior quando comparada com a seleção baseada na média fenotípica, possibilitando progressos no programa de melhoramento de milho (GIORGENON, 2015; MI et al. 2011). Deste modo, as avaliações de rendimento de grãos, e capacidade de combinação foram feitas com dados obtidos das estimativas dos melhores valores preditos não-viesados (BLUPs).

A média geral de produtividade para os nove locais testados foi de 8287 Kg ha⁻¹. A maior produtividade com o Testador L193W foi obtida com o cruzamento da linhagem L140PRO2 (HS3A), 9376 Kg ha⁻¹. O testador L193W também obteve bons rendimentos quando cruzado com as linhagens L194W (9286 Kg ha⁻¹), L344W (9285 Kg ha⁻¹), L414W (9090 Kg ha⁻¹) e L423W (9089 Kg ha⁻¹). A média de cruzamentos de linhagens com o testador L193W foi de 8126 Kg ha⁻¹. Em contrapartida, o pior desempenho foi observado no cruzamento com a linhagem L398W, 4308 Kg ha⁻¹. Uma possível explicação para esse baixo desempenho deve-se ao elevado grau de similaridade entre os parentais que geraram tal híbrido, uma vez que as duas linhagens são derivadas da mesma população. Considerando o testador L208W os melhores

cruzamentos foram obtidos com as linhagens L160 (10618 Kg ha⁻¹), L344W (10512 Kg ha⁻¹), L422W (9644 Kg ha⁻¹), L394W (9458 Kg ha⁻¹) e L423W (9437 Kg ha⁻¹). Por outro lado, as menores produtividades ocorreram nos cruzamentos com L140PRO2 e L211W. A linhagens L160W, L344W e L423W produziram bons resultados tanto com o testador L193W quanto L208W, indicando boa capacidade geral de combinação destes genótipos.

Souza (2006), estudando potencial de ganho genético em raça local de milho branco constatou média de produtividade 2795 Kg ha⁻¹ em Minas Gerais. Paterniani et al. (2019) avaliando híbridos intervarietais observaram rendimentos de até 6589 Kg ha⁻¹. Rovaris (2015) verificou médias de produtividade de milhos brancos, na safra verão, de 8636 Kg ha⁻¹ o que demonstra o excelente desempenho dos materiais do presente trabalho, visto que a média de 8286,7 Kg ha⁻¹ foi no conjunto das safras verão e safrinha. Dados da produtividade brasileira no ano agrícola de 2019/20 indicam que o rendimento de grãos ficou em 5500 kg ha⁻¹ (CONAB, 2021), o que corrobora o bom potencial produtivo dos híbridos de milho branco avaliados nesse estudo.

Tabela 7 - Produtividade de grãos em quilogramas por hectare (Kg ha⁻¹), média de 9 locais, para as diferentes linhagens em cruzamentos com dois testadores, L193W e L208W.

Híbrido	Pedigree	Kg ha ⁻¹	Híbrido	Pedigree	Kg ha ⁻¹
HS1A	L102W//L193W	7502	HS1B	L102W//L208W	8322
HS2A	L104W//L193W	8573	HS2B	L104W//L208W	9147
HS3A	L140PRO2//L193W	9376	HS3B	L140PRO2//L208W	5119
HS4A	L147W//L193W	6461	HS4B	L147W//L208W	7458
HS5A	L160//L193W	9032	HS5B	L160//L208W	10618
HS6A	L194W//L193W	9286	HS6B	L194W//L208W	8959
HS7A	L211W//L193W	8167	HS7B	L211W//L208W	7190
HS8A	L273W//L193W	8605	HS8B	L273W//L208W	9111
HS9A	L287W//L193W	7302	HS9B	L287W//L208W	7568
HS10A	L295W//L193W	8116	HS10B	L295W//L208W	8111
HS11A	L32W//L193W	8060	HS11B	L32W//L208W	8173
HS12A	L344W//L193W	9285	HS12B	L344W//L208W	10512
HS13A	L345W//L193W	7248	HS13B	L345W//L208W	7661
HS14A	L391W//L193W	8723	HS14B	L391W//L208W	9249
HS15A	L394W//L193W	8802	HS15B	L394W//L208W	9458
HS16A	L398W//L193W	4308	HS16B	L398W//L208W	7504
HS17A	L414W//L193W	9090	HS17B	L414W//L208W	9128
HS18A	L418W//L193W	7813	HS18B	L418W//L208W	8090
HS19A	L422W//L193W	8529	HS19B	L422W//L208W	9644
HS20A	L423W//L193W	9089	HS20B	L423W//L208W	9437
HS21A	L44W//L193W	8393	HS21B	L44W//L208W	8507

HS22A	L455W//L193W	8149	HS22B	L455W//L208W	7592
HS23A	L467W//L193W	8188	HS23B	L467W//L208W	8235
HS24A	L476W//L193W	8010	HS24B	L476W//L208W	8529
HS25A	L66W//L193W	7048	HS25B	L66W//L208W	7858
Média L193W		8126	Média L208W		8447
Média Geral		8287			

Fonte: Do autor (2021).

Em relação aos híbridos triplos obtidos dos cruzamentos com os dois testadores L193W e L208W a média geral de produtividade foi de 8188 Kg ha⁻¹, em torno de 100 Kg ha⁻¹ a menos que os híbridos simples. Os cruzamentos realizados com L193W alcançaram média de 8028,6 Kg ha⁻¹ e os melhores cruzamentos foram L394W/L273W (8771 Kg ha⁻¹) e L417W/L437W (8634 Kg ha⁻¹), enquanto o pior desempenho foi constatado para L83W/L452W//L193W com 6446 Kg ha⁻¹. Para o testador L208W a média dos híbridos triplos obtidos foi de 8348 Kg ha⁻¹, sendo os melhores L394W/L273W//L208W (9081 Kg ha⁻¹) e L423W/L394W//L208W (8997 Kg ha⁻¹), evidenciando o bom desempenho da linhagem L394W em cruzamentos com L208W. Ao passo que o híbrido L423W/L44W//L208W obteve rendimento mais baixo (7680 Kg ha⁻¹).

Tabela 8 - Produtividade de grãos em quilogramas por hectare (Kg ha⁻¹) para as diferentes fêmeas (híbridos simples) em cruzamentos com dois testadores, L193W e L208W.

Híbrido	Pedigree	Kg ha ⁻¹	Híbrido	Pedigree	Kg ha ⁻¹
HT26A	L44W/L273W//L193W	8285	HT26B	L44W/L273W//L208W	7960
HT27A	L44W/L414W//L193W	8225	HT27B	L44W/L414W//L208W	8506
HT28A	L273W/L417W//L193W	8522	HT28B	L273W/L417W//L208W	7763
HT29A	L345W/L394W//L193W	7895	HT29B	L345W/L394W//L208W	8501
HT30A	L394W/L273W//L193W	8771	HT30B	L394W/L273W//L208W	9081
HT31A	L417W/L437W//L193W	8634	HT31B	L417W/L437W//L208W	7858
HT32A	L423W/L44W//L193W	8625	HT32B	L423W/L44W//L208W	7680
HT33A	L423W/L394W//L193W	7880	HT33B	L423W/L394W//L208W	8997
HT34A	L437W/L273W//L193W	8575	HT34B	L437W/L273W//L208W	8005
HT35A	L437W/L391W//L193W	7980	HT35B	L437W/L391W//L208W	8417
HT36A	L83W/L102W//L193W	8076	HT36B	L83W/L102W//L208W	7942
HT37A	L83W/L452W//L193W	6446	HT37B	L83W/L452W//L208W	8322
Média		8029	Média		8348
Média Geral		8188			

Fonte: Do autor (2021).

A análise de deviance demonstrou a significância do efeito das linhagens (fêmeas) bem como a sua interação com testadores e ambientes (Tabela 9). Faria (2016) e Khan et al. (2020), também observaram resultados similares de interação entre linhagens x ambiente e linhagens x testador.

Tabela 9 - Teste para efeito de capacidade de combinação.

	Desvio	G.L.	χ^2
Fêmea	387,8	1	<0,001
Fêmea x Testador	127,7	1	<0,001
Fêmea x Ambiente	63,2	1	<0,001
Fêmea x Testador x Ambiente	6,9	1	0,009

Fonte: Do autor (2021).

A capacidade de combinação de linhagens é relacionada com a quantidade de alelos favoráveis que uma linhagem apresenta para determinada característica. É calculada pela diferença entre a média do caráter exibido no cruzamento e a média geral dos cruzamentos. As linhagens que apresentarem valores elevados para essa estimativa deverão resultar em cruzamentos superiores, devido ao seu alto valor genético (NASS et al., 2001; VENCOVSKY, 1987).

Sprague e Tatum (1942) propuseram dois conceitos para a capacidade de combinação: a capacidade geral (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC). A capacidade geral de combinação foi definida como sendo o comportamento médio da linhagem em combinações híbridas, principalmente o relacionado aos efeitos aditivos dos genes e capacidade específica de combinação como o fenômeno reflete certas combinações a serem superiores ou inferiores em relação à média dos cruzamentos, através da ação de genes dominantes ou de efeitos epistáticos.

Segundo Hallauer (1975), uma questão essencial para aplicação da metodologia do *topcross* está relacionada com a escolha do testador. Apesar de que este método seja muito aceito para avaliar linhagens, a escolha do testador pode ser um problema para os melhoristas de milho. Alguns estudos sobre base genética, número e eficiência dos testadores têm sido realizados e auxiliado na escolha dos testadores, porém não se têm elucidado todas as questões sobre o assunto (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987; VENCOVSKY, 1987; MORAN, 1990; RISSI; HALLAUER, 1991; TROYER, 1994; SOUZA JÚNIOR, 1997).

A seleção do testador ideal depende dos objetivos de cada programa, podendo estar vinculada a alta ou baixa frequência de alelos favoráveis, base genética ampla ou restrita,

capacidade geral ou específica de combinação, número de testadores utilizados e grau de parentesco com os materiais avaliados. Ainda assim, uma determinada população ou linhagem pode ser um bom testador em uma circunstância, porém não ter o mesmo comportamento em outra situação (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; CASTELLANOS; HALLAUER; CORDOVA, 1998; SANTOS et al., 2001).

Em relação a base genética, os testadores podem ser divididos em dois grupos com: de base genética ampla e de base genética restrita. As variedades de polinização aberta, variedades sintéticas e populações são genótipos que pertencem ao grupo dos testadores de base genética ampla, pois são geneticamente heterogêneos. Já as linhagens e os híbridos são classificados como testadores de base genética restrita. Em geral, os genótipos de base genética ampla são utilizados para selecionar linhagens com bons índices de capacidade geral de combinação, enquanto os de base genética restrita para capacidade específica de combinação (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Normalmente, um bom testador deve apresentar simplicidade em seu uso, fornecer as informações que classificam corretamente o mérito relativo das linhagens e que maximizem os ganhos genéticos (HALLAUER, 1975). A altura do testador e a quantidade fornecida de pólen também são duas características fundamentais, principalmente quando se trata de linhagens endogâmicas. Para que a polinização seja bem sucedida é recomendado que o testador seja mais alto que as linhagens que serão cruzadas e forneça uma boa quantidade de pólen, de modo que torne o processo viável. Uma linhagem utilizada como testadora que produz pouco pólen poderia tornar o processo dispendioso, uma vez que seria necessário um número maior de linhas do testador, demandando maiores áreas e maior quantidade de sementes (ARAÚJO, 2014).

Genótipos homozigotos recessivos e populações com alta frequência de alelos desfavoráveis, quando utilizados como testadores, facilitam a identificação de linhagens com alta frequência de alelos favoráveis (GUIMARÃES et al., 2012).

As estimativas dos efeitos de Capacidade Geral de Combinação (CGC) para produtividade demonstraram que das 25 linhagens estudadas, 12 apresentaram efeitos positivos para CGC e 13 efeitos negativos. A linhagem L160 exibiu o maior efeito de CGC (821,3), enquanto a linhagem L398W apresentou o menor efeito de CGC (-1434,0), indicando, respectivamente, a melhor e pior CGC das linhagens estudadas em função dos testadores L193W e L208W. O baixo desempenho de L398W pode ser devido a origem em comum com L193W, sugerindo maior grau de similaridade genética. Os valores negativos de Capacidade de Combinação ocorrem quando os cruzamentos envolvem genótipos semelhantes ou de pouca divergência genética (RODOVALHO et al., 2012), além de complementaridade reduzida

(VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Por fim, as linhagens identificadas com boa CGC podem ser utilizadas no programa de melhoramento para transferência de caracteres desejados, como nesse caso de produtividade. A CGC é de suma importância na seleção do melhor testador, visto que este parâmetro permite medir a aditividade existente entre genótipos e testadores utilizados (BARRETO et al., 2012).

Tabela 10 - Estimativa de Capacidade Geral de Combinação (CGC) para rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, em diferentes locais, 2019/20.

Fêmea	CGC
L140PRO2	-220,5
L160	821,3
L44W	333,3
L102W	-219,2
L104W	328,0
L147W	-787,2
L211W	-334,5
L273W	307,9
L287W	-523,9
L295W	-132,7
L344W	756,5
L345W	-547,5
L391W	421,4
L394W	495,5
L398W	-1434,0
L414W	504,8
L418W	-206,9
L422W	477,2
L423W	530,6
L455W	-239,5
L467W	-73,9
L194W	480,4
L476W	24,7
L32W	-151,2
L66W	-520,7

Fonte: Do autor (2021).

As estimativas de efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) para os nove ambientes são apresentados na tabela 12. Foram observados tanto efeitos negativos quanto positivos de CEC para produtividade de grãos. Além disso, verificou-se que a CEC das linhagens variou de forma diferenciada entre os testadores L193W e L208W. Para o testador L193W a CEC variou entre 1372,2 e -2180,0, e para o testador L208W entre 803,6 e -1640,2.

De forma generalizada, L208W propiciou maiores CEC nas combinações com as linhagens estudadas, o que pode denotar o maior número de alelos favoráveis deste testador para o caráter produtividade (EL-HOSARY e ELGAMMAAL, 2013). Tal fato foi suportado pelas estimativas dos efeitos dos testadores que apresentaram valores de BLUEs numericamente distintos e iguais a 0,0 pra L193W e 25,1 para L208W, apesar de serem estatisticamente iguais ($F = 0,936$).

Considerando os grupos heteróticos das linhagens testadas, L140PRO2 se agrupa internamente no grupo da raça tuxpeño, enquanto L160 é de origem não Tuxpeño. Desse modo, pelo efeito contrastante entre essas linhagens, com grupos heteróticos bem definidos dentro do programa, e os testadores, pode-se inferir que L208W tem menor complementaridade com a linhagem tuxpeño L140PRO2 e maior complementaridade com a linhagem não-Tuxpeño L160. De forma oposta, o testador L193W obteve maior complementaridade cruzado com L140PRO2 e menor complementaridade com L160.

Dentre os valores de CEC dos vários genótipos testados, constatou-se que dependendo com qual testador foi realizado o cruzamento os híbridos apresentaram comportamentos bastante distintos entre si (Tabela 12). Como exemplo citado anteriormente, a linhagem L140PRO2 cruzada com testador L193W obteve CEC de 1372, e quando cruzada com L208W, CEC de -1640,2. Diversamente, a linhagem L398W apresentou CEC de -2180 quando hibridizada com L193W e valor de 438 em cruzamento com L208W. O que indica que os dois testadores foram eficientes na discriminação das linhagens e grupo heterótico mais adequado. Este comportamento também foi observado em outros estudos sobre capacidade de combinação em milho (ASSEFA et al., 2017; GIORGENON, 2015).

Ainda assim, algumas linhagens demonstraram bons desempenhos com ambos os testadores, caso observado para L344W, com CEC de 381,5 para L193W, e 537,6 para L208W, o que pode indica que tal linhagem tem boa CGC, no valor de 756,5. Ao passo que outros genótipos tiveram comportamento oposto, como L345W com -421,9 (L193W) e -243,3 (L208W) demonstrando baixo desempenho agrônômico da linhagem, o que reflete o CGC de -547,5.

Uma das decisões mais importantes do melhorista de plantas é a escolha dos genitores para o programa de hibridação. Para tanto, é sabido que a seleção de linhagens no decorrer do processo de endogamia precisa ser feita de maneira assertiva, pois erros nesta etapa pode comprometer a eficiência do programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012). Dessa maneira, o processo de distinção do grupo heterótico das linhagens para a evolução do processo de melhoramento de milho branco no Brasil deve ser um dos objetivos para o sucesso do programa.

Muitas das linhagens utilizadas no presente trabalho são provenientes de projeto de cooperação com o CIMMYT, e segundo Guo et al., (2021) são classificadas por essa instituição com base na fonte predominante da população de origem e a capacidade de combinação com testadores heteróticos estabelecidos como Tuxpeño (Grupo A) e não-Tuxpeño (Grupo B), mas os grupos ainda não são distinguíveis (WU et al., 2016). Desse modo a correta classificação heterótica dos genótipos deve ser feita em função da base genética de cada programa de melhoramento.

De acordo com Hallauer e Carena, (2009) quando são utilizados testadores com alta frequência de alelos favoráveis, a identificação de cruzamentos com maior capacidade específica de combinação é otimizada. Esta situação é muito utilizada comercialmente, em que são empregadas linhagens elite ou híbrido simples com alta frequência de alelos favoráveis, permitindo a avaliação de um grande número de linhagens e a obtenção imediata de híbridos que podem ser comercializados. Por meio da análise da tabela 7 e 12, é possível verificar híbridos simples de milho brancos com rendimento adequado para as regiões de cultivo, como HS5B, HS12B, HS3A e HS6A e também a diversidade de resposta em função dos diferentes testadores de base restrita.

Tabela 11 - Estimativa de Capacidade Específica de Combinação (CEC) rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, em diferentes locais, 2019/20.

Macho	L193W	L208W
Fêmea	CEC	CEC
L140PRO2	1372,2	-1640,2
L160	194,2	803,6
L44W	33,2	371,8
L102W	-413,5	147,2
L104W	53,5	345,0
L147W	-819,0	-137,4
L211W	301,6	-708,1
L273W	37,0	337,1
L287W	-348,6	-288,0
L295W	-2,0	-159,2
L344W	381,5	537,6
L345W	-421,9	-243,3
L391W	137,8	374,1
L394W	98,6	503,4
L398W	-2180,3	438,0
L414W	396,2	217,2
L418W	-148,1	-103,3
L422W	-96,1	675,8

L423W	227,4	417,2
L455W	178,8	-469,8
L467W	51,8	-141,5
L194W	525,6	58,0
L476W	-107,7	137,8
L32W	-19,6	-164,2
L66W	-582,1	-50,6

Fonte: Do autor (2021).

As diferenças entre os anos e ambientes de cultivo afetam o comportamento dos cultivares devido, principalmente, à interação genótipo x ambiente. A avaliação dessa interação nos programas de melhoramento é de grande importância, cabendo ao melhorista quantificar a magnitude e a significância de seus efeitos para adotar estratégias que possam minimizá-la ou aproveitá-la (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Desse modo, em análise complementar, separando os ambientes de verão e safrinha (Tabela 13) foi possível discriminar de forma indireta a adaptação das linhagens para primeira e segunda safra, com base na CGC. Para o ambiente de verão, alguns genótipos tiveram destaque positivo como L44W e L344W, que apresentaram valores positivos em todos os ambientes avaliados, enquanto que para L398W e L345W, foi observado CGC com predominância de valores negativos. Segundo Guimarães (2013), a adequação do material genético em função das condições ambientais otimiza o desempenho fisiológico, maximizando o rendimento de grãos.

A verificação da CGC dos genótipos testados em ambiente de safrinha (Tabela 13) demonstrou que a linhagem L273W teve superioridade em ambiente de segunda safra. Já para a linhagem L44W ficou em evidência o maior efeito negativo para o cultivo de safrinha.

De forma geral, foi observado o comportamento distinto dos cruzamentos com as linhagens em função da época de cultivo. Dos 25 híbridos simples testados, 21 apresentaram comportamento diferencial em função da época de cultivo, ou seja, quando os efeitos positivos predominaram no verão, na safrinha houve maior prevalência de efeitos negativos, e vice-versa. Portanto a determinação da época ideal de semeadura do milho é de essencial importância para o sucesso da cultura (VON PINHO et al., 2003).

Tabela 12 - Estimativa de Capacidade Geral de Combinação (CGC) para rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, dos locais de verão, 2019/20.

Linhagem	PMV	IBA	PTG	ABL
L140PRO2	394,6	-292,9	-324,2	-162,2
L160	-48,9	328,1	250,5	189,2
L44W	11,5	234,8	298,4	181,8
L102W	0,5	-97,2	-68,6	221,8
L104W	177,6	244,5	-211,2	-126,8
L147W	-2,8	-404,1	93,4	-161,5
L211W	65,7	82,5	135,6	-89,1
L273W	-471,3	-34,1	73,4	-39,8
L287W	-54,7	63,3	-300,1	-231,7
L295W	-49,8	26,6	140,1	-301,1
L344W	98,1	290,5	80,5	164
L345W	-328,7	-137,2	-196,9	60,7
L391W	-132,1	220,5	-42,2	47,1
L394W	-438,2	78,1	201,8	101
L398W	162,4	-566,1	-356,2	-154,8
L414W	327,8	145,6	-106,7	99,9
L418W	70	87	-119,9	-89,8
L422W	251,8	-82,7	253,9	18,7
L423W	-75,8	-3,1	136,7	111,6
L455W	-136,2	319,4	-30,2	97,7
L467W	5,4	-3,2	159,3	-352,2
L194W	-103,5	112,8	1,9	-51,8
L476W	-249,9	176,1	195,2	-41,3
L32W	-44,4	-527,1	106,3	-3,3
L66W	-59,7	-18,1	-274,8	-78,5

PMV: Patos de Minas; IBA: Ibiá; PTG: Ponta Grossa; ABL: Abelardo Luz

Fonte: Do autor (2021).

Tabela 13 - Estimativa de Capacidade Geral de Combinação (CGC) para rendimento de grãos, em quilogramas por hectare, dos locais de safrinha, 2019/20.

Linhagem	CNP	NMT	SRS	PMS	IBP
L140PRO2	-303,2	-121,7	119,8	612,1	-17,5
L160	-127,3	-332,9	171	100,6	-176,2
L44W	-757,4	-274,7	-79,8	600,4	-71,4
L102W	21,4	17	207,1	-155,9	-240,6
L104W	164,3	20	1	293,9	-422
L147W	-73,9	215,8	148,8	53,6	-208,5
L211W	-451,1	-148	103,6	-424,4	581
L273W	-30,7	36,5	32,4	289,9	276,5

L287W	33,2	208,6	-131,3	213,4	-26,5
L295W	280,1	342,3	-250,7	-42,9	-201,8
L344W	-96,5	-365,2	-220,4	330,8	44,3
L345W	304,4	250,4	-22,2	-372,3	205,8
L391W	-253,5	409,3	-140,7	452,8	-379,8
L394W	-235,6	19,7	-46,8	153,7	379,8
L398W	87	-131,5	286,5	-265,2	320
L414W	29,9	-181	12,2	248	-358,2
L418W	90,3	7,9	-84,9	-88,2	38,5
L422W	2,1	68,2	-192,7	-146,4	32,7
L423W	231,9	197,5	155,6	-605,8	80
L455W	21,3	140,4	-502,9	-334,7	322
L467W	154,9	198,1	-167,8	-156,4	130,1
L194W	-36,1	-69,1	-46,7	340,8	58,7
L476W	-27	-244,5	260,1	143,2	-201,1
L32W	578,8	-114,7	242,3	-69,3	-233,9
L66W	-120,9	-81,4	381,5	-477,4	504,9

CNP: Campo Novo do Parecis; NMT: Nova Mutum; SRS: Sorriso; PMS: Patos de Minas; IBP: Ibiporã.

Fonte: Do autor (2021).

Pela análise dos índices Ambientais (Ij) (Tabela 15), os quais indicam a qualidade dos ambientes avaliados, os cinco locais de safrinha Campo Novo do Parecis (CNP), Nova Mutum (NMT), Sorriso (SRS), Patos de Minas (PMS), Ibiporã (IBP) e um ambiente de verão, Patos de Minas (PMV) foram classificados como desfavoráveis. Esses apresentaram valores negativos de Ij, que normalmente estão associados a regiões de condições climáticas, ou de solo, adversas, ao ataque de pragas e doenças ou áreas com emprego de baixa tecnologia e insumos (FARIA, 2016). O cultivo de milho em época de safrinha normalmente sofre com baixos índices pluviométricos (VAN ROEKEL et al., 2012), o que possivelmente comprometeu o rendimento da cultura para os ambientes de safrinha, além de doenças de colmo para o local de Patos de Minas no cultivo de verão, que segundo Kuhn, (2018) tem correlação direta com a diminuição de produtividade de milho. Os outros três locais de safra verão, Abelardo Luz (ABL), Ibiá (IBA) e Ponta Grossa (PTG), foram qualificados como favoráveis sendo os ambientes em que os híbridos apresentaram as maiores produtividade de grãos. Segundo Piana et al. (2008), na ausência de restrição hídrica, a época preferencial para semear o milho é aquela que coincide o estágio em que a planta apresenta a máxima área foliar (pendoamento) com os dias mais longos do ano, que são características de semeadura de verão para região sul, proporcionando maiores rendimentos em relação aos cultivos de safrinha, conforme dados da Conab, (2021). Além disso, existe um efeito desfavorável da diminuição da temperatura ao longo do ciclo de milho

na safrinha.

Tabela 14 - Classificação dos ambientes utilizando o índice ambiental na avaliação dos híbridos de milho branco para produtividade (Kg ha^{-1}) em nove ambientes na safra 2019/20.

Ambientes	Média	Índice (Ij)
CNP	6485,17	-1763,66
IBP	6774,41	-1474,42
NMT	7965,47	-283,37
PMS	7325,84	-922,99
SRS	5970,43	-2278,40
ABL	11741,30	3492,47
IBA	10396,04	2147,21
PMV	5971,75	-2277,08
PTG	11609,08	3360,25

Fonte: Do autor (2021).

Para a avaliação de estabilidade e adaptabilidade fenotípica foram selecionados os 24 híbridos triplos provenientes dos cruzamentos com os testadores L193W e L208W, (Tabela 16) e aplicado o método de Eberhart & Russell (1966). Constatou-se que dos 24 genótipos avaliados 13 apresentaram coeficientes de regressão estatisticamente iguais a um ($\beta_1=1$) e, conseqüentemente, demonstraram ampla adaptabilidade aos ambientes avaliados. Ao passo que seis híbridos, HT34A, HT32A, HT26A, HT27A, HT36A e HT33A, foram indicados com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ($\beta_1>1$). Além disso, foi verificado que todos os genótipos com adaptabilidade a ambientes favoráveis foram cruzados com o testador L193W, o que sugere que esse testador seja favorecido em ambientes de alta tecnologia. Em contraste os híbridos HT34B, HT36B, HT31B, HT28B e HT32B, apresentaram ($\beta_1<1$) evidenciando adaptabilidade em ambientes desfavoráveis não apresentando incremento de produtividade com a melhoria do ambiente. Além disso foi verificada menor heterose, explicitada pela menor produtividade quando comparados com os cruzamentos meio irmãos, como exemplo HT34B, HT36B e HT32B, que quando cruzados com L208W refletiram em menor produtividade em relação a L193W.

Em relação a estabilidade produtiva a grande maioria dos híbridos, 23 de 24 genótipos, apresentaram desvio da regressão igual a zero ($S^2d=0$) indicando alta previsibilidade de comportamento. Somente o híbrido HT34A obteve desvio da regressão significativo, indicando comportamento imprevisível nos ambientes avaliados. Ainda assim, HT34A apresentou valor de coeficiente de determinação (R^2) maior que 85%, como recomendado por Oliveira et al. (2004), para a cultura do milho. Esse coeficiente é uma medida auxiliar de comparação entre

os genótipos, e reflete o grau de ajuste do modelo, para a produtividade, observados para cada um dos híbridos avaliados (FARIA, 2016). Segundo Fonseca Júnior (1999), o R^2 pode ser considerado uma medida de previsibilidade mais imparcial do que os desvios da regressão de variância. Desse modo, esses resultados demonstraram que a maior parte das variações totais foi explicada pelo modelo adotado (Tabela 15).

Na análise conjunta dos indicadores de adaptabilidade e estabilidade (β_1 e S^2d), constatou-se que a maioria dos híbridos apresentaram ampla adaptabilidade e comportamento previsível, podendo citar como destaque os híbridos HT30B, HT31A, HT33B, HT30A, HT27B e HT28A que além disso, tiveram as maiores médias de produtividade. Segundo Faria (2016), a escolha do híbrido, por parte dos produtores, deve ser feita a fim de ajustá-lo ao seu sistema de produção, principalmente levando em consideração o quanto está disposto a investir em sua lavoura, buscando um equilíbrio entre esses fatores para se tomar uma decisão economicamente rentável. Como relatado por Garbuglio et al. (2007), uma recomendação baseada apenas nos parâmetros estimados pelo modelo pode excluir um material que tenha uma baixa estabilidade, mas possui bom rendimento de grãos, como exemplo seria o caso do HT34A que tem alta produtividade e adaptabilidade a ambientes de maior nível tecnológico.

Tabela 15 - Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia de Eberhart & Russell (1966), dos híbridos de milho branco em nove ambientes na safra 2019/20.

Genótipo		Média(β_0)	β_1	S^2d	R^2 (%)
L394W/L273W//L208W	HT30B	9175	1,06	-359204,9	97,51
L437W/L273W//L193W	HT34A	9111	1.39**	567646.76+	91,82
L423W/L44W//L193W	HT32A	8957	1.25*	-191045,1	96,61
L417W/L437W//L193W	HT31A	8939	1,18	469267,2	89,78
L423W/L394W//L208W	HT33B	8921	1,05	185349,4	90,65
L394W/L273W//L193W	HT30A	8819	1,07	43234,3	92,53
L44W/L414W//L208W	HT27B	8659	1,07	-218637,7	95,77
L273W/L417W//L193W	HT28A	8577	1,16	-237194,9	96,60
L44W/L273W//L193W	HT26A	8563	1.23*	-144903,2	96,05
L44W/L414W//L193W	HT27A	8495	1.23*	-167729,7	96,29
L83W/L102W//L193W	HT36A	8312	1.24*	121520,8	93,65
L83W/L452W//L208W	HT37B	8284	1,02	-319923,9	96,79
L437W/L391W//L193W	HT35A	8224	1,16	80811,1	93,20
L345W/L394W//L208W	HT29B	8210	0,91	414379,7	84,73
L437W/L391W//L208W	HT35B	8171	0,79	-375535,5	96,02
L423W/L394W//L193W	HT33A	8121	1.28*	-286002,5	97,61
L44W/L273W//L208W	HT26B	7766	0,85	-220737,1	93,47
L345W/L394W//L193W	HT29A	7766	0,87	-69874,8	91,04

L437W/L273W//L208W	HT34B	7629	0.60**	-66225,9	82,73
L83W/L102W//L208W	HT36B	7584	0.72*	-96329,0	88,07
L417W/L437W//L208W	HT31B	7413	0.65**	96085,6	81,09
L273W/L417W//L208W	HT28B	7402	0.68**	27884,2	83,81
L423W/L44W//L208W	HT32B	7018	0.56**	357746,1	69,02
L83W/L452W//L193W	HT37A	6472	1,06	39524,6	92,50

** , *: significativamente diferente de 1, pelo teste t, a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente. +: significativamente diferente de 0, pelo teste F, a 5% de probabilidade. (B1) - Coeficiente de Regressão, S²d – Variância do desvio da regressão, R² (%) - Coeficiente de determinação.

Fonte: Do autor (2021).

5 CONCLUSÕES

As linhagens L193W e L208W possibilitaram a discriminação de grupos heteróticos de linhagens de milho branco.

Há linhagens com adaptabilidade diferencial em função da época de cultivo (safra/safrinha).

O Híbrido triplo HT30B, pelo método de Heberhart & Russell (1966), possui adaptabilidade e estabilidade, além de associar alta produtividade, características adequadas para híbrido comercial.

6 REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

- ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. 2 ed. Wiley-Blackwell, Oxford. 2012, 740 p.
- AGRICULTURAL MARKETING RESOURCE - AGMRC. **White Corn**. Disponível em <https://www.agmrc.org/commodities-products/grains-oilseeds/corn-grain/white-corn>. Acesso em: 08 de jul. 2019.
- ALVES, G. F. **Relações entre seleção de testadores de milho e suas divergências genéticas**. 2006. 145 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.
- ANDORF, C.; BEAVIS, W.D.; HUFFORD, M.; SMITH, S.; SUZA, W.P.; WANG, K.; WOODHOUSE, M.; YU, J.; LÜBBERSTEDT, T. Technological advances in maize breeding: past, present and future. **Theoretical and Applied Genetics**. Springer, v. 132, n. 3, p. 817-849, 2019.
- ARAÚJO, J. R. **Uso de topcross como indicador do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens**. 2014. 45 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.
- ASSEFA, T., ZELEKE, H., AFRIYE, T. AND OTYAMA, P. Line × Tester Analysis of Tropical High Land Maize (*Zea mays* L.) Inbred Lines Top Crossed with Three East African Maize Populations. **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, p. 126-136. 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2017.82010>. Acesso em: 20 jul. 2021.
- BALDISSERA, J.N.C.; VALENTINI, G.; COAN, M.M.D.; GUIDOLIN, A.F.; COIMBRA, J.L.M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**. v.13, n.2, p.181-189, 2014.
- BARRETO, R. R.; SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RODOVALHO, M. A.; VIEIRA, R. A.; SCHUELTER, A. R. Avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho pipoca por meio de diferentes testadores. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 3, p. 873-890, 2012.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002. 369 p.
- BIGNOTTO, L.S. **Avaliação da capacidade combinatória de milho branco para canjica na região noroeste do Paraná**. 2011. 83f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2011.
- BORGES, V., FERREIRA, P.VP., SOARES, L., SANTOS, G.M., SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento de REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.32., n.4, p.643-649. 2010.
- BOUCHET, S.; SERVIN, B.; BERTIN, P.; MADUR, D.; COMBES, V.; DUMAS, F.; BRUNEL, D.; LABORDE, J.; CHARCOSSET, A.; NICOLAS, S. Adaptation of maize to temperate climates: mid-density genome-wide association genetics and diversity patterns reveal key genomic regions, with a major contribution of the Vgt2 (ZCN8) locus. **Plos One** v.8, e71377, 2013.

BUENO FILHO, J. S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: Ed. UFLA, 2001. 282 p.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. 2 ed. Lavras, UFLA, 2006, 282p.

CANAL RURAL. **Preço do milho para canjica pode chegar ao dobro do normal**. 2018. Disponível em: <https://canalrural.uol.com.br/noticias/preco-milho-para-canjica-pode-chegar-dobro-normal-72108/>. Acesso em: 24 ago. 2018.

CASTRO, M.V.L.; NAVES, M.M.V.; OLIVEIRA, J.P.; FROES, L.O. Rendimento industrial e composição química de milho de alta qualidade proteica em relação a híbridos comerciais. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.39, p.233-242, 2009.

CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO DE MAÍZ Y TRIGO - CIMMYT; FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION - FAO. **White Maize: A Traditional Food Grain in Developing Countries**, Rome: FAO & CIMMYT, 1997. Disponível em: <http://www.fao.org/3/w2698e/w2698e00.htm#Contents>. Acesso em: 08 jul. 2019.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento - planta**, p. 673-713, 2001.

COE, E.H., NEUFFER, M.G. & HOISINGTON, D.A. (1988). In G.F. Sprague & J.W. Dudley (Eds.), **Corn and Corn Improvement** (pp. 81–258). Madison, WI: American Society of Agronomy

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Série histórica de safras: maio 2021**. Brasília: CONAB, 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20>. Acesso em: 22 jun. 2021.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2004. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.

CRUZ, C.C.; KARAM, D.; MONTEIRO, M.A.R.; MAGALHÃES, P.C. A cultura do milho. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas, MG, 517p., 2008

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agricultural Experimental Station Annual Report**, p.14-15, 1927.

EAST, E. M. The distinction between development and heredity inbreeding. **American Naturalist**, Chicago, v. 43, p. 173-181, 1909.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p. 36-40, 1966.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA – **Sistema de Produção, Cultivo do Milho** – 2010. Disponível em: http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_6_ed/index.htm. Acesso em: 22 nov. 2017.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. Sementes de Milho no Brasil – A Dominância dos Transgênicos Sementes de Milho no Brasil – A Dominância dos Transgênicos. **Documentos 223**, p. 13, 2018. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/186601/1/doc-223.pdf>. Acesso em: 08 jul. 2019.

EL-HOSARY, A.A.A.; ELGAMMAAL, A.A. Utilization of line × tester model for evaluating the combining ability of some new white maize inbred lines. **Egypt J Plant Breed.** v.1, n.1, p. 79-72, 2013.

ENTRINGER, C. H. B. **Capacidade de combinação para seleção de genótipos de milho**. 2015. 54f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2015.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. SILVA, M.A. & SILVA, J.C. Viçosa, UFV. Imprensa Universitária, 1987. 279p.

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

FARIA, S. V. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho pelos métodos de Eberhart & Russell, centróide, AMMI e modelos mistos**. 2016. 33 p. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

FONSECA JUNIOR, N.S. Interação genótipo x ambiente: aspectos biométricos. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. (Ed.). **Melhoramento genético de plantas**. Ed. UEL, p.141-178, 1999.

FORD, R. H. Inheritance of kernel color in corn: explanations and investigations. **The American Biology Teacher**, Reston, v. 6, n. 3, p. 181-188, mar. 2000.

FRITSCH NETO, R. **Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes**. 2008. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008. Acesso em: 13 jul. 21. <doi:10.11606/D.11.2008.tde-11022009-093447>.

FRITSCH-NETO, R.; VIEIRA, R.A.; SCAPIM, C.A.; MIRANDA, G.V.; REZENDE, L.M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum Agronomy**. v. 34, p. 99-101, 2012.

GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M.; FONSECA JÚNIOR, N.S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.42, p. 183-191, 2007.

GIORGENON, G. C. **Melhoramento genético de milho superdoce: potencial agrônômico de híbridos interpopulacionais e capacidade combinatória de linhagens em geração precoce**. 2015. 107f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2015.

GUIMARÃES, A. A. **Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho para diferentes safras, espaçamentos e populações de plantas**. 2013. 66f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Campos de Ilha Solteira, 2013.

GUIMARÃES, L. J. M.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; MAIA, C.; OLIVEIRA, L. R.; SOUZA, L. V. Performance of testers with diferente genetic structure for evaluation of maize inbred lines. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.5, p.770- 776, 2012.

GUO, R, CHEN, J, PETROLI, CD, PACHECO, A; ZHANG, X.; SAN VICENTE, F.; HEARNE, S. J.; DHLIWAYO, T. The genetic structure of CIMMYT and U.S. inbreds and its implications for tropical maize breeding. **Crop Science**. v. 61: p. 1666– 1681. 2021. Acesso em: 13 jul. 2021: <<https://doi.org/10.1002/csc2.20394>>.

HALLAUER, A. R. **History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: Lessons from maize**. Crop Science Society of America. In: International plant symposium, 2007.

HALLAUER, A. R. **Specialty corns**. Departament of Agronomy. Ames, Iowa State University Press. p.410, 1994.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2ª ed. Ames: Iowa State University Press. p.468, 1995.

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

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

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.D. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 664p.

HENDERSON, C.H. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, n.2, p.423-447, 1975.

INTERNATIONAL INSTITUTE OF TROPICAL AGRICULTURE - IITA. **Maize**. Disponível em: <https://www.iita.org/crops/maize/>. Acesso em: 8 jul. 2019.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. New York: John Wiley and Sons, Inc. 1957, 545 p.

KHAN, A.; UR-RAHMAN, H.; AHMAD, A.; MUHAMMAD, I.; KAMAL, S.; KHAN, S.; BU, J. Combining ability analysis in sweet corn (*Zea Mays Saccharrata* L.) using line by tester design. **Adv Food TechnologyNutritional Sciences**. v. 6, n.2: p. 47-52. 2020. Acesso em: 22 de jul. 2021. <doi: 10.17140/AFTNSOJ-6-168>

KHAN, S.A., AHMAD, H.; KHAN, A.; SAEED, M.; KHAN, S.M.; AHMAD, B. Using line x

tester analysis for earliness and plant height traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Recent Research in Science and Technology** 1: p. 202-206, 2009.

KUHN, I, E. **Manejos de irrigação em híbridos de milho sob pivô central e incidência de podridão de colmo**. 37f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. 2008.

LANDAU, E.C.; MAGALHÃES, P.C.; GUIMARÃES, D.P. Árvore do conhecimento: Relações com o clima. In: **Embrapa Milho e Sorgo**. 2016. Disponível em: https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONTAG01_17_168200511157.html. Acesso em: 13 de jul. 2021.

MAGNAVACA, R. Desenvolvimento de híbridos em empresas privadas. In: II Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas. Lavras, **Anais** p.163-170, 1998.

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azucar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, Tucuman, v.13, n.1/4, p.105-127, 1976.

MASUKA, B.; ATLIN, G.N.; OLSEN, M.; MAGOROKOSHO, C.; LABUSCHAGNE, M.; CROSSA, J.; BANZIGER, M.; PIXLEY, K.V.; VIVEK, B.; BILJON, A.; MACROBERT, J.F.; ALVARADO, G., PRASANNA, B.M.; MAKUMBI, D.; MAKUMBI, D.; TAREKEGNE, A.T. DAS, B.; ZAMAN-ALLAH, M.; CAIRNS, J.E. Gains in maize genetic improvement in Eastern and Southern Africa: I. CIMMYT hybrid breeding pipeline. **Crop Science**, v. 57: p. 168-179, 2017.

MI, X.; WEGENAST, T.; UTZ, H.F.; DHILLON, B.S.; MELCHINGER, A.E. Best linear unbiased prediction and optimum allocation of test resources in maize breeding with doubled haploids. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 123, p.1-10, 2011. doi 10.1007/s00122-011-1561-4.

MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. **Hibridação no melhoramento**. In: NASS, L. L. et al. (Ed.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Cuiabá: Fundação MT, 2001. p. 603-6271.

MURAKAMI, D. M.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; BIZÃO, N. Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. **Ciência Rural**, v.34, p. 71-78, 2004.

NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. VALADARIS-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, 1183p.

NURMBERG, P.L.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em top crosses. In: **Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, 1. 2000, Goiânia. Resumo... Goiânia: Embrapa, 2000. [CD-Rom].

OLIVEIRA, J.P., CHAVES, L.J., DUARTE, J.B., BRASIL, E.M., RIBEIRO K. O. Qualidade física do grão em populações de milho de alta qualidade protéica e seus cruzamentos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.3, p.233-241, 2007.

OLIVEIRA, J.S; SOBRINHO, F.S.; FERNANDES, S.B.V.; WÜNSCH, J.A.; LAJÚS, C.A.;

DUFLOTH, J.H.; ZANATTA, J.C.; MOLETTA, J.L.; PEREIRA, A.V.; LEDO, F.J.S.; BOTREL, M.A.; AUAD, M.V. Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no sul do Brasil. **Ciência Rural**, v.34, p. 997-1003, 2004.

OLVER, R. C.; GEVERS, H. O. Maize breeding in Zimbabwe. In: **Proceedings of Eleventh South African Maize Breeding Symposium**. 1988. p. 22-27.

PATERNIANI, E., MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: Paterniani, E., Viegas, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-264.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. **Melhoramento do milho**. In: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. UFV, p. 429-486, 1999.

PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, Fundação CARGILL, p.215-74, 1987.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; FACHINI, C.; RODRIGUES, C. S. Innovation and specialty maize breeding for market niches in the state of São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 19, e1202, 2020.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; RODRIGUES, C. S.; ROVARIS, S. R. S.; GALLO, P. B. Seleção de híbridos de milho brando destinados à alimentação humana. **Singular. Meio Ambiente e Agrárias**. v.1, n.1, p.49-52. 2019. Acesso em 18 jul 2021. <<https://doi.org/10.33911/singular-maa.v1i1.38>>

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

PAYNE, R. W. "Genstat". Wiley Interdisciplinary Reviews: **Computational Statistics**. v.1, n.1, p.255-258, 2009

PIANA, A. T.; SILVA, P. R. F. D.; BREDEMEIER, C.; SANGOI, L.; VIEIRA, V. M.; SERPA, M. D. S.; JANDREY, D. B. Densidade de plantas de milho híbrido em semeadura precoce no Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, v. 38, n. 9, p. 2608-2612, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782008005000023>. Acesso em: 28 jul.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Livraria Nobel, Ed. Nobel. 468p. 2000.

RAMALHO, M.A.P., ABREU, F.B.A., SANTOS, J.B., NUNES, J.A.R **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1ed. Lavras. Editora UFLA, 522p. 2012.

RASHID, M., CHEEMA, A. A.; ASHRAF, M. Line x tester analysis in Basmati rice. **Pakistan Journal of Botany** n.6, v. 39: p. 2035-2042, 2007.

RESENDE, M.D.V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**.

Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. de; MENDES, S. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 32/33, p. 23-42, 1996.

RESENDE, M.D.V. **O Software Selegen – REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. EMBRAPA, 2007.

RESENDE, M.D.V. **Predições de valores genéticos, componentes de variância, delineamento de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 f. Tese (Doutorado). Universidade Federal do Paraná, Curitiba. 1999.

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

RISSI, R.; HALLAUER, A.R. Evaluation of four testers for evaluating maize (*Zea mays* L.) lines in a hybrid development program. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 467-481, June 1991.

RODOVALHO, M. A.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; BARRETO, R. R.; FERREIRA, F. R. A.; CLÓVIS, L. R. Comparação de testadores em famílias S2 obtidas do híbrido simples de milho-pipoca IAC-112. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p. 145-154, 2012.

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R.G.; ALBUQUERQUE, C.J.B.; FARIA FILHO, E.M.; GOULART, J.C. Capacidade de combinação entre linhagens de milho visando à produção de milho verde. **Bragantia**, v.68, n.1, p.75-84, 2009.

ROVARIS, S. R. S. **Seleção de populações e híbridos de milho branco quanto a produtividade de grãos e rendimento de canjica**. 2015. 74f. Tese (Doutorado em agricultura tropical e subtropical) Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 2015.

ROVARIS, S. R. S.; OLIVEIRA, A. L. B.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P. B.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Genetic parameter estimates and identification of superior white maize populations. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 2, p. 157, 2017.

SANTOS DOS, D. C. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho em ensaios avançados**. 2016. 44 p. Dissertação (Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2016.

SANTOS DOS, D. C.; PEREIRA, C. H.; NUNES, J. A. R.; LEPRE, A. L. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho em ensaios multiambientais não-repetidos. **Revista Ciência Agronômica** [online]. 2019, v. 50, n. 1. pp. 83-89. Disponível em: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20190010>. Acesso em: jul. 2021.

SANTOS, M.X.; POLLAK, L.M.; CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; ANDRADE, R.V. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin America with Brazilian testers. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 4, p. 767-775, 2001.

SAWAZAKI, E.; RAMOS JUNIOR, E.U.; ITO, M. A.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.;

DUARTE, A. P.; AZEVEDO FILHO, J.A. Capacidade combinatória de variedades e híbridos de milho branco. **Resumo expandido**. XXVII Congresso Nacional de Milho e Sorgo, Londrina, 2008.

SHARMA, J.R. **Statistical and Biometrical Techniques in Plant Breeding**. 1 ed. New Age International, New Delhi. 2006, 450 p.

SHULL, G.H. **A pure line method of corn breeding**. Report “American Breeders Association”, Washington, v. 5, p. 51-59, 1909.

SILVA, P.R.; BISOGNINI, D.A.; LOCATELLI, A.B.; STORCK, L. Adaptability and stability of corn hybrids grown for high grain yield. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.36, p. 175-181, 2014.

SILVA, R.M. da.; MIRANDA FILHO, J.B. Heterosis Expression in Crosses Between Maize Populations: Ear Yield. **Scientia Agricola**, v.60, n.3, p. 519-524, 2003.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Contribuição da genética quantitativa para o melhoramento genético de plantas. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras: Editora da UFLA, 1997. P. 96-125

SOUZA JUNIOR, C.L. Genética quantitativa e melhoramento de milho: Realizações e tendências futuras. **Resumo expandido**. Memoriais de la XVIII Reunión Latinoamericana del Maiz. EMBRAPA-CNPMS/México: CYMMYT, p.119-128, 1999.

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

TROYER, A. F. Breeding early corn. In: HALLAUER, A. R. **Speciality corns**. Ames: CRC, 1994. P. 342-396.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA. **Foreign Agricultural Service**. Washington DC, IPAD / PECAD, 2021 Disponível em: <http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em: 22 jun. 2021.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. 2ªed. 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.; RAMALHO, M.A.P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Embrapa comunicação para transferência de tecnologia, p.57-89, 2000.

VAN ROEKEL, R. J.; COULTER, J. A. Agronomic responses of corn hybrids to row width and plant density. **Agronomy Journal**, v. 104, n. 3, p. 612-620, May-Jun 2012. ISSN 0002-1962.

VON PINHO, R.G.; SOUSA, L.O.V.; VASCONCELOS, R.C. Sistemas de cultivo, épocas de semeadura e doses de nitrogênio na produção de milho em Lavras-MG. **Revista Ceres**, n. 5 v. 290, p. 431-444, 2003.

WHITE, T.; HODGE, G. **Predicting breeding values with application in forest tree improvement.** Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 367p.

WU, Y., F. SAN VICENTE, K. HUANG, T. DHLIWAYO, D.E. COSTICH, K. SEMAGN, N. SUDHA, M. OLSEN, B.M. PRASANNA, X. ZHANG, AND R. BABU. Molecular characterization of CIMMYT maize inbred lines with genotyping-by-sequencing SNPs. **Theoret. Appl. Genetics** v. 129 p. 753-765. 2016 Acesso em 20 jul. 2021: <doi:10.1007/s00122-016-2664-8>.

7 ANEXO – PRODUTO TÉCNICO ATRELADO

LANÇAMENTO DE HÍBRIDO DE MILHO BRANCO ZAMORANO Z10 PARA EXPORTAÇÃO

Jeferson Rodrigo Pestana
Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho
Dr. Geraldo Afonso de Carvalho Júnior

Introdução

No Brasil o milho branco é utilizado predominantemente para consumo humano, como canjica. O milho branco é a base da alimentação diária da população em países da África e América Latina, destacando sua importância na segurança alimentar (ROVARIS, 2015). A África e a América Central são responsáveis por cerca de 90% do consumo de milho branco mundial, de modo que na África Meridional (parte sul da África) o cereal representa o principal alimento básico. (INTERNATIONAL INSTITUTE OF TROPICAL AGRICULTURE - IITA, 2019).

Do ponto de vista biológico e genético, o milho branco é muito semelhante ao amarelo, contudo há diferença na coloração devido à ausência de pigmentos de carotenoides que proporcionam a cor do grão amarelo. Ainda assim as condições de produção e métodos de cultivo em grande parte são idênticas (CIMMYT; FAO, 1997).

A coloração amarela do endosperma é expressa pela ação do gene Y (*yellow*) que, em dominância, determina a coloração amarela aos grãos de milho e na forma recessiva y, proporciona a cor branca. Este foi um dos primeiros genes de cor de milho documentados na literatura, sendo descrito em 1901. Ele codifica para a fitoenol sintase, uma enzima na via dos carotenoides e fica localizado no Cromossomo 6 (FORD, 2000).

Desta forma, foi identificada a oportunidade de negócio com a comercialização de sementes de milho branco, inicialmente na América Latina, em países como Colômbia, México e futuramente o Brasil. Já havia estabelecida uma relação comercial com sementes de milho amarelo nos locais em que o Zamorano Z10 foi ofertado, criando uma sinergia entre a empresa Helix sementes e os canais comerciais locais.

Desenvolvimento

O híbrido Zamorano Z10 foi sintetizado com foco inicial no mercado nacional, porém,

devido ao grande mercado de milho branco na América Latina, o híbrido Zamorano Z10 foi testado em regiões da América Latina, como Guatemala, Colômbia e México, tendo comportamento muito favorável em produtividade e estabilidade.

O Zamorano Z10 é um cultivar híbrido simples convencional de milho branco proveniente de duas linhagens homozigotas. As linhagens foram cruzadas com as linhagens elites da Helix sementes e testadas em diversos ambientes para sua capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). Uma das melhores combinações específicas gerou o híbrido Zamorano Z10. O pedigree do Zamorano Z10 é composto pela linhagem fêmea L-194W e pela linhagem fêmea L-193W.

 Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento	
EXCLUSIVO PARA EXPORTAÇÃO:	Zamorano Z10
NOME COMUM:	Milho
NOME CIENTÍFICO:	Zea mays L.
SITUAÇÃO:	REGISTRADA
Nº FORMULÁRIO:	202000078
Nº REGISTRO:	44601
DATA DO REGISTRO:	07/05/2020

LANZAMIENTO

ZAMORANO
Z10
CONVENCIONAL



SANIDAD CON POTENCIAL PRODUCTIVO

Una nueva generación de híbridos blancos que combinan un alto potencial productivo con estabilidad y sanidad foliar

RECOMENDACIÓN DE USO



- ✓ Grano
- ✓ Ensilaje de Planta entera



ALTURA DE PLANTA

2,25 a 2,65m



ARQUITECTURA

Semi Erecta



COBERTURA DE MAZORCA

Excelente



TIPO DE GRANO

Semidentado Blanco



ALTURA DE MAZORCA

1,30 a 1,60m



POBLACIÓN (PLANTAS/HA)

Primera Época: 65 a 75 mil
Segunda Época: 55 a 60 mil



CICLO

Precoz



STAYGREEN:

Excelente



PAÍSES INDICADOS

Colombia
México
Angola
Zambia



RESPUESTA A LA INVERSIÓN

Alta | Média/Alta



SEMENTES
biomatrix

Considerações finais

O desenvolvimento de um híbrido de milho branco foi o primeiro passo para o ingresso na área de melhoramento propriamente dita. Foi possível observar todas as fases e dificuldades para se produzir um híbrido de milho, como a hibridação manual, necessidade de ajuste de split, e devido a cor branca do grão ser um caráter recessivo, a ocorrência de contaminação é facilmente detectável. Apesar de todas as adversidades, o desenvolvimento e lançamento do híbrido Zamorano Z10 foi concretizado, tendo um *feedback* positivo dos clientes nas áreas demonstrativas.

Referências bibliográficas

ROVARIS, S. R. S. **Seleção de populações e híbridos de milho branco quanto a produtividade de grãos e rendimento de canjica**. 2015. 74f. Tese (Doutorado em agricultura tropical e subtropical) Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 2015.

INTERNATIONAL INSTITUTE OF TROPICAL AGRICULTURE - IITA. **Maize**. Disponível em: <https://www.iita.org/crops/maize/>. Acesso em 08 jul. 2019.

CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO DE MAÍZ Y TRIGO - CIMMYT; FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION - FAO. **White Maize: A Traditional Food Grain in Developing Countries**, Rome: FAO & CIMMYT, 1997. Disponível em: <http://www.fao.org/3/w2698e/w2698e00.htm#Contents>. Acesso em: 08 jul. 2019.

FORD, R. H. Inheritance of kernel color in corn: explanations and investigations. **The American Biology Teacher**, Reston, v. 6, n. 3, p. 181-188, mar. 2000.