



**LEANDRO LOPES CANCELLIER**

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES S<sub>2</sub> DE MILHO COM  
ABORDAGEM DE MODELOS MISTOS**

**LAVRAS - MG**

**2015**

**LEANDRO LOPES CANCELLIER**

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES S<sub>2</sub> DE MILHO COM ABORDAGEM DE  
MODELOS MISTOS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador

Dr. Renzo Garcia Von Pinho

**LAVRAS - MG**

**2015**

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

Cancellier, Leandro Lopes.

Seleção de progênies  $S_2$  de milho com abordagem de modelos mistos / Leandro Lopes Cancellier. – Lavras : UFLA, 2015.

76 p. : il.

Tese(doutorado)–Universidade Federal de Lavras, 2015.

Orientador: Renzo Garcia Von Pinho.

Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. Capacidade combinatória. 3. Modelos mistos. 4. Desenvolvimento de linhagens. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

**LEANDRO LOPES CANCELLIER**

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES S<sub>2</sub> DE MILHO COM ABORDAGEM DE  
MODELOS MISTOS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 26 de fevereiro de 2015.

Dr. João Cândido de Souza	UFLA
Dr. Flávia Barbosa Silva Botelho	UFLA
Dr. Adriano Teodoro Bruzi	UFLA
Dr. Flávio Sérgio Afféri	UFSCar

Dr. Renzo Garcia Von Pinho  
Orientador

**LAVRAS – MG**

**2015**

## AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Geraldo e Sueli, por todo esforço e dedicação em minha formação, tanto acadêmica quanto de ser humano.

À minha esposa Michelli, pelo apoio e sacrifícios durante esta etapa da vida.

Ao meu irmão Eduardo, pelo apoio, discussões e parceria de longa data.

À Universidade Federal de Lavras e ao programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, pela oportunidade e aprendizado.

Aos professores do Departamento de Agricultura e do Departamento de Biologia, pelos grandes ensinamentos que têm contribuído para minha formação profissional.

Ao meu orientador Dr. Renzo Garcia Von Pinho, pelos ensinamentos transmitidos e pela confiança durante o curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão de bolsa de estudos, tornando possível este trabalho.

Aos colegas e amigos do Grupo do Milho e do Núcleo de Estudos em Milho e Sorgo (G-MILHO), do qual me orgulho de ser associado fundador, pela troca de experiência e aprendizado durante o curso, dentre eles, Álvaro, Ivan, Gabriella, Luiz Antonio, Evellyn, Alex, Rafaela, Renato, Jhonathan, Joaquim, Vitor, Rodolfo, Helcio, João Paulo, Juan, Lucas, Luiz Paulo, Cinthia, Viviane, Ewerton, Marcela, Bruno, Gabriel, Arthur, Rafael, Marco Antônio, Glória, Guilherme, Narjara, Calil, Matheus e Adriano.

A todos os funcionários do DAG, em especial ao Manguinho, por sempre colaborar com as atividades do Grupo do Milho.

À Limagrain, em especial ao Denys Ferreira, pela condução de parte dos experimentos utilizados neste trabalho.

À Monsanto do Brasil, pela oportunidade de conhecer a visão empresarial do melhoramento de plantas, e pelo aprendizado contínuo.

A todos que de algum modo contribuíram para que o trabalho fosse realizado, e que tornaram os momentos de dificuldade mais alegres, meu eterno agradecimento.

## RESUMO

O milho é cultivado de norte a sul do Brasil. Há grande quantidade de híbridos disponíveis aos produtores, e estes apresentam altas produtividades, assim, substituir com vantagens os híbridos atuais é um dos grandes desafios dos melhoristas. Em programas de melhoramento, uma das principais etapas é a obtenção de linhagens, e que, posteriormente, serão utilizados para a formação de híbridos. No processo de obtenção de linhagens é comum a seleção precoce desses genótipos nas primeiras gerações de autofecundação. O sucesso na seleção precoce se deve principalmente à boa estabilidade das progênies ao longo das gerações de autofecundação, e a alta correlação de progênies  $S_2$  em topcrosses com progênies em  $S_6$ . A utilização de modelos mistos para a análise de dados, também é uma importante ferramenta para aumentar o sucesso na seleção de genótipos, pois, permite uma grande flexibilidade na análise de dados desbalanceados, e fornece valores genotípicos mais acurados. Desta forma o objetivo deste trabalho foi selecionar em geração precoce de endogamia ( $S_2$ ) progênies avaliadas em topcrosses, utilizando a metodologia de modelos mistos. Foram plantadas 500 progênies  $S_2$  provenientes de três populações, e utilizada uma intensidade de seleção de 40%, sendo estas, cruzadas com três testadores. Os híbridos obtidos juntamente com tratamentos testemunha foram instalados em cinco experimentos, sendo três em MG, um em SC e um no PR, e foi avaliada a produtividade de grãos. A análise foi realizada via abordagem de modelos mistos, e para o cálculo dos componentes de variância foi utilizado o método REML e a predição das médias via BLUP. Também foram preditos os BLUPs da capacidade geral e específica de combinação, e estimados os coeficientes de correlação de Spearman entre BLUPs. No conjunto de progênies em estudo, os efeitos de dominância tiveram maior influência na expressão da produtividade, isto também pode ser observado pela maior amplitude nos valores da CEC. Houve uma coincidência de 86%, considerando a estratégia em que o índice de seleção foi efetuado, dentro das três populações, em relação à seleção pelo valor geral de CGC. Dentre os 444 híbridos, foram considerados os 133 com os maiores valores de CEC. Considerando os híbridos superiores, as progênies da população C superaram em 24,6% a quantidade de híbridos esperados, enquanto a redução foi de 30,8% e 20% para A e B. Os híbridos que apresentaram maiores médias BLUP, foram os cruzamentos entre progênies da população C, juntamente com o testador LE84. Independente do testador, utilizando-se médias BLUP ou CEC, o ranqueamento dos híbridos será pouco alterado, devido a alta correlação. A baixa correlação entre testadores, tanto para CEC, quanto para BLUP da média, indica que há interação progênies x testadores.

Palavras-chave: *Zea mays*. Capacidade combinatorial. Modelos mistos. Desenvolvimento de linhagens.

## ABSTRACT

Corn is broadly cultivated from north to south of Brazil. Many hybrids are available to farmers that present high yield potential. Therefore, one of the greatest challenges corn breeders must overcome is to replace the hybrids currently used. One of the main steps in breeding programs is the development of inbred lines, which will later be used for hybrid development. In inbred line development, early selection in the first generations of self-pollination is common. The success of early selection is mainly due to good progeny stability in self-pollination generations, and high correlation among  $S_2$  and  $S_6$  progeny, tested as topcross hybrids. The adoption of mix models for data analysis is an important tool to improve genotype screening, allowing great flexibility for unbalanced data analysis and offering more accurate genotype values. Therefore, the objective of this study was to select  $S_2$  corn progenies, evaluated as topcross hybrids, using mix model methodology. We used 500  $S_2$  progenies obtained from three population, grown and submitted to a screening level of 40%. The resultant progenies were crossed with three testers. The hybrids and controls were tested to evaluate grain yield in five trials, three in Minas Gerais, one in Santa Catarina and one in Paraná, Brazil. The statistical analysis was performed using a mix model approach. We used the REML method to compute the variance component, and BLUP to predict the average. We also predicted BLUPs for General Combining Ability and Specific Combining Ability, as well as Spearman correlation coefficients among the BLUPs. For the overall progenies under study, the dominance effects had more influence over the expression of grain yield, shown by the wider range of SCA values. There was a coincidence of 86% on the selection strategy when made within the three populations regarding selection by the general value of GCA. Among all 444 hybrids, we considered the 133 with the highest SCA values. Considering superior hybrids, the progenies from population C exceeded the amount of expected hybrids by 24.6%, while the reduction was of 30.8% and 20% for A and B. The hybrids with higher BLUP values were crosses between progenies of population C with tester LE84. Regardless of the tester, using BLUP average or SCA, the hybrids ranking will be little changed due to high correlation. The low correlation among testers for SCA and average BLUP indicates the existence of progeny x testers interaction.

Keywords: *Zea mays*. Combining ability. Mix models. Inbred line development.

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Descrição dos cruzamentos realizados das progênies das três populações e número de testadores obtidos nos cruzamentos .....	35
Tabela 2	Descrição do número de cruzamentos obtidos para as combinações de progênies e testadores.....	35
Tabela 3	Estimativa dos componentes de variância obtidas por REML/BLUP para capacidade geral e específica de combinação, interação com o ambiente e variância residual de progênies S <sub>2</sub> de milho cruzadas com três testadores .....	38
Tabela 4	BLUPs da capacidade geral de combinação (CGC) (ton. ha <sup>-1</sup> ) de 57 das 189 progênies de milho, considerando a seleção de 30% para cada população.....	41
Tabela 5	BLUPs da capacidade geral de combinação (CGC) (ton. ha <sup>-1</sup> ) de 57 das 189 progênies de milho, considerando a seleção de 30% das progênies com maiores CGCs, independente da população.....	42
Tabela 6	BLUPs da capacidade específica de combinação de 133 híbridos de milho de diferentes populações.....	45
Tabela 7	Desdobramento em relação à população de origem das progênies e testadores dos híbridos com os maiores valores de CEC.....	48
Tabela 8	BLUPs da produtividade (ton. ha <sup>-1</sup> ) de 133 híbridos de milho oriundos de progênies de três populações e cruzadas com três testadores e 13 testemunhas .....	52
Tabela 9	Estimativas da correlação de Spearman entre a CEC, Médias BLUP e Médias BLUE em 444 híbridos de milho .....	55
Tabela 10	Estimativa da correlação de Spearman entre os testadores para CEC e Média BLUP em 444 híbridos de milho.....	58

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	10
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	13
<b>2.1</b>	<b>O milho híbrido e a obtenção de linhagens</b> .....	13
<b>2.2</b>	<b>Capacidade Combinatória</b> .....	16
<b>2.3</b>	<b>Topcross e o uso de testadores</b> .....	18
<b>2.4</b>	<b>Seleção precoce</b> .....	23
<b>2.5</b>	<b>Modelos mistos no melhoramento</b> .....	27
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	33
<b>3.1</b>	<b>Descrição dos materiais e ensaios</b> .....	33
<b>3.2</b>	<b>Análise dos dados</b> .....	36
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	38
<b>4.1</b>	<b>Capacidade Geral de Combinação</b> .....	39
<b>4.2</b>	<b>Capacidade específica de combinação</b> .....	44
<b>4.3</b>	<b>Média BLUP</b> .....	50
<b>4.4</b>	<b>Correlação</b> .....	55
<b>5</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	60
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	61
	<b>APÊNDICES</b> .....	67

## 1 INTRODUÇÃO

A dinâmica de aumento de produtividade de grãos na cultura do milho está diretamente relacionada à utilização de híbridos superiores, associados aos eventos biotecnológicos que contribuem para melhor exploração do potencial genético desses híbridos. Troyer (2006) relata a importância do advento de híbridos simples modernos, que auxiliaram para o aumento na produção de milho nos Estados Unidos, a partir de 1960. Desta forma, a exploração do fenômeno da heterose, auxilia para a viabilização do uso de híbridos no sistema produtivo.

Atualmente, há grande quantidade de híbridos disponíveis aos produtores, e estes apresentam altas produtividades. Desta forma, substituir com vantagens os híbridos atuais é um dos grandes desafios dos melhoristas (BISON; RAMALHO; RAPOSO, 2003). Como se trata de uma questão de extrema importância para o setor sementeiro, as empresas de melhoramento devem adotar estratégias de melhoramento eficientes, para a obtenção de novos híbridos, pois, além da implicação para o aumento da produtividade das lavouras, o lançamento de novas cultivares afeta diretamente a lucratividade das empresas.

A obtenção de híbridos superiores é uma questão probabilística, ou seja, quanto maior o número de linhagens fornecidas pelos programas de melhoramento, e maior o número de híbridos experimentais em avaliação, maior a chance de obtenção de híbridos superiores. Portanto, para o incremento na eficiência dos programas de melhoramento, deve-se identificar de forma eficiente os pares de linhagens que podem maximizar a probabilidade de fornecer melhores combinações híbridas (IEMMA, 2003). Uma estratégia para essa seleção é a estimação e análise da capacidade combinatória entre os parentais.

A seleção de linhagens com maiores valores de capacidade geral de combinação (CGC) aumenta a probabilidade de obtenção de híbridos de alto rendimento, devido a maiores contribuições dos alelos favoráveis nas linhagens. Também a identificação de híbridos com maiores valores de capacidade específica de combinação (CEC), indica a possibilidade da exploração efetiva da heterose entre linhagens (COSTA et al., 2013).

Em programas de melhoramento, uma das principais etapas é a obtenção de linhagens que posteriormente serão utilizadas para a formação de híbridos. No processo de obtenção de linhagens é comum a seleção precoce desses genótipos nas primeiras gerações de autofecundação, com base na capacidade combinatória dos mesmos, com uma linhagem elite testadora de desempenho já conhecido pelo melhorista (GUIMARÃES et al., 2012). Isto reduz substancialmente o número de linhagens antes de atingir a homozigose (FUZATTO, 2003), assim como o custo para a condução do programa de melhoramento.

O sucesso na seleção precoce quando realizada baseada principalmente na CGC, justifica-se por apresentar boa estabilidade ao longo das gerações de autofecundação (VALÉRIO et al., 2009), e por apresentar maior variação entre progênies do que dentro, evidenciando a individualidade das linhagens, mesmo em gerações com menor grau de endogamia. Comprovando o sucesso da seleção precoce, Bernardo (1991), evidenciou a alta correlação genética entre topcrosses de progênies  $S_2$  com topcrosses  $S_6$ , mostrando assim, que é possível descartar progênies de forma eficiente, durante a obtenção de linhagens, mantendo apenas as mais promissoras para a formação de híbridos.

A utilização de experimentos de grande porte, ou muitos ambientes, comum em melhoramento de plantas, assim como nas fases iniciais dos programas, como no caso da seleção precoce, naturalmente impõe maiores dificuldades no controle do balanceamento experimental, quer seja pela perda de

parcelas ou até mesmo pela dificuldade de se obter sementes de todos os cruzamentos. Assim, o tratamento de dados que não considere esse desbalanceamento, acrescentará erro aos valores genotípicos e levará à redução de ganhos genéticos.

Uma ferramenta para aumentar a sucesso na seleção precoce, e aumentar a eficiência nos programas de melhoramento, é a utilização de análise via modelos mistos. A análise dos dados utilizando abordagem de modelos mistos, especialmente o BLUP, gera estimativas mais acuradas do valor genotípico do indivíduo (ARNHOLD et al., 2009; MENDES, 2011), proporciona grande flexibilidade de análises, e permite lidar melhor com problema do desbalanceamento, fornecendo comparações mais adequadas entre genótipos com diferentes números de observações.

Em condições de desbalanceamento experimental, os genótipos podem sofrer uma grande mudança de ordenação dos valores fenotípicos estimados em relação aos valores genotípicos preditos via BLUP, ocasionando ganho na obtenção dos valores genotípicos, assim, o BLUP vem sendo considerado método mais acurado para análise nessas condições, justificando a sua utilização no presente trabalho, onde a quantidade de sementes híbridas derivadas dos topcrosses, não foi suficiente para a avaliação dos mesmos em todos os ambientes, assim como todas as combinações genéticas.

Diante do exposto, realizou-se o presente trabalho com o objetivo de selecionar em geração precoce de endogamia ( $S_2$ ), progênies avaliadas em topcrosses, utilizando-se a metodologia de modelos mistos.

## **2 REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1 O milho híbrido e a obtenção de linhagens**

Em programas de melhoramento que visam a obtenção de híbridos, grandes esforços são destinados para a obtenção de combinações gênicas favoráveis, proporcionando um aumento na probabilidade de se encontrar genótipos com alto desempenho, e com grande estabilidade fenotípica.

Dentre os processos envolvidos para a obtenção do milho híbrido, há quatro etapas importantes: escolha da população de melhoramento; obtenção das linhagens; teste de capacidade de combinação das mesmas, para identificação das combinações que proporcionam os melhores híbridos; e a produção e comercialização das cultivares. Dentre as etapas citadas, a obtenção de linhagens se caracteriza por ser um processo demorado, além de representar uma parcela significativa do custo total de um programa de melhoramento (BISON; RAMALHO; RAPOSO, 2003; BORÉM; MIRANDA, 2013).

A utilização de híbridos de milho está diretamente relacionada com o aumento de produtividade dessa cultura, que vem crescendo anualmente, principalmente pelos ganhos com melhoramento genético. Entretanto, a viabilização do uso de híbridos no sistema produtivo do milho, pode ser alcançada por meio da exploração do fenômeno da heterose, pois, em função da menor produtividade das linhagens, há custos adicionais na produção das sementes dos híbridos, em comparação com as variedades de polinização aberta.

A exploração da heterose, ou vigor híbrido, foi inicialmente relatada por Shull, em 1908, e pode ser alcançada pelo cruzamento entre linhagens. Estas que podem ser obtidas por duas formas: autofecundação de plantas de uma população por várias gerações, sendo geralmente necessário seis ou mais gerações; ou a obtenção de linhagens duplo-haploides, também conhecido como

di-haploides, que apesar de reduzir o tempo de obtenção das linhagens, é uma tecnologia relativamente nova, e que ainda necessita de vários estudos para melhorar a eficiência no que diz respeito a indução de haploidia, duplicação cromossômica, e também no manejo cultural das plantas duplicadas, pois são muito sensíveis às adversidades ambientais.

A escolha das populações a serem utilizadas para extração de linhagens assume importância fundamental, sendo necessária a prática da seleção, visando o aumento da frequência dos alelos favoráveis, tanto para produtividade, quanto para outras características agronômicas de interesse, obtendo, dessa forma, linhagens melhoradas, que são mantidas em grupos heteróticos definidos. Pode-se ainda obter novas populações derivadas de híbridos comerciais, estas notadamente associam altas produtividades, devido a alta frequência de alelos favoráveis fixados, e a alta estabilidade de produção, pois foram previamente testados em vários ambientes, sendo considerada uma alternativa rápida e viável para obter novas populações (BALESTRE; VON PINHO; SOUZA, 2008; BISON; RAMALHO; RAPOSO, 2003; OLIBONI et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2011). Assim, após a obtenção das linhagens, estas são cruzadas com testadores ou linhagens elite de grupos heteróticos complementares, para obtenção de híbridos com características agronômicas desejáveis e comercialmente aceitas, além do potencial para ser utilizadas comercialmente, com o auxílio da exploração da heterose.

São vários os métodos para a obtenção de linhagens, tais como o método padrão, método genealógico ou também chamado de pedigree, método do híbrido críptico, seleção zigótica, dentre outros, sendo que os detalhes de cada metodologia, descritos por Borém e Miranda (2013).

Durante as gerações de autofecundação é realizada a seleção massal, principalmente para características de maior herdabilidade, sendo que essa mesma estratégia de seleção é de baixa eficiência para características de baixa

herdabilidade. Uma boa eficiência para seleção massal em milho, tem sido obtida para a tolerância a doenças foliares, stay green, germinação em solo quente e frio, crescimento inicial, e vigor de plantas, acamamento, sincronia de florescimento masculino e feminino, dentre outras.

A seleção de linhagens ainda em segregação consiste em descartar as plantas ou progênies menos promissoras pela seleção fenotípica, mantendo assim, no final de algumas gerações, somente as linhagens de maior valor fenotípico. Porém, o verdadeiro valor de uma linhagem não se restringe somente ao fenótipo.

O valor de uma linhagem consiste basicamente em sua capacidade de produzir indivíduos superiores, quando em combinações híbridas. Porém, muitas vezes, a avaliação do potencial do híbrido obtido é realizada ao fim do processo de obtenção da linhagem, o qual pode demorar seis ou mais ciclos de cultivo. A determinação da capacidade combinatória das linhagens é um ótimo parâmetro para a seleção das linhagens em combinações híbridas, e pode permitir um significativo descarte de linhagens de baixo valor, permitindo assim, que melhoristas aumentem a dedicação às linhagens de maior valor, aumentando as chances de se obter um bom híbrido, e diminuindo potencialmente, o custo do programa de melhoramento, uma vez que o número de populações a serem avançadas poderá ser menor.

Esta dedicação em uma avaliação mais criteriosa das linhagens, previamente identificadas como de maior valor, é crucial para o aumento da produtividade dos híbridos no mercado, pois, é consequência da identificação mais eficiente dos pares de linhagens que formam os bons híbridos (IEMMA, 2003).

A seleção de híbridos superiores é uma questão probabilística, de modo que quanto maior o número de linhagens avaliadas, maior será a chance de seleção de genótipos com produtividades comparáveis aos bons híbridos do

mercado, e que possuam características agronômicas adequadas para cultivo em escala comercial.

A avaliação de um grande número de híbridos, em vários locais, faz-se necessária para a identificação dos mais promissores para o uso comercial, uma vez que estabilidade de produção é um dos mais importantes caracteres desejados em um híbrido comercial, considerando a possibilidade de recomendação em múltiplos ambientes. Porém, essa etapa do processo é a mais onerosa, e demanda grandes esforços dos melhoristas e equipes de pesquisa.

De acordo com Iemma (2003), para o aumento da eficiência dos programas de melhoramento em alcançar maiores produtividades, deve-se identificar, de forma eficiente, quais os pares de linhagens que possam aumentar a chance de fornecer combinações híbridas superiores. Essa seleção mais eficiente pode ser obtida via estimação da capacidade combinatória entre os parentais.

## **2.2 Capacidade Combinatória**

Em programas de melhoramento que visam a obtenção de linhagens de milho, deve-se realizar a seleção de progênies em várias etapas do programa, sendo muito comum a seleção precoce destas, nas primeiras gerações de autofecundação. Esta seleção normalmente é realizada com base na capacidade de combinação da progênie testada (GUIMARÃES et al., 2012).

Conceitualmente, a capacidade geral de combinação (CGC) se define como o comportamento médio dos genitores em combinações híbridas, sendo controlado pelos efeitos aditivos (CRUZ et al., 2012). Entretanto, não se pode garantir que esta seja totalmente independente da dominância (ALVES, 2006).

A capacidade específica de combinação (CEC) se define como o desvio do comportamento esperado, com base no desempenho dos genitores usados na

combinação híbrida, sendo determinada pelos efeitos não aditivos (dominância e epistasia) (ROVARIS; ZAGATTO; SAWAZAKI, 2014).

A capacidade combinatória tem por finalidade fornecer estimativas de parâmetros úteis para a seleção de genitores para a hibridação, avaliação de progênes no melhoramento populacional, e também, determinar os efeitos genéticos dos caracteres de interesse (CRUZ et al., 2012; IEMMA, 2003), assim como as estimativas de herdabilidade, variância genotípica, coeficientes de variação genotípico e experimental e índice de variação (SILVA et al., 2012).

A partir das estimativas dos efeitos genéticos, aditivo ou não aditivos, os genitores promissores podem ser explorados em novas combinações híbridas, visando uma maior probabilidade em identificar genótipos em populações melhoradas para estas características (COSTA et al., 2013). Segundo Arnhold et al. (2009), no contexto da obtenção de híbridos de alto rendimento, estas estimativas contribuem para a seleção das linhagens mais promissoras para a hibridação, sendo a CEC um parâmetro muito útil na escolha da população para a extração de linhagens e obtenção de híbridos interpopulacionais (BALESTRE et al., 2008a).

O valor de uma linhagem na produção de sementes do híbrido depende de seu desempenho *per se* e em combinações híbridas (CRUZ, 1983). Diante disto, torna-se imprescindível as estimativas da capacidade combinatória de uma linhagem, tanto a capacidade específica de combinação, que é reflexo direto do vigor híbrido, quanto a capacidade geral de combinação, que se correlaciona com o aumento de chance desta apresentar um alto desempenho, quando utilizada em blocos de cruzamento.

A avaliação da capacidade combinatória é realizada pela análise dialélica, sendo a mais comum, pelo método de Griffing (1956), que consiste em avaliar híbridos nas  $n(n-1)/2$  combinações possíveis (CRUZ et al., 2012). Porém, há uma limitação prática quando se aumenta o número de genitores, os esforços

nas polinizações manuais, e o elevado número de híbridos a se testar, aumenta consideravelmente os custos no programa de melhoramento (PATERNIANI et al., 2008), podendo até mesmo inviabilizá-lo.

Uma alternativa para contornar o problema do elevado número de híbridos em teste, no método dialelo, é a avaliação em topcross (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000; PATERNIANI et al., 2006).

### **2.3 Topcross e o uso de testadores**

O método topcross, também chamado de testecross por Hallauer; Carena e Miranda Filho (2010), foi relatado por Jenkins e Brunson (1932) e tem por objetivo avaliar a capacidade combinatória de linhagens, em programas de melhoramento de híbridos, quer seja pela CGC que é uma medida dos efeitos gênicos aditivos, ou pela CEC que é uma medida dos efeitos não aditivos, e também avaliar os valores genotípicos (breeding values) de genótipos para o melhoramento de populações.

A baixa correlação do desempenho da linhagem *per se* com a performance dos híbridos em que a mesma participa, é um forte argumento utilizado para realizar o teste das linhagens em cruzamentos híbridos. Segundo Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), mesmo linhagens ruins em seu desempenho *per se* podem gerar híbridos de alta performance. Neste contexto, a utilização do método topcross é de grande valia, pois permite avaliar o desempenho da linhagem ou do genótipo a ser testado, de forma relativamente simples, já que são cruzadas com genótipos testadores.

O método topcross foi primeiramente desenvolvido por Davis em 1927, como citam Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), usando o método para realizar a seleção de linhagens para a CGC, usando testador de base genética

ampla. Posteriormente, Jenkins e Brunson (1932) mostraram alta efetividade do método, sendo ainda utilizado até os dias atuais.

Uma das grandes vantagens do método topcross em relação aos dialelos é de não envolver todas as combinações híbridas, tornando assim, o programa de melhoramento mais eficiente (PATERNIANI et al., 2006), podendo então, dedicar-se em avaliações mais criteriosas dos genótipos com o aumento do número de ambientes a ser testados, ou até mesmo, o aumento do número de repetições. Análises usando dialelos podem fornecer estimativas mais acuradas das capacidades combinatórias, porém, em muitos casos é de praticidade reduzida, quando se tem muitos genótipos a testar (ALVES, 2006).

O primeiro trabalho na literatura, a citar que as altas produtividades de linhagens em cruzamentos top crosses possuem alta correlação com os melhores híbridos simples, foi o de Johnson e Hayes (1936). Corroborando com essa alta correlação, Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) citam vários trabalhos onde há alta correlação entre boas linhagens, avaliadas em top crosses realizados em gerações precoces de autofecundação em relação àquelas avaliadas em top crosses, em estágios finais da obtenção de linhagens, e até mesmo em predições baseadas em marcadores moleculares.

Atualmente o uso do método topcross é amplamente difundido e muito utilizado, porém, independente do objetivo do método, o ponto mais questionável, é sem dúvida, a escolha do testador para avaliar a capacidade combinatória.

Vários trabalhos na literatura discutem sobre a definição do testador ideal. Os esforços de vários pesquisadores em tentar elucidar este problema, é um forte indicativo de que esta é uma das grandes dúvidas no melhoramento de plantas até o momento.

Para Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), o melhor testador é aquele que fornece a discriminação entre genótipos, de acordo com o objetivo de

seleção, sendo, portanto, aquele que permite a expressão de todos os locus de interesse do genótipo a ser testado no híbrido, situação esta, que é reconhecidamente difícil de ser atendida.

Outro conceito geral sobre bom testador é aquele que classifica de forma correta o desempenho relativo do genótipo a ser testado, e discrimina eficientemente os genótipos sob teste. Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), adicionam ainda que um bom testador deve ser de simples utilização, fornecendo informações da classificação correta do mérito relativo das linhagens e maximizar o ganho genético.

Hull, em 1945, estabeleceu a teoria (embasada na frequência alélica de um locus com dois alelos e dominância completa), de que o testador mais eficiente seria aquele que em todos os locus fosse homozigoto recessivo, permitindo assim, a plena expressão dos alelos do genótipo a ser testado em combinações híbridas. Posteriormente, trabalhos sobre resistência ao acamamento, foram publicados, corroborando com a teoria de Hull, mostrando que a mesma se aplica melhor a caracteres controlados por poucos genes.

De modo geral, os resultados são a favor de que a teoria que testadores de baixa performance, assumindo-se que possuam baixa frequência de alelo favoráveis em locus importantes, são mais efetivos na correta discriminação dos genótipos a serem testados (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000).

Por outro lado, Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) citam o trabalho de Keller, realizado em 1949, onde a teoria de Hull não se mostrou consistente, uma vez que a interação linhagens x testadores não foi significativa, sendo que o esperado seria que o testador de baixa produtividade forneceria maiores variâncias genotípicas, em comparação com o testador de alta produtividade. Adicionalmente, o uso de testadores com alta frequência de alelos favoráveis, permite a identificação de cruzamentos de maior potencial, podendo ser utilizados, já de forma direta como parental no cruzamento (GUIMARÃES

et al., 2012). Também se observa que testadores elites, mesmo fornecendo as mesmas variâncias em relação a testadores de baixa produtividade, estes são de maior interesse prático, pois, um dos principais objetivos do melhorista, normalmente se baseia na busca por genótipos com maiores médias (ALVES, 2006), fenômeno conseguido com a contribuição do alto grau de complementação entre os parentais (FUZATTO, 2003).

Quando o objetivo do topcross é definir o melhor parental para uma determinada linhagem, a definição do testador deixa de ser um problema, pois o testador se torna o parental de interesse no cruzamento, se tornando geralmente, um fator fixo, e os genótipos a serem cruzados com ele, é que serão testados como parental complementar. Dialelos completos também são utilizados para definir as melhores combinações híbridas (CRUZ et al., 2012), porém, diferentemente do topcross, não se fixa um ou poucos parentais testadores, já que os genótipos em teste são cruzados em todas as combinações possíveis, gerando assim, um número muito grande de híbridos a serem avaliados.

Visando obter híbridos simples, utiliza-se linhagens elite como testadores, que preferencialmente já se tenha conhecimento prévio das mesmas, como por exemplo, que estas linhagens tenham apresentado alta capacidade geral de combinação em avaliações anteriores, e que seja de grupo heterótico complementar preferencialmente (ALVES, 2006; GUIMARÃES et al., 2012), desta forma, aumenta-se a chance de se obter um híbrido de alto rendimento.

Neste contexto, deve-se considerar, na escolha do testador, um grupo heterótico distinto às linhagens testadas, visando maximizar os efeitos da CEC no uso direto do híbrido para fins comerciais. Desta forma, é comum utilizar na primeira avaliação da capacidade combinatória das linhagens, parentais de híbridos comerciais ou outras linhagens elite como testadores. Esta escolha se deve a possibilidade de obtenção de um potencial híbrido comercial, em estágios ainda iniciais de desenvolvimento das linhagens (OLIVEIRA et al., 2010).

Com o mesmo princípio, se o objetivo é obter híbridos triplos, é possível utilizar como testador um híbrido simples de alto desempenho, e linhagens serem testadas para formar híbridos triplos (PATERNIANI et al., 2006), entretanto, quando o objetivo é a obtenção de um híbrido duplo, testa-se os híbridos simples e como testador, híbridos simples elite, ou de atestada capacidade combinatória. No caso de híbridos triplos, se houver interesse em utilizar uma linhagem específica no cruzamento, pode-se também usá-la como testadora em cruzamentos com híbridos simples.

Utilizando o método topcross para seleção de linhagens, pode-se ainda utilizar-se de um testador de base genética ampla como uma variedade sintética composta de várias linhagens (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Desta forma, pode-se selecionar dentre uma grande quantidade de linhagens, apenas as que apresentem as maiores capacidades específicas de combinação, possibilitando assim, direcionar os recursos para explorar as melhores linhagens, de forma mais efetiva.

No melhoramento populacional, híbridos topcrosses são utilizados no teste de progênies. Na seleção recorrente, testa-se as progênies selecionadas em cruzamentos com testadores, e posteriormente, faz-se a recombinação das melhores progênies para obter a população melhorada (BORÉM; MIRANDA, 2013). Quando o objetivo é melhorar a população para a obtenção de variedades de polinização aberta, utiliza-se um testador de base genética ampla, ou quando o objetivo é melhorar a população para a extração de linhagens utiliza-se um testador de base genética estreita, como um híbrido simples ou uma linhagem, de preferência de grupo heterótico complementar.

Outro ponto discutido é o uso de testadores geneticamente relacionados com os genótipos testados, porém, baixas correlações no ranqueamento dos genótipos foram observadas em comparação com testador não relacionado (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). De mesmo modo,

quando se utiliza o método na seleção recorrente intrapopulacional, a própria população como testadora de suas progênes, pode ser utilizada, a fim de selecionar as progênes de melhor capacidade geral de combinação, e obter assim, a população melhorada.

A quantidade de testadores também deve ser levada em consideração no uso do método. Sabe-se que um maior número de testadores melhora a precisão nas estimativas da capacidade combinatória, conseqüentemente, proporciona maiores ganhos genéticos. Porém, o aumento no número de testadores aumenta consideravelmente o número de híbridos em teste, sendo este, múltiplo do número de testadores.

Uma forma de ponderar o número de testadores é utilizar nas primeiras avaliações um número reduzido de testadores. Certamente, que com estimativas da capacidade combinatória menos acuradas, a intensidade de seleção não deve ser rigorosa, consistindo apenas no descarte das linhagens ou genótipos em teste de menor valor. Em uma segunda etapa de seleção, normalmente com linhagens em alto grau de endogamia, ou em progênes extraídas de populações melhoradas, um maior número de testadores pode ser utilizado. A obtenção de estimativas mais acuradas da capacidade combinatória permite a seleção mais precisa de linhagens de melhor valor para o melhoramento, aumentando a probabilidade para a obtenção de híbridos que substituam com vantagens, os já existentes.

#### **2.4 Seleção precoce**

Em programas de melhoramento visando a obtenção de híbridos, existe a necessidade de avaliação de uma grande quantidade de linhagens. No processo de obtenção dessas linhagens, a seleção para capacidade de combinação, quando realizada em gerações precoces, isto é, antes de atingir a geração  $S_6$  e  $S_7$  de

endogamia, aumenta a eficiência do processo. Isto reduz substancialmente o número de linhagens antes de atingir homozigose completa (FUZATTO, 2003).

Tradicionalmente, em programas visando a obtenção de híbridos, primeiro se obtém uma grande quantidade de linhagens, e posteriormente, se realiza um grande número de avaliações para mensurar o potencial desses genótipos quanto a capacidade de gerar bons híbridos, normalmente, inferida pela capacidade combinatória. Porém, a avaliação das linhagens é uma etapa onerosa, e demanda um tempo significativo de um programa de melhoramento, assim, a necessidade de reduzir a quantidade de avaliações ao fim do processo de obtenção de linhagens, foi a conclusão dos melhoristas, após se depararem com uma grande quantidade de linhagens ao final das gerações de autofecundação (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Então, em 1929, a seleção precoce foi sugerida por Davis, consistindo basicamente na avaliação do híbrido entre as progênes ( $S_2$  ou  $S_3$ ) e um testador comum.

Na época, a seleção precoce não foi muito aceita, porém, poucos anos depois, Davis, e até mesmo outros pesquisadores, comprovaram a eficácia do método, chegando a conclusão, que esta poderia ser eficiente, pois em  $S_2$ , as linhagens já adquiriam sua individualidade, e eram suficientes para a fixação dos caracteres de produtividade em combinações híbridas.

É relatado na literatura, que o desempenho de linhagens em estágios avançados de autofecundação, quando em combinações híbridas, pode ser determinado indiretamente pelo desempenho das linhagens em topcrosses, quando estas estiverem nas gerações iniciais de autofecundação (GUIMARÃES et al., 2012).

Teoricamente, Bernardo (1991) determinou a eficiência da seleção precoce pela equação  $r_{G_n G_{n'}} = [(1+F_n)/(1+F_{n'})]^{0,5}$ , onde  $F_n$  e  $F_{n'}$  são os coeficientes de endogamia das gerações  $S_n$  e  $S_{n'}$ , respectivamente. Desta forma, percebe-se que topcrosses de progênes  $S_2$  possui uma correlação genética de

0,87 com topcrosses de progênies S<sub>6</sub>. Este argumento é muito utilizado para justificar a necessidade da avaliação e seleção precoce de linhagens e, praticamente obrigatório em programas de obtenção de linhagens que queiram ser eficientes. Outro argumento é que a produtividade é uma característica tão importante e difícil de se obter, que deveria ser identificada o mais cedo possível.

Um dos grandes aspectos da seleção precoce de linhagens em processo de endogamia, não é a simples seleção das melhores progênies, mas sim, o descarte das progênies inferiores que apresentem baixa capacidade combinatória, resultando assim, em maior possibilidade de sucesso em cruzamentos híbridos de alto rendimento. Porém, a intensidade de seleção durante a seleção precoce deve ser reduzida, pois, pode haver em gerações avançadas, interações do desempenho da linhagem com a fixação dos locus em homozigose, podendo alterar desta forma, a classificação de boas linhagens para linhagens de reduzido potencial (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Desta forma, o sucesso na seleção precoce, quando realizada com base na capacidade combinatória, principalmente a CGC, se justifica por apresentar boa estabilidade ao longo das gerações de autofecundação (VALÉRIO et al., 2009). Isto ocorre porque os efeitos epistáticos e dominantes diminuem com o avanço das gerações de endogamia, devido à redução das plantas heterozigotas na população. Porém, vale ressaltar ainda, que a capacidade combinatória não é uma propriedade fixa, mas que depende diretamente da composição genética do testador à qual é testada.

Outro ponto a se considerar na realização da seleção precoce é a disponibilidade de recursos. A avaliação de topcrosses em gerações iniciais é de custo mais elevado comparativamente, pois, quando se realizam as avaliações da capacidade combinatória em estágios avançados, se avalia um número menor de

linhagens, pois, várias linhagens são descartadas com base no desempenho *per se*, durante a condução das progênies em segregação. Deste modo, maior número de linhagens é testado na avaliação precoce. O custo para se realizar os cruzamentos topcrosses, e conduzir os experimentos, é maior do que os custos de realizar as autofecundações nas progênies segregantes, porém, o esforço se justifica pelas dimensões dos programas de melhoramento atuais, sendo que no final, apenas as linhagens com informação prévia da capacidade combinatória serão testadas novamente (FUZATTO, 2003).

Uma das publicações que ajudaram a difundir a seleção precoce com o uso de topcrosses foi a de Sprague (1946), relatando que a seleção de linhagens de alto valor pode ser obtida via teste da capacidade geral de combinação, nas primeiras gerações de autofecundação em topcrosses. Ganhos com este tipo de seleção são possíveis, pois, a variação entre progênies é maior que a variação dentro, evidenciando assim, a estabilidade da capacidade geral de combinação, e a individualidade das progênies, mesmo em gerações iniciais de autofecundação, como reportado por Bernardo (1991).

Trabalhos recentes também relatam que a seleção precoce é viável (OLIVEIRA et al., 2010; ROVARIS; ZAGATTO; SAWAZAKI, 2014) e tem sido empregada principalmente para características de maior herdabilidade, deixando a seleção mais criteriosa de caracteres de menor herdabilidade, em gerações mais avançadas de endogamia.

Porém, mesmo em caracteres de baixa herdabilidade como a produtividade é possível realizar a seleção precoce de forma eficiente. No trabalho de Valente (2010), foi obtida alta correlação na CGC de híbridos topcrosses de progênies  $S_3$  com o desempenho *per se* de progênies  $S_6$ .

## 2.5 Modelos mistos no melhoramento

Em melhoramento de plantas, busca-se sempre obter o verdadeiro valor do genótipo em estudo. Para isso, muitas vezes se utiliza da média fenotípica como estimador do valor genotípico. Porém, quando tal genótipo é avaliado em poucos locais ou poucas parcelas, esta estimativa do valor genotípico deve ser tomada com restrições. Portanto, para estimativas mais acuradas, deve-se avaliar estes materiais em uma ampla gama de repetições/ambientes, para que esta média geral fenotípica represente com segurança o valor genotípico (IEMMA, 2003).

A utilização de experimentos de grande porte ou muitos ambientes, comum em melhoramento de plantas, naturalmente impõe maiores dificuldades no controle do balanceamento experimental, quer seja pela perda de parcelas ou até mesmo pela dificuldade de se obter sementes de todos os cruzamentos, assim, a utilização da abordagem de modelos mistos, especialmente o uso do BLUP, tem ganhado importância no melhoramento vegetal.

O efeito da interação genótipo por ambientes dificulta o trabalho dos melhoristas. Isto porque a seleção é realizada por meio do fenótipo, na esperança que o genótipo seja o mais próximo possível. Como a seleção fenotípica nem sempre é eficaz, algumas alternativas têm sido propostas. A principal delas é a melhoria das condições dos experimentos de avaliação das progênies. Outra alternativa é a obtenção do valor genético genômico, por meio da regressão direta das marcas moleculares identificadas no genótipo de cada progênie, como preconizado pelo método BLUP Genômico - GBLUP (NISHIO; SATOH, 2014). Neste caso, deve-se identificar marcas moleculares associadas ao caráter de interesse. Outra alternativa, cujo emprego tem se intensificado cada vez mais no melhoramento de plantas, é analisar os dados utilizando-se abordagem de modelos mistos, especialmente o Best Linear Unbiased Predictor – BLUP. O

fundamento do BLUP é que ele gera estimativas mais acuradas do valor genotípico do indivíduo (ARNHOLD et al., 2009; MENDES, 2011), além de alicerçar outras metodologias de estimação de valor genético genômico, como o próprio GBLUP.

O tratamento dos dados experimentais por metodologias de modelos mistos proporciona grande flexibilidade de análises, e permite lidar melhor com problema do desbalanceamento, uma vez que os tratamentos são ponderados individualmente (ARNHOLD et al., 2012).

As principais vantagens do uso do método de modelos mistos na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são que: (a) pode ser aplicado a dados desbalanceados; (b) não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; (c) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, provenientes de vários experimentos, gerando estimativas precisas; (d) corrige os dados para os efeitos ambientais, e prediz de maneira precisa e não viciada os valores genéticos, conduzindo à maximização do ganho genético com a seleção, além de possuir menores variâncias e erros em relação a outros métodos (ARNHOLD et al., 2009, 2012; IEMMA, 2003).

Proposto por Henderson, em 1949, inicialmente foi implementado no melhoramento animal, onde condições de balanceamento nem sempre são possíveis. Atualmente, REML/BLUP tem sido considerado o método mais acurado para análises em uma variedade de aplicações, com a vantagem de substituir a análise de variância, especialmente quando há desbalanceamento (ARNHOLD et al., 2012), permitindo assim, resultados mais realísticos.

O emprego do modelo misto, basicamente consiste em considerar os efeitos genéticos do modelo como aleatório, e corrigindo-o para os demais efeitos fixos do modelo. Bernardo (2002) relata que o BLUP fornece as mesmas informações que o método dos quadrados mínimos em condições de balanceamento dos experimentos. Desta forma, o emprego do modelo misto se

torna mais adequado para uso em situações de maiores níveis de desbalanceamento (IEMMA, 2003).

No melhoramento genético, quando os efeitos de tratamentos são considerados aleatórios, e efeitos ambientais são considerados fixos, em procedimentos REML/BLUP, existe maior acurácia preditiva (RESENDE, 2007). Isso se deve ao fato de que as predições dos efeitos aleatórios são forçadas em direção à média geral, pelo efeito *shrinkage*, penalizando predições baseadas em pequenas amostras. Isso não ocorre quando os efeitos de tratamentos são considerados fixos, o que pode superestimar as médias de tratamentos. Além disso, esse é considerado um procedimento ótimo, pois os BLUP de valores genotípicos são preditores de mínimos quadrados do erro e não viesados.

O efeito *shrinkage* permite comparações mais adequadas entre genótipos com diferentes números de observações que podem ocorrer, devido a desbalanceamentos nos ensaios, possibilitando uma maior confiabilidade aos tratamentos com maior número de observações. Em modelos mistos, a herdabilidade estimada na média de parcelas é usada como ponderador que atende a esta premissa. Este efeito aproxima os valores preditos em direção à média geral.

Os valores genotípicos preditos ( $u+g$ ) de genótipos com base em uma maior quantidade de observações, tendem a apresentar uma maior herdabilidade, fazendo com que seus preditores de  $u+g$  apresentassem maior acurácia e, conseqüentemente, menor efeito *shrinkage* em comparação a genótipos avaliados em menor quantidade de observações (RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

Nestes casos, os genótipos podem sofrer uma grande mudança de ordenação dos valores fenotípicos estimados em relação aos valores genotípicos preditos via BLUP, ocasionando assim, ganho na obtenção dos valores

genotípicos. Não levar em consideração a diferença na quantidade de observações dos genótipos é acrescentar erros nos valores genotípicos, que pode reduzir os ganhos com o melhoramento.

Apesar da menor herdabilidade dos genótipos com menor número de observações, a comparação destes com os valores de genótipos com maiores números de observações é vantajosa, pois não há superestimação do verdadeiro valor genotípico devido a penalização pelo preditor BLUP.

Uma forma de mensurar essa mudança de ordenação é estimar a correlação de Spearman (VALENTE, 2010). Caso a correlação seja menor que 1, pode-se afirmar que a análise via modelos mistos é mais eficiente, pois houve mudança na classificação dos genótipos, e as médias genotípicas foram obtidas por um procedimento ótimo em relação a dados desbalanceados.

Outro benefício da metodologia de modelos mistos é que quando a maioria dos tratamentos é avaliada em um número reduzido de ensaios, o uso de testemunhas comuns em todos os ensaios, permite uma conexão entre os diferentes experimentos. Assim, as informações de cada experimento são usadas para uma estimação mais precisa dos efeitos fixos referentes à média geral, que é somada aos desvios dos efeitos genotípicos para compor o valor genotípico de cada tratamento.

Com relação aos componentes de variância, estes têm grande importância no contexto de modelos mistos quando determinados pela máxima verossimilhança restrita –REML, já que, segundo Arnhold et al. (2012) e Resende e Duarte (2007), a precisa estimação dos componentes de variância é fundamental para aumentar a acurácia dos valores genéticos, e assim identificar plantas geneticamente superiores, principalmente em condições de desbalanceamento.

Com a utilização de modelos mistos para análise de dados experimentais em programas de melhoramento vegetal, o que realmente interessa é a ordenação

dos tratamentos genéticos. A predição dos valores genotípicos via BLUP depende da estimação de componentes de variâncias associadas aos efeitos aleatórios do modelo e, para tanto, uma das metodologias mais utilizadas é a estimação por meio de máxima verossimilhança restrita (REML), pois considera a perda de graus de liberdade, promovendo assim, estimativas dos componentes de variância mais acurados (ARNHOLD et al., 2009).

Comparando a análise dialélica, usando modelo fixo e modelo misto, Iemma (2003) concluiu que a classificação dos híbridos mais produtivos sofreu pouca alteração, sendo facilitada a seleção. Porém, vale ressaltar, que em seu trabalho não havia desbalanceamento de número de parcelas dos híbridos, assim como perda de combinações híbridas do delineamento genético. Esta situação está em concordância com a teoria, pois, segundo Bernardo (2002) e Fritsche-Neto et al. (2010), o preditor BLUP, com pouco ou nenhum desbalanceamento, proporciona pouca alteração na classificação dos tratamentos, alcançando assim, os mesmos resultados utilizando o modelo fixo.

Por outro lado, quando usado em dados desbalanceados, proporciona predições acuradas, além de ser uma metodologia de fácil implementação, segundo Resende e Duarte (2007). No trabalho de Fritsche-Neto et al. (2010), foi constatado que o método REML/BLUP prediz com acurácia os valores genotípicos de híbridos com desbalanceamento de até 20% ou redução em 23% do número de ambientes, mesmo com presença de interação genótipo por ambiente do tipo complexa.

Existem na literatura alguns trabalhos que mostram a eficiência de usar BLUPs para estimar a capacidade combinatória. Balestre et al. (2008a) citam que BLUPs, para estimar a capacidade específica de combinação devem ser priorizados, pois tem menor erro e viés, produzindo estimativas mais acuradas. Iemma (2003) avaliando linhagens obtidas da população BR-106, encontrou baixa correlação entre os BLUPs da CGC com as estimativas de CGC obtidas

pelo modelo fixo, considerando que os BLUPs indicam o melhor comportamento das linhagens, visto que estas diferenças podem ser atribuídas à incorporação da estrutura de variâncias e covariâncias no modelo, porém, a extrapolação desses resultados deve ser tomada com cautela, pois há divergência nessa correlação em função da população em estudo.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Descrição dos materiais e ensaios

Os experimentos foram conduzidos de novembro de 2011 a maio de 2013. Na safra 2011/2012 instalou-se o campo de cruzamento para a obtenção dos híbridos topcrosses. Foram utilizadas, 500 progênies  $S_{0:2}$  originadas de três populações distintas, as progênies  $S_{0:2}$  são provenientes da segunda geração de plantas autofecundadas de populações  $F_2$  oriundas de híbridos comerciais, comumente utilizados na região Sul do Brasil, sendo 175 progênies oriundas da população A, derivada do híbrido triplo Garra (Syngenta); 88 progênies da população B, derivada do híbrido simples AS 1532 (Agroeste) e 237 progênies da população C, derivada do híbrido simples 30B39 (DuPont Pioneer).

Realizou-se uma seleção fenotípica próxima ao florescimento e pré-colheita, adotando como critério, plantas mais vigorosas, menor incidência de doenças foliares, folhas eretas, uniformidade de plantas dentro da progênie, dentre outras. Considerando uma intensidade de seleção de 40%, as progênies selecionadas foram cruzadas com três testadores, a linhagem elite LE84, o híbrido simples experimental HS2532 e o híbrido simples comercial GNZ2004. A LE84 foi selecionada por ser uma linhagem elite do programa de melhoramento de milho, e caracterizada por possuir alta capacidade geral de combinação. O híbrido GNZ2004 foi utilizado devido a sua recomendação de uso nas mesmas regiões de cultivo dos híbridos A, B e C. O híbrido experimental HS2532 foi escolhido por ser um bom parental, e por permitir a identificação de híbridos triplos de alto rendimento.

Das 200 progênies selecionadas, obteve-se 189 com quantidade suficiente de sementes para condução de pelo menos um experimento, formando assim 457 híbridos topcrosses.

Na safra 2012/2013 foram realizados os experimentos em cinco locais, três no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da UFLA, em diferentes épocas de semeadura, sendo em 09/11/2012 com 144 híbridos testados, em 16/11/2012 com 81 híbridos testados e em 23/11/2012 com 289 híbridos. Outro experimento foi conduzido em Guarapuava/PR, com semeadura dia 17/10/2012 com 316 híbridos e em São Miguel d'Oeste/SC, semeado em 07/11/2012 com 348 híbridos.

Os híbridos foram distribuídos aleatoriamente nos experimentos para que não houvesse o confundimento entre efeitos ambientais com os efeitos de população ou testadores. Desta forma, 13,8% dos híbridos (63) foram testados em somente um experimento, 16,6% (76) foram testados em apenas dois experimentos, 68,5% (312) em três experimentos, 0,87% (4) em quatro experimentos e apenas 0,43% (2) foram testados nos cinco experimentos, totalizando assim os 457 híbridos avaliados.

Dentre os 457 híbridos avaliados, 444 são híbridos topcrosses, resultante dos cruzamentos das progênies das três populações com os testadores. Porém, para algumas progênies, não foram obtidas sementes suficientes nos cruzamentos com os três testadores, sendo que 7,4% das progênies foram testadas com apenas um testador, 50,3% foram testadas somente com dois testadores, e 42,3% das progênies foram testadas com os três testadores (Tabela 1).

Tabela 1 Descrição dos cruzamentos realizados das progênes das três populações e número de testadores obtidos nos cruzamentos

População	Número de testadores			N° progênes		Cruzamentos possíveis	Cruzamentos realizados	
	1	2	3	N°	%	N°	N°	%
A	2	39	17	58	30,7	174	131	75,3
B	0	12	20	32	16,9	96	84	87,5
C	12	44	43	99	52,4	297	229	77,1
Total	14	95	80	189	100,0	567	444	78,3
Total (%)	7,4	50,3	42,3	100,0	-	-	-	-

O número de cruzamentos de cada combinação de população e testadores pode ser visualizado na Tabela 2. Também foram incluídos 13 tratamentos testemunhas sendo estes 12 híbridos comerciais e 1 experimental.

Tabela 2 Descrição do número de cruzamentos obtidos para as combinações de progênes e testadores

População	Testador			Total de híbridos	
	84	2004	2532	N°	%
A	19	57	55	131	29,5
B	20	32	32	84	18,9
C	55	88	86	229	51,6
Total	94	177	173	444	-
Total (%)	21,2	39,9	39,0	-	-

O delineamento utilizado nos ensaios instalados em Lavras/MG foram o látice quadrado simples, sendo o primeiro 12 x 12, o segundo 9 x 9 e o terceiro 17 x 17. Nos ensaios instalados no PR e SC foram utilizados blocos casualizados, com duas repetições. As parcelas experimentais em Lavras/MG constituíram de 2 linhas de 5 metros cada, com espaçamento de 0,55 m, e nos ensaios do PR e SC de 4 linhas de 5 metros com espaçamento entre linhas de 0,5 m.

Foi avaliada a produtividade de grãos a partir do peso de grãos obtidos na parcela, e os dados extrapolados para ton. ha<sup>-1</sup> com a correção de umidade para 13%.

### 3.2 Análise dos dados

A análise dos dados foi realizada pela abordagem de modelos mistos, utilizando para o cálculo dos componentes de variância genotípica e residual, o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). A partir do ajuste do modelo pelo processo iterativo, foi obtida a predição dos componentes de variância de cada vetor aleatório, assim como a solução do vetor de efeitos fixos.

Inicialmente foram obtidas as médias BLUPs (u+g) dos híbridos pela análise conjunta dos dados utilizando o seguinte modelo:

$$y = X\beta + Z_1g + Z_2w + \varepsilon \quad (1)$$

Onde  $y$  é o vetor das observações fenotípicas;  $\beta$  é o vetor dos efeitos fixos (locais, blocos e média geral);  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos assumidos como aleatório;  $w$  é o vetor dos efeitos da interação genótipo por ambientes assumidos como aleatório;  $X$ ,  $Z_1$  e  $Z_2$  representam a matriz de incidência dos efeitos referidos.

As estimativas dos BLUPs da capacidade geral de combinação e da capacidade específica de combinação foram realizadas com o auxílio do software SAS, utilizando o proc mixed. Neste estudo, optou-se por utilizar o modelo com todos os genótipos dentro de um mesmo grupo, de acordo com Balestre, Von Pinho e Souza (2010) e Oliveira et al. (2010). Segundo estes autores, o modelo que considera os genótipos em um único grupo fornece

estimativas de CGC e CEC mais acuradas que o modelo que considera dois grupos distintos, mesmo com informação de parentesco.

Desta forma foi considerado o seguinte modelo:

$$y = X\beta + Z_1g + Z_2s + Z_3(ga) + Z_4(sa) + \varepsilon \quad (2)$$

Onde:  $y$  é o vetor de observações;  $\beta$  é o vetor de parâmetros dos efeitos fixos (média geral, locais e blocos dentro de locais);  $g$  e  $s$  são os vetores dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente, (assumidos como aleatórios);  $ga$  e  $sa$  são os vetores dos efeitos das interações entre capacidade geral e específica de combinação com o ambiente, respectivamente, (assumidos como aleatórios);  $\varepsilon$  é o vetor de resíduos.  $X$ ,  $Z_1$ ,  $Z_2$ ,  $Z_3$  e  $Z_4$  representam as matrizes de incidência dos efeitos  $\beta$ ,  $g$ ,  $s$ ,  $ga$  e  $sa$ , respectivamente.

Visando analisar a melhor forma de selecionar as progênies, foi realizada uma comparação entre duas diferentes estratégias de ranqueamento. Na primeira, foi considerada uma intensidade de seleção de 30% dentro de cada população. Na segunda estratégia, a mesma intensidade de seleção foi adotada, entretanto, foram desconsideradas as populações que derivaram as progênies selecionadas.

Foram estimadas as correlações de ranqueamento de Spearman entre médias BLUPs ( $u+g$ ) médias BLUEs e CEC. A análise foi realizada utilizando o software SAS, proc corr.

#### 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os parâmetros úteis para a seleção de genótipos, a capacidade combinatória tem destaque por ter fácil interpretação. No presente estudo, a relação da variância da CEC foi 4,15 vezes maior que a variância da CGC (Tabela 3). Os componentes de variância dos modelos podem expressar a variabilidade genética dos genótipos, o que permite realizar inferências sobre o tipo de ação gênica predominante para cada uma das características. Tal resultado indica que no conjunto de progênies em estudo, os efeitos de dominância têm maior influência na expressão da produtividade de grãos.

Tabela 3 Estimativa dos componentes de variância obtidas por REML/BLUP para capacidade geral e específica de combinação, interação com o ambiente e variância residual de progênies S<sub>2</sub> de milho cruzadas com três testadores

Parâmetros	Variâncias
CGC	0,03846*
CEC	0,1599**
CGC x Amb	0,1352**
CEC x Amb	0,1992**
Variância Residual	1,4522**

\*, \*\*, significativo ao nível <0,05 e <0,01 respectivamente.

A maior contribuição dos efeitos dominantes para o aumento da produtividade de grãos é relatado por vários trabalhos (BALESTRE; VON PINHO; SOUZA, 2010; BORDALLO et al., 2005; GUEDES et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2010; VIANA; MATTA, 2003; VIVEK et al., 2010; WERLE et al., 2014).

Em contrapartida, no trabalho de Englesong et al. (2011), Oliveira et al. (2011), Paterniani et al. (2006) e Rovaris, Zagatto e Sawazaki (2014), a maior

estimativa de CGC em relação à CEC indicou que a ação gênica aditiva contribui mais para o aumento da produtividade. Tal divergência de resultados pode ser explicada pelo simples fato de que a capacidade de combinação de um genótipo é relativa aos demais genótipos em teste, assim um determinado genótipo pode apresentar alta ou baixa CGC, dependendo dos genótipos que estão sendo testados. Oliveira et al. (2011) citaram que o tipo de interação alélica predominante depende da população envolvida no dialelo, desta forma, o resultado é específico para os genótipos avaliados. Ainda assim, é possível verificar a predominância de efeitos genéticos aditivos e de dominância, simultaneamente, em uma mesma população de melhoramento. Guimarães et al. (2007), visando avaliar híbridos simples de milho quanto a produtividade, a partir de cruzamentos dialélicos entre linhagens divergentes, verificaram contribuições significativas das CGC e CEC, evidenciando assim a importância dos dois efeitos supracitados.

A expressão da interação alélica predominante também depende da intensidade de melhoramento que os genótipos em teste tenham sido submetidos. Conforme Paterniani et al. (2006), linhagens extensivamente melhoradas em ambientes distintos tendem a ter maior contribuição dos efeitos aditivos na manifestação da produtividade. Este efeito está em acordo com o presente estudo, onde foram utilizadas progênies com baixo grau de endogamia que foram alvo de seleção fenotípica massal. Dessa forma, é possível o predomínio dos efeitos de dominância no estudo do controle genético, do caráter em questão.

#### **4.1 Capacidade Geral de Combinação**

A magnitude dos BLUPs da CGC para todas as progênies da população A variou de -0,1622 a 0,1780 ton ha<sup>-1</sup> (ANEXO A – Tabela 1). A magnitude dos

BLUPs da CGC de todas as progênies da população B varia de -0,1711 a 0,1399 ton. ha<sup>-1</sup> e a variação para todas as progênies da população C foi de -0,1182 a 0,2001 ton. ha<sup>-1</sup>. Este cenário de baixa variação, considerando o potencial produtivo da cultura, reflete diretamente da baixa estimativa do componente de variância relacionado à CGC, em comparação a CEC.

Oliveira et al. (2010) observaram que baixas estimativas da variância da CGC refletiram também em baixa amplitude nas estimativas da CGC das progênies, assim como observado no presente estudo. Balestre; Von Pinho e Souza (2010) verificaram que as variâncias dos valores BLUP das capacidades de combinação (CGC e CEC), estimadas a partir de 90 progênies S<sub>0,2</sub> genotipadas com 25 marcadores microssatélite, foram baixas, corroborando os resultados obtidos no presente trabalho. Esses mesmos autores reportam sobre a importância da utilização de progênies como uma alternativa viável na síntese de híbridos de alta performance.

Na Tabela 4, pode-se observar o ranqueamento das 57 melhores progênies com base na CGC, considerando as melhores progênies dentro de cada população. Considerando as 58 progênies de população A, foram selecionadas as 17 progênies com maiores CGC, com uma variação nos valores de 0,01248 a 0,1780 ton. ha<sup>-1</sup>. No caso das 32 progênies da população B, foram consideradas as 10 progênies com maiores CGC, com valores variando de 0,00936 a 0,1399 ton. ha<sup>-1</sup>. Já dentre as 99 progênies da população C, 30 foram selecionadas, apresentados valores de CGC entre 0,03899 a 0,2001 ton. ha<sup>-1</sup>.

Tabela 4 BLUPs da capacidade geral de combinação (CGC) (ton. ha<sup>-1</sup>) de 57 das 189 progênies de milho, considerando a seleção de 30% para cada população

Progênie	CGC	Progênie	CGC	Progênie	CGC	Progênie	CGC
População A		População B		População C		População C	
A153	0,17800	B31	0,13990	C134	0,20010	C124	0,07777
A23	0,11130	B13	0,08256	C122	0,18460	C67	0,07770
A178	0,10750	B60	0,06669	C259	0,17430	C234	0,07515
A131	0,07876	B30	0,05645	C143	0,16290	C247	0,07308
A71	0,07082	B48	0,04476	C223	0,14400	C24	0,07240
A98	0,06748	B17	0,04437	C141	0,14390	C188	0,06477
A119	0,06604	B2	0,02853	C193	0,11570	C109	0,06433
A176	0,06505	B57	0,02482	C103	0,10630	C190	0,05731
A3	0,05605	B38	0,02066	C113	0,10090	C106	0,05552
A9	0,05232	B47	0,00936	C100	0,10080	C250	0,05211
A100	0,04970			C110	0,09285	C147	0,05201
A86	0,04582			C40	0,09006	C135	0,04811
A16	0,04140			C251	0,08866	C18	0,04432
A151	0,01940			C180	0,08752		
A41	0,01685			C192	0,08436		
A26	0,01364			C236	0,08352		
A114	0,01248			C77	0,08290		

\*Referente à 30% do total de 189 progênies com os maiores BLUPs de CGC por população.

Considerando a seleção das progênies com os maiores valores de CGC, dentre as 58 progênies da população A, foram selecionadas 13 com valores de CGC entre 0,0414 a 0,1780 ton. ha<sup>-1</sup> (Tabela 5). No caso das 32 progênies da população B, foram consideradas as 6 progênies com maiores CGC, com valores entre de 0,0447 a 0,1399 ton. ha<sup>-1</sup>. Já dentre as 99 progênies da população C, 38 foram selecionadas, com uma variação de 0,0319 a 0,2001 ton. ha<sup>-1</sup>.

Tabela 5 BLUPs da capacidade geral de combinação (CGC) (ton. ha<sup>-1</sup>) de 57 das 189 progênes de milho, considerando a seleção de 30% das progênes com maiores CGCs, independente da população

População	Progênie	CGC	População	Progênie	CGC	População	Progênie	CGC
C	C134	0,2001	C	C236	0,0835	C	C106	0,0555
C	C122	0,1846	C	C77	0,0829	A	A9	0,0523
A	A153	0,1780	B	B13	0,0826	C	C250	0,0521
C	C259	0,1743	A	A131	0,0788	C	C147	0,0520
C	C143	0,1629	C	C124	0,0778	A	A100	0,0497
C	C223	0,1440	C	C67	0,0777	C	C135	0,0481
C	C141	0,1439	C	C234	0,0752	A	A86	0,0458
B	B31	0,1399	C	C247	0,0731	B	B48	0,0448
C	C193	0,1157	C	C24	0,0724	B	B17	0,0444
A	A23	0,1113	A	A71	0,0708	C	C18	0,0443
A	A178	0,1075	A	A98	0,0675	C	C235	0,0433
C	C103	0,1063	B	B60	0,0667	A	A16	0,0414
C	C113	0,1009	A	A119	0,0660	C	C98	0,0395
C	C100	0,1008	A	A176	0,0651	C	C49	0,0390
C	C110	0,0929	C	C188	0,0648	C	C61	0,0383
C	C40	0,0901	C	C109	0,0643	C	C138	0,0363
C	C251	0,0887	C	C190	0,0573	C	C94	0,0328
C	C180	0,0875	B	B30	0,0565	C	C93	0,0325
C	C192	0,0844	A	A3	0,0561	C	C96	0,0319

\*Referente à 30% do total de 189 progênes com os maiores BLUPs de CGC independente da população.

Houve uma coincidência de 49 progênies (86%) considerando a estratégia em que o índice de seleção era efetuado dentro de cada uma das três populações em relação a seleção pelo valor geral de CGC, desprezando o pedigree das progênies. Isto indica que existiu uma superioridade no desempenho de progênies de uma população em relação as demais. Considerando que na classificação pela CGC geral (Tabela 5) foram incluídas 8 progênies da população C, aliado ao fato de que ocorreu uma superioridade de 3,24% na média dos valores de CGC, quando se utilizou a segunda estratégia de seleção, ou seja, desconsiderando a origem das progênies, evidencia-se superioridade da população C em gerar progênies de maior capacidade geral de combinação.

As estimativas da CGC, em sua magnitude, ocorrem em geral para genótipos com as maiores e menores frequências de alelos favoráveis em relação a média dos genótipos testados. Assim, entende-se que a seleção das progênies com base nas maiores estimativas de CGC, tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis nas próximas gerações. Desta forma, infere-se que a população C possui maior frequência de alelos favoráveis, refletida em uma superioridade no desempenho de suas progênies. A importância da alta frequência de alelos favoráveis, como estratégia para a análise do potencial de uma população para extração de linhagens, já foi relatado na literatura. Bison, Ramalho e Raposo (2003), avaliando progênies derivadas de dois diferentes híbridos comerciais, descreve sobre a estimativa de  $m+a$ , que tem uma relação estreita com a frequência de alelos favoráveis em uma população. Depreende-se que as maiores estimativas de CGC podem ser derivadas das populações mais promissoras.

Associar as progênies com altos valores de CGC com os híbridos resultantes destas progênies que também possuam altos valores de CEC deve ser priorizado na seleção, pois associam alta média e maior variância genética.

Havendo assim maiores chances de que em gerações futuras, estas progênes sejam linhagens com grande potencial de gerarem híbridos de alto desempenho.

#### **4.2 Capacidade específica de combinação**

A maior expressão dos efeitos de dominância refletidos pela maior variância da CEC (Tabela 3) pode também ser visto pela maior amplitude nos valores da CEC em relação a amplitude nos valores de CGC (Tabela 5).

Dentre os 444 híbridos, estão listados na Tabela 6 os 133 híbridos (correspondendo a uma intensidade de seleção de 30%) com os maiores valores de CEC. Houve variação nos valores de CEC dos híbridos oriundos de progênes da população A de -0,5251 a 0,5234 ton. ha<sup>-1</sup>, sendo que, dentre os superiores, o menor valor de CEC foi de 0,1010 ton. ha<sup>-1</sup>. Para a população B, a variação foi de -0,4687 a 0,6916 ton. ha<sup>-1</sup>, com o menor valor dentro dos híbridos superiores de 0,0980. A variação da população C foi de -0,4921 a 0,6398 ton. ha<sup>-1</sup> e o menor valor dentre os híbridos superiores de 0,1008.

Tabela 6 BLUPs da capacidade específica de combinação de 133 híbridos de milho de diferentes populações

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
População A		População B		População C		População C	
A100 X 2532	0,5234	B31 X 2532	0,6916	C122 X 84	0,6398	C95 X 2532	0,1858
A153 X 2004	0,5087	B30 X 2004	0,4455	C143 X 84	0,5602	C186 X 2004	0,1857
A3 X 2004	0,3659	B60 X 2532	0,3685	C134 X 84	0,5173	C102 X 2004	0,1849
A119 X 2532	0,3251	B17 X 2004	0,2927	C259 X 84	0,5069	C181 X 2532	0,1821
A71 X 2004	0,3202	B48 X 2004	0,2815	C178 X 84	0,4807	C135 X 2532	0,1819
A98 X 84	0,3182	B85 X 2532	0,2687	C191 X 84	0,4441	C28 X 2004	0,1817
A178 X 2532	0,2782	B7 X 2532	0,2294	C192 X 84	0,4419	C235 X 84	0,1800
A42 X 2532	0,2618	B78 X 2532	0,2255	C223 X 84	0,4394	C134 X 2532	0,1791
A9 X 2004	0,2608	B13 X 2004	0,2128	C113 X 84	0,4279	C110 X 84	0,1765
A8 X 2532	0,2594	B57 X 2532	0,1933	C259 X 2004	0,4250	C110 X 2532	0,1719
A23 X 2532	0,2406	B47 X 2004	0,1807	C100 X 2004	0,4199	C96 X 2532	0,1704
A133 X 2532	0,2357	B90 X 2004	0,1547	C174 X 2004	0,3877	C247 X 2532	0,1698
A153 X 2532	0,2313	B2 X 2532	0,1515	C188 X 2004	0,3776	C67 X 2532	0,1665
A131 X 2532	0,2265	B23 X 2532	0,1463	C77 X 2004	0,3418	C75 X 2004	0,1653
A23 X 2004	0,2220	B34 X 2004	0,1352	C180 X 2532	0,3162	C85 X 2532	0,1634
A37 X 84	0,2125	B13 X 2532	0,1304	C141 X 2004	0,3128	C61 X 2004	0,1629
A178 X 2004	0,1686	B36 X 2532	0,1141	C234 X 84	0,3124	C109 X 2004	0,1605
A58 X 2532	0,1597	B47 X 2532	0,1076	C251 X 2004	0,3113	C103 X 2004	0,1589
A176 X 2004	0,1524	B17 X 2532	0,0989	C24 X 2004	0,3010	C124 X 84	0,1575
A86 X 2532	0,1433	B30 X 84	0,0980	C45 X 2532	0,2933	C15 X 2532	0,1566
A114 X 2004	0,1350			C141 X 2532	0,2856	C67 X 2004	0,1566
A151 X 2004	0,1335			C180 X 84	0,2810	C68 X 2532	0,1558
A16 X 2532	0,1214			C194 X 2532	0,2782	C65 X 2004	0,1549
A176 X 2532	0,1180			C40 X 2004	0,2733	C138 X 84	0,1543
A109 X 2004	0,1094			C143 X 2532	0,2621	C97 X 2532	0,1530
A87 X 2004	0,1011			C80 X 2004	0,2611	C247 X 84	0,1458
A131 X 2004	0,1010			C103 X 84	0,2517	C147 X 2532	0,1447

“Tabela 6, conclusão”

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
População A		População B		População C		População C	
				C94 X 2004	0,2495	C131 X 2004	0,1407
				C193 X 2532	0,2482	C134 X 2004	0,1357
				C126 X 84	0,2432	C124 X 2532	0,1347
				C236 X 2004	0,2430	C151 X 2004	0,1328
				C93 X 2532	0,2422	C98 X 2532	0,1293
				C113 X 2004	0,2343	C18 X 2532	0,1265
				C190 X 84	0,2294	C182 X 2532	0,1245
				C144 X 2532	0,2293	C190 X 2532	0,1151
				C151 X 2532	0,2287	C223 X 2004	0,1141
				C49 X 2004	0,2269	C78 X 2004	0,1100
				C193 X 84	0,2175	C87 X 2004	0,1080
				C250 X 84	0,2110	C109 X 2532	0,1069
				C112 X 2004	0,2106	C155 X 84	0,1051
				C179 X 84	0,2040	C236 X 84	0,1043
				C146 X 2532	0,1974	C40 X 2532	0,1011
				C106 X 84	0,1956	C22 X 2004	0,1008
Média		População A	0,2309	População B	0,2263	População C	0,2344

\*Referente à 30% do total dos 444 híbridos com os maiores valores de CEC.

Para auxiliar no reconhecimento da melhor combinação híbrida, a CEC é de fundamental importância, e deve ser interpretada como sendo o desvio de um cruzamento em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus genitores (VALENTE, 2010).

Contribuições expressivas da CEC já foram verificadas não só para a produtividade de grãos (BALESTRE; VON PINHO; SOUZA, 2010; BORDALLO et al., 2005; GUEDES et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2010; VIVEK et al., 2010), mas também para outros caracteres de importância agrônômica. Vivek et al. (2009), por meio de um dialelo entre 12 linhagens elite e análise utilizando o método 4 de Griffing, averiguaram efeitos significativos para CEC tanto para produtividade de grãos, quanto para um complexo de doenças que afetam a produtividade de milho, como a ferrugem comum, mancha *Phaeosphaeria*, dentre outras.

Considerando o número de híbridos para cada população, 27 híbridos originados de progênies da população A estão na lista de híbridos superiores. Para a população B, 20 híbridos e para a população C, 86 híbridos estão entre os superiores.

A amplitude de variação para a CEC dos híbridos para as populações A, B e C foi de 1,0485, 1,1603 e 1,1319, respectivamente. É possível observar que, no que tange a CEC, a variação da população C é intermediária, entretanto, foi a população que gerou maiores estimativas de efeitos aditivos, proporcionando a inferência sobre a maior proporção de alelos favoráveis acumulados até essa geração de endogamia.

Levando em conta a proporção de híbridos testados, seria esperado o número de 39 híbridos para população A, 25 para B e 69 para C (Tabela 7). Nota-se desta forma, que as progênies da população C possuem uma capacidade de gerar híbridos com desempenho médio superior aos híbridos originados das progênies das populações A e B, pois, dentre os superiores, as progênies da

população C superaram em 24,6% a quantidade de híbridos esperados, enquanto a redução foi de 30,8% e 20% para A e B respectivamente.

Tabela 7 Desdobramento em relação à população de origem das progênes e testadores dos híbridos com os maiores valores de CEC

Pop,	Testador									Total		
	LE84			GNZ2004			HS2532					
	N <sub>e</sub>	N <sub>s</sub>	%	N <sub>e</sub>	N <sub>s</sub>	%	N <sub>e</sub>	N <sub>s</sub>	%	N <sub>e</sub>	N <sub>s</sub>	%
A	6	2	33,3	17	12	70,6	16	13	81,3	39	27	69,2
B	6	1	16,7	10	7	70,0	9	12	133,3	25	20	80,0
C	16	25	156,3	26	31	119,2	27	30	111,1	69	86	124,6
Total	28	28	100	53	50	94,3	52	55	105,8	133	133	100,0

N<sub>e</sub>, Número de híbridos esperado com base no número de híbridos testados; N<sub>s</sub> Número de híbridos superiores.

Pelo desdobramento das combinações de testador e população, nota-se que a combinação das progênes da população C com o testador LE84, resultou em um aumento de 56,3% no número de híbridos entre os superiores (Tabela 7). A única combinação que gerou resultados acima do esperado, com exceção aos da população C, foi a combinação das progênes da população B com o testador HS2532, proporcionando um aumento de 33,3% no número de híbridos entre os superiores. Inclui-se nessa combinação o híbrido que possui o maior valor de CEC, o B31 X 2532 com 0,6916 ton. ha<sup>-1</sup>.

A capacidade de gerar híbridos de desempenho superior está ligada à média/alta frequência de alelos favoráveis dos parentais, assim como a complementaridade gênica dos genitores, muitas vezes expresso pelas altas estimativas da capacidade específica de combinação. Assim, a complementaridade das progênes da população C com o testador LE84, pode ser explicada pela alta proporção de locos contrastantes entre o testador e a população, podendo ainda pertencer a grupos heteróticos distintos.

A alta complementaridade da população C com o testador LE84 pode ainda ser visualizada pelos valores da CEC, onde os 9 híbridos com maiores valores de CEC são parte desta combinação. Esse cenário indica que há um potencial de obtenção de híbridos simples de alto desempenho após a obtenção de linhagens endogâmicas provenientes desta população e cruzados com esse testador.

Segundo Andrade (2013) e Bordallo et al. (2005), o híbrido mais favorável é aquele com maior estimativa de capacidade específica de combinação, no qual um dos genitores apresenta maior capacidade geral de combinação. Desta forma, temos como exemplo as 24 progênies A100, A153, A3, A119, A71, A98, B31, B30, B60, C122, C143, C134, C259, C192, C223, C113, C100, C188, C77, C180, C141, C234, C251 e C24, das quais os híbridos resultantes destas progênies possuem valores de CEC acima de 0,3000 (Tabela 6) e que possuem altos valores de CGC, acima de 0,0497 (Tabela 4).

Para a obtenção de híbridos interpopulacionais, na escolha da população a ser utilizada para a extração de linhagens, deve-se priorizar populações originadas de híbridos. Nestes casos, os híbridos devem apresentar altas estimativas de CEC (BALESTRE et al., 2008a).

Houve uma ampla variação na estimativa da CEC em função do testador, tal situação pode ser importante caso algum dos testadores seja de interesse para a obtenção de híbridos, em cruzamentos com algumas linhagens que venham a ser obtidas dessas populações. De fato, este é o principal argumento ao se utilizar como testador uma linhagem endogâmica, em que o resultado pode ser o direcionador dos cruzamentos de alto potencial no futuro, sendo que, preferencialmente, este testador seja de um grupo heterótico distinto (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000).

A CEC é um parâmetro muito útil na escolha da população para a extração de linhagens e obtenção de híbridos interpopulacionais. Balestre et al.

(2008a), avaliando o potencial de extração de linhagens de dez híbridos comerciais, utilizando componentes de média e modelos mistos com incorporação de marcadores moleculares multialélicos, verificaram uma variação significativa das estimativas da CEC, demonstrando influência dos efeitos não aditivos em combinações híbridas.

Desta forma, considerando que 40,2% das progênies da população C estão presentes entre os 33% dos híbridos com maiores valores de CEC (Tabela 6), e que considerando somente o cruzamento com o testador LE84, essas progênies da população C estão presentes em mais da metade dos híbridos superiores. Pode-se inferir que a maior probabilidade de se obter um bom híbrido, será utilizando linhagens derivadas da população C, em cruzamentos com a LE 84. Tal situação reflete a maior complementaridade alélica nesses cruzamentos. Considerando que a LE 84 é uma linhagem elite, aumenta-se a chance de se obter bons híbridos após a obtenção das linhagens endogâmicas da população C.

### **4.3 Média BLUP**

Fritsche-Neto et al. (2010), avaliando a eficiência da abordagem REML/BLUP na predição dos valores genotípicos e em experimentos desbalanceados na cultura do milho, simulou várias condições de desbalanceamento no número de ambientes, bem como no número de híbridos dentro de ambientes, verificando boa eficiência quando o desbalanceamento é de até 20% de híbridos dentro de ambientes e 23% de ambientes. Balestre, Von Pinho e Souza (2010) também avaliaram a eficiência do BLUP com a incorporação da informação de parentesco para a predição do desempenho de híbridos de milho não testados, observando estimativas significativas de

correlação entre os valores genotípicos observados e preditos, que variaram de 0,55 a 0,7, dependendo do grau de desequilíbrio.

De maneira geral, os híbridos que apresentaram maiores BLUPs foram derivados do cruzamento entre progênies da população C, com o testador LE 84 (Tabela 8).

Tabela 8 BLUPs da produtividade (ton. ha<sup>-1</sup>) de 133 híbridos de milho oriundos de progênies de três populações e cruzadas com três testadores e 13 testemunhas

Híbrido	BLUP (u+g)	Híbrido	BLUP (u+g)	Híbrido	BLUP (u+g)	Híbrido	BLUP (u+g)
C122 X 84	12,4	C179 X 84	11,6	C151 X 2532	11,4	A131 X 2532	11,3
C143 X 84	12,3	C49 X 2004	11,6	B48 X 2004	11,4	C204 X 84	11,3
B31 X 2532	12,3	C80 X 2004	11,5	C93 X 2532	11,4	C124 X 2532	11,3
C134 X 84	12,2	C45 X 2532	11,5	A178 X 2532	11,4	C95 X 2532	11,3
C259 X 84	12,1	A23 X 2004	11,5	A176 X 2004	11,4	C22 X 2004	11,3
A153 X 2004	12,1	C106 X 84	11,5	C181 X 2532	11,4	C151 X 2004	11,3
C192 X 84	12,0	C250 X 84	11,5	C110 X 84	11,4	B47 X 2532	11,3
C113 X 84	12,0	C235 X 84	11,5	B57 X 2532	11,4	C127 X 84	11,3
C178 X 84	12,0	C112 X 2004	11,5	C224 X 84	11,4	C158 X 2004	11,3
C223 X 84	12,0	C94 X 2004	11,5	C223 X 2004	11,4	C190 X 2532	11,3
C191 X 84	11,9	C236 X 2004	11,5	C85 X 2532	11,4	C96 X 2532	11,3
C259 X 2004	11,9	C134 X 2532	11,5	C122 X 2004	11,4	B38 X 84	11,3
C100 X 2004	11,8	C134 X 2004	11,5	A42 X 2532	11,4	B23 X 2532	11,3
C77 X 2004	11,8	A178 X 2004	11,5	C110 X 2532	11,4	C182 X 2532	11,3
C234 X 84	11,8	A37 X 84	11,5	B13 X 2004	11,4	C155 X 84	11,3
C188 X 2004	11,8	B85 X 2532	11,5	C236 X 84	11,4	C109 X 2532	11,3
C141 X 2004	11,8	A9 X 2004	11,5	B90 X 2532	11,4	C110 X 2004	11,3
B60 X 2532	11,7	C138 X 84	11,5	B30 X 84	11,4	C98 X 2532	11,3
C251 X 2004	11,7	C67 X 2004	11,5	C147 X 2532	11,4	B47 X 2004	11,3
A100 X 2532	11,7	C109 X 2004	11,5	C131 X 2004	11,4	A87 X 2004	11,3
C180 X 84	11,7	C103 X 2004	11,5	A151 X 2004	11,4	C78 X 2004	11,3
C103 X 84	11,7	B17 X 2004	11,5	A131 X 2004	11,4	C97 X 2532	11,3
C40 X 2004	11,7	A119 X 2532	11,5	B13 X 2532	11,4	P30F53H	12,6

“Tabela 8, conclusão”

Híbrido	BLUP (u+g)	Híbrido	BLUP (u+g)	Híbrido	BLUP (u+g)	Híbrido	BLUP (u+g)
B30 X 2004	11,7	A23 X 2532	11,5	C28 X 2004	11,4	AS1581	12,3
C180 X 2532	11,7	C146 X 2532	11,5	C135 X 2532	11,4	GNZ9626	12,1
C174 X 2004	11,7	C61 X 2004	11,5	C15 X 2532	11,4	AG8088	11,9
C190 X 84	11,6	C126 X 84	11,5	C68 X 2532	11,4	AG8041	11,8
C24 X 2004	11,6	C144 X 2532	11,5	B7 X 2532	11,4	DKB240PRO2	11,5
A3 X 2004	11,6	C124 X 84	11,5	C131 X 84	11,4	AG1051	11,4
C193 X 84	11,6	C65 X 2004	11,5	C251 X 84	11,4	AG4051	11,4
C143 X 2532	11,6	C67 X 2532	11,5	B78 X 2532	11,4	AG8061	11,3
C141 X 2532	11,6	C194 X 2532	11,5	A114 X 2004	11,4	LG6304YG	11,0
A98 X 84	11,6	C247 X 2532	11,4	C87 X 2004	11,4	GNZ2004	10,8
C247 X 84	11,6	C102 X 2004	11,4	B2 X 2532	11,4	HS2532	10,1
C113 X 2004	11,6	C75 X 2004	11,4	C40 X 2532	11,4	BRAS3010	9,8
C193 X 2532	11,6	A153 X 2532	11,4	B17 X 2532	11,3		
A71 X 2004	11,6	A8 X 2532	11,4	C186 X 2004	11,3		

\*Referente a 30% do total dos 457 híbridos com as maiores produtividades.

Dos 133 genótipos selecionados, 93 foram derivados da população C, equivalente a 69,69% do total, independentemente do testador utilizado. Outra observação importante pode ser verificada quando se compara os BLUPs dos híbridos com os híbridos utilizados como testemunhas. A amplitude de variação dos BLUPs das testemunhas foi de 2,81, já dos híbridos topcrosses apresentaram menor amplitude de variação, ou seja, de 1,1.

Considerando os BLUPs dos híbridos, nota-se que há um grande número de topcrosses que possuem médias acima de alguns híbridos comerciais, evidenciando assim, que além das populações resultarem em progênies com alta variabilidade, também permitem a obtenção de altas médias, e vale ressaltar, que esta é a situação considerada ideal para a seleção de progênies e obtenção de linhagens (ALVES, 2006; FERREIRA et al., 2009).

A fim de obter ganhos genéticos em gerações futuras, garantindo linhagens com boa capacidade combinatória associada à capacidade de gerarem híbridos de alta produtividade, deve-se selecionar em gerações precoce, progênies que possuam alta CGC e que também contribuam para a obtenção de híbridos com alta CEC. Considera-se ainda que além de boa capacidade combinatória, estas devem apresentar altas médias. No presente estudo, as progênies com os maiores valores de CGC (Tabela 5), que contribuíram para a formação de híbridos com altos valores de CEC (Tabela 6) e que obtiveram altas produtividades (Tabela 8), deverão ser selecionadas para o avanço de geração e obtenção de linhagens.

Com exceção das progênies A23, A86 e C18, todas as progênies selecionadas com base na CGC (Tabela 5), também formaram híbridos com altos valores de CEC associado a altas produtividades de grãos. Considera-se então, que mesmo com a maior influência dos efeitos de dominância na expressão da produtividade, os efeitos aditivos não devem ser desconsiderados.

#### 4.4 Correlação

Foram encontradas altas magnitudes nos coeficientes de correlação entre CEC, BLUP e BLUE, assim como para a correlação entre BLUP e CEC dentro de cada testador (Tabela 9). Infere-se que independente do testador, utilizando médias BLUP ou CEC, o ranqueamento dos híbridos será pouco alterado. Desta forma pode-se adotar somente um destes parâmetros para utilizar no processo de seleção de progênies. Devido a grande flexibilidade de análise, a abordagem dos modelos mistos (BLUP) pode ser uma opção vantajosa, além de permitir lidar melhor com problema do desbalanceamento.

Tabela 9 Estimativas da correlação de Spearman entre a CEC, Médias BLUP e Médias BLUE em 444 híbridos de milho

Fonte	r
Média BLUP x CEC	0,95**
Média BLUP x Média BLUE	0,97**
Média BLUE x CEC	0,90**
Testador GNZ2004 Média BLUP x CEC	0,95**
Testador HS2532 Média BLUP x CEC	0,96**
Testador LE84 Média BLUP x CEC	0,97**

\*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

A alta correlação entre as médias preditas BLUP e as médias estimadas BLUE podem ser visualizadas na Figura 1. Resultado semelhante foi encontrado por Iemma (2003), comparando a metodologia de modelos mistos com o modelo fixo em análise dialélica, obtendo correlação de 0,99 entre BLUP e BLUE, atribuindo este fato pelo BLUP considerar a matriz identidade na estrutura de variâncias e covariâncias, não resultando assim, em grandes diferenças na metodologia.

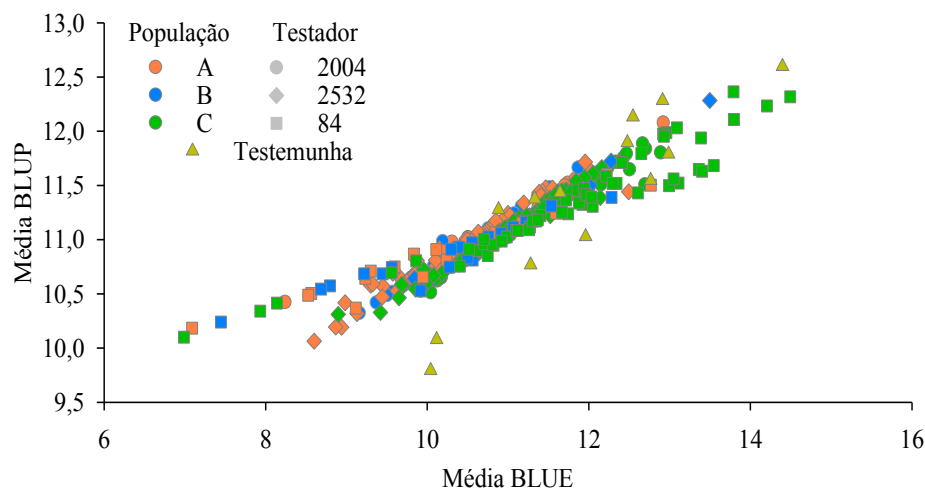


Figura 1 Dispersão entre médias BLUP e médias BLUE de 457 híbridos de milho. Pontos em cor laranja representam híbridos oriundos da população A, em azul, verde e amarelo representam as populações B, C e testemunhas respectivamente. Pontos em formato quadrado representam os híbridos com o testador LE84, círculo, losango e triângulo representam os testadores GNZ2004, HS2532 e testemunhas respectivamente

Desta forma, pode-se inferir que para a produtividade de grãos, a classificação dos híbridos sofre pouca alteração quando se considerou as metodologias de modelo misto e modelo fixo. Resultados semelhantes foram obtidos por Iemma (2003).

A maior correlação da CEC com as médias BLUPs (Tabela 10) em comparação com as médias BLUE, também foi observada neste caso (Figura 2). É possível visualizar que os pontos se distribuem de forma mais agrupada em torno da média. Pode-se atribuir essa maior correlação entre CEC e BLUP devido ao efeito *shrinkage* do método, que aproxima as observações à média geral, penalizando de forma mais intensa os híbridos com menor número de parcelas, e em ambientes com maior desuniformidade experimental.

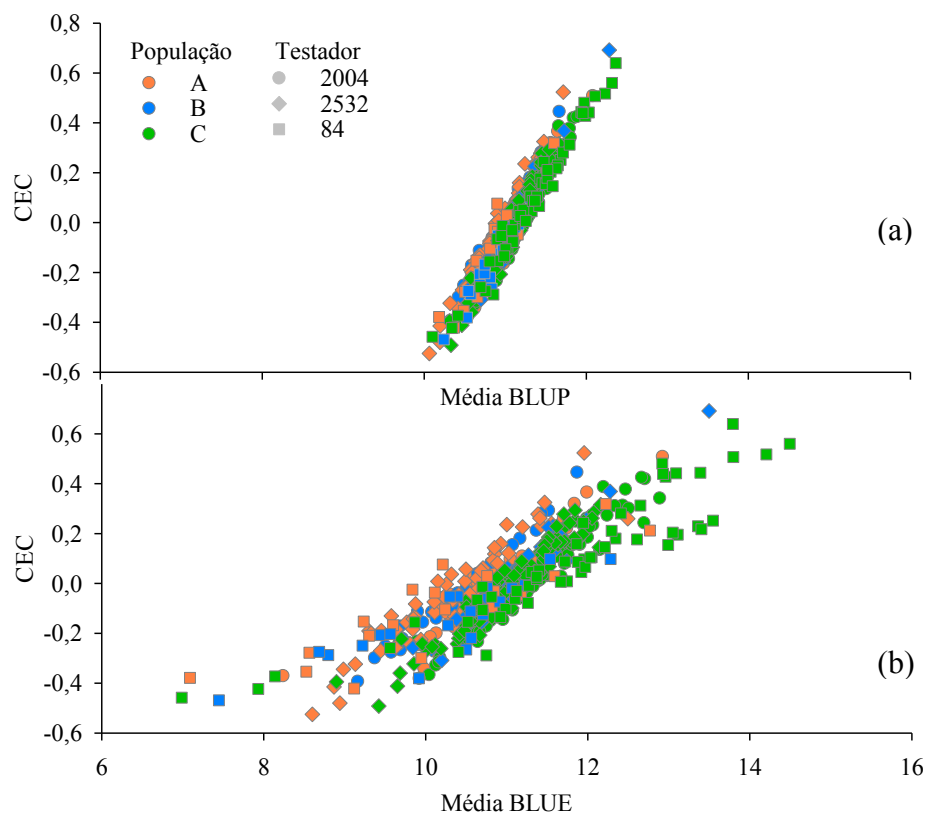


Figura 2 Relação entre CEC e médias BLUP (a) e médias BLUE (b) de 457 híbridos de milho. Pontos em cor laranja representam híbridos oriundos da população A, em azul e verde representam as populações B e C respectivamente. Pontos em formato quadrado representam os híbridos com o testador LE84, círculo e losango representam os testadores GNZ2004 e HS2532 respectivamente

Tabela 10 Estimativa da correlação de Spearman entre os testadores para CEC e Média BLUP em 444 híbridos de milho

Correlações entre testadores	Média BLUP	CEC
	r	r
GNZ2004 x HS2532	0,13	-0,15
GNZ2004 x LE84	0,36**	0,23
LE84 x HS2532	-0,03	-0,26

\*\* significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste t.

A alta magnitude do coeficiente de correlação entre CEC e a média BLUP também foi observada por Balestre et al. (2008a), sendo atribuído ao fato de que a produtividade é o principal parâmetro usado nestas estimativas. Estes autores relatam ainda, que há alta correlação entre CEC e heterose com a produtividade, e que estes são úteis na escolha da população usada para a extração de linhagens.

Foi detectada baixa correlação entre os testadores tanto considerando médias BLUP quanto CEC. Assim, o desempenho das progênies mostra-se totalmente dependente do testador, indicando que a frequência alélica do testador é fator importante, e deve ser considerada no teste das progênies. Elias; Carvalho e André (2000) também relaram que há baixa correlação no desempenho e classificação dos híbridos topcrosses quando se utiliza diferentes testadores, atribuindo esta diferença nas estruturas genéticas nas populações, assim como nos testadores.

Considerando que quando se utiliza híbridos comerciais ou híbridos elite de programas de melhoramento como testadores, espera-se que estes possuam alta frequência de alelos favoráveis para diversos genes. Desta forma pode haver efeitos mascaradores dos alelos favoráveis dominantes no testador (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000). Esta situação também contribui para a baixa correlação entre testadores, assim como resultados que não representam o real

mérito das progênies, mas sim, o desempenho específico da combinação progênie x testador (BARRETO et al., 2012). Mesmo que testadores com alta frequência de alelos favoráveis não sejam considerados os ideais do ponto de vista conceitual, os resultados podem ser de grande valia se o objetivo for a obtenção de híbridos triplos.

Baixas correlações entre testadores também implicam na intensidade de seleção, pois, as correlações entre as capacidades de combinação das progênies com diversos tipos de testadores, normalmente são baixas para se ter algum valor preditivo e, portanto, uma alta intensidade de seleção só pode ser aplicada para um testador específico, pois, a probabilidade de selecionar linhagens com alta capacidade de combinação para testadores distintos é muito baixa (FUZATTO, 2003).

Barreto et al. (2012) afirmam ainda que o uso de testadores não relacionados, de base genética estreita, como no caso dos híbridos simples, se justifica, pois, permite a expressão de maior variância genética em relação a avaliação *per se* das progênies, observando variância cinco vezes maior.

## 5 CONCLUSÕES

As progênies A100, A119, A131, A153, A176, A178, A23, A3, A71, A9, A98, B13, B17, B30, B31, B48, B60, C100, C103, C106, C109, C110, C113, C122, C124, C134, C135, C138, C141, C143, C147, C180, C188, C190, C192, C193, C223, C234, C235, C236, C24, C247, C250, C251, C259, C40, C49, C61, C67, C77, C93, C94, C96, e C98 foram selecionadas com base no alto desempenho pela CGC, CEC e BLUP e poderão ser selecionadas para o avanço de geração e obtenção de linhagens de alto valor.

Os híbridos que apresentaram maior potencial produtivo foram derivados do cruzamento entre progênies da população C com o testador 84.

Houve maior influência dos efeitos de dominância na expressão da produtividade, mas os efeitos aditivos não devem ser desconsiderados.

Houve alta correlação entre CEC e BLUP da média, permitindo adotar apenas uma opção para uso na seleção de progênies.

A baixa correlação entre testadores tanto para CEC quanto para BLUP da média, indica que há interação progênies x testadores.

## REFERÊNCIAS

- 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.
- ANDRADE, M. C. **Capacidade combinatória de linhagens de tomateiro em híbridos do tipo italiano**. 2013. 36 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.
- ARNHOLD, E. et al. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean journal of agricultural research**, Chillán, v. 69, n. 1, p. 46–53, Mar. 2009.
- ARNHOLD, E. et al. Prediction of genotypic values of maize for the agricultural frontier region in northeastern Maranhão, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 2, p. 151–155, jul. 2012.
- BALESTRE, M. et al. Genetic distance estimates among single cross hybrids and correlation with specific combining ability and yield in corn double cross hybrids. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 7, n. 1, p. 65–73, jan. 2008b.
- BALESTRE, M. et al. Potential of maize single-cross hybrids for extraction of inbred lines using the mean components and mixed models with microsatellite marker information. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 7, n. 4, p. 1106–1118, out. 2008a.
- BALESTRE, M.; VON PINHO, R. G.; SOUZA, J. C. Prediction of maize single-cross performance by mixed linear models with microsatellite marker information. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 1054–1068, jan. 2010.
- BARRETO, R. R. et al. 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, jun. 2012.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 400 p.

BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, n. 1, p. 17–21, July 1991.

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; RAPOSO, F. V. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 2, p. 348–355, abr. 2003.

BORDALLO, P. N. et al. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 123–127, jan./mar. 2005.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora da UFV, 2013. 523 p.

BUENO FILHO, J. S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênes florestais**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo, São Paulo, 1997.

COSTA, K. D. S. et al. Escolha de famílias em cana-de- açúcar via modelos mistos. **Agropecuária Científica no Semi-Árido**, Patos, v. 9, n. 1, p. 7–13, jan./mar. 2013.

CRUZ, C. D. **Análise dialélica e correlações entre caracteres em combinações híbridas de linhagens engâmicas de milho**. 1983. 54 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1983.

CRUZ, C. D. S. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora da UFV, 2012. 514 p.

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S2 de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 6, p. 1135–1142, jun. 2000.

ENGLESONG, M. J. et al. Capacidade de combinação em milho para resistência a *Cercospora zeae-maydis*. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 232–241, jan./mar. 2011.

FERREIRA, E. A. et al. Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S3 de milho em três locais do estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 2, p. 319–327, abr./jun. 2009.

FRITSCHÉ-NETO, R. et al. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 1, p. 32–39, abr. 2010.

FUZATTO, S. R. **Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (Zea mays L.):** efeito do número de cruzamento. 2003. 131 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo, São Paulo, 2003.

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

GUEDES, F. L. et al. Evaluation of maize top crosses under two nitrogen levels. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 6, p. 1115–1121, nov./dez. 2011.

GUIMARÃES, L. J. M. et al. Avaliação de híbridos de milho em múltiplos ensaios utilizando modelos mistos. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 27., 2010, Goiânia. **Anais...** Goiânia: ABMS, 2010. p. 2701-2709.

GUIMARÃES, L. J. M. et al. Performance of testers with different genetic structure for evaluation of maize inbred lines. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 5, p. 770–776, maio 2012.

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

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer New York, 2010. 663 p.

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 32, p. 706, 1949. Abstract.

HENDERSON, C. R. General Flexibility of Linear Model Techniques for Sire Evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 57, n. 8, p. 963–972, Aug. 1974.

IEMMA, M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (Blup) em análises dialélicas e predição de híbridos**. 2003. 92 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrícola) - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of Testing Inbred Lines of Maize in Crossbred Combinations. **Agronomy Journal**, Madison, v. 24, n. 7, p. 523-530, jun. 1932.

JOHNSON, I. J.; HAYES, H. K. The Combining Ability of Inbred Lines of Golden Bantam Sweet Corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 28, n. 3, p. 246-252, mar. 1936.

MENDES, M. P. **Emprego de modelos mistos na seleção de indivíduos no melhoramento do feijoeiro**. 2011. 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.

NISHIO, M.; SATOH, M. Usar esse artigo para discutir algo sobre herdabilidade no sentido restrito e amplo. . Including dominance effects in the genomic BLUP method for genomic evaluation. **PloSone**, San Francisco, v. 9, n. 1, p. 1-9, jan. 2014.

OLIBONI, R. et al. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações- base para obtenção de linhagens. **Semina: ciencias agrarias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18, jan./fev. 2013.

OLIVEIRA, L. R. de et al. Combining ability of tropical maize cultivars in organic and conventional production systems. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 5, p. 739-745, maio 2011.

OLIVEIRA, R. L. de et al. Potencial do uso de marcadores moleculares na predição de valores genéticos e no desempenho de híbridos de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 28., 2010, Goiania. **Anais...** Goiania: ABMS, 2010. p. 3012-3019.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 639-648, jul./set. 2008.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. Desempenho de híbridos triplos de milho obtidos de top crosses em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 4, p. 597-605, out./dez. 2006.

RESENDE, M. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.

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

RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa, 2008. 293 p.

ROVARIS, S. R.; ZAGATTO, M. E.; SAWAZAKI, E. Combining ability of white corn genotypes with two commercial hybrids. **Maydica**, Bergamo, v. 59, n. 1, p. 96–103, jan./abr. 2014.

SILVA, M. G. M. et al. Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 4, p. 493–499, jul./set. 2012.

SPRAGUE, G. F. Early testing of inbred lines of corn. **Journal of America Society Agronomy**, Madison, v. 44, n. 2, p. 258–262, fev. 1946.

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

VALENTE, M. S. F. **Emprego do BLUP/REML na avaliação genética de linhagens elites de milho-pipoca**. 2010. 48 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

VALÉRIO, I. P. et al. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 100–107, jul. 2009.

VIANA, J. M. S.; MATTA, F. D. P. Analysis of general and specific combining abilities of popcorn populations, including selfed parents. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 4, p. 465–471, dez. 2003.

VIVEK, B. S. et al. Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Euphytica**, Wageningen, v. 172, n. 3, p. 329–340, July 2010.

WERLE, A. et al. Diallel analysis of maize inbred lines for grain yield, oil and protein content. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 14, n. 4, p. 23–28, jan. 2014.

## APÊNDICES

### APÊNDICE A - TABELAS

Tabela 1 BLUPs da capacidade geral de combinação de 189 progênies S<sub>2</sub> de milho

Progênies	CGC	Progênies	CGC	Progênies	CGC	Progênies	CGC
População A		População B		População C		População C	
A153	0,17800	B31	0,13990	C134	0,20010	C34	0,01478
A23	0,11130	B13	0,08256	C122	0,18460	C174	0,01109
A178	0,10750	B60	0,06669	C259	0,17430	C97	0,00435
A131	0,07876	B30	0,05645	C143	0,16290	C182	0,00423
A71	0,07082	B48	0,04476	C223	0,14400	C204	0,00396
A98	0,06748	B17	0,04437	C141	0,14390	C95	-0,00177
A119	0,06604	B2	0,02853	C193	0,11570	C63	-0,00711
A176	0,06505	B57	0,02482	C103	0,10630	C248	-0,00722
A3	0,05605	B38	0,02066	C113	0,10090	C22	-0,01210
A9	0,05232	B47	0,00936	C100	0,10080	C78	-0,01446
A100	0,04970	B45	0,00513	C110	0,09285	C102	-0,01458
A86	0,04582	B23	0,00165	C40	0,09006	C144	-0,01617
A16	0,04140	B84	-0,00344	C251	0,08866	C99	-0,01854
A151	0,01940	B90	-0,00467	C180	0,08752	C161	-0,01878
A41	0,01685	B82	-0,00618	C192	0,08436	C183	-0,02427
A26	0,01364	B34	-0,01058	C236	0,08352	C92	-0,02630
A114	0,01248	B9	-0,02788	C77	0,08290	C175	-0,03167

“Tabela 1, continuação”

Progênes	CGC	Progênes	CGC	Progênes	CGC	Progênes	CGC
População A		População B		População C		População C	
A87	0,00650	B33	-0,03484	C124	0,07777	C249	-0,03179
A31	0,00181	B15	-0,05338	C67	0,07770	C187	-0,03747
A72	-0,00022	B85	-0,05448	C234	0,07515	C179	-0,03917
A93	-0,00343	B12	-0,05467	C247	0,07308	C9	-0,03931
A7	-0,00434	B78	-0,05735	C24	0,07240	C119	-0,03998
A10	-0,01953	B72	-0,07507	C188	0,06477	C13	-0,04299
A37	-0,02133	B71	-0,07796	C109	0,06433	C107	-0,04542
A30	-0,02160	B24	-0,08429	C190	0,05731	C126	-0,05093
A91	-0,02213	B5	-0,08922	C106	0,05552	C28	-0,05531
A75	-0,02504	B1	-0,09134	C250	0,05211	C194	-0,05729
A133	-0,02544	B36	-0,09180	C147	0,05201	C191	-0,05884
A8	-0,02676	B8	-0,09334	C135	0,04811	C231	-0,06224
A192	-0,02999	B35	-0,10280	C18	0,04432	C90	-0,06335
A25	-0,03517	B7	-0,12180	C235	0,04329	C37	-0,06839
A40	-0,03748	B18	-0,17110	C98	0,03952	C44	-0,07308
A51	-0,04029			C49	0,03899	C186	-0,07370
A33	-0,04063			C61	0,03829	C69	-0,07530
A200	-0,04140			C138	0,03629	C140	-0,08105
A42	-0,04327			C94	0,03275	C165	-0,08971
A106	-0,04427			C93	0,03247	C51	-0,09434
A29	-0,04764			C96	0,03191	C27	-0,09626
A19	-0,04939			C127	0,03173	C246	-0,10180
A193	-0,05139			C158	0,03165	C217	-0,11010
A73	-0,05172			C45	0,02922	C149	-0,11820

“Tabela 1, conclusão”

Progênes	CGC	Progênes	CGC	Progênes	CGC	Progênes	CGC
População A		População B		População C		População C	
A99	-0,05300			C87	0,02810		
A118	-0,05700			C47	0,02765		
A124	-0,06459			C65	0,02762		
A20	-0,06586			C85	0,02688		
A15	-0,07302			C181	0,02593		
A14	-0,07478			C75	0,02577		
A52	-0,07736			C155	0,02529		
A182	-0,07973			C15	0,02459		
A109	-0,08165			C112	0,02455		
A191	-0,08444			C68	0,02330		
A27	-0,08698			C178	0,02258		
A50	-0,08760			C151	0,02078		
A34	-0,09110			C146	0,02044		
A58	-0,09829			C131	0,01863		
A4	-0,10810			C80	0,01718		
A187	-0,12590			C224	0,01600		
A77	-0,16220			C184	0,01549		

Tabela 2 BLUPs da capacidade específica de combinação de 131 híbridos de milho oriundos de progênes da população A cruzados com três testadores

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
A100 X 2532	0,5234	A93 X 2532	0,0570	A9 X 2532	-0,0433	A182 X 2532	-0,1560
A153 X 2004	0,5087	A193 X 2004	0,0566	A91 X 2004	-0,0439	A191 X 2004	-0,1617
A3 X 2004	0,3659	A51 X 2532	0,0519	A72 X 2532	-0,0458	A100 X 2004	-0,1638
A119 X 2532	0,3251	A16 X 2004	0,0507	A91 X 84	-0,0481	A29 X 84	-0,1677
A71 X 2004	0,3202	A86 X 2004	0,0472	A77 X 2004	-0,0503	A182 X 2004	-0,1755
A98 X 84	0,3182	A72 X 2004	0,0449	A10 X 2532	-0,0505	A19 X 2532	-0,1836
A178 X 2532	0,2782	A52 X 2004	0,0446	A151 X 2532	-0,0529	A15 X 2532	-0,1850
A42 X 2532	0,2618	A98 X 2004	0,0445	A33 X 2532	-0,0630	A191 X 2532	-0,1893
A9 X 2004	0,2608	A26 X 2532	0,0422	A52 X 2532	-0,0669	A124 X 2532	-0,1907
A8 X 2532	0,2594	A118 X 2532	0,0368	A87 X 2532	-0,0741	A187 X 2004	-0,1999
A23 X 2532	0,2406	A14 X 2004	0,0336	A37 X 2004	-0,0757	A200 X 2532	-0,2004
A133 X 2532	0,2357	A4 X 2004	0,0307	A124 X 2004	-0,0779	A77 X 84	-0,2095
A153 X 2532	0,2313	A106 X 84	0,0299	A119 X 2004	-0,0799	A58 X 2004	-0,2144
A131 X 2532	0,2265	A119 X 84	0,0294	A106 X 2004	-0,0811	A37 X 2532	-0,2254
A23 X 2004	0,2220	A31 X 2004	0,0220	A98 X 2532	-0,0821	A25 X 2532	-0,2427
A37 X 84	0,2125	A30 X 2532	0,0207	A114 X 2532	-0,0831	A27 X 2004	-0,2464
A178 X 2004	0,1686	A99 X 2004	0,0170	A73 X 2004	-0,0845	A40 X 2004	-0,2488
A58 X 2532	0,1597	A26 X 2004	0,0145	A29 X 2004	-0,0918	A20 X 2532	-0,2561
A176 X 2004	0,1524	A31 X 2532	0,0101	A50 X 2004	-0,0948	A193 X 2532	-0,2702
A86 X 2532	0,1433	A75 X 2532	0,0086	A99 X 84	-0,0955	A118 X 2004	-0,2737
A114 X 2004	0,1350	A50 X 2532	0,0085	A51 X 84	-0,1041	A50 X 84	-0,2779
A151 X 2004	0,1335	A192 X 2532	-0,0036	A33 X 2004	-0,1059	A52 X 84	-0,2993

“Tabela 2, conclusão”

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
A16 X 2532	0,1214	A41 X 2004	-0,0111	A30 X 2004	-0,1105	A187 X 2532	-0,3234
A176 X 2532	0,1180	A20 X 2004	-0,0178	A75 X 2004	-0,1127	A133 X 2004	-0,3414
A109 X 2004	0,1094	A7 X 2004	-0,0180	A27 X 2532	-0,1152	A14 X 2532	-0,3445
A87 X 2004	0,1011	A42 X 2004	-0,0202	A51 X 2004	-0,1154	A58 X 84	-0,3540
A131 X 2004	0,1010	A19 X 2004	-0,0218	A15 X 2004	-0,1186	A8 X 2004	-0,3706
A25 X 2004	0,0965	A31 X 84	-0,0246	A192 X 2004	-0,1211	A34 X 84	-0,3788
A40 X 2532	0,0929	A71 X 2532	-0,0257	A73 X 2532	-0,1305	A77 X 2532	-0,4146
A41 X 2532	0,0811	A10 X 2004	-0,0307	A106 X 2532	-0,1329	A42 X 84	-0,4215
A109 X 84	0,0762	A200 X 84	-0,0315	A3 X 2532	-0,1329	A4 X 2532	-0,4802
A29 X 2532	0,0614	A93 X 2004	-0,0349	A99 X 2532	-0,1419	A109 X 2532	-0,5251
A200 X 2004	0,0598	A93 X 84	-0,0364	A100 X 84	-0,1529		

Tabela 3 BLUPs da capacidade específica de combinação de 84 híbridos de milho oriundos de progênes da população B cruzados com três testadores

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
B31 X 2532	0,6916	B84 X 2532	0,0467	B15 X 2532	-0,1405
B30 X 2004	0,4455	B9 X 2004	0,0400	B8 X 2532	-0,1441
B60 X 2532	0,3685	B60 X 2004	0,0206	B9 X 2532	-0,1559
B17 X 2004	0,2927	B38 X 2532	0,0164	B72 X 2004	-0,1560
B48 X 2004	0,2815	B35 X 2532	-0,0045	B82 X 84	-0,1684
B85 X 2532	0,2687	B34 X 84	-0,0070	B18 X 2004	-0,1717
B7 X 2532	0,2294	B71 X 84	-0,0181	B34 X 2532	-0,1722
B78 X 2532	0,2255	B24 X 84	-0,0197	B72 X 84	-0,2032
B13 X 2004	0,2128	B38 X 2004	-0,0285	B17 X 84	-0,2071
B57 X 2532	0,1933	B2 X 2004	-0,0329	B36 X 84	-0,2195
B47 X 2004	0,1807	B45 X 2004	-0,0382	B85 X 2004	-0,2210
B90 X 2004	0,1547	B48 X 2532	-0,0430	B12 X 2004	-0,2396
B2 X 2532	0,1515	B33 X 2532	-0,0474	B8 X 2004	-0,2440
B23 X 2532	0,1463	B31 X 84	-0,0518	B47 X 84	-0,2494
B34 X 2004	0,1352	B48 X 84	-0,0524	B71 X 2004	-0,2517
B13 X 2532	0,1304	B71 X 2532	-0,0543	B18 X 2532	-0,2522
B36 X 2532	0,1141	B31 X 2004	-0,0579	B5 X 2532	-0,2582
B47 X 2532	0,1076	B84 X 2004	-0,0610	B90 X 84	-0,2648
B17 X 2532	0,0989	B12 X 84	-0,0731	B1 X 2532	-0,2651
B30 X 84	0,0980	B15 X 2004	-0,0814	B7 X 2004	-0,2669
B38 X 84	0,0980	B78 X 2004	-0,0833	B85 X 84	-0,2742
B90 X 2532	0,0907	B57 X 2004	-0,0901	B36 X 2004	-0,2763

“Tabela 3, conclusão”

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
B12 X 2532	0,0853	B33 X 2004	-0,0975	B18 X 84	-0,2872
B82 X 2004	0,0818	B60 X 84	-0,1119	B35 X 2004	-0,2989
B24 X 2532	0,0622	B5 X 2004	-0,1127	B30 X 2532	-0,3088
B82 X 2532	0,0610	B1 X 2004	-0,1147	B78 X 84	-0,3807
B45 X 2532	0,0596	B35 X 84	-0,1242	B24 X 2004	-0,3930
B72 X 2532	0,0471	B23 X 2004	-0,1395	B7 X 84	-0,4687

Tabela 4 BLUPs da capacidade específica de combinação de 229 híbridos de milho oriundos de progênes da população C cruzados com três testadores

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
C122 X 84	0,6398	C61 X 2004	0,1629	C103 X 2532	0,0314	C179 X 2004	-0,1053
C143 X 84	0,5602	C109 X 2004	0,1605	C124 X 2004	0,0311	C190 X 2004	-0,1062
C134 X 84	0,5173	C103 X 2004	0,1589	C63 X 2532	0,0300	C181 X 84	-0,1068
C259 X 84	0,5069	C124 X 84	0,1575	C47 X 2532	0,0289	C93 X 2004	-0,1072
C178 X 84	0,4807	C15 X 2532	0,1566	C204 X 2004	0,0288	C99 X 2004	-0,1085
C191 X 84	0,4441	C67 X 2004	0,1566	C184 X 2532	0,0287	C94 X 2532	-0,1133
C192 X 84	0,4419	C68 X 2532	0,1558	C188 X 84	0,0268	C27 X 2004	-0,1336
C223 X 84	0,4394	C65 X 2004	0,1549	C127 X 2004	0,0255	C97 X 2004	-0,1349
C113 X 84	0,4279	C138 X 84	0,1543	C44 X 2532	0,0238	C194 X 84	-0,1351
C259 X 2004	0,4250	C97 X 2532	0,1530	C249 X 2532	0,0212	C188 X 2532	-0,1352
C100 X 2004	0,4199	C247 X 84	0,1458	C174 X 84	0,0180	C143 X 2004	-0,1451
C174 X 2004	0,3877	C147 X 2532	0,1447	C119 X 2532	0,0179	C107 X 2004	-0,1501
C188 X 2004	0,3776	C131 X 2004	0,1407	C193 X 2004	0,0155	C22 X 2532	-0,1511
C77 X 2004	0,3418	C134 X 2004	0,1357	C34 X 2004	0,0130	C192 X 2532	-0,1512
C180 X 2532	0,3162	C124 X 2532	0,1347	C135 X 2004	0,0100	C182 X 2004	-0,1518
C141 X 2004	0,3128	C151 X 2004	0,1328	C87 X 2532	0,0088	C119 X 84	-0,1542
C234 X 84	0,3124	C98 X 2532	0,1293	C135 X 84	0,0082	C187 X 84	-0,1558
C251 X 2004	0,3113	C18 X 2532	0,1265	C249 X 84	0,0068	C131 X 2532	-0,1597
C24 X 2004	0,3010	C182 X 2532	0,1245	C13 X 2532	0,0067	C249 X 2004	-0,1602
C45 X 2532	0,2933	C190 X 2532	0,1151	C77 X 2532	0,0029	C178 X 2004	-0,1665
C141 X 2532	0,2856	C223 X 2004	0,1141	C100 X 2532	-0,0009	C78 X 2532	-0,1701
C180 X 84	0,2810	C78 X 2004	0,1100	C61 X 2532	-0,0037	C45 X 2004	-0,1719
C194 X 2532	0,2782	C87 X 2004	0,1080	C140 X 2532	-0,0037	C13 X 2004	-0,1854
C40 X 2004	0,2733	C109 X 2532	0,1069	C175 X 2004	-0,0059	C80 X 2532	-0,1897

“Tabela 4, continuação”

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
C143 X 2532	0,2621	C155 X 84	0,1051	C146 X 84	-0,0097	C95 X 2004	-0,1931
C80 X 2004	0,2611	C236 X 84	0,1043	C247 X 2004	-0,0117	C92 X 2004	-0,1986
C103 X 84	0,2517	C40 X 2532	0,1011	C149 X 84	-0,0134	C183 X 2532	-0,2029
C94 X 2004	0,2495	C22 X 2004	0,1008	C184 X 2004	-0,0162	C259 X 2532	-0,2074
C193 X 2532	0,2482	C131 X 84	0,0965	C119 X 2004	-0,0299	C178 X 2532	-0,2203
C126 X 84	0,2432	C158 X 2004	0,0955	C250 X 2532	-0,0300	C126 X 2532	-0,2227
C236 X 2004	0,2430	C92 X 2532	0,0893	C248 X 84	-0,0300	C126 X 2004	-0,2323
C93 X 2532	0,2422	C251 X 84	0,0881	C251 X 2532	-0,0308	C180 X 2004	-0,2333
C113 X 2004	0,2343	C204 X 84	0,0868	C106 X 2004	-0,0353	C144 X 2004	-0,2348
C190 X 84	0,2294	C47 X 2004	0,0861	C96 X 2004	-0,0378	C37 X 2532	-0,2425
C144 X 2532	0,2293	C122 X 2004	0,0804	C65 X 2532	-0,0401	C113 X 2532	-0,2426
C151 X 2532	0,2287	C147 X 2004	0,0716	C37 X 2004	-0,0418	C102 X 2532	-0,2455
C49 X 2004	0,2269	C106 X 2532	0,0705	C112 X 2532	-0,0422	C69 X 2532	-0,2540
C193 X 84	0,2175	C138 X 2532	0,0677	C140 X 2004	-0,0448	C231 X 84	-0,2588
C250 X 84	0,2110	C224 X 84	0,0665	C85 X 2004	-0,0516	C179 X 2532	-0,2615
C112 X 2004	0,2106	C107 X 2532	0,0638	C175 X 84	-0,0538	C27 X 2532	-0,2666
C179 X 84	0,2040	C127 X 2532	0,0608	C15 X 2004	-0,0543	C151 X 84	-0,2751
C146 X 2532	0,1974	C192 X 2004	0,0600	C75 X 2532	-0,0581	C140 X 84	-0,2885
C106 X 84	0,1956	C18 X 2004	0,0578	C68 X 2004	-0,0590	C51 X 2004	-0,2978
C95 X 2532	0,1858	C183 X 2004	0,0557	C69 X 2004	-0,0591	C90 X 2004	-0,3155
C186 X 2004	0,1857	C90 X 2532	0,0521	C63 X 2004	-0,0596	C191 X 2532	-0,3224
C102 X 2004	0,1849	C184 X 84	0,0520	C144 X 84	-0,0618	C44 X 2004	-0,3276
C181 X 2532	0,1821	C34 X 2532	0,0485	C49 X 2532	-0,0648	C174 X 2532	-0,3596
C135 X 2532	0,1819	C122 X 2532	0,0474	C112 X 84	-0,0663	C191 X 2004	-0,3663
C28 X 2004	0,1817	C183 X 84	0,0463	C9 X 2004	-0,0668	C165 X 84	-0,3730

“Tabela 4, conclusão”

Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC	Híbrido	CEC
C235 X 84	0,1800	C127 X 84	0,0456	C138 X 2004	-0,0712	C194 X 2004	-0,3813
C134 X 2532	0,1791	C182 X 84	0,0449	C175 X 2532	-0,0720	C149 X 2532	-0,3944
C110 X 84	0,1765	C223 X 2532	0,0449	C161 X 84	-0,0781	C28 X 2532	-0,4116
C110 X 2532	0,1719	C110 X 2004	0,0376	C149 X 2004	-0,0835	C246 X 84	-0,4230
C96 X 2532	0,1704	C158 X 2532	0,0361	C51 X 2532	-0,0944	C217 X 84	-0,4578
C247 X 2532	0,1698	C250 X 2004	0,0357	C9 X 2532	-0,0967	C186 X 2532	-0,4921
C67 X 2532	0,1665	C98 X 2004	0,0350	C204 X 2532	-0,0991		
C75 X 2004	0,1653	C181 X 2004	0,0326	C107 X 84	-0,1025		
C85 X 2532	0,1634	C99 X 2532	0,0314	C146 X 2004	-0,1027		