

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA
AGRICULTURA E AMBIENTE**

**CRUZAMENTO DIALÉLICO PARCIAL ENTRE
LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO**

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

Maicon Nardino

Frederico Westphalen, RS, Brasil

2013

CRUZAMENTO DIALÉLICO PARCIAL ENTRE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO

Maicon Nardino

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado do programa de Pós-Graduação em Agronomia - Agricultura e Ambiente, Área de concentração Ambiente na Produção Agrícola da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Agronomia.**

Orientador: Prof. Dr. Velci Queiróz de Souza

Frederico Westphalen, RS, Brasil

2013

Nardino, Maicon, 1988 -

Cruzamento Dialélico Parcial entre Linhagens Endogâmicas de Milho /

Maicon Nardino. – 2013.

94 f.; 30cm

Orientador: Velci Queiróz de Souza

Coorientadores: Braulio Otomar Caron, Valmor Antônio Konflanz, Denise Schmidt

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Santa Maria *campus* Frederico Westphalen, Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Agricultura e Ambiente, RS, 2013.

1. Melhoramento genético 2. *Zea mays* L. 3. Biometria I. Souza, Velci Queiróz de II. Caron, Braulio Otomar III. Konflanz, Valmor Antônio IV Schmidt, Denise V.. Cruzamento Dialélico Parcial entre Linhagens Endogâmicas de Milho.

© 2013

Todos os direitos autorais reservados a Maicon Nardino. A reprodução de partes ou do todo deste trabalho só poderá ser feita mediante a citação da fonte “o autor”.

Endereço eletrônico: nardinomn@gmail.com

**Universidade Federal de Santa Maria
Programa de Pós-Graduação em Agronomia
Agricultura e Ambiente**

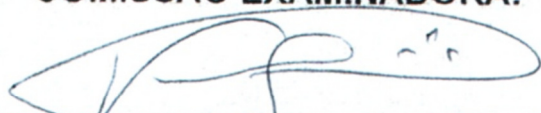
A Comissão Examinadora, abaixo assinada,
aprova a Dissertação de Mestrado

**CRUZAMENTO DIALÉLICO PARCIAL ENTRE LINHAGENS
ENDOGÂMICAS DE MILHO**

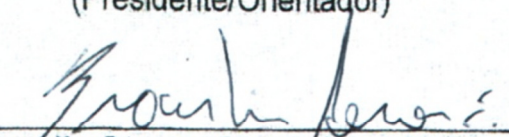
elaborado por
Maicon Nardino

como requisito parcial para obtenção do grau de
Mestre em Agronomia

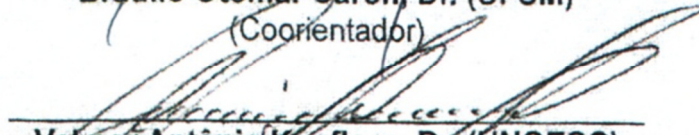
COMISSÃO EXAMINADORA:



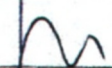
Valdir Queiróz de Souza, Dr. (UFSM)
(Presidente/Orientador)



Bráulio Otomar Garon, Dr. (UFSM)
(Coorientador)



Valmor Antônio Konflanz, Dr. (UNOESC)
(Examinador)



Luciano Carlos da Maia Dr. (UFPEL)
(Examinador)

Frederico Westphalen, 28 de outubro de 2013.

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Nedio e Aurea Nardino pelo amor,
confiança e força, a vocês que depositaram confiança
e acreditaram no meu potencial...

DEDICO...

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus em primeiro lugar pela vida.

Ao meu grande guia e mestre meu orientador Prof. Dr. Velci Queiróz de Souza, a quem eternamente serei grato, pelas oportunidades, ensinamentos científicos e pessoais, paciência e incentivo e pela grande amizade nestes anos, agradeço de coração.

Aos meus pais Nedio e Aurea Nardino, pelo apoio, confiança e carinho dedicados a mim, por todos aqueles momentos de dificuldade enfrentados, sempre vos amarei.

Aos meus coorientadores Prof. Dr. Braulio Otomar Caron e Prof^a Dr^a. Denise Schmidt por todos os ensinamentos, conselhos e oportunidades, grande amizade que com certeza foram importantes para meu crescimento. Ao Prof. Dr. Valmor Antônio Konflanz por ter aberto as portas de sua empresa de melhoramento, acreditado no trabalho, pela imensa ajuda na condução dos ensaios, pelos ensinamentos científicos e práticos, muito importantes prestados no campo, pela valiosa amizade construída, meu muito obrigado.

A minha namorada Alini por toda a compreensão das várias noites que passei estudando, pelo carinho e amor de todos estes anos ao meu lado.

Ao meu irmão Gelson Nardino, pelo carinho e confiança em meu trabalho.

A todos os meus amigos pela amizade, companheirismo, dúvidas, momentos alegres compartilhados mesmo em situações difíceis que foram superadas, pelas muitas viagens realizadas, pela dedicação na realização do trabalho.

A Universidade Federal de Santa Maria, *Campus* de Frederico Westphalen pela oportunidade de ensino.

Ao Programa de Pós Graduação em Agronomia–Agricultura e Ambiente pela oportunidade que se fez para ingresso no mestrado, em especial aos seus criadores pela bravura de quando ninguém acreditava, formaram o curso de mestrado.

A Capes pela valiosa bolsa de estudos concedida, que oportunizou os trabalhos.

Ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento de Pelotas que me abriu as portas para continuar esta caminhada.

A todos vocês que confiaram e acreditaram em mim, os meus sinceros agradecimentos. É mais um passo e muito especial da minha caminhada.

“Os maiores lutadores são formados
pelas grandes vitórias conquistadas
nos campos de batalha.”

RESUMO

Dissertação de Mestrado
Programa de Pós Graduação em Agronomia - Agricultura e Ambiente
Universidade Federal de Santa Maria

CRUZAMENTO DIALÉLICO PARCIAL ENTRE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO

AUTOR: MAICON NARDINO

ORIENTADOR: VELCI QUEIRÓZ DE SOUZA

DATA E LOCAL DA DEFESA: Frederico Westphalen, RS 28 de outubro de 2013.

Cruzamentos dialélicos são importantes para predição das melhores combinações heteróticas entre diferentes grupos de linhagens de milho, assim como o conhecimento das associações entre caracteres. O objetivo deste trabalho é estimar a capacidade combinatória entre linhagens endogâmicas de milho pela análise dialélica parcial para identificação das ações gênicas envolvidas na expressão de caracteres e predição das melhores combinações e identificação das relações diretas e indiretas fenotípicas e genéticas de caracteres morfológicos sobre componentes do rendimento. As linhagens utilizadas no cruzamento dialélico parcial dos dois grupos heteróticos são provenientes da empresa KSP Sementes Ltda. Os ensaios foram conduzidos baseados em cruzamentos com esquema de dialelo parcial, utilizando-se 15 linhagens como genitores femininos e oito linhagens como genitores masculinos. Os ensaios foram conduzidos em cinco ambientes, em delineamento de blocos completos ao acaso com três repetições. As variáveis analisadas foram: diâmetro do colmo (DC), ângulo de folha (AF), comprimento do pendão (CP), distância do último nó do colmo até a primeira ramificação do pendão (DUN), distância da folha bandeira a primeira ramificação do pendão (CFB), número de ramificações primárias na haste principal do pendão (NR), número de ramificações secundárias no pendão (NRS), área foliar (AFT), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos. No grupo I as estimativas das linhagens 15 e 4 e grupo II 3' e 4' são favoráveis para o rendimento de grãos pela CGC. Os caracteres comprimento de pendão, distância do último nó e da folha bandeira a primeira ramificação do pendão as melhores combinações pela CEC são 1-3', 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3' e 15-4'. Os cruzamentos promissores para aumento do rendimento são 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 14-4', 15-2', 15-5' e 15-8'. Entre os cruzamentos mais promissores para CEC pelo menos dois genitores possuem elevada CGC. As distâncias do último nó até primeira ramificação do pendão comprimento e número de ramificações do pendão afetam negativamente o rendimento para as estimativas lineares fenotípicas e genotípicas. A distância do último nó até a primeira ramificação do pendão influencia negativamente o rendimento, devendo ser considerado nos critérios de seleção de linhagens. As seleções para menor ângulo de folha e maior diâmetro de colmo e massa de mil grãos mostram-se favoráveis para o aumento de rendimento de grãos em milho.

Palavras chave: Capacidade combinatória. Ações gênicas. Caracteres secundários. Análise de trilha. *Zea mays* L.

ABSTRACT

Master Dissertation
Graduate Program in Agronomy - Agriculture and Environment
Federal University of Santa Maria

PARTIAL DIALLEL CROSS BETWEEN MAIZE INBRED LINES

AUTHOR: MAICON NARDINO
ADVISOR: VELCI QUEIROZ DE SOUZA
Frederico Westphalen, RS, October 28, 2013.

Diallel are important to predict the best combinations between different heterotic groups of maize inbred lines, as well as knowledge of the associations between traits. The aim of this study is to estimate the combining ability among inbred lines by partial diallel analysis for identification of gene action involved in the expression of traits and prediction and identification of the best combinations of direct and indirect relations between genetic and phenotypic morphological traits on yield components. The strains used in partial diallel cross of the two heterotic groups are from the company KSP Seeds Ltda.. The tests were conducted based on crosses with partial diallel mating scheme, using 15 strains as the female parent and eight strains as male parent. The tests were conducted in five environments, in randomized complete block design with three replications. The variables analyzed were: stem diameter (DC), leaf angle (AF), tassel length (CP), distance from the last node of the stem to the first branch of the tassel (DUN), distance from the flag leaf to the first branch tassel (CFB), number of primary branches on the main stem of the tassel (NR), number of secondary branches in the tassel (NRS), leaf area (AFT), thousand grain weight (MMG) and grain yield. Group I estimates of lineages 15 and 4, 3' and 4' group II are favorable grain yield by CGC. The traits tassel length, distance from the last node of the flag leaf and the first branch of the tassel, the best combinations for CPB are 1-3', 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3' and 15-4'. The junctions promising for increased yield are 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 14-4', 15-2', 15-5' and 15-8'. Among the most promising crosses for CEC at least two parents have high CGC. The distance from the last node to the first branch of the tassel, length and number of tassel branches negatively affect the yield estimates for linear phenotypic and genotypic methods. The distance from the last node to the first branch of the tassel negatively influences the performance and should be considered in the criteria for strain selection. Selections for smaller leaf angle and greater stem diameter and mass of a thousand grains appear to be favorable for the increase of grain yield in maize.

Key words: Combinatorial capacity. Genic actions. Traits Secondary. Path analysis *Zea mays* L.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Evolução da cultura do milho ao longo de décadas (TROYER, 2006).....19

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

- Tabela 1 - Resumo da análise dialélica parcial conjunta resultante do cruzamento de dois grupos heteróticos distintos de linhagens, avaliados em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.41
- Tabela 2 - Estimativas da Capacidade Geral de Combinação média para o grupo I e II de linhagens para o caráter distância do último nó até primeira ramificação do pendão (DUN) (cm), comprimento do pendão (CP) (cm), número de ramificações (NR) e para o grupo I apenas para os caracteres distância da folha bandeira até a primeira ramificação do pendão (CFB) (cm), massa de mil grãos (MMG) (gramas) e Rendimento de Grãos (Rend) (kg ha⁻¹), Frederico Westphalen, 2013.44
- Tabela 3 - Efeito da interação para capacidade geral de combinação para o grupo II de genitores para o caráter distância da folha bandeira a primeira ramificação do pendão (CFB) (cm) nos cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.47
- Tabela 4 - Estimativas da Capacidade Geral de Combinação individual para interação CGC II x Ambiente para os caracteres Massa de mil grãos (gramas) e Rendimento de grãos (cm), Frederico Westphalen, 2013.48
- Tabela 5 - Capacidade específica de combinação média para comprimento de pendão (cm) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.....49
- Tabela 6 - Capacidade específica de combinação para distância da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação do pendão (cm) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.50
- Tabela 7 – Capacidade específica de combinação para distância do último nó até a inserção da primeira ramificação do pendão (cm) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.51
- Tabela 8 - Capacidade específica de combinação para o número de ramificações do pendão resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.52
- Tabela 9 - Capacidade específica de combinação para a massa de mil grãos (gramas) e rendimento de grãos (kg ha⁻¹) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.53
- Tabela 10 - Estimativas da variância genética (σ^2), dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo e seus respectivos intervalos de confiança (Limite Superior – LS, Limite Inferior - LI), com estimativas para cada ambiente, Frederico Westphalen, 2013.55

Tabela 11- Coeficientes de correlação fenotípica (diagonal superior) e genotípica (inferior) de dez caracteres agronômicos avaliados em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.74

Tabela 12 - Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos e genotípicos do diâmetro do colmo (DC), ângulo de folha (AF) e distância da folha bandeira até inserção da primeira ramificação do pendão dos caracteres sobre o caráter fixado como principal rendimento de grãos, na cultura do milho para os cinco ambientes de avaliação, Frederico Westphalen, RS, 2013.77

Tabela 13 - Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos e genotípicos da distancia do último nó do colmo até a inserção da primeira ramificação do pendão (DUN), comprimento do pendão (CP) e número de ramificações principais do pendão (NR) sobre o caráter fixado como principal rendimento de grãos, na cultura do milho para os cinco ambientes de avaliação, Frederico Westphalen, RS, 2013. .80

Tabela 14 - Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos e genotípicos do número de ramificações secundárias e área foliar sobre o caráter fixado como principal rendimento de grãos, na cultura do milho para os cinco ambientes de avaliação, Frederico Westphalen, RS, 2013.83

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	13
1.2 Objetivo geral	15
CAPÍTULO I	16
2 REVISÃO DA LITERATURA	16
2.1 Histórico e origem do milho.....	16
2.1.1 Descrição botânica do milho	17
2.1.2 Características morfológicas do milho.....	17
2.2 O milho híbrido.....	18
2.2.1 Processo de produção do milho híbrido	20
2.3 Análise dialélica.....	22
2.4 Capacidade combinatória.....	23
2.5 Variância genética	24
2.6 Herdabilidade.....	25
2.7 Correlações entre caracteres	26
2.8 Referências bibliográficas.....	28
CAPÍTULO II	34
3 CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE LINHAGENS DE MILHO .	34
3.1 Introdução.....	35
3.2 Material e métodos.....	37
3.3 Resultados e discussões.....	40
3.4 Conclusões	58
3.5 Referências bibliográficas.....	59
CAPÍTULO III	65
4 ASSOCIAÇÃO DE CARACTERES SECUNDÁRIOS COM OS COMPONENTES DE RENDIMENTO EM F₁'S DE MILHO	65
4.1 Introdução.....	66
4.2 Material e métodos.....	68
4.3 Resultados e discussões.....	73
4.4 Conclusão	85
4.5 Referências bibliográficas.....	86
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	91

1 INTRODUÇÃO GERAL

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais mais cultivados no mundo, e tem aumentado a produtividade de grãos por hectare (KU et al., 2010). Segundo Menegaldo (2013), componentes funcionais presentes na composição do milho, começaram a ser identificados nos últimos cinco anos, sendo de grande importância para a dieta humana. O Brasil atualmente é um dos maiores produtores de milho, superado apenas pelos Estados Unidos e China (USDA, 2012). Dentre os estados brasileiros destaca-se o estado do Paraná que é líder de produção nacional com 16,75 milhões de toneladas, mas o rendimento médio brasileiro é de 4.808 kg ha⁻¹, muito aquém do potencial genético das cultivares e muito abaixo dos países que são os maiores produtores (CONAB, 2013).

As crescentes pesquisas do início do século XX possibilitaram a obtenção do milho híbrido. Entre as diversas culturas melhoradas via melhoramento genético, possivelmente não exista outra espécie de importância econômica que tenha usufruído tão significativamente de pesquisas científicas e de progressos de seleção (PATERNIANI, 2001). Segundo Ramalho et al.(2012), o melhoramento genético pela inclusão do milho híbrido no sistema produtivo foi responsável por cerca de 58% deste ganho, o aumento em produtividade pode ser atribuído também à melhoria das práticas culturais, tecnificação dos produtores, aumento de informações sobre a condução e manejo da cultura, entre outros fatores que contribuíram para alavancar o rendimento do cereal.

Atualmente, o milho é cultivado em todo o Brasil é a única espécie entre as poaceas com importância econômica que apresenta organização floral monóica (SANGOI et al., 2006). Para Fuzatto et al. (2002) e Lorencetti et al. (2005) o sucesso de um programa de melhoramento genético de milho é condicionado pela eficiência na escolha dos genitores, que ao serem cruzados produzam híbridos superiores. Entretanto, um dos problemas enfrentados pelos melhoristas que trabalham com híbridos de linhagens é a avaliação das linhagens genitoras quanto à capacidade de combinação. Cruz e Regazzi (1994) relatam que através da condução do método de dialélico é possível verificar os efeitos das capacidades combinatórias entre linhagens de milho. Segundo Carvalho et al. (2004) o número de genitores utilizados

em um dialelo geralmente é bastante elevado, tornando-se muitas vezes inviáveis os cruzamentos entre todas as linhagens, para tal surgem derivações como os dialelos parciais que testam os efeitos heteróticos de dois grupos distintos de linhagens de milho.

Para Bernini e Paterniani (2012); Cruz e Regazzi (1994); Paterniani e Viegas, (1987) e Vencovsky (1987), com o método de análise dialélica é possível estimar parâmetros genéticos úteis na seleção de genitores para hibridação e verificar os efeitos da capacidade combinatória que é caracterizada em geral e específica. A capacidade geral de combinação se caracteriza por predominância de alelos de efeito aditivo e os efeitos da capacidade específica de combinação evidenciam os efeitos dos alelos não-aditivos, predominantemente em dominância ou epistasia. Neste contexto, os cruzamentos dialélicos são importantes para predizer as melhores combinações, pois possibilitam maior eficiência no direcionamento dos recursos financeiros e humanos, a fim de gerar um constante ganho genético no desenvolvimento de híbridos elites (VALÉRIO et al., 2009).

Segundo Carvalho et al. (2004) para que a eficiência nos programas de melhoramento seja maximizada, visando um menor tempo na obtenção de linhagens elites, estudos da associação entre caracteres são de grande importância pois, possibilitam progressos mais rápidos ao programa de melhoramento de plantas. Neste contexto, a seleção indireta torna-se uma alternativa, que passa a ser recomendada para os caracteres que apresentam baixa herdabilidade, difícil mensuração, ou quando a seleção é efetuada nos primeiros ciclos de seleção. O entendimento das associações entre caracteres é extremamente importante para os ganhos genéticos e seleção dos melhores genitores, cujo objetivo final do melhoramento é o desenvolvimento de cultivares superiores de elevada performance para as principais características desejáveis (HALLAUER, 2007).

Neste sentido, as análises de trilha (*path analysis*) desenvolvidas por Wright (1921, 1923) são uma importante ferramenta de posse do melhorista, pois decompõem a correlação ou a associação existente dos demais caracteres com o caráter de interesse em efeitos diretos e indiretos (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ; CARNEIRO, 2006), demonstrando as reais associações de causa e efeito entre os caracteres (KUREK et al., 2001), sendo potencializados os progressos com o emprego desta ferramenta em comparação a seleção direta (FERREIRA et al., 2007).

1.2 Objetivo geral

Estimar a capacidade combinatória entre linhagens endogâmicas de milho pela análise dialélica parcial para identificação das ações gênicas envolvidas na expressão de caracteres e predição das melhores combinações. Análise da herdabilidade e variância genética para cada caráter nos cinco ambientes de cultivo. Identificação das relações diretas e indiretas fenotípicas e genéticas de caracteres secundários entre componentes do rendimento.

CAPÍTULO I

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 Histórico e origem do milho

Estudos arqueológicos indicam que o milho teve sua origem no México (PATERNIANI, 1978). Evidências revelam que populações indígenas do México iniciaram a domesticação instintivamente pelos fenótipos que apresentavam características promissoras do ponto de vista da população, onde eram selecionadas as plantas mais vigorosas, produtivas, resistentes as moléstias e com maior adaptação às condições climáticas. Assim, por meio de um processo de seleção contínuo, uma gramínea com vários colmos, espiguetas pequenas e poucos grãos evoluiu até se transformar na planta de milho atual, que provavelmente foi domesticada no sul do México (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Ramalho (2004) relata que embora haja algumas controvérsias a respeito da origem evolutiva do milho, sabe-se que ele tem como parente silvestre mais próximo o teosinto (*Zea mays ssp. parviglumis*). O teosinto é uma planta com muitas ramificações laterais que saem de sua haste central e terminam em uma inflorescência masculina. Cada ramificação também possui uma inflorescência feminina, que dá origem a uma espiga pequena. O teosinto apresenta afillamento, diferentemente do milho que apenas em condições de estresse biótico ou abiótico expressa esta característica, porém com número menor de afillhos que seu ancestral.

Já foram identificadas mais de 300 raças e milhares de variedades de milho que são cultivadas em várias partes do mundo (TEIXEIRA et al., 2005). A caracterização dos grãos de milho dessas raças referindo-se ao tipo de endosperma, 40% são amiláceos, 30% são grãos duros cristalinos, 20% são dentados, menos de 10% são pipocas, e cerca de 3% são milhos doces. A

estimativa é de que 100.000 acessos de milho são mantidos em bancos de germoplasma em todo o mundo (CHANG, 1992).

As características favoráveis apresentadas pelo milho de ciclo e sistema reprodutivo fizeram da cultura um modelo para estudos genéticos das espécies alógamas, as características do sistema reprodutivo monóico e a polinização aberta foram mecanismos que favoreceram o melhoramento genético de milho (PATERNIANI et al., 1987).

2.1.1 Descrição botânica do milho

O milho é uma gramínea pertencente ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, ordem Poales, família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L., possui $2n = 2x = 20$ cromossomos (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

De acordo com a revisão de Buckler e Stevens (2006), cinco espécies do gênero *Zea* são reconhecidas atualmente, sendo: *Zea diploperennis* - *Zea perennis* - *Zea luxurians* – *Zea nicaraguensis* e *Zea mays* L.. E dentro da espécie *mays* aparecem quatro subdivisões que seriam as subespécies; *Zea mays* L. ssp. *huehuetenangensis*; *Zea mays* L. ssp. *mexicana*; *Zea mays* L. ssp. *parviglumis*; *Zea mays* L. ssp. *mays* (milho cultivado).

2.1.2 Características morfológicas do milho

A cultura do milho apresenta um ciclo anual, porte variável, com genótipos que atingem entre 1 - 4 metros de estatura, as raízes são fasciculadas que podem ter 1,5 a 3 metros de comprimento. As folhas das plantas são arranjadas alternadamente, suportadas pela superposição das bainhas que envolvem o colmo. Comumente as plantas apresentam de uma a três espigas, sofrendo variações conforme os índices de adubação e manejo (densidade de plantas e arranjo espacial). A inflorescência feminina corresponde a um colmo com internódios mais

condensados, onde a flor é parcialmente envolvida por pálea e lema. Um pistilo funcional está presente com um ovário basal único e estilos longos que se expõem para a polinização. Na parte terminal do colmo fica localizada a inflorescência masculina, que apresenta um eixo central e várias ramificações laterais. Nestas estruturas são formados os grãos de pólen que são dispersos e caíram nos estilo - estigmas, irão germinar e fecundar o óvulo. O milho apresenta o sistema reprodutivo para a maioria dos genótipos protandrico. Os grãos de pólen ficam de três a cinco dias viáveis antes da inflorescência feminina na mesma planta, o principal mecanismo que contribui para a polinização é o vento, caracterizando o milho como uma espécie anemófila (PATERNIANI, 1978).

A caracterização do grão de milho é tida como um fruto de uma semente ou cariopse, a camada externa (pericarpo) é derivada da parede do ovário e pode ser incolor, vermelha, marrom, laranja e variegado. Dentro do grão está o endosperma e o embrião. O endosperma é responsável por aproximadamente 85% da massa total do grão, o embrião 10% e o pericarpo 5%. Com exceção de sua camada mais externa constituída por uma camada de célula de aleurona. O embrião é posicionado em uma depressão da superfície superior do endosperma perto da base do grão. O escutelo consiste em uma modificação foliar que age como um órgão digestivo durante a germinação e desenvolvimento da plântula. A extremidade do broto é envolvida e protegida pelo coleóptilo, enquanto que a coleorriza envolve a raiz primária (PATERNIANI, 1978).

2.2 O milho híbrido

A produção de milho híbrido foi iniciada com os trabalhos de Beal (1880), realizando hibridações entre variedades de polinização aberta, apontando a hibridação como um método de aumentar a produtividade do milho. Shull (1909) apresentou um esquema básico para a produção de sementes de milho híbrido que é válido até hoje, o esquema é baseado na obtenção das linhas puras e a utilização destas linhas puras na produção de sementes de milho híbrido. East (1908), paralelamente conduziu trabalhos, visando estudar os efeitos da endogamia e da hibridação em milho. O pesquisador julgava que o método de linhas puras não era

viável do ponto de vista comercial, devido à baixa produção de sementes pelas linhagens. Jones (1918) sugeriu que para a utilização de híbrido comercial se utilizasse o híbrido duplo, mediante o cruzamento de dois híbridos simples, tornando a produção viável economicamente. Os primeiros híbridos comerciais foram introduzidos por volta de 1930 na região conhecida como “*Corn Belt*” nos Estados Unidos a partir desta época as variedades de polinização aberta foram perdendo espaço gradativamente, em 1960 a área conduzida na região de “*Corn Belt*” com variedades de polinização aberta correspondia a menos de 5% do total de área cultivada com milho (PATERNIANI, 1978).

A introdução do milho híbrido na década de 1920 deu um grande impulso à agricultura moderna, as contribuições dos melhoristas de milho foram muito relevantes para o aumento constante de produtividade. Durante muitos anos utilizou-se cultivares de polinização aberta, East (1936) e Shull (1946), lançaram as bases teóricas para obtenção de híbridos, porém somente anos depois através da utilização de linhagens é que os híbridos de milho surgiram, porém em razão da baixa produção de grãos e o elevado custo para produção das linhagens, os híbridos duplos tiveram predominância no mercado nos Estados Unidos de 1934 a 1960. Em 1940 50% das lavouras de milho nos EUA eram de híbridos (TROYER, 2006).

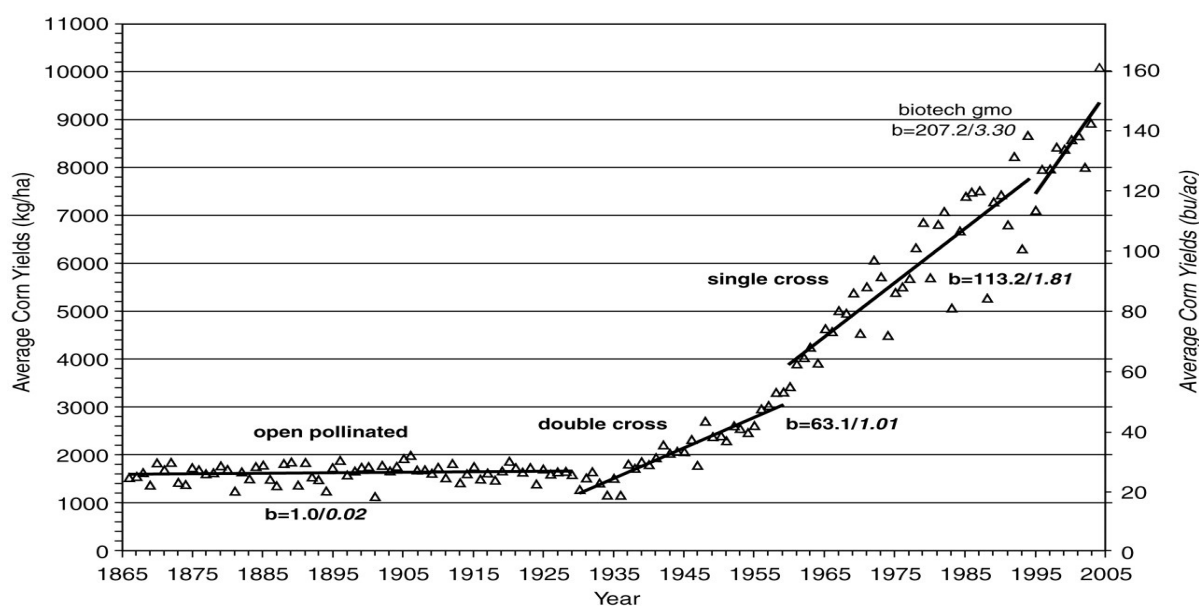


Figura 1 - Evolução da cultura do milho ao longo de décadas (TROYER, 2006).

Fonte: (TROYER, 2006).

Com a seleção e o avanço genético das linhagens, associado as melhores condições de manejo e com o aumento da produtividade das linhagens, os híbridos simples foram ganhando espaço (Figura 1), pois os resultados de rendimento eram bastante superiores aos híbridos duplos até então desenvolvidos. Os ganhos foram ainda mais acentuados com o desenvolvimento de novas tecnologias que possibilitaram mais recentemente com o advento da biotecnologia em meados dos anos 90 o incremento em produtividade.

No Brasil, o primeiro programa de melhoramento de milho foi desenvolvido em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), em Campinas – SP. No IAC, Krug e colaboradores produziram o primeiro híbrido duplo brasileiro (KRUG et al., 1943). No entanto, Gladstone e Secundino em 1935, iniciaram trabalhos de pesquisas em milho na Universidade Federal de Viçosa, produzindo em 1938 o primeiro híbrido comercial (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

2.2.1 Processo de produção do milho híbrido

De maneira geral um programa de produção de híbridos consiste nas seguintes etapas - escolha das populações; obtenção de linhagens; a avaliação da capacidade de combinação e o teste extensivo das combinações híbridas obtidas, tradicionalmente chamado de teste de valor de cultivo e uso (VCU). De todas essas etapas, a escolha das populações a serem autofecundadas é de fundamental importância, pois todo o sucesso do programa dependerá dela (PATERNIANI; CAMPOS, 1999), são nestas populações que devem se concentrar os alelos favoráveis para as características de interesse agrônomo, permitindo a extração de linhagens superiores (HALLAUER et al., 2010). A escolha de populações para extração de linhagens superiores é uma etapa crucial para o sucesso do programa de melhoramento, várias são as opções de populações base para extração de linhagens promissoras para produção de híbridos. Uma alternativa que vem sendo muito empregada na atualidade para a formação das populações base é a utilização de germoplasma com base genética estreita, como o uso de híbridos simples comerciais, possuindo a vantagem de já terem sido avaliados para fenótipos desejáveis e testados em vários ambientes, associando alta produtividade com a

grande proporção de alelos favoráveis já fixados nas populações que seriam montadas (AMORIM; SOUZA, 2005; OLIBONI et al., 2013).

Para Carvalho (2008), após a montagem da população o método mais empregado na obtenção das linhagens é com a autofecundação das plantas selecionadas fenotipicamente da população. A autofecundação consiste na polinização da espiga com o pólen da mesma planta, levando os indivíduos a homozigose - no caso do milho ocorre acentuada perda de vigor das plantas - mas para se obter melhoramento das linhagens é necessário algum processo de seleção aplicado concomitantemente ao aumento da endogamia das linhagens.

Após a obtenção da coleção de linhagens elites, vários métodos podem ser aplicados para avaliação da capacidade de combinação entre as linhas pré selecionadas, podemos citar: dialelos completos, parciais, circulantes e *top cross*. Estes métodos são baseados nos conceitos da capacidade geral e capacidade específica de combinação. Embora os processos para obtenção de linhagens possa parecer complicado e lento, não constitui a maior dificuldade para a produção de híbridos. O processo para obtenção de combinações genéticas superiores é extremamente difícil, pois nem todas as linhagens irão produzir híbridos superiores, devido a sua baixa capacidade combinatória com outras linhas previamente selecionadas (CARVALHO et al., 2008).

Abaixo são descritas algumas vantagens e desvantagens da utilização de milho híbrido, segundo Paterniani (1974):

Vantagens da produção de híbridos:

- Associação de características de parentais distintos no menor espaço de tempo possível;
- Obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto;
- Utilizar interações gênicas na geração híbrida;
- Produzir genótipos uniformes;
- Conseguir menor interação com o ambiente na geração F_1 ;
- Produzir sementes de milho híbrido em escala comercial, com reflexos favoráveis sobre a economia da região.

Desvantagens da produção de híbridos:

- Somente uma parte dos genes úteis existentes no milho será utilizada, desde que não haja concurso de métodos que permitam o aumento da frequência dos genes favoráveis.

- A heterose é explorada de modo aleatório, atingindo um teto difícil de ser ultrapassado.
- Só em espécies em que a semente híbrida é produzida com facilidade é possível utilizar a heterose.
- A produção de semente híbrida só é viável onde houver facilidade para seu processamento e distribuição.

2.3 Análise dialélica

As estratégias adotadas nos programas de melhoramento dependem da análise genética dos caracteres de interesse, pois levam a um melhor conhecimento das relações genéticas das linhagens envolvidas nos cruzamentos, neste contexto os cruzamentos dialélicos são úteis para predição das melhores combinações entre os genitores e de populações segregantes (VALÉRIO et al., 2009; BALDISSERA et al., 2012).

Desta forma, Sprague e Tatum (1942); Hayman (1954); Griffing (1956) propuseram o conceito de cruzamento dialélico como a recombinação da variabilidade genética disponível dentro do programa, ocorrendo a combinação entre todos os genitores, onde com n genitores é possível a obtenção de n^2 combinações. Segundo Veiga et al. (2000); Carvalho et al. (2004), a principal restrição oriunda dos cruzamentos dialélicos completos, ocorre quando tem-se um grande número de genitores envolvidos e o número de combinações híbridas a serem avaliadas se torna relativamente grande, tais fatores proporcionam o inconveniente do alto custo, em muitas circunstâncias tornando-se limitante ao programa de melhoramento. No entanto, se o objetivo do pesquisador for cruzar um conjunto de constituições genéticas com um ou mais testadores, emprega-se o cruzamento dialélico parcial, assemelhando-se a um delineamento genético fatorial que permite o cruzamento entre grupos e não dentro de grupos. As constituições genéticas devem ser contrastantes e estarem alocadas em grupos heteróticos com características dentro do grupo incomum e divergentes entre os grupos heteróticos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; MIRANDA; GORGULHO, 2001). O modelo de dialelo parcial foi esclarecido por Kempthorne e Curnow (1961), método desenvolvido para aumentar

o número de genitores que podem ser incluídos nos cruzamentos dialélicos (HALLAUER et al., 2010).

Vencovsky (1987); Bernini e Paterniani (2012) citam que pelo método de análise dialélica é possível estimar parâmetros genéticos úteis na seleção de genitores para hibridação, como a identificação das ações gênicas do controle dos caracteres, identificando ainda as melhores combinações das linhagens a serem utilizadas como genitor masculino e genitor feminino, com objetivo de proporcionar a máxima expressão heterótica nos híbridos. Vencovsky (1987) também menciona que os cruzamentos dialélicos permitem a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, desta forma aumentando o número de informações para o melhorista e contribuindo para as tomadas de decisões.

2.4 Capacidade combinatória

Para o melhoramento genético é importante o conhecimento das relações genéticas encontradas entre cruzamentos, que servirão como ponto de tomada de decisão na escolha das combinações. A seleção baseada apenas em caracteres desejáveis é insuficiente para a produção de progênies com elevado potencial genético. É necessária a identificação de genitores que possuam alta capacidade combinatória para máxima expressão da heterose em híbridos de milho. A análise dialélica é empregada para estimar os efeitos da capacidade geral e da capacidade específica de combinação (CRUZ; REGAZZI, 1994). A metodologia vem sendo muito utilizada no melhoramento da cultura do milho e revelando ser eficiente para detectar divergências genéticas entre as linhagens e a alocação destas em grupos heteróticos distintos (HAN et al., 1991; GONZALEZ et al., 1997; TERRON et al., 1997) demonstrando desta forma sua grande importância no estudo e exploração dos melhores cruzamentos entre linhagens.

Para Sprague e Tatum (1942); Vencovsky (1987); Makanda et al. (2010) a capacidade geral de combinação está associada a genes de efeito aditivo, é definida como o comportamento médio de uma linhagem em combinações híbridas, sendo de grande importância seu conhecimento no programa de melhoramento para indicação dos melhores cruzamentos e seleção de genitores. A capacidade

específica de combinação é estimada como o desvio do comportamento do cruzamento em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação dos genitores, estando relacionada a efeitos gênicos não-aditivos, que estariam em dominância completa, dominância parcial e ou epistasia, comportamento que leva certas combinações a serem superiores ou inferiores em relação à média das linhagens envolvidas.

A interação genótipo e ambiente é um fator de extrema importância e uma expressiva fonte de variação em ensaios de híbridos de milho. Há evidências de que a variância das estimativas de CGC e CEC podem interagir com locais e anos e que a CEC inclui desvios de dominância e epistasia, além de uma porção significativa da interação genótipo x ambiente (ROJAS; SPRAGUE, 1952). Sprague e Eberhart (1977) recomendam duas repetições por local e três a cinco ambientes para avaliações de cruzamentos de milho, porque a interação de efeitos aditivos por ambiente é um fator significativo na manifestação da variância fenotípica. O aumento no número de ambientes reduz o erro e a interação de efeitos aditivos por ambiente, enquanto o aumento no número de repetições somente reduz a contribuição do erro na variância fenotípica (EBERHART et al., 1995).

2.5 Variância genética

As estimativas dos componentes de variabilidade são extremamente importantes para os melhoristas, pois permitem inferir o quanto da variabilidade é decorrente de efeitos genéticos e de ambiente (RAMALHO et al., 2012). Allard (1971) descrevia que a variabilidade observada nos caracteres é originada por diferenças genéticas e de ambiente nos quais as plantas se desenvolvem.

A variância genética do caráter pode ser obtida da seguinte fórmula (RAMALHO et al., 2012):

$$\sigma_G^2 = \sigma_F^2 - \sigma_E^2, \text{ onde;}$$

$$\sigma_G^2 = \text{variância de origem genética;}$$

$$\sigma_F^2 = \text{variância de origem fenotípica;}$$

$$\sigma_E^2 = \text{variância de origem ambiental.}$$

Knapp et al. (1985) com objetivo de identificar a variação das progênes dentro de cada ambiente utilizou-se dos modelos conforme seguem:

$$\sigma_G^2 = \frac{QMT - QMr}{Rep}$$

onde,

σ_G^2 : Variância genética dentro de cada ambiente;

QMT: Quadrado médio de tratamento (híbridos) para cada ambiente;

QMr: Quadrado médio do resíduo para cada ambiente;

Rep: Número de repetições do experimento em cada ambiente.

Desta forma, retiram-se todos os efeitos que são provenientes de ambiente e erro, restando apenas os efeitos genéticos do caráter no ambiente estudado.

A caracterização da variação biológica é a base para o trabalho do geneticista ou melhorista de plantas, onde que para se distinguir e compreender as bases hereditárias dos caracteres é necessário a distinção dos dois componentes: genético e não genético (ambiental) e a magnitude dos seus efeitos. Neste contexto, os modelos genéticos – estatísticos vêm contribuindo para elucidação da variação presente, principalmente para os caracteres quantitativos, a eficiência e esclarecimento dos modelos tem trazido uma contribuição significativa ao trabalho dos melhoristas de plantas (BUENO et al., 2006).

2.6 Herdabilidade

O estudo da herdabilidade é importante para as tomadas de decisões práticas nos métodos de cruzamentos, sendo um parâmetro de grande utilidade para os melhoristas. Para Fehr (1987), a herdabilidade é conceituada no sentido amplo e restrito. A herdabilidade no sentido amplo é proporcionada através da variância genética total, incluindo aditividade, dominância e epistasia em relação à variância fenotípica. A herdabilidade no sentido restrito é a proporção da variância aditiva na variância do fenótipo. Os conceitos de herdabilidade são importantes para as análises e identificações de caracteres que são flutuantes frente a diferentes ambientes, isto porque ela permite antever a possibilidade com a seleção, refletindo

a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada. Sendo obtida pela expressão (RAMALHO et al., 2012):

$$h^2 = \frac{\sigma_F^2 - \sigma_E^2}{\sigma_F^2} \times 100$$

onde,

h^2 = herdabilidade do caráter;

σ_F^2 = é a variação fenotípica;

σ_E^2 = é a variação de ambiente;

Segundo Ramalho et al. (2012) as estimativas da herdabilidade de um caráter não é imutável, devido ocorrer variação do caráter em relação a variação genética presente e com o efeito do ambiente. Neste contexto, pode-se aumentar as estimativas da herdabilidade utilizando-se população com maior variação genética e controlando os efeitos do ambiente através de melhores condições experimentais, como forma de reduzir a contribuição ambiental para a variação fenotípica total.

Devido a natureza complexa da relação gene-caráter é esperado que os fatores ambientais possam obscurecer certos modelos de herança, mesmo que tais fatores sejam sutis e triviais. A maioria dos genes se expressa de modo bastante uniforme e previsível, considerando condições normais de ambiente as quais eles serão expostos, a expressividade de um gene pode ser nitidamente alterada por fatores genéticos e ou de ambiente. A expressividade de um gene refere-se ao modo de expressão, geralmente oscilando para diferentes condições de ambiente. A penetrância refere-se a expressão ou não expressão de um gene. Desta forma, penetrância e expressividade são portanto fenômenos que mascaram a relação gene-caráter e tendem a obscurecer a correspondência entre genótipo e fenótipo, dificultando a tarefa do melhorista, principalmente para caracteres que apresentam penetrância incompleta e uma expressividade variável (ALLARD, 1971).

2.7 Correlações entre caracteres

A correlação é um parâmetro estatístico que mede o grau de associação entre duas variáveis e ou caracteres, consideram-se variáveis correlacionadas quando a

variação em uma delas é acompanhada por variação simultânea na outra (RAMALHO et al., 2012). Os efeitos da correlação genética são explicados por meio de mecanismos genéticos a variação conjunta de duas variáveis, ocorrendo os efeitos de pleiotropia e ligação gênica. O conhecimento da correlação fenotípica, genética e de ambiente entre os caracteres pode ser primordial para seleção simultânea de vários caracteres, ou quando o caráter de interesse revela baixa herdabilidade, ou que seja de difícil mensuração (FALCONER, 1996). Segundo Carvalho et al. (2004) para que a eficiência dos programas de melhoramento seja maximizada, grande importância deve ser conferida a estudos de caracteres correlacionados, pois possibilitam ao melhorista obter progressos mais rápidos, do que somente pela seleção direta do caráter desejado.

Segundo Cruz e Regazzi (1994), as correlações fenotípicas podem ser diretamente mensuradas a partir da medida de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população. Esta correlação tem causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável, podendo esta ser utilizada para orientação de programas de melhoramento de plantas. Assim, em estudos genéticos é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genético e ambiental entre os caracteres. Para Ramalho et al. (2012) as correlações genéticas ocorrem porque quando dois genes estão intimamente ligados eles tendem a ser transmitidos em um mesmo gameta, originando um indivíduo que poderá ou não expressar os fenótipos correspondentes aos alelos herdados, situação semelhante ocorre quando o gene em questão é pleiotrópico, nesta circunstância haverá a tendência dos fenótipos associados a um mesmo alelo, sempre ocorrerem juntos.

Com o intuito de entender melhor a associação entre caracteres, Wright (1921), propôs o método denominado análise de trilha (*path analysis*) que desdobra as correlações estimadas em efeitos diretos e indiretos de cada caráter sobre uma variável básica, e permite avaliar se a correlação entre duas variáveis é de causa e efeito ou gerada pela influência de outras variáveis.

De acordo com Souza et al. (2008), as correlações existentes entre os componentes primários e os componentes secundários de produção pode proporcionar diferentes estratégias de seleção, proporcionando crescentes aumentos no avanço genético com os ciclos de seleção para caracteres agrônômicos de interesse. Magalhães et al. (2002), aponta que a produção de grãos

de milho e os componentes primários da produção correlacionam-se positivamente com a uniformidade e velocidade de germinação, prolificidade, número total de folhas, número de folhas acima da espiga e eficiência de produção e negativamente com número de dias para o florescimento, acamamento, número de ramificações do pendão, relação altura da espiga/altura da planta e ângulo de inserção foliar.

2.8 Referências bibliográficas

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher Ltda., 1971. 485 p.

AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v.64, n. 3, p.561-567, 2005.

BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; ALMEIDA, C. B.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. F. M. Capacidade combinatória e efeito recíproco em características agrônômicas do feijão. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 2, p. 471-480, 2012.

BEAL, W. J. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e Produção de Milho**.Campinas: Fundação Cargill, 1987. 795p.

BUCKLER, E. S.; STEVENS, N. M. **Maize origins, domestication, and selection**. In: MOTLEY, T. J.; ZEREGA, N.; CROSS, H. Eds. New York: Columbia, cap. 4, p. 67-90, 2006.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimento**. 2 ed. Lavras:UFLA, 2006. 319p.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 142p. 2004.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V. S. SILVA, S. A. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. Pelotas: UFPel, 2 ed. 2008. 271p.

CHANG, T. T. Availability of plant germplasm for use in crop improvement. In: STALKER, H. T.; MURPHY, J. P. **Plant breeding in the 1990s**. Melksham: Redwood Press, 1992, p. 17-35.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento de safra brasileira: grãos, primeiro levantamento, março 2013 / Companhia Nacional de Abastecimento. Brasília: Conab, 2013. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em 01 maio 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 380 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. 2 ed. Viçosa: UFV, 2006. 586 p.

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

EAST, E. M. HETEROSIS. **Genetics**, v. 24, p. 375-397. 1936.

EBERHART, S. A.; SALHUANA, W.; SEVILLA, R.; TABA, S. Principles for tropical maize breeding. **Maydica**, Bergamo, v. 40, p. 339-355, 1995.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 4 ed. 1996. 464p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987. 525p.

FERREIRA, F. M.; BARROS, W. S.; SILVA, F. L.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana de açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 605-610, 2007.

FUZATTO, S. R.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 1, p. 22-32, 2002.

GONZALEZ, S.; CÓRDOVA, H.; RODRIGUEZ, S.; DE LEON, H.; SERRATO, V. M. Determinación de un patrón heterotico a partir de la evaluación de undialelo de diez líneas de maíz subtropical. **Agronomía Mesoamericana**, v. 8, p. 1-7, 1997.

GRIFFING, B. Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 462-493, 1956.

HALLAUER, A. R. History, Contribution, and Future of Quantitative Genetics in Plant Breeding: Lessons From Maize. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 4-19, 2007.

HALLAUER, A. R.; CARENA, J. M.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 500p.

HAN, G. C.; VASAL, S. K.; BECK, D. L.; ELIAS, E. Combining ability of inbred lines derived from CIMMYT maize (*Zea mays* L.) germplasm. **Maydica**, v. 36, p. 57-64, 1991.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v. 39, p. 789-809, 1954.

JONES, D. F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Genetics**. Connecticut Agricultural Experiment Station, 207, p. 246-250, 1918.

KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. **Biometrics**. v. 17, p. 50 – 229. 1961.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, M. W. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, p. 192-194, 1985.

KRUG, C. A.; VIÉGAS, G. P.; PAOLIÉRI, L. Híbridos comerciais de milho. **Bragantia**, v. 3, p. 367-552, 1943.

KU, L. X.; ZHAO, W. M.; ZHANQ, J.; WU, L. C.; WANG, C. L.; WANG, P. A.; ZHANG, W. Q.; CHEN, Y. H. Quantitative trait loci mapping of leaf angle and leaf orientation value in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, p. 951-959, 2010.

KUREK, A. L.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; MARCHIORO, V.S.; CRUZ, P. J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 7 n. 1, p. 29-32, jan./abr. 2001.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. **Cultivo do milho, germinação e emergência**. Comunicado Técnico 39, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Sete lagoas, MG, 2002.

MENEGALDO, J. G. A importância do milho na vida das pessoas. In: Grupo Cultivar de Publicações Ltda. Pelotas, 2013. Disponível em: <<http://www.grupocultivar.com.br>>. Acesso em: 01 maio 2013.

MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 650-671.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18, jan./fev. 2013.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose**. Boletim nº1. Fundação Cargill, São Paulo, 1974. 36p.

PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. 650 p.

PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e Produção de Milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 795p.

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

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Use of heterosis in maize breeding: History, Methods and Perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 2 p.159-178, 2001.

RAMALHO, M. A. P.; LAMBERT, E. S. Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 3, n. 2, p. 228-249, 2004.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras: UFLA, 2012. 565p.

ROJAS, B. A.; SPRAGUE, G. F. A comparison of variance components in corn yield trials. III. General and specific combining ability and their interaction with location and years. **Agronomy Journal**, Madison, v. 44, p. 462-466, 1952.

SANGOI, L.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M; SILVA, P. R. F. Resposta de híbridos de milho cultivados em diferentes épocas à população de plantas e ao despendoamento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 5, p. 1367-1373, set./out. 2006.

SOUZA, A. R. R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIRA, P. L. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Caatinga**, Mossoró, v.21, n.4, p.183-190, 2008.

SPRAGUE, G. F.; EBERHART, S. A. Corn breeding. In: SPRAGUE, W. F. (Ed.). Corn and Corn Improvement. Madison: **Journal of American Society of Agronomy**, p. 335-336, 1977.

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

SHULL, G. H. A pure-line method of corn breeding. **Am. Breeders Assoc. Rep.** v. 5, p. 51-59, 1909.

SHULL, G. H. Hybrid Seed Corn. **Science**, v. 103, n. 2679, p. 547-550, 1946.

TEIXEIRA, F. F.; SOUZA, B. O.; ANDRADE, R. V.; PADILHA, L. **Boas Práticas na Manutenção de Germoplasma e Variedades Crioulas de Milho**. Sete Lagoas - MG. Comunicado Técnico, n. 113, p. 1-8, 2005.

TERRON, A.; PRECIADO, E.; CÓRDOVA, H.; MICKELSON, H.; LÓPEZ, R. Determinacion Del patron heterotico de 30 lineas de maiz derivadas de lapoblacion 43SR del CIMMYT. **Agronomia Mesoamericana**, v. 8, p. 26-34, 1997.

TROYER, A. F. Adaptedness and Heterosis in Corn and Mule Hybrids. **Crop Science**, v. 46, n. 2, p. 528-543, 2006.

USDA -Agência Norte-Americana para o Desenvolvimento Internacional. Disponível em: <[http:// http://www.usda.gov](http://www.usda.gov)>. Acessado em:21 de jan. 2013.

VALÉRIO, I. P.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; LORENCETTI, C.; SOUZA, V. Q; SILVA, J. A. G.; HARWING, I.; SCHMIDT, A. M.; BERTAN, I.; RIBEIRO, G. Estabilidade da produção e da capacidade de combinação de diferentes populações de aveia. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 2, p. 331-346, abr./jun. 2009.

VEIGA, R. D.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1395-1406, jul. 2000.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-209.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**. Washington, v. 20, p.557-585, 1921.

WRIGHT, S. The theory of path coefficients: a replay to Niles' criticism. **Genetics**, Austin, v. 8, n. 3, p. 239-255, 1923.

CAPÍTULO II

3 CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE LINHAGENS DE MILHO

RESUMO: Cruzamentos dialélicos são importantes para predição das melhores combinações heteróticas entre linhagens de milho. O presente trabalho apresenta o objetivo de estimar a capacidade combinatória entre linhagens endogâmicas de milho pertencentes a dois grupos heteróticos pela análise dialélica parcial para predição das melhores combinações nos caracteres avaliados nos F_1 's e verificar os parâmetros genéticos de variância genética e herdabilidade, afim de determinar a expressividade dos caracteres em cinco ambientes. As linhagens endogâmicas dos dois grupos heteróticos são provenientes da empresa KSP Sementes Ltda. Os ensaios foram conduzidos baseados em cruzamentos dialélicos parciais, utilizando-se 15 genitores femininos e oito genitores masculinos. Os ensaios foram conduzidos na safra agrícola 2011/2012 em cinco ambientes, no delineamento de blocos completos ao acaso com três repetições. As variáveis analisadas foram comprimento do pendão (CP), distância do último nó até a primeira ramificação do pendão (DUN), distância da folha bandeira até a primeira ramificação do pendão (CFB), número de ramificações do pendão (NR), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos. Realizou-se análise conjunta dos híbridos nos diferentes ambientes. Com a constatação de efeitos significativos para interação passou-se a análise dialélica conjunta. Os efeitos não aditivos foram mais importantes dos que os efeitos aditivos. Para o grupo I as estimativas das linhagens 15 e 4 grupo II 3 e 4 baseando-se na CGC são favoráveis para o aumento da MMG e do rendimento de grãos. As avaliações de pendão dos caracteres CP, DUN, NR e CFB os dois grupos heteróticos não revelam estimativas dissimilares. Os cruzamentos promissores para aumento do rendimento são 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 14-4', 15-2', 15-5' e 15-8'. Entre os cruzamentos mais promissores para CEC pelo menos dois genitores possuem elevada CGC.

Palavras Chave: Análise dialélica; Ações gênicas; Cruzamentos dialélicos.

COMBINING ABILITY BETWEEN MAIZE INBRED LINES

ABSTRACT: Diallel are important to predict the best combinations heterotic between maize inbred of lines. The present work aimed to estimate the combining ability between inbred lines from two heterotic groups by partial diallel analysis to predict the best combinations of traits evaluated in F_1 's five environments and verify the parameters of genetic variance and heritability traits in the locations studied. The inbred lines of the two heterotic groups are from the company KSP Seeds Ltda. The tests were conducted based on partial diallel, using 15 female parents and male parents 8. The tests were conducted in the crop year 2011/2012 in five different environments in the design of randomized complete block design with three replications. The variables analyzed were tassel length (CP), distance from the last node to the first branch of the tassel (DUN), distance from the flag leaf to the first branch of the tassel (CFB), number of tassel branches (NR) mass thousand grains (MMG) and grain yield. Held joint analysis of hybrids in different environments. With the realization of significant interaction effects started to joint diallel analysis. The non-additive effects were more important than the additive effects. For group I strains estimates 15 e 4 and 3 and 4 group II based on the GCC are favorable for increasing the MMG and yield. Assessments tassel character CP, DUN, NR and CFB two heterotic groups revealed no estimates dissimilar. The junctions promising for increased yield are 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 14-4', 15-2', 15-5' and 15-8'. Entre intersections promising for CEC at least two parents have high CGC.

Key words: Diallel analysis; Shares gene; Diallel crosses.

3.1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais mais cultivados no mundo, e tem aumentado a produtividade de grãos por hectare (KU et al., 2010). É cultivado em larga escala em todo o Brasil e é a única espécie entre as poaceas com importância econômica que apresenta organização floral monóica (SANGOI et al., 2006), sendo dentre as grandes culturas a espécie mais pesquisada e investigada dentro do campo da genética. Para Fuzatto et al. (2002) e Lorencetti et al. (2005) o sucesso de um programa de melhoramento genético é condicionado a eficiência na escolha dos genitores, que ao serem cruzados produzam híbridos superiores. Neste contexto, os cruzamentos dialélicos são de grande valia para predição das melhores combinações heteróticas (VALÉRIO et al., 2009).

Com o intuito de predição do comportamento dos cruzamentos entre genitores fazem-se necessário o emprego de cruzamentos dialélicos para estudo da

capacidade combinatória, onde fornecem informações importantes sobre parâmetros genéticos úteis para seleção e identificação das melhores combinações para o encontro da máxima expressão heterótica (OLIVEIRA et al., 1987). A utilização de técnicas que auxiliam os melhoristas a identificar e promover indivíduos com maior probabilidade de possuírem constituições genéticas superiores, nos distintos grupos heteróticos, possibilita uma maior eficiência no desenvolvimento de híbridos elites. Segundo Carvalho et al. (2004) o número de genitores utilizados em um dialelo geralmente é bastante elevado, tornando-se muitas vezes inviáveis os cruzamentos entre todos os genitores, para tal surgem derivações para a avaliação da capacidade combinatória, como os dialelos parciais que testam os efeitos heteróticos de dois grupos distintos de linhagens, na maioria dos casos contrastantes para os caracteres.

Vencovsky (1987), Cruz e Regazzi (1994), Bernini e Paterniani (2012), citam que pelo método de análise dialélica é possível estimar parâmetros genéticos úteis na seleção de genitores para hibridação e verificar os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) que se caracteriza por predominância de alelos de efeito aditivo e os efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) que evidenciam a importância dos alelos que exibem efeitos não-aditivos ou em dominância ou epistasia, pois a seleção de progênies apenas para caracteres desejáveis é insuficiente para exploração do potencial genético (PATERNIANI; VIEGAS, 1987).

Para Paterniani (1974), os programas de melhoramento genético têm trabalhado com a seleção conjunta de caracteres e direcionando atenções a arquitetura de planta para aumento da eficiência fotossintética e melhor aproveitamento de fotoassimilados. Estas alterações espontâneas ou não tem proporcionado mudanças nas características morfológicas, em especial do pendão (NETO; MIRANDA FILHO, 2001, HALLAUER et al., 2010). Estruturas apicais têm prioridade na utilização dos recursos disponíveis, especialmente quando submetida a condições de estresses (SANGOI et al., 2006). Identificou-se também por técnicas de análises biométricas em cruzamentos dialélicos, associações destes caracteres com altura da espiga, posição da espiga, prolificidade, ângulo de folha, que por sua vez relacionam-se diretamente com a massa de grãos (MICKELSON et al., 2002, JUNG et al., 2007, ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008).

Desta forma, as características morfológicas de pendão vem ganhando maior atenção dos melhoristas de plantas na predição dos cruzamentos de linhas

endogâmicas para redução de tamanho de pendão, em virtude do maior gasto de energia e das alterações morfológicas associadas as demais características fenotípicas, bem como as ações gênicas que estão envolvidas na expressão dos caracteres (DUNCAN et al., 1967, BUREN et al., 1974, MOCK; SCHUETZ, 1974, NETO et al., 1997, SANGOI; SALVADOR, 1998, SANGOI et al., 2002, WESTGATE et al., 2003, EDWARDS, 2011). Aliado nestas justificativas o presente trabalho apresenta o objetivo de estimar a capacidade combinatória entre linhagens endogâmicas de milho pertencentes a dois grupos heteróticos pela análise dialélica parcial para predição das melhores combinações para os caracteres avaliados nos F_1 's e em cinco ambientes e verificar os parâmetros genéticos de variância genética e herdabilidade dos caracteres nos locais estudados.

3.2 Material e métodos

O trabalho com os cruzamentos entre as linhas homozigóticas foi conduzido no município de Clevelândia - PR no ano agrícola de 2010/2011. As linhagens endogâmicas dos dois grupos heteróticos utilizadas nos cruzamentos dialélicos são do programa de melhoramento genético da empresa KSP Sementes Ltda., com sede no município de Pato Branco - PR.

Os ensaios foram conduzidos baseados em cruzamentos com esquema dialélico parcial, utilizando-se 15 (linhagens femininas) e oito (linhagens masculinas), provenientes de linhas homozigóticas (S_9 – referente a nona geração de autofecundação). A realização dos cruzamentos procedeu-se pela proteção da parte feminina da planta (espigas), antecedendo a exteriorização dos estigmas. Depois que a planta emitia o pendão (flor masculina) e o início da liberação de pólen pelas anteras, efetivou-se a coleta do pólen e transportou-se até as espigas protegidas. Após a realização dos cruzamentos artificiais, obteve-se as sementes dos F_1 's que foram semeadas na safra 2011/2012. Todas as operações de manuseio no campo e laboratório foram manuais acompanhadas de planilhas de anotações para controle das operações.

A semeadura dos híbridos resultantes dos cruzamentos foi conduzida na safra agrícola 2011/2012 em cinco ambientes distintos dos três estados da região Sul do

Brasil. No Rio Grande do Sul, o ensaio foi conduzido no Município de Frederico Westphalen, sendo as coordenadas 27°23'80" de latitude sul e 53°25'26" de longitude oeste, com 480 metros de altitude no local do ensaio, a região situa-se no Norte do estado e possui como principais características climáticas temperatura média anual de 18,8°C e temperatura média do mês mais frio de 13,3°C, com clima de tipo sub temperado sub úmido (MORENO, 1961).

Em Santa Catarina, o ensaio foi conduzido no município de Itapiranga, sendo as coordenadas 27°10'10" de latitude sul e 53°42'44" de longitude oeste, com 206 metros de altitude no local do ensaio, região que situa-se no extremo oeste catarinense com temperaturas no mês mais frio de 13°C e 30°C no mês mais quente com precipitações médias mensais de 150 mm.

No estado do Paraná, os ensaios foram conduzidos em três locais, Pato Branco, com as coordenadas 26°13'44" de latitude sul e 52°40'15" de longitude oeste com 760 metros de altitude no local do ensaio com temperatura média do mês mais quente acima de 22°C e do mês mais frio 18°C, com clima do tipo subtropical úmido. Ampére com as coordenadas 25°54'65" de latitude sul e 53°25'39" de longitude oeste com 580 metros de altitude no local do ensaio, com temperatura mínima de 13°C e máxima de 29°C, precipitação média mensal de 170 mm. Clevelândia com as coordenadas 26°21'52" e latitude sul e 52°28'22" de longitude oeste com 860 metros de altitude no local do ensaio, as temperaturas mínimas de 11°C e máximas de 27°C, as precipitações médias mensais são de 170 mm.

O dialelo parcial foi conduzido em delineamento experimental nos cinco ambientes de blocos completos ao acaso com três repetições por local, antecipadamente a instalação do ensaio realizou-se verificação e levantamento das características estranhas, sendo que o modelo com blocos completos casualizados confere para os ensaios maior controle, priorizando a homogeneidade dentro do bloco e logrando a heterogeneidade entre os blocos. O modelo utilizado foi de acordo com Griffing (1956) método IV, modelo I adaptado para dialelos parciais para múltiplos ambientes, onde;

$Y_{ij} = \mu + g_i + g'_j + s_{ij} + \epsilon_{ij}$. sendo;

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida entre a i-ésima linhagem do grupo 1 e j-ésima linhagem do grupo 2;

μ : média geral do ensaio;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação da i-ésima linhagem do grupo 1;

g_j: efeito da capacidade geral de combinação da j-ésima linhagem do grupo 2;
 sij: efeito da capacidade específica de combinação entre as linhagens de ordem i e j, dos grupos 1 e 2, respectivamente;
 ε_{ij}: erro experimental médio.

Para as somas de quadrados das capacidades combinatória geral e específica, utilizam-se o método dos mínimos quadrados e as equações $X'X\beta=X'Y$, derivadas do modelo linear $Y=X\beta+\varepsilon$. (CRUZ; REGAZZI, 1994).

Para as estimativas da variância genética e herdabilidade ampla com seus respectivos intervalos de confiança, tendo como objetivo identificar a variação das progênies dentro de cada ambiente utilizou-se os modelos conforme proposto por Knapp et al. (1985):

$$\sigma_G^2 = \frac{QMT - QMr}{Rep}$$

onde:

σ_G^2 : Variância genética dentro de cada ambiente;

QMT: Quadrado médio de tratamento para cada ambiente;

QMr: Quadrado médio do resíduo para cada ambiente;

Rep: Número de repetições do experimento em cada ambiente;

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{QMT/Rep}$$

h^2 : Herdabilidade no sentido amplo para cada caráter dentro de cada ambiente;

IC: Intervalo de confiança para herdabilidade do caráter;

Gl: Graus de liberdade 1 = Trat/Amb e 2 = GL resíduo.

$$IC = 1 - \left[\frac{QMT}{QMr} (F_{Gl1}, Gl2) \right]$$

$F_{0,05;120;240} = 0,7652997$ e $F_{0,95;120;240} = 1,289621$, onde F é o valor tabelado em um nível especificado de probabilidade em relação ao número específico de graus de liberdade dos tratamentos (Cruzamentos) variando dentro dos ambientes e do resíduo.

As unidades experimentais foram compostas por duas linhas de semeadura de cinco metros de comprimento, espaçadas 0,70 metros. As linhas de semeaduras foram demarcadas com semeadura de sistema de semeadura direta, logo, as sementes híbridas provenientes dos cruzamentos dos dois grupos heteróticos foram semeadas de forma manual. A semeadura foi realizada de acordo com o

zoneamento agrícola de cada local e o manejo do solo e os tratos culturais foram os mesmos para os cinco locais obedecendo os estádios fenológicos e a necessidade da cultura. Após a emergência e estabelecimento da cultura realizou-se o ajuste manual da população das parcelas para 42 plantas por unidade experimental, o equivalente a 60 mil plantas ha⁻¹.

As variáveis analisadas foram comprimento do pendão (CP) em centímetros, distância do último nó do colmo até a primeira ramificação do pendão (DUN) em centímetros, distância da folha bandeira a primeira ramificação do pendão (CFB) aferido no colmo na altura do colar da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação no pendão em centímetros, número de ramificações na haste principal do pendão (NR), massa de mil grãos (MMG) aferido pela contagem manual de 8 repetições de 100 sementes em gramas e rendimento de grãos (Rend) realizado pela colheita manual de todas as unidades experimentais e expandido para Kg ha⁻¹.

Antecipadamente ao início das análises biométricas, verificaram-se os efeitos de homogeneidade das variâncias e da normalidade dos dados. Após os dados foram submetidos a análise de variância individual, para comprovação da inexistência de correlação entre os erros. Atendidas as pressuposições realizou-se a análise conjunta dos híbridos resultantes dos cruzamentos (F₁'s) nos cinco ambientes, realizou-se a padronização dos dados. Com a constatação de efeitos significativos para interação passou-se a análise dialélica conjunta com a montagem dos blocos de cruzamentos. Havendo interação para capacidade combinatória as estimativas foram geradas para cada ambiente, na ausência de interação as estimativas foram logradas pela média dos ambientes. As análises foram elaboradas nos programas computacionais Genes (CRUZ, 2006) e SAS *Learning Edition* (2012).

3.3 Resultados e discussões

A análise de variação individual revelou efeitos significativos para interação híbridos x ambiente. A significância da interação segundo Pinto et al. (2007) é frequente devido a estreita base genética que os híbridos simples apresentam. A análise dialélica conjunta (Tabela 1) revelou efeitos altamente significativos para os fatores de cruzamentos, capacidade geral combinação (CGC I e II), capacidade

específica de combinação (CEC) para todos os caracteres analisados. A significância indica que efeitos aditivos e não aditivos atuam na variância genotípica dos caracteres deste dialelo. A presença de significância para as capacidades gerais indica que pelo menos uma linhagem em cada conjunto gênico difere das demais na concentração de alelos favoráveis para o caráter, qualquer que seja o tipo de dominância destes alelos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Segundo os mesmos autores, a capacidade específica não revela significância se houver ausência de dominância, em virtude de ser esperada dos efeitos gênicos de dominância, epistasia e segundo Valério et al. (2009) da recombinação dos alelos na população, pressupondo-se que para os caracteres avaliados neste trabalho ocorre apreciável grau de complementação entre algumas combinações, em relação a frequência alélica dos *loci* com presença de dominância.

Tabela 1 - Resumo da análise dialélica parcial conjunta resultante do cruzamento de dois grupos heteróticos distintos de linhagens, avaliados em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

FV	GL	Quadrado Médio					
		CFB	DUN	CP	NR	MMG	Rend
Cruzamento	119	557,26**	1238,25**	9115,97**	625,39**	279617,05**	293738328,97**
C.G.C. I	14	346,33**	723,64**	5771,39**	326,21**	184592,99**	188655708,23**
C.G.C. II	7	2415,01**	5638,75**	40388,46**	3005,97**	1225917,91**	1360391542,52**
C.E.C.	98	454,69**	997,44**	7360,01**	498,09**	225598,99**	232560616,68**
Ambiente	4	1,58 ^{ns}	19,41**	56,39**	10,71 ^{ns}	15716,27**	125541311,89**
Cruz x Amb	476	1,17 ^{ns}	3,32 ^{ns}	8,10 ^{ns}	2,83 ^{ns}	856,381 ^{ns}	5077896,23 ^{ns}
CGC I x Amb	56	1,28 ^{ns}	3,18 ^{ns}	6,93 ^{ns}	2,98 ^{ns}	578,18 ^{ns}	3446717,79 ^{ns}
CGC II x Amb	28	1,70**	7,99 ^{ns}	15,72 ^{ns}	3,25 ^{ns}	2744,78**	18703010,06**
CEC x Amb	392	1,11 ^{ns}	3,01 ^{ns}	7,77 ^{ns}	2,78 ^{ns}	761,24 ^{ns}	4337699,30 ^{ns}
Resíduo	1200	1,08	6,73	11,42	5,58	1155,74	6947083,83
Média Geral		14,94	22,23	60,41	15,67	333,14	11142,86

CFB: Distância do colar da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação do pendão (cm). **DUN:** Distância do último nó até a primeira ramificação do pendão (cm). **CP:** Comprimento do pendão (cm). **NR:** Número de ramificações do pendão. **MMG:** Massa de mil grãos (gramas). **Rend:** Rendimento de grãos (kg ha⁻¹). **Significativo a 1% de probabilidade de erro. ^{ns} Não significativo.

Para comparação da magnitude das estimativas das capacidades combinatórias gerais baseando-se pelos percentuais da soma de quadrados, podendo serem obtidos pela multiplicação dos quadrados médios com os graus de

liberdade (Tabela 1), ressalta-se que a magnitude do conjunto II é responsável pela grande variação de seis dos sete caracteres avaliados. Pela relação em percentual das estimativas CGC/II para os caracteres de CFB 35/17,74%, DUN 6,88/26,79%, CP 7,45/26,06%, NR 6,14/28,27%, MMG 7,7/25,19% e para rendimento 7,56/27,24%, pressupondo que ocorrem maiores ações para aditividade no conjunto II de linhagens, por consequência maior a concentração e consistência de genes favoráveis para expressão nas progênies (ALLARD, 1999). Segundo Oliboni et al. (2013) os conjuntos de linhagens contribuem de modo diferente nos cruzamentos em que estão envolvidos e ainda que a performance dos híbridos diferiu ao esperado com base nos efeitos da capacidade geral dos genitores, comprovado neste trabalho pela superioridade do grupo II.

A maior magnitude de contribuição relativa é para todos os caracteres superior para capacidade específica de combinação respectivamente CFB 47,26%, DUN 66,67%, CP 66,49%, NR 65,59%, MMG 67,11% e rendimento 65,20% em relação as capacidades gerais, pressupõem-se que as ações não aditivas são atuantes no conjunto de caracteres deste grupo. Berke e Rocheford (1999) em estudos da herança e das ações gênicas relacionadas a alguns caracteres de pendão concluíram que ações gênicas de aditividade e dominância estão envolvidos na expressão dos caracteres de pendão. Tajwar e Chakraborty (2013) em estudos com dez linhas homozigotas encontraram efeitos superiores para capacidade específica para os caracteres massa de mil grãos e rendimento. Machado et al. (2009) também apresentou que ações não aditivas expressaram maior magnitude nos componentes de rendimento. Divan et al. (2013) em estudos da capacidade combinatória e de efeitos gênicos entre linhagens encontrou maiores magnitudes para capacidade específica em relação a geral para o caráter comprimento do pendão, destacando a importância dos efeitos não aditivos para o caráter.

Neste estudo as ações não aditivas (dominância e epistasia) revelaram maior contribuição relativa para os caracteres. Hallauer et al. (2010) em estudos experimentais avaliando as ações gênicas presente na expressão de alguns caracteres morfológicos e componentes de rendimento, encontrou magnitudes para rendimento de 61,2% com ação aditiva presente na expressão do caráter, porém Vencovsky e Barriga (1992) citam que as estimativas da CGC são intrínsecas do grupo estudado e com a inclusão de outro genitor no conjunto dialélico a magnitude da CGC poderá sofrer alterações.

Raposo et al. (2004), utilizando duas populações sob seleção recorrente recíproca, verificaram que a heterose aumenta conforme aumenta o grau de endogamia. Betrán et al. (2003) obtiveram correlações significativas entre produtividade de grãos dos F_1 's, heterose, heterobeltiose e capacidade específica de combinação. As linhagens utilizadas neste estudo estavam na nona geração de autofecundação S_9 , logo pressupõe-se que a grande maioria dos *loci* estavam em homozigose, e pela revelação de significância da CEC podemos indicar que houve complementaridade entre as linhas dos diferentes grupos heteróticos.

O ambiente revela significância para os caracteres distância do último nó a primeira ramificação do pendão (DUN), comprimento do pendão (CP), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos, indicando que as condições em que foram conduzidos os ensaios não são semelhantes. A avaliação da interação entre as capacidades combinatórias com o ambiente revelam-se com efeitos altamente significativos para interação CGC II x Ambiente para os caracteres distância da folha bandeira até a primeira ramificação do pendão (CFB), MMG e rendimento. Com a presença desta interação pode-se pressupor que a média do genitor "i" difere nos ambientes j., k., indicando que é necessário considerar diferentes genitores para os ambientes avaliados, uma vez que sofrem oscilações frente as condições em que são submetidos. Entretanto, com a ausência de significância revelada na interação CEC x Amb segundo Oliboni et al., 2013 não ocorre necessidade de explorar combinações específicas para cada local, apenas um dos cinco ambientes em que o dialelo foi conduzido é viável para avaliação das combinações específicas.

Na tabela 2, estão apresentadas as estimativas da CGC (gi) para os genitores do grupo I para a variável distância da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação do pendão (CFB), os genitores 2, 7, 8, 9, 10, 11, 12 e 14 expressam estimativas negativas da CGC para o caráter em todos os ambientes analisados, sendo indicados para o cruzamento com outros genitores, pois buscam-se estas magnitudes para redução do tamanho do pendão.

Com relação às estimativas gi para o caráter distância do último nó até a primeira ramificação do pendão, ocorrem efeitos positivos das linhagens 1, 3, 4, 5, 6, 13 e 15, sendo as magnitudes das linhagens 4 e 15 superiores (Grupo I). As demais linhagens do mesmo grupo possuem efeitos negativos da CGC, os cruzamentos destas linhas contribuiriam para redução da distância da folha bandeira até a primeira ramificação do pendão. Segundo Sangoi et al. (2002), menores

quantidades de nutrientes e fotoassimilados seriam requeridos pelos híbridos, produzindo menores quantidades de auxinas, o que reduziria seu efeito inibitório sobre o crescimento e desenvolvimento da estrutura feminina, desta forma as estimativas negativas podem ser aproveitadas nos cruzamentos.

Tabela 2 - Estimativas da Capacidade Geral de Combinação média para o grupo I e II de linhagens para o caráter distância do último nó até primeira ramificação do pendão (DUN) (cm), comprimento do pendão (CP) (cm), número de ramificações (NR) e para o grupo I apenas para os caracteres distância da folha bandeira até a primeira ramificação do pendão (CFB) (cm), massa de mil grãos (MMG) (gramas) e Rendimento de Grãos (Rend) (kg ha⁻¹), Frederico Westphalen, 2013.

Linhagens I	CFB	DUN	CP	NR	MMG	Rend
1	0,938	0,722	2,420	0,425	14,752	545,655
2	-1,296	-1,436	-5,052	-1,085	-29,031	-943,148
3	0,542	0,997	2,425	0,717	14,941	391,494
4	2,577	4,216	10,863	3,139	56,637	1618,84
5	0,922	0,975	2,107	0,669	16,461	635,227
6	0,578	0,964	2,558	0,889	11,529	403,860
7	-1,327	-1,881	-4,957	-1,219	-29,799	-877,159
8	-1,283	-1,829	-5,057	-1,386	-30,811	-989,409
9	-1,341	-2,010	-5,334	-1,447	-28,944	-826,219
10	-1,251	-2,007	-5,393	-1,454	-25,820	-1091,592
11	-1,260	-1,569	-4,780	-1,189	-30,119	-1065,149
12	-1,333	-2,124	-5,535	-1,275	-26,825	-776,867
13	0,504	0,848	2,512	0,344	16,067	531,717
14	-1,201	-1,807	-4,616	-0,822	-31,213	-882,808
15	4,231	5,940	17,841	3,694	102,175	3325,557
Linhagens II						
1'	-	-1,679	-4,483	-1,198	-	-
2'	-	-3,219	-8,571	-2,536	-	-
3'	-	7,567	19,160	5,774	-	-
4'	-	8,511	23,707	5,972	-	-
5'	-	-1,820	-4,508	-1,361	-	-
6'	-	-3,026	-8,332	-2,199	-	-
7'	-	-3,072	-8,382	-2,071	-	-
8'	-	-3,262	-8,591	-2,382	-	-

* Caracteres que apresentaram interação para o grupo II de linhagens, apresentados nas tabelas 3 e 4.

Em relação as linhagens do grupo II (Tabela 2) os genitores 3' e 4' apresentam efeitos positivos para CGC, os demais seis genitores expressam magnitudes negativas para as estimativas da *gi*, possibilitando o emprego em

cruzamentos com outros grupos heteróticos, sendo as estimativas das linhagens 2', 6', 7' e 8' favoráveis para a expressão deste caráter.

Com relação à avaliação dos efeitos da CGC (Grupo I) para o comprimento de pendão (Tabela 2) as linhagens 1, 3, 4, 5, 6, 13 e 15 apresentam magnitudes positivas para o caráter, os genitores 4 e 15 revelam-se superiores aos demais, indicando que o intercruzamento destas linhagens com outros grupos há maior probabilidade para acúmulo de alelos aditivos favoráveis para expressão de maior comprimento de pendão, característica pouco desejada devido a maior demanda de energia ao desenvolvimento e manutenção desta estrutura reprodutiva e devido principalmente ao meristema apical ter prioridade na partição dos fotoassimilados em relação a estrutura feminina, logo a prioridade da demanda energética da planta é destinada ao pendão, assim buscam-se cruzamentos que tenham progênie com menor tamanho de pendão (FUZATTO et al., 2002; SANGOI et al., 2006).

As menores estimativas para CGC para o caráter CP são das linhagens 12 e 2, as quais contribuem para a redução do tamanho de pendão, o que as torna favoráveis do ponto de vista agrônomo. Por outro lado, são comprovadas as associações com altura da espiga, posição da espiga e prolificidade (ANDRADE e MIRANDA FILHO, 2008), logo para o cruzamento devem ser observadas as estimativas, mas também as inter-relações com outras características de importância agrônoma que por sua vez relacionam-se com o rendimento de grãos.

Com relação aos efeitos da CGC para o número de ramificações do pendão, este caráter apresenta efeitos positivos dos genitores 1, 4, 6, 13 e 15. As linhagens 4 e 15 possuem maior frequência alélica de aditividade, visto que suas estimativas são superiores e positivas. O restante das linhagens pertencentes ao grupo I apresentam estimativas com efeitos negativos, fator que possibilita o uso destas linhas no intercruzamento com outros grupos de linhagens para reduzir o número de ramificações. Segundo Buren et al. (1974), Mock e Schuetz (1974), Neto et al. (1997) este caráter tem tomado atenção dos melhoristas nos programas de melhoramento, mostrando que o tamanho reduzido do pendão é favorável para o aumento da produção de grãos, principalmente para as condições adversas de estresse. Os híbridos modernos já sofreram grandes reduções do número de ramificações do pendão, caráter diretamente relacionado a menor produção de pólen por área. Segundo Westgate et al. (2003), os híbridos podem reduzir ainda mais a produção de pólen por pendão, o que proporcionaria mais energia para a

espiga, potencializado o enchimento de grãos e posteriormente o rendimento de grãos.

Na avaliação do grupo II as linhagens 3' e 4' apresentam estimativas da *gi* positivas. As linhagens 1', 2', 5', 6', 7' e 8' do mesmo grupo possuem efeitos negativos para o NR, onde o cruzamento destas linhagens possibilitaria progênies com menor número de ramificações de pendão. O número de ramificações de pendão não apresenta interação com ambiente para os dois grupos heteróticos I e II, o que oportuniza interpretações em um único ambiente. Segundo Valério et al. (2009) nestes casos os genitores foram efetivos e consistentes em transmitir para progênie a manifestação fenotípica, neste caso do número de ramificações.

Na análise do componente de rendimento massa de mil grãos (MMG), os genitores 1, 3, 4, 5, 6, 13 e 15 (Grupo I) apresentam efeitos da CGC positivos, sendo a magnitude das linhagens 4 (56,637) e 15 (102,175) destacadas entre as demais, indicando que são linhas promissoras para o aumento da MMG e por consequência do rendimento de grãos. As linhagens 2, 7, 8, 9, 10, 11, 12 e 14 (Grupo I) possuem estimativas negativas para MMG. Altas estimativas positivas ou negativas para CGC revelam elevado potencial genético para transferência de alelos favoráveis, podendo ser considerada a linhagem superior ou inferior as demais incluídas no dialelo para o caráter (CRUZ et al., 2004), logo, as linhas com estimativas negativas não seriam indicadas para cruzamentos cujo objetivo é aumentar a MMG.

O caráter rendimento de grãos pela análise do grupo I, as linhas 1, 3, 4, 5, 6, 13, e 15 apresentam estimativas favoráveis para o caráter, as demais linhagens revelam estimativas com magnitudes negativas, sendo desfavoráveis para o rendimento de grãos. Vale salientar que as mesmas linhagens que apresentaram efeitos positivos para o aumento da MMG revelaram a mesma magnitude para o rendimento, segundo Carvalho et al. (2001), Mohammadi et al. (2003), Lopes et al. (2007), Khayatnezhad et al. (2010), os dois caracteres apresentam relações significativas, pressupondo que magnitudes favoráveis para um dos caracteres possivelmente serão favoráveis para o outro caráter. Aguiar et al. (2004) Machado et al., (2009), Pfann et al. (2009) também verificaram efeitos significativos da CGC para produção de grãos, indicando que entre o conjunto de genitores ocorre diferenças para frequência de alelos favoráveis, existindo desta forma genitores mais promissores no conjunto do dialelo.

Na avaliação do CFB para as linhagens do grupo II em relação aos cinco ambientes com exceção das linhas 3' e 4' todas apresentam efeitos negativos (Tabela 3), contribuindo para menor CFB, característica que é desejada na geração de progênies. Logo, a presença de significância do grupo II com os ambientes demonstra que ocorre influência do ambiente neste grupo heterótico sobre o carácter, assim híbridos resultantes dos intercruzamentos entre estas linhagens sofrem maiores efeitos da interação GxA, demonstrando diferentes respostas frente aos ambientes. (PINTO et al., 2007).

Tabela 3 - Efeito da interação para capacidade geral de combinação para o grupo II de genitores para o carácter distância da folha bandeira a primeira ramificação do pendão (CFB) (cm) nos cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

Genitores II	Ampére	Clevelândia	Itapiranga	Pato Branco	Frederico	Média
1'	-0,939	-1,208	-1,068	-0,882	-0,745	-0,968
2'	-2,128	-2,156	-2,180	-2,156	-2,156	-2,155
3'	4,646	5,181	4,897	4,233	4,507	4,693
4'	5,713	5,666	5,628	5,966	5,944	5,783
5'	-1,305	-0,978	-0,980	-1,286	-1,393	-1,188
6'	-2,068	-2,045	-2,113	-2,030	-2,141	-2,080
7'	-2,009	-2,245	-2,120	-2,038	-1,986	-2,079
8'	-1,909	-2,215	-2,065	-1,808	-2,030	-2,005
DP(CGC II)	0,132	0,175	0,174	0,092	0,134	
DP(CGCII-CGC II')	0,200	0,264	0,263	0,139	0,203	

Em relação ao grupo II para os caracteres MMG e rendimento (Tabela 4) os efeitos da CGC são positivos e significativos para interação, desta forma passou-se a comparação dentro dos ambientes, as linhagens 3' e 4' revelam-se com estimativas favoráveis para os dois caracteres, destacando-se que entre as linhas são as únicas com magnitudes positivas. Cruzamentos destas linhagens com as linhagens 4 e 15 do grupo I somariam frequências favoráveis para obtenção de maior massa de grão e de rendimento, porém para tal é necessário a análise das interações específicas da CEC para verificar a complementaridade dos efeitos gênicos que estão atuando. Para Cruz e Regazzi (1997), estimativas muito baixas *gi* indicam que a linhagem *i* baseando-se nos seus cruzamentos não irá diferir da média geral do dialelo, em contrapartida valores elevados positivos ou negativos,

revelam que genitor i é superior ou inferior aos demais genitores usados no bloco de cruzamentos.

Tabela 4 - Estimativas da Capacidade Geral de Combinação individual para interação CGC II x Ambiente para os caracteres Massa de mil grãos (gramas) e Rendimento de grãos (cm), Frederico Westphalen, 2013.

Linhagens II*	Massa de Mil Grãos					
	Ampére	Clevelândia	Itapiranga	Pato Branco	Frederico	Média
1'	-26,084	-26,327	-22,001	-25,821	-25,293	-25,105
2'	-39,254	-53,755	-45,241	-46,923	-46,431	-46,321
3'	104,544	123,528	103,722	119,049	106,213	111,411
4'	108,906	149,110	118,267	122,258	126,648	125,038
5'	-18,267	-30,276	-19,671	-17,484	-23,051	-21,750
6'	-42,826	-54,393	-45,960	-50,187	-45,167	-47,707
7'	-44,066	-53,162	-42,019	-50,007	-45,540	-46,959
8'	-42,953	-54,726	-47,097	-50,886	-47,379	-48,608
DP (CGC II)	4,984	4,493	4,833	5,514	3,685	
DP (CGC II - CGC II')	7,534	6,793	7,306	8,337	5,571	
Linhagens II**	Rendimento de Grãos					
	Ampére	Clevelândia	Itapiranga	Pato Branco	Frederico	Média
1'	-862,121	-1083,438	-826,827	-680,536	-638,13	-818,210
2'	-1460,28	-2138,494	-1457,879	-1539,36	-927,29	-1504,660
3'	3589,077	4947,278	3301,854	4207,595	2305,70	3670,300
4'	4134,745	5818,478	4460,024	3861,601	2825,03	4219,970
5'	-758,349	-1266,472	-813,054	-992,234	-537,01	-873,420
6'	-1650,842	-2128,144	-1562,557	-1668,461	-968,28	-1595,650
7'	-1559,994	-2055,389	-1457,727	-1749,267	-1069,72	-1578,420
8'	-1432,237	-2093,819	-1643,834	-1439,337	-990,31	-1519,910
DP (CGC II)	178,276	283,078	245,234	694,923	142,96	
DP (CGC II - CGC II')	269,528	427,973	370,759	1050,624	216,14	

*Resultados da interação para capacidade geral de combinação para a massa de mil grãos do grupo II de linhagens nos cinco ambientes.

**Resultados da interação para capacidade geral de combinação para o rendimento de grãos do grupo II de linhagens nos cinco ambientes.

Passando-se a analisar de forma criteriosa as duas linhagens, a linha 4' possui estimativas médias e de todos os ambientes superiores a linhagem 3' para MMG, para o rendimento de grãos a linhagem 4' é superior na média dos ambientes e também individualmente nos locais Ampére, Clevelândia, Itapiranga e Frederico, sendo suas estimativas inferiores a linhagem 3' apenas para o ambiente de Pato Branco (Tabela 4).

Com relação a CEC para o comprimento do pendão (Tabela 5) os cruzamentos mais promissores para redução no tamanho de pendão são entre os

pares de linhas 1-3', 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3' e 15-4', pois as estimativas *si* são elevadas e negativas. De acordo com Sangoi et al. (2002) híbridos com pendões maiores apresentam maior atividade de auxinas na dominância apical, levando vantagem na competição por fotoassimilados em relação as espigas, muitas vezes deixando estas estéreis. Desta forma, os híbridos modernos desenvolvidos com alta produtividade devem exigir menor quantidade de nutrientes e fotoassimilados para o pendão e produzir menores quantidades de auxinas, características que reduzem o efeito inibitório pela dominância apical do pendão sobre as espigas (SANGOI; SALVADOR, 1998).

Tabela 5 - Capacidade específica de combinação média para comprimento de pendão (cm) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

Mãe/Pai	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	8'
1	49,199	-6,434	-34,166	21,610	-10,498	-6,674	-6,623	-6,414
2	-3,050	1,038	33,570	-31,240	-3,025	0,799	0,849	1,058
3	51,285	-6,439	-34,170	19,550	-10,502	-6,678	-6,628	-6,419
4	-18,965	-14,877	18,136	-47,156	-18,941	48,682	47,978	-14,857
5	-10,209	-6,121	23,584	21,700	-10,184	-6,360	-6,310	-6,101
6	-10,660	-6,572	25,109	22,883	-10,635	-6,811	-6,761	-6,552
7	-3,145	0,943	-26,788	29,687	-3,120	0,704	0,754	0,963
8	-3,045	1,043	-26,688	28,987	-3,020	0,804	0,854	1,063
9	-2,768	1,320	-26,412	27,052	-2,743	1,081	1,131	1,340
10	-2,709	1,379	-26,352	-30,899	54,852	1,140	1,190	1,399
11	-3,322	0,766	35,478	-31,513	-3,298	0,526	0,577	0,786
12	-2,567	1,521	30,190	-30,757	-2,542	1,282	1,332	1,541
13	-10,614	-6,526	25,564	22,150	-10,589	-6,765	-6,715	-6,506
14	-3,486	0,602	-27,130	32,079	-3,462	0,362	0,413	0,622
15	-25,943	38,357	10,075	-54,133	37,705	-22,094	-22,044	38,077

Com relação a tabela 6 para avaliação da CEC para a distância da folha bandeira até inserção da primeira ramificação no pendão, os cruzamentos mais promissores para redução do caráter seriam entre os pares 1-3', 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3', 15-1' e 15-4', logo que apresentam estimativas negativas da *si*. Os efeitos da *si* do cruzamento destas linhagens são bastante superiores aos efeitos da *gi*, predizendo que ocorrem ações de efeitos gênicos não aditivos sobre o caráter. Os demais pares de cruzamentos apresentam

valores baixos e próximos aos observados para a *gi*, indicando que os híbridos apresentam comportamento conforme o esperado na CGC (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Tabela 6 - Capacidade específica de combinação para distância da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação do pendão (cm) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

Mãe/Pai	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	8'
1	14,167	-1,891	-8,739	5,293	-2,857	-1,966	-1,966	-2,040
2	-0,843	0,344	7,987	-7,595	-0,623	0,268	0,268	0,194
3	12,162	-1,495	-8,343	4,923	-2,462	-1,570	-1,570	-1,645
4	-4,716	-3,530	4,256	-11,468	-4,496	11,816	11,817	-3,679
5	-3,061	-1,874	7,679	6,020	-2,841	-1,950	-1,950	-2,024
6	-2,718	-1,531	6,021	5,619	-2,498	-1,606	-1,606	-1,681
7	-0,812	0,374	-6,473	6,681	-0,592	0,299	0,299	0,225
8	-0,856	0,330	-6,518	6,990	-0,636	0,255	0,255	0,181
9	-0,798	0,388	-6,459	6,583	-0,578	0,313	0,313	0,239
10	-0,889	0,298	-6,550	-7,640	14,187	0,223	0,223	0,148
11	-0,879	0,308	8,237	-7,630	-0,659	0,232	0,232	0,158
12	-0,807	0,380	7,732	-7,558	-0,587	0,305	0,305	0,230
13	-2,643	-1,456	5,852	5,339	-2,423	-1,532	-1,532	-1,606
14	-0,939	0,248	-6,600	7,565	-0,719	0,173	0,173	0,098
15	-6,370	9,106	1,919	-13,121	7,783	-5,259	-5,259	11,201

Em relação a análise da tabela 7 para distância do último nó até a primeira ramificação do pendão, levando em consideração os efeitos da CEC negativos, os cruzamentos promissores são entre os pares de linhagens 1-3', 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3', 15-1' e 15-4'. Dentro do grupo de linhagens pai as linhas 3' e 4' apresentam maiores combinações favoráveis com as demais linhagens. A magnitude das estimativas *si* são novamente superiores as estimativas *gi*, revelando ações gênicas não aditivas sobre o caráter. Pequenas distâncias até a ramificação do pendão são favoráveis pelo menor gasto de energia, vinculado também a pendões com um menor número de ramificações. Assim, pendões com curtas distâncias associados a um pequeno número de ramificações seriam desejados durante a seleção, neste contexto Duncan et al. (1967) relatam reduções de 4 a 12% no rendimento de grãos para híbridos com pendões maiores, em consequência do gasto de energia e do maior sombreamento e menor atividade fotossintética das folhas superiores.

Tabela 7 – Capacidade específica de combinação para distância do último nó até a inserção da primeira ramificação do pendão (cm) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

Mãe/Pai	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	8'
1	17,936	-2,135	-12,921	7,356	-3,534	-2,328	-2,282	-2,092
2	-1,516	0,024	14,804	-11,707	-1,376	-0,170	-0,124	0,066
3	18,728	-2,410	-13,196	8,214	-3,809	-2,603	-2,557	-2,368
4	-7,168	-5,628	6,878	-17,359	-7,028	18,268	17,624	-5,586
5	-3,927	-2,387	10,358	7,203	-3,787	-2,581	-2,535	-2,345
6	-3,916	-2,376	9,159	8,336	-3,776	-2,570	-2,524	-2,334
7	-1,072	0,468	-10,318	10,748	-0,931	0,275	0,321	0,510
8	-1,123	0,417	-10,369	11,108	-0,983	0,223	0,269	0,459
9	-0,943	0,597	-10,189	9,844	-0,802	0,404	0,450	0,639
10	-0,946	0,594	-10,192	-11,137	20,197	0,401	0,447	0,636
11	-1,383	0,157	13,871	-11,574	-1,243	-0,037	0,009	0,199
12	-0,829	0,711	9,992	-11,020	-0,688	0,518	0,564	0,753
13	-3,801	-2,261	8,996	7,808	-3,660	-2,454	-2,408	-2,219
14	-1,146	0,394	-10,392	11,264	-1,005	0,201	0,247	0,437
15	-8,893	13,836	3,518	-19,084	12,425	-7,546	-7,500	13,245

O caráter número de ramificações (Tabela 8) para CEC, os cruzamentos promissores para obtenção de híbridos com um menor número de ramificações, revelam-se entre os pares de linhagens 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3' e 15-4'. Pressupõe-se que ações gênicas não aditivas atuam sobre o caráter número de ramificações, em razão da maior magnitude das estimativas *si* em relação a *gi*. Tornam-se importantes estudos de cruzamentos que proporcionam estimativas negativas, pois ao longo do processo de melhoramento de milho este caráter vem sendo selecionado negativamente, visando a obtenção de híbridos com menor número de ramificações. Neste contexto Edwards (2011), relata que a seleção para diminuição do número de ramificações, menor angulação de folha e sincronia entre florescimento feminino e masculino, contribuíram para aumento do rendimento de grãos nos híbridos de milho. Câmara et al. (2007) relatam que os programas de melhoramento que visam à tolerância a estresses abióticos consideram para seleção o número de ramificações do pendão, período entre o florescimento masculino e feminino, prolificidade e senescência retardada das folhas (*stay green*).

Tabela 8 - Capacidade específica de combinação para o número de ramificações do pendão resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

Mãe/Pai	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	8'
1	12,876	-1,153	9,463	4,483	-2,328	-1,490	-1,618	-1,307
2	-0,981	0,357	9,479	-8,151	-0,818	0,020	-0,108	0,203
3	12,841	-1,445	-9,754	6,268	-2,620	-1,782	-1,909	-1,598
4	-5,205	-3,867	5,178	-12,375	-5,042	11,774	13,558	-4,021
5	-2,735	-1,397	9,976	1,873	-2,572	-1,734	-1,861	-1,550
6	-2,955	-1,617	7,073	6,097	-2,792	-1,954	-2,082	-1,770
7	-0,847	0,491	-7,818	8,339	-0,684	0,154	0,027	0,338
8	-0,680	0,658	-7,651	7,171	-0,517	0,321	0,193	0,505
9	-0,619	0,719	-7,590	6,744	-0,456	0,382	0,255	0,566
10	-0,612	0,726	-7,584	-7,782	14,030	0,389	0,261	0,572
11	-0,877	0,461	8,751	-8,047	-0,714	0,124	-0,004	0,307
12	-0,791	0,547	8,149	-7,961	-0,628	0,210	0,082	0,393
13	-2,410	-1,073	4,751	5,153	-2,248	-1,410	-1,537	-1,226
14	-1,244	0,094	-8,215	11,119	-1,081	-0,243	-0,371	-0,059
15	-5,760	6,500	4,719	-12,930	8,470	-4,759	-4,887	8,647

Para o componente de rendimento avaliado MMG (Tabela 9) os cruzamentos promissores para o aumento do caráter são para os pares de linhagens 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 13-3', 13-4', 14-4', 15-2', 15-5' e 15-8', logo que suas estimativas são positivas. Em comparação com as estimativas da *gi* revela-se superioridade das estimativas da *si*, indicando maiores ações gênicas não aditivas. As linhagens 3' e 4' utilizadas como pai são responsáveis pela maioria dos efeitos positivos para aumento da MMG, onde demonstram boa capacidade combinatória com grande parte das linhagens do grupo I. Linhagens que apresentam estas magnitudes de capacidade combinatória são importantes para programas de melhoramento genético de híbridos, onde são elevadas as ações de complementaridade específicas com amplo grupo heterótico e ainda, segundo Aguiar et al. (2004), Bordallo et al. (2005), Oliboni et al. (2013) são desejáveis aquelas combinações híbridas com estimativas de CEC mais favorável que envolvam pelo menos um genitor entre as combinações que possua efeitos favoráveis de CGC, efeito que é apresentado neste trabalho. A presença de estimativas positivas e negativas envolvendo os cruzamentos indica que a existência da dominância não é unidirecional (CRUZ e VENCOVSKY, 1989).

Tabela 9 - Capacidade específica de combinação para a massa de mil grãos (gramas) e rendimento de grãos (kg ha^{-1}) resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos distintos em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

Massa de Mil Grãos								
Mãe/Pai	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	8'
1	259,920	-38,070	-195,800	146,510	-62,640	-36,680	-37,430	-35,770
2	-15,510	5,710	172,860	-165,650	-18,860	7,090	6,350	7,990
3	289,360	-38,260	-195,990	118,190	-62,830	-36,880	-37,620	-35,970
4	-101,170	-79,960	103,270	-251,320	-104,530	250,450	260,930	-77,670
5	-60,990	-39,780	156,880	123,290	-64,350	-38,390	-39,140	-37,490
6	-56,060	-34,850	143,540	107,040	-59,420	-33,460	-34,210	-32,560
7	-14,740	6,480	-151,250	153,860	-18,090	7,860	7,120	8,770
8	-13,730	7,490	-150,240	146,780	-17,080	8,880	8,130	9,770
9	-15,590	5,620	-152,110	159,840	-18,950	7,010	6,260	7,910
10	-18,720	2,490	-155,230	-168,860	328,500	3,880	3,140	4,790
11	-14,420	6,790	165,240	-164,560	-17,770	8,180	7,440	9,090
12	-17,710	3,500	188,300	-167,850	-21,070	4,890	4,140	5,790
13	-60,600	-39,390	162,190	115,610	-63,960	-38,000	-38,750	-37,100
14	-13,320	7,890	-149,840	143,960	-16,680	9,280	8,530	10,180
15	-146,710	224,310	58,190	-296,850	217,740	-124,110	-124,860	192,290

Rendimento de Grãos								
Mãe/Pai	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	8'
1	9010,06	-1295,75	-6470,72	4390,67	-1926,99	-1204,76	-1221,99	-1280,51
2	-493,40	193,05	5510,97	-5531,59	-438,19	284,05	266,81	208,29
3	8727,94	-1141,59	-6316,55	3747,82	-1772,83	-1050,59	-1067,83	-1126,35
4	-3055,39	-2368,94	3413,27	-8093,58	-3000,18	7608,58	7849,93	-2353,69
5	-2071,78	-1385,33	5448,56	4001,08	-2016,56	-1294,33	-1311,57	-1370,08
6	-1840,41	-1153,96	4999,94	3061,49	-1785,19	-1062,96	-1080,20	-1138,71
7	-559,39	127,06	-5047,90	5423,22	-504,18	218,06	200,82	142,31
8	-447,14	239,31	-4935,65	4637,47	-391,93	330,31	313,07	254,56
9	-610,33	76,12	-5098,84	5779,81	-555,12	167,12	149,88	91,37
10	-344,96	341,49	-4833,47	-5383,14	9015,59	432,49	415,25	356,74
11	-371,40	315,05	4656,97	-5409,59	-316,19	406,05	388,81	330,29
12	-659,68	26,77	6674,94	-5697,87	-604,47	117,76	100,53	42,01
13	-1968,27	-1281,82	5337,78	3490,80	-1913,05	-1190,82	-1208,06	-1266,57
14	-553,74	132,71	-5042,25	5383,60	-498,53	223,71	206,47	147,96
15	-4762,11	7175,83	1702,93	-9800,29	6707,82	-3984,66	-4001,89	6962,37

Efeitos significativos para CEC indicam que os genitores com as melhores estimativas podem gerar híbridos com maior heterose (OLIBONI et al., 2013), sendo que a CEC se manifesta em razão dos efeitos de dominância e epistasia e das diferenças nas frequências alélicas dos genitores para os locos envolvidos na expressão do caráter (HALLAUER et al., 2010). Com relação as estimativas da capacidade específica de combinação os cruzamentos para aumento do caráter

rendimento de grãos (Tabela 9) são entre as linhas 1-1', 1-4', 2-2', 2-3', 2-6', 2-7', 2-8', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-2', 7-4', 7-6', 7-7', 7-8', 8-2', 8-4', 8-6', 8-7', 8-8', 9-2', 9-4', 9-6', 9-7', 9-8', 10-2', 10-5', 10-6', 10-7', 10-8', 11-2', 11-3', 11-6', 11-7', 11-8', 12-2', 12-3', 12-6', 12-7', 12-8', 13-3', 13-4', 14-2', 14-4', 14-6', 14-7', 14-8', 15-2', 15-3', 15-5' e 15-8', porém a amplitude de variação das estimativas combinatórias é bastante elevada, segundo Cruz et al. (2004) baixos valores absolutos para *si* indicam que os híbridos F_1 's dentre os progenitores em questão, comportam-se como o que era esperado com base na capacidade geral de combinação dos progenitores, enquanto que altos valores absolutos de *si* demonstram que o comportamento de um cruzamento particular é relativamente melhor ou pior do que era esperado com base na CGC dos progenitores, desta forma presume-se que os cruzamentos 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 13-3', 14-4', 15-2', 15-5' e 15-8' exploram de forma vantajosa os efeitos não aditivos. Cruz et al. (2004) relata que a magnitude de *si* é um indicativo da divergência genética do progenitor *i* em relação a média dos outros progenitores considerados no dialelo, onde quanto maior for o valor absoluto maior será o efeito da heterose varietal ou inerente a cultivar que é manifestada em todos os híbridos. As linhagens 4 e 15 enquanto genitores femininos revelam estimativas favoráveis, como genitores masculinos destacam-se as linhas 3' e 4' com maior número de combinações com genitores do outro grupo heterótico. Os genitores 4 e 15 femininos e 3' e 4' masculinos apresentam elevadas estimativas tanto para a capacidade geral como capacidade específica de combinação, onde segundo Aguiar et al. (2004), Cruz et al. (2004), Bordalo et al. (2005), interessam ao melhorista as combinações híbridas com estimativas da capacidade específica de combinação mais favorável que envolvam pelo menos um dos progenitores que tenha o mais favorável efeito da capacidade geral de combinação.

A variância genética (Tabela 10) para os caracteres CFB apresenta variações nos ambientes de 2,83 a 1,29 (cm), para o caráter DUN 4,14 a 1,32 (cm), o CP 16,85 a 0,23 (cm). Destes caracteres o comprimento do pendão demonstra maior variância genética entre os ambientes analisados. O NR possui variância de 10,24 a 2,56, já a MMG tem magnitudes entre 671,70 a 46,86 (g) Ampére e Frederico, respectivamente o rendimento de grãos apresenta maior variação genética entre Ampére e Clevelândia, sendo que a menor magnitude de variação está em Ampére.

Tabela 10 - Estimativas da variância genética (σ_G^2), dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo e seus respectivos intervalos de confiança (Limite Superior – LS, Limite Inferior - LI), com estimativas para cada ambiente, Frederico Westphalen, 2013.

Caráter		Ampére	Clevelândia	Itapiranga	Pato Branco	Frederico
CFB	σ_G^2	2,260	1,297	1,230	2,837	2,168
	Herdabilidade LS	0,909	0,777	0,456	0,962	0,903
	Herdabilidade	0,883	0,713	0,299	0,951	0,875
	Herdabilidade LI	0,847	0,625	0,083	0,936	0,837
	C.V.(%)	6,509	8,189	19,929	4,522	6,412
DUN	σ_G^2	2,559	4,146	2,977	1,323	3,986
	Herdabilidade LS	0,859	0,543	0,708	0,550	0,837
	Herdabilidade	0,819	0,410	0,623	0,420	0,790
	Herdabilidade LI	0,763	0,230	0,508	0,242	0,726
	C.V.(%)	6,103	18,396	10,802	10,918	7,481
CP	σ_G^2	6,893	5,880	0,236	12,743	16,858
	Herdabilidade LS	0,851	0,717	0,243	0,892	0,920
	Herdabilidade	0,808	0,635	0,024	0,860	0,897
	Herdabilidade LI	0,749	0,524	-0,276	0,817	0,865
	C.V.(%)	3,637	5,215	9,442	4,148	3,854
NR	σ_G^2	10,201	2,564	3,178	10,244	2,675
	Herdabilidade LS	0,892	0,539	0,797	0,929	0,696
	Herdabilidade	0,861	0,405	0,739	0,909	0,608
	Herdabilidade LI	0,818	0,223	0,659	0,881	0,488
	C.V.(%)	14,814	21,271	11,439	10,472	15,477
MMS	σ_G^2	671,700	192,789	386,050	586,902	46,866
	Herdabilidade LS	0,699	0,767	0,605	0,665	0,355
	Herdabilidade	0,612	0,701	0,491	0,567	0,168
	Herdabilidade LI	0,493	0,607	0,335	0,435	-0,088
	C.V.(%)	11,834	4,168	11,086	10,622	8,055
Rend	σ_G^2	944367,22	1653325,56	1462500,96	1040344,34	1065751,78
	Herdabilidade LS	0,775	0,899	0,919	0,848	0,914
	Herdabilidade	0,709	0,870	0,896	0,803	0,888
	Herdabilidade LI	0,620	0,831	0,863	0,744	0,854
	C.V.(%)	10,004	5,809	6,506	6,953	8,813

CFB: Distância da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação do pendão (cm). **DUN:** Distância do último nó até primeira ramificação do pendão (cm). **CP:** Comprimento do pendão (cm). **NR:** Número de ramificações do pendão. **MMG:** Massa de mil grãos (gramas). **Rend:** Rendimento de Grãos (kg ha^{-1}).

As diferentes estimativas para os caracteres revelam que os efeitos de atuação dos ambientes proporcionam alterações na expressividade do caráter, as menores variâncias genéticas ou mais próximas de zero, indicam que a variação genotípica e fenotípica são quase semelhantes nas magnitudes dos valores, onde o ambiente é o principal elemento para aumento da variação fenotípica, logo a

variação genética de um ambiente para outro demonstra a influência do ambiente para estes caracteres. Estas oscilações entre as estimativas de variância genética, segundo Falconer (1996) e Carvalho et al., (2004) são atribuídas aos efeitos contrastantes e modificadores do ambiente, influenciando os mecanismos fisiológicos e controladores da expressão dos caracteres.

Os intervalos de confiança são diferentes de zero para Ampére, Clevelândia e Pato Branco para todos os caracteres avaliados, Itapiranga apresenta estimativas para dois caracteres muito próximos ou iguais a zero, respectivamente CFB e CP, Frederico possui a estimativa do LI para MMG inferior a zero. O rendimento de grãos apresenta baixa amplitude entre os intervalos de confiança. Estimativas da herdabilidade próximas de zero ou inferior apontam baixa expressividade do caráter as condições do ambiente e ou a implicações de erro experimental, para contornar esta situação, seria necessário para este ambiente em específico uma maior amostragem de plantas ou aumento do número de repetições, como efeito de minimizar os erros experimentais e ou elevar a representatividade, pela análise de um número maior de plantas. De acordo com Pinto et al. (2000), estimativas que apresentam intervalos de confiança menores são mais adequados para indicar a precisão dos parâmetros estimados e para baixas estimativas torna-se necessário um aumento da amostragem da população.

Os componentes e as estimativas de herdabilidade são importantes parâmetros para os programas de melhoramento em determinar a alocação de recursos necessários para a seleção de um caráter de interesse e desta forma elevar o ganho genético utilizando menos tempo e recursos (SMALLEY et al., 2004). A herdabilidade para os caracteres CFB e CP foi elevada, revelando elevada penetrância e expressividade dos caracteres para Ampére, Clevelândia, Pato Branco e Frederico, de 70 a 95% e 63 a 89%, porém, Itapiranga demonstra baixa herdabilidade para o caráter de 29,9% e 2,24%, estimativas bem inferiores aos demais ambientes, isto demonstrando que a expressividade do caráter é reduzida nesta condição de ambiente.

Os mecanismos atuantes neste local elevaram a variação fenotípica, e assim reduziram a expressividade do caráter, uma maior amostragem de plantas talvez fosse necessário para minimizar os efeitos do ambiente e elevar a representação para este local em específico. A herdabilidade dos caracteres DUN e NR revelam expressividade pelas suas estimativas de medianas a elevadas, os menores

coeficientes de herdabilidade são observados para Clevelândia de 41 e 40% respectivamente. Por tais circunstâncias a expressividade é específica para cada ambiente, tipo de progênie (meio-irmãos, irmãos completos, S_1 , S_2), de cada população, pois sofre variações desde a variação dos diferentes números de repetições empregados em cada experimento (HALLAUER, 2007).

A massa de mil grãos revela elevadas variações dos coeficientes de herdabilidade nos cinco ambientes estudados sendo de 0,70 em Clevelândia a 0,16 em Frederico, indicando que o caráter possui ação complexa com sua expressão dependendo de um maior número de genes, possuindo maiores variações na expressividade quando submetido a condições discrepantes, onde a ação da interação sobre o genótipo é mais impactante, logo que estimativas elevadas de herdabilidade indicam maior estabilidade às variações do ambiente e pelos caracteres apresentarem uma menor complexidade (CÂMARA et al., 2007), desta forma a penetrância e expressividade do caráter sobre condições de estabilidade é mais elevada. Os caracteres CFB e CP apresentam baixa expressividade as condições de Itapiranga e juntamente com Frederico para MMG, em virtude da magnitude dos coeficientes de herdabilidade serem inferiores aos demais ambientes. Para o rendimento de grãos as estimativas de herdabilidade revelam pouca variação e seus coeficientes podem ser considerados elevados, pressupõe-se que pela herdabilidade ser obtida pela razão entre a variância genotípica e fenotípica em cada ambiente, suas estimativas permaneceram elevadas pelas condições experimentais dos ensaios serem adequadas, uma vez que os coeficientes de variação podem ser considerados baixos.

A precisão na previsão das respostas dos caracteres é muito importante para a obtenção de sucesso nos programa de melhoramento de plantas, em que o objetivo é de obter estimativas fidedignas das médias dos caracteres (FRITSCHENETO et al., 2012), onde as tecnologias e o planejamento agregado sobre os experimentos tem contribuído positivamente para o aumento da precisão experimental em milho. Para Pimentel Gomes (2000), esta estatística adimensional permite comparar a precisão dos experimentos. Os coeficientes de variação (CV%) das análises individuais deste trabalho de cada local (Tabela 10) apresentam valores baixos a medianos, indicando boa precisão na tomada dos dados em cada ambiente para os caracteres avaliados (PIMENTEL GOMES, 1985). Entretanto vale ressaltar que o coeficiente de variação relaciona-se ao desvio padrão residual com

percentagem da média geral do experimento, onde a comparação com diferentes experimentos e caracteres pode não ser adequado, devido as diferentes condições de planejamento e execução do experimento, e também das magnitudes específicas do caráter para a espécie que está sendo comparado.

3.4 Conclusões

Considerando os efeitos gerais os não aditivos são mais importantes que os efeitos aditivos para o conjunto de caracteres analisados.

Para o grupo I as estimativas das linhagens 15 e 4 e linhagens 3' e 4' do grupo II baseando-se na CGC são favoráveis para o aumento da massa de mil grãos e rendimento de grãos.

Para as avaliações de pendão dos caracteres CP, DUN, NR e CFB os dois grupos heteróticos não revelam magnitudes com estimativas dissimilares. Estes caracteres são consistentes e estão fixados dentro dos grupos heteróticos, em vista de não apresentarem interação entre as capacidades combinatórias com o ambiente.

Para os caracteres comprimento de pendão, distância do último nó e da folha bandeira a primeira ramificação do pendão, avaliados os melhores cruzamentos baseando-se na CEC são 1-3', 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3' e 15-4', apresentando estimativas favoráveis para expressão destes caracteres.

Os cruzamentos promissores para aumento da massa de mil grãos são entre as linhagens 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 13-3', 13-4', 14-4', 15-2', 15-5', 15-8', demonstrando estimativas *si* positivas e favoráveis.

Os cruzamentos promissores para aumento do rendimento são 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 13-3', 14-4', 15-2', 15-5' e 15-8'. Entre os cruzamentos mais promissores para capacidade específica pelo menos dois genitores possuem elevada capacidade geral de combinação.

O comprimento do pendão e a massa de mil grãos são os caracteres com maiores magnitudes de variância genética entre os ambientes analisados.

O ambiente de Itapiranga apresenta a menor expressividade para os caracteres comprimento do pendão, distância da folha bandeira a primeira ramificação do pendão e massa de mil grãos juntamente com o ambiente de Frederico Westphalen.

3.5 Referências bibliográficas

AGUIAR, C. G.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVÉRIO, L.; ANDRADE, C. A. B. Análise dialéctica de linhagens de milho na safrinha. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 6, p. 1731-1737, 2004.

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. New York: John Wiley, 2. ed. 1999.

ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population, ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 2 mar./apr. 2008.

BERKE, T. G.; ROCHEFORD, T. R. Quantitative *Trait Loci* for Tassel Traits in Maize. **Crop Science**, v. 39, p. 1439-1443, set./out. 1999.

BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Estimativas de heterose em híbridos de populações F₂ de milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 42, n. 1, p. 56-62, jan./mar. 2012.

BETRÁN, F. J.; RIBALT, J. M.; BECK, D.; LEÓN, D. G. Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in maize tropical under stress and nonstress environment. **Crop Science**, v. 43, maio/julho, p. 797-806, 2003.

BORDALLO, P. N.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GABRIEL, A. P. C. Análise dialéctica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 123-127, 2005.

BUREN, L. L.; MOCK, J. J.; ANDERSON, I. C. Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. **Crop Science**, v.14, p. 426-429, 1974.

CÂMARA, T. M. M.; BENTO, D. A. V.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; JÚNIOR, C. L. S. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.4, p.595-603, 2007.

CARVALHO, A. D. F.; SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P. Capacidade de combinação de progênies parcialmente endogâmicas obtidas de híbridos comerciais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.3, p.429-437, 2004.

CARVALHO, C. G. P.; BORSATO, R.; CRUZ, C. D.; VIANA, J. M. S. Path analysis under multicollinearity in $S_0 \times S_0$ maize hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, n.3, p.263-270, 2001.

CRUZ, C. D. VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, p. 425-438, 1989.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994, 380 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

DIVAN, R.; KHORASANI, S. K.; EBRAHIMI, A.; BAKHTIARI, S. Study on Combining Ability and Gene Effects in inbred lines and single Cross hybrids of Forage maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Agronomy and Plant Production**. vol. 4, n. 6, p. 1290-1297, 2013.

DUNCAN, W. G.; WILLIAMS, W. A.; LOOMIS, R. S. Tassels and the productivity of maize. **Crop Science**, v.7, jan./feb. 1967.

EDWARDS, J. Changes in plant morphology in response to recurrent selection in the Iowa Stiff stalk synthetic maize population. **Crop Science**, v. 51, nov./dec. 2011.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279p.

FRITSCHÉ-NETO, R.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C. A.; MIRANDA, V. G.; REZENDE, L. M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum Agronomy**, vol. 34, nº. 1, Jan./Mar. 2012.

FUZATTO, S. R.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, n.1, p. 22-32, jan./fev. 2002.

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

HALLAUER, A. R. History, Contribution, and Future of Quantitative Genetics in Plant Breeding: Lessons From Maize. **Crop Science**, v. 47, n. 3 p.4-19, 2007.

HALLAUER, A. R.; CARENA, J. M.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 500p.

JUNG, M. S.; VIEIRA, E. A.; SILVA, G. O.; BRANCKER, A.; NODARI, R. O. Capacidade de combinação por meio de análise multivariada para caracteres fenotípicos em maracujazeiro-doce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.5, p.689-694, maio 2007.

KHAYATNEZHAD, M.; GHOLAMIN, R.; SOMARIN, S. J.; MAHAMOODABAD, R. Z. Correlation coefficient analysis between grain yield and its components in corn (*Zea mays*L.) hybrids. **Am-Euras Journal Agricultural & Environmental Science**, v.9, n. 1, p. 105-108, 2010.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, M. W. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v.25, p.192-194, 1985.

KU, L. X.; ZHAO, W. M. ZHANQ, J.; WU, L. C.; WANG, C. L.; WANG, P. A.; ZHANG, W. Q.; CHEN, Y. H. Quantitative trait loci mapping of leaf angle and leaf orientation value in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, p. 951-959, 2010.

LOPES, S. J.; LÚCIO, A. D.; STORCK, L.; DAMO, H. P.; BRUM, B.; SANTOS, V. J. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v. 37, n. 6, nov./dez. 2007.

MACHADO, J. C.; SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P.; Lima, J. L. Stability of combining ability effects in maize hybrids. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 4, p. 494-498, 2009.

MICKELSON, S. M.; STUBER, C. S.; SENIOR, L.; KAEPLER. Quantitative *Trait Loci* Controlling Leaf and Tassel Traits in a B73xMo17 Population of Maize. **Crop Science**, v. 42, p. 1902-1909, 2002.

MOCK, J. J.; SCHUETZ, S. H. Inheritance of tassel branch number in maize. **Crop Science**, v. 14, p. 885-888, 1974.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M.; SINGH, N. N. Sequential path model for determining interrelationships among grain yield related characters in maize. **Crop Science**, v. 43, n. 5, p. 690-697, 2003.

MORENO, J. A. **Clima do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre, Secretaria da Agricultura, 1961. 42p.

NETO, A. L. F.; MIRANDA FILHO, J. B. Genetic correlation between traits in the ESALQ-PB1 maize population divergently selected for tassel size and ear height. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.58, n.1, jan./mar. 2001.

NETO, A. R.; NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Potential of twenty germplasms to improve Brazilian maize architecture. **Brazilian Journal Genetic**, Ribeirão Preto, v. 20, n. 4, 1997.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Análise dialéctica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18, jan./fev. 2013.

OLIVEIRA, A. C.; MORAIS, A. R.; JÚNIOR, S. L. C.; GAMA, E. E. G. Análise de cruzamentos dialécticos parciais repetidos em vários ambientes. **Revista Brasileira Genética**, Ribeirão Preto, v. 10, n. 3, p.517-533, 1987.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose**. Boletim nº1. Fundação Cargil, São Paulo, 1974. 36p.

PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e Produção de Milho**. 1987. 795p.

PFANN, A. Z.; FARIA, M. V.; ANDRADE, A. A.; NASCIMENTO, I. R.; FARIA, C. M. D. R.; BRINGHENTTI, R. M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 3, p. 128-134, 2009.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. São Paulo: USP/Esalq, 1985, 467p.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de Estatística experimental**. 14 ed. Piracicaba: Livraria Nobel, 2000, 468p.

PINTO, R. M. C.; NETO, F. P. L.; JÚNIOR, C. L. S. Estimativa do número apropriado de progênies S_1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 63-73, jan. 2000.

PINTO, R. J. B.; KVITSCHAL, M. V.; SCAPIM, C. A.; FRACARO, M.; BIGNOTTO, L. S.; NETO, I. L. S. Análise dialélica parcial de linhagens de milho-pipoca. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.6, n.3, p. 325-337, 2007.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Alterations in heterosis of maize populations derived from single-cross hybrids after reciprocal recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, n.1, p.74-80, 2004.

SANGOI, L.; SALVADOR, R. J. Effect of maize detasseling on grain yield tolerance to high plant density and drought stress. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 5, p. 677-684, 1998.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M. L.; SILVA, P. R. P. F.; ARGENTA, G. Bases morfofisiológicas para maior tolerância dos híbridos modernos de milho a altas densidade de plantas. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, p. 101-110, 2002.

SANGOI, L.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M.; SILVA, P. R. F. Resposta de híbridos de milho cultivados em diferentes épocas à população de plantas e ao despendoamento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.36, n.5. p. 1367-1373, set./out. 2006.

SAS, GETTING **Started with the SAS® Learning Edition**. Cary, NC: SAS Institute, 2013. 81 p.

SMALLEY, M. D.; DAUB, J. L.; HALLAUER, A. R. Estimation of heritability in maize by parent-offspring regression. **Maydica**, Bergamo, v. 49, n. 3, p. 221-229, 2004.

TAJWAR, I.; CHAKRABORTY, M. Combining ability and heterosis for grain yield and its components in maize inbreds over environments (*Zea mays* L.). **African Journal of Agricultural Research**, vol. 8 n . 25 p. 3276- 3280. July. 2013.

VALÉRIO, I. P.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; LORENCETTI, C.; SOUZA, V. Q.; SILVA, J. A. G.; HARWING, I.; SCHMIDT, A. M.; BERTAN, I.; RIBEIRO, G. Estabilidade da produção e da capacidade de combinação de diferentes populações de aveia. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 2, p. 331-346, abr./jun. 2009.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e Produção de Milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

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

WESTGATE, M. E.; LIZASO, J.; BATCHELOR, W. Quantitative Relationships between Pollen Shed Density and Grain Yield in Maize. **Crop Science**, v. 43, p. 934-942, 2003.

CAPÍTULO III

4 ASSOCIAÇÃO DE CARACTERES SECUNDÁRIOS COM OS COMPONENTES DE RENDIMENTO EM F₁'S DE MILHO

RESUMO: As estimativas da análise de trilha são uma importante ferramenta no auxílio ao melhorista de plantas para o entendimento das reais associações entre os caracteres. O trabalho tem o objetivo de identificar magnitudes de associações fenotípicas, genotípicas e as relações de causa e efeito de componentes secundários sobre componentes primários de rendimento como uma forma de se estabelecer critérios a serem considerados em processos de seleção indireta. As linhagens utilizadas nos cruzamentos dos dois grupos heteróticos são provenientes da empresa KSP Sementes. Os ensaios foram conduzidos baseados em cruzamentos com esquema dialélico parcial, utilizando-se 15 genitores femininos e oito genitores masculinos. Os ensaios do dialélico foram conduzidos na safra agrícola 2011/2012 em cinco ambientes, em delineamento experimental de blocos completos ao acaso com três repetições. As variáveis analisadas foram: diâmetro do colmo (DC), ângulo de folha (AF), comprimento do pendão (CP), distância do último nó do colmo até a primeira ramificação do pendão (DUN), distância da folha bandeira a primeira ramificação do pendão (CFB), número de ramificações primárias na haste principal do pendão (NR), número de ramificações secundárias no pendão (NRS), área foliar (AFT), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (Rend). As correlações genotípicas são superiores as fenotípicas para todos os caracteres avaliados revelando associações significativas com os componentes de rendimento avaliados. As variáveis distância do último nó até primeira ramificação do pendão, comprimento do pendão e número de ramificações revelam efeitos negativos com massa de mil grãos e rendimento tanto para as estimativas lineares fenotípicas e genotípicas. A distância do último nó até a primeira ramificação do pendão influencia negativamente via efeito direto o rendimento de grãos, devendo ser um caráter considerado para os critérios de seleção de linhagens com menor prolongamento entre o último nó do pendão até as ramificações do pendão. A seleção para menor ângulo de folha e maior diâmetro de colmo e massa de mil grãos mostram-se favoráveis para o aumento de rendimento de grãos em milho.

Palavras chave: Efeitos diretos e indiretos; *Zea Mays* L; Caracteres de pendão.

ASSOCIATION OF SECONDARY TRAITS WITH YIELD COMPONENTS IN F₁'S MAIZE

ABSTRACT: Estimates of path analysis is an important tool to aid the plant breeder to understand the real associations between traits. The study aims to identify magnitudes of associations phenotypic and genotypic relationships of cause and effect of secondary traits with primary yield components as a way to establish criteria to be considered in cases of indirect selection. The strains used in the crosses of the two heterotic groups are from the company KSP Seeds. The tests were conducted based on crosses with partial diallel, using 15 female parents and male parents eight. The tests were conducted diallel in the season 2011/2012 in five environments in a randomized complete block design with three replications. The variables analyzed were: stem diameter (DC), leaf angle (AF), tassel length (CP), distance from the last node of the stem to the first branch of the tassel (DUN), distance from the flag leaf to the first branch tassel (CFB), number of primary branches on the main stem of the tassel (NR), number of secondary branches in the tassel (NRS), leaf area (AFT), thousand grain weight (MMG) and grain yield (Rend). The genotypic correlations are higher for all the phenotypic traits revealed significant associations with yield components evaluated. The variable distance from the last node to the first branch of the tassel, tassel length and number of branches reveal negative effects with thousand grain weight and yield estimates for both linear phenotypic and genotypic methods. The distance from the last node to the first branch of the tassel negatively influences via direct affect grain yield, should be a character considered for the criteria of selection of lines with a smaller increase between the last node to the tassel tassel branches. Selection for smaller leaf angle and greater stem diameter and mass of a thousand grains appear to be favorable for the increase of grain yield in maize.

Key words: Direct and indirect effects; *Zea Mays* L.; Traits of tassel.

4.1 Introdução

A cultura do milho tem sido muito investigada nas últimas décadas, com enfoque principal para o aumento da produtividade (FANCELLI; DOURADO NETO, 2004). Sendo o melhoramento genético a principal ciência aplicada e responsável pela elevação da produção de grãos em híbridos de milho, principalmente após a descoberta dos efeitos heteróticos observados com o cruzamento de linhagens endogâmicas (BERNINI; PATERNIANI, 2012).

O melhoramento clássico pode ser realizado de maneira direta pela seleção de plantas superiores, ou por vias indiretas, através do conhecimento das associações existentes entre caracteres, mas o ambiente e a interação proporcionam alterações no fenótipo, mesmo para híbridos resultantes de linhagens homozigotas. O fenótipo sofre alterações em ambientes contrastantes, principalmente para caracteres que possuem baixa penetrância e expressividade (RAMALHO, 2012). Porém, cabe ao melhorista avaliar a magnitude da significância e quantificar os efeitos da interação e assim determinar as técnicas e estratégias na adoção dos procedimentos de seleção (SILVA et al., 2002). O entendimento das associações entre caracteres é extremamente importante para os ganhos genéticos e seleção dos melhores genitores, cujo objetivo final do melhoramento é o desenvolvimento de híbridos superiores com elevada performance para os principais caracteres desejáveis (HALLAUER, 2007).

A seleção indireta é recomendada para o caráter que apresenta baixa herdabilidade, difícil mensuração, ou quando a seleção é efetuada precocemente pelo melhorista. Neste sentido a análise de trilha (*path analysis*) desenvolvida por Wright (1921, 1923) é um importante artifício, pois decompõem a correlação linear existente dos demais caracteres com o caráter de interesse em efeitos diretos e indiretos (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ; CARNEIRO, 2006) auxiliando o melhorista com o entendimento das relações existentes (KUREK et al., 2001) e possibilitando progressos mais rápidos em comparação com a seleção praticada de forma direta (FERREIRA et al., 2007).

Vencovsky e BARRIGA (1992) citam que a correlação entre caracteres que podemos visualizar diretamente em experimentos é de natureza fenotípica, está provocada por fatores genéticos e ambientais. A correlação genética denota a magnitude da associação genética entre caracteres em um indivíduo ou seja, quantifica as influências que determinados caracteres exercem sobre outros (RESENDE, 2002), podendo ser causada por efeitos pleiotrópicos dos genes ou então por falta de equilíbrio de ligação, a falta de equilíbrio manifesta-se especialmente nas primeiras gerações de populações obtidas do intercruzamento de progenitores geneticamente contrastantes (FALCONER, 1987). Entretanto as correlações genéticas, fenotípicas ou ambientais são indicadoras de associação e ou da relação entre variáveis, porém, nem sempre as suas magnitudes evidenciam relações de causa e efeito (FALCONER, 1987). Neste contexto, a análise de trilha é

frequentemente empregada por pesquisadores por evidenciar correlações de causa e efeito entre os caracteres aos quais se aplicam (CRUZ et al., 2004). Porém de acordo com Coimbra et al. (2005), para que as inferências das relações entre os caracteres tenham estimativas com interpretação biologicamente segura, é fundamental que se efetue o teste de colinearidade dos caracteres independentes. O estudo isolado de correlações lineares não indica a importância relativa dos componentes primários e secundários sobre a produção de uma determinada cultura, não constatando se a correlação entre os caracteres é por relações de causa e efeito (BENIN et al., 2003).

Neste contexto, o trabalho tem o objetivo de identificar magnitudes de associações fenotípicas, genotípicas e as relações de causa e efeito de componentes secundários sobre componentes primários de rendimento como uma forma de estabelecer critérios a serem considerados em processos de seleção indireta.

4.2 Material e métodos

O trabalho com os cruzamentos entre as linhas homozigóticas foi conduzido no município de Clevelândia - PR no ano agrícola de 2010/2011, as linhagens endogâmicas foram agrupadas em dois grupos heteróticos e são provenientes do programa de melhoramento genético da empresa KSP Sementes Ltda, com sede no município de Pato Branco – PR, são linhas com nove gerações de autofecundação (S_9 – geração de autofecundação). Os ensaios foram conduzidos baseados em cruzamentos com esquema de dialélico parcial, utilizando-se 15 genitores femininos e oito genitores masculinos.

A semeadura dos híbridos foi conduzida na safra agrícola 2011/2012 em cinco ambientes distintos dos três estados da região Sul do Brasil. No Rio Grande do Sul, o ensaio foi conduzido no Município de Frederico Westphalen, a semeadura foi realizada em 15 de setembro de 2011, sendo as coordenadas $27^{\circ} 23' 47''$ de latitude sul e $53^{\circ} 25' 35''$ de longitude oeste, com 480 metros de altitude no local do ensaio, a região situa-se no Norte do estado e possui como principais características

climáticas temperatura média anual de 18,8°C e temperatura média do mês mais frio de 13,3°C com clima de tipo sub temperado sub úmido.

Em Santa Catarina, o ensaio foi conduzido no município de Itapiranga, a semeadura foi realizada dia 13 de setembro de 2011, sendo as coordenadas 27° 10' 10" de latitude sul e 53° 42' 44" de longitude oeste, com 206 metros de altitude no local do ensaio, região que situa-se no extremo oeste catarinense com temperaturas no mês mais frio de 13°C e 30°C no mês mais quente com precipitações médias de 150 mm.

No estado do Paraná, os ensaios foram conduzidos em três locais, em Pato Branco a semeadura foi realizada em 18 de setembro de 2011, com as coordenadas 26° 13' 44" de latitude sul e 52° 40' 15" de longitude oeste com 760 metros de altitude no local do ensaio com temperatura média do mês mais quente acima de 22°C e do mês mais frio 18°C com clima do tipo subtropical úmido. Ampére a semeadura foi realizada 20 de setembro de 2011, nas coordenadas 25° 54' 20" de latitude sul e 53° 25' 54" de longitude oeste com 580 metros de altitude no local do ensaio, com temperatura mínima de 13 °C e máxima de 29°C, precipitação média mensal de 170 mm. Clevelândia a semeadura foi realizada em 22 de setembro de 2011 nas coordenadas 26° 21' 17" e latitude sul e 52° 28' 56" de longitude oeste com 860 metros de altitude no local do ensaio, as temperaturas mínimas de 11°C e máximas de 27°C, as precipitações médias mensais são de 170 mm.

O dialelo parcial foi conduzido em delineamento experimental nos cinco ambientes de blocos completos ao acaso com três repetições por local, antecipadamente a instalação do ensaio realizou-se verificação e levantamento das características estranhas, sendo que o modelo com blocos completos casualizados confere para os ensaios maior controle, priorizando a homogeneidade dentro do bloco e logrando a heterogeneidade entre blocos.

As unidades experimentais foram compostas por duas linhas de semeadura de cinco metros de comprimento, espaçadas 0,70 metros. As linhas de semeaduras foram demarcadas com semeadura em sistema de semeadura direta, logo, as sementes híbridas provenientes dos cruzamentos dos dois grupos heteróticos foram semeadas de forma manual. A semeadura foi realizada de acordo com o zoneamento agroclimático de cada local. O manejo do solo, e os tratamentos culturais foram os mesmos para os cinco locais, obedecendo aos estádios fenológicos e a necessidade da cultura, onde após a emergência e estabelecimento da cultura

realizou-se o ajuste manual da população das parcelas para 42 plantas por unidade experimental, o equivalente a 60 mil plantas ha⁻¹.

As variáveis analisadas foram diâmetro do colmo (DC) aferido com paquímetro digital entre o segundo e terceiro entrenó em milímetros, ângulo de folha (AF), aferido na folha junto a espiga com transferidor tipo régua em grau, comprimento do pendão (CP) em centímetros, distância do último nó do colmo até a primeira ramificação do pendão (DUN) em centímetros, comprimento da folha bandeira a primeira ramificação do pendão (CFB) aferido no colmo na altura do colar da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação em centímetros, número de ramificações primárias na haste principal do pendão (NR), número de ramificações secundárias no pendão, inseridas junto as ramificações secundárias (NRS), área foliar (AFT) mensurada pela medida do comprimento e largura de todas as folhas da planta, a estimativa da área foliar foi obtida com base na correção do produto entre o comprimento e a largura da folha, por um fator variando de 0,73 a 0,75 (MONTGOMERY, 1911), citado por Francis et al. (1969), Petry et al. (2007), massa de mil grãos (MMG) mensurada pela contagem manual de oito repetições de 100 sementes, em gramas e rendimento de grãos (Rend) obtido pela colheita manual de todas as parcelas em cada ambiente e mensurado para Kg ha⁻¹.

Os caracteres CP, DUN, CFB, NR, NRS foram mensurados quando a cultura do milho estava em pleno florescimento. As variáveis DC, AF, AFET foram aferidas no estágio de enchimento de grão (Grão Leitoso) em três plantas competitivas de cada parcela. O rendimento de grãos foi mensurado no momento da colheita das parcelas. A massa de mil grãos foi aferida em pós - colheita.

As correlações fenotípicas foram obtidas conforme modelo de Carvalho et al. (2004) através da seguinte equação:

$$r_{P(xy)} = \frac{COV_{P(XY)}}{\sigma_{P(X)} * \sigma_{P(Y)}}$$

onde:

$COV_{P(XY)}$ = covariância fenotípica entre os caracteres X e Y;

$\sigma_{P(X)}$; $\sigma_{P(Y)}$, desvio padrão dos caracteres X e Y.

As correlações genéticas foram obtidas através da seguinte equação:

$$r_{G(xy)} = \frac{COV_{G(XY)}}{\sigma_{G(X)} * \sigma_{G(Y)}}$$

Onde:

$COV_G(XY)$ = covariância genotípica para os caracteres X e Y;

$\sigma_{G(X)}$; $\sigma_{G(Y)}$, desvio padrão dos caracteres X e Y.

A hipótese foi testada ao nível de 95% de significância pelo teste t descrito por Steel e Torrie (1980).

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2}$$

Onde:

r = coeficiente de correlação entre os caracteres X e Y;

n = graus de liberdade correspondente a cada geração.

Para análise de trilha as estimativas dos efeitos diretos e indiretos foram realizadas considerando o seguinte modelo estatístico: $y = p_1x_1 + p_2x_2 + \dots + p_nx_n + p_eu$, onde y = variável dependente rendimento de grãos; x_1, x_2, \dots, x_n : variáveis explicativas; p_1, p_2, \dots, p_n : coeficientes de trilha.

As estimativas dos coeficientes de trilha são estimados, baseando-se no sistema de equações $X'X\beta = X'Y$ (LI, 1975), sendo;

$$X'Y = \begin{pmatrix} r_{1y} \\ r_{2y} \\ \vdots \\ r_{ny} \end{pmatrix}, X'X = \begin{pmatrix} 1 & r_{12} & \dots & r_{1n} \\ r_{12} & 1 & \dots & r_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{1n} & r_{2n} & \dots & 1 \end{pmatrix} \text{ e } \beta = \begin{pmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_n \end{pmatrix}$$

Desta forma realizando a decomposição da correlação entre a variável dependente e as variáveis explicativas da seguinte forma (CRUZ; CARNEIRO, 2006):

$$r_{1y} = p_1 + p_2r_{12} + \dots + p_nr_{1n}$$

$$r_{2y} = p_1r_{12} + p_2 + \dots + p_nr_{2n}$$

...

$$r_{ny} = p_1r_{1n} + p_2r_{2n} + \dots + p_n$$

$$r_{iy} = p_i + \sum_{j \neq i}^n p_j r_{ij}$$

Onde:

r_{iy} : correlação entre a variável principal selecionando pelo pesquisador (y) e a i-ésima variável explicativa;

p_i : medida do efeito direto da variável i sobre a variável principal;

$p_i r_{ij}$: medida do efeito indireto da variável i, via variável j, sobre a variável principal.

Conforme Cruz e Carneiro (2006), quando a exclusão das variáveis não é desejada pelo pesquisador, adota-se procedimentos semelhante a análise de regressão em crista. Nesta metodologia, admite-se que na presença de multicolinearidade, o estimador de mínimos quadrados obtido de $X'Y$, pode estar vinculado a variâncias muito elevadas. Este efeito adverso pode ser modificado ligeiramente o sistema de equações normais com introdução da constante K na diagonal da matriz $X'X$. Desta forma, os coeficientes de trilha são obtidos: $(X'X + KI)$
 $\sigma = X'Y$;

$$\sigma = \begin{bmatrix} p_1^* \\ p_2^* \\ \dots \\ p_n^* \end{bmatrix}$$

Com a inclusão da constante K a decomposição da correlação entre as variáveis explicativas e a variável básica é dada por:

$$r_{1y} = (1+K)p_1^* + p_2^*r_{12} + \dots + p_n^*r_{1n}$$

$$r_{2y} = p_1^*r_{12} + (1+K)p_2^* + \dots + p_n^*r_{2n}$$

...

$$r_{ny} = p_1^*r_{1n} + p_2^*r_{n2} + \dots + (1+K)p_n^*$$

Assim, tem-se:

$$r_{iy} = (1+K)p_{1i}^* + \sum_{j \neq i}^n p_j^* r_{ij}$$

Para o valor de K são considerados valores de 0 a 1, onde Carvalho e Cruz (1996) ressaltam que entre os valores deve-se optar pelo menor valor da constante, para o qual a maioria dos coeficientes de trilha, vinculados aos vários caracteres estejam estabilizados. A determinação do diagrama de trilha é dada por:

$$R^2 = p_1r_{1y} + p_2r_{2y} + \dots + p_nr_{ny}$$

O efeito residual é estimado através:

$$\rho_\varepsilon = \sqrt{1-R^2}$$

Os dados coletados foram tabulados em planilha eletrônica do Microsoft Excel e após foram submetidos a análise de variância individual, para comprovação da homogeneidade das variâncias, realizou-se a padronização do conjunto de dados, após realizou-se a análise de correlação linear fenotípica e genotípica e análise de

trilha para obtenção das estimativas fenotípicas e genotípicas. As análises foram elaboradas no programa computacional Genes (Cruz, 2006).

4.3 Resultados e discussões

Inicialmente realizou-se a verificação da existência de colinearidade entre o conjunto de variáveis, o apontamento segundo metodologia de Montgomery e Peck (1982) foi de colinearidade fraca, com número de condições menor que 100 ($NC < 100$). Na tabela 11 são apresentadas as correlações fenotípicas e genotípicas para os caracteres DC, AF, CFB, DUN, CP, NR, NRS, AFT, MMG e rendimento. De acordo com Falconer (1987), as correlações entre caracteres possuem dois princípios basicamente um de origem genética e outro de ambiente, este último podendo ser observado de forma direta.

Vencovsky e BARRIGA (1992) citam que as variações de ambiente podem provocar correlações entre os caracteres, positivas ou negativas, de natureza unicamente ambiental, por estes motivos devemos realizar o desdobramento da correlação fenotípica em seus componentes quando medimos um conjunto de caracteres. Por fim, as inferências sobre as correlações genotípicas são importantes para o grupo de indivíduos analisados, onde de acordo com Cruz et al. (2004) é justificado ausência de comparação com outros grupos, pois o conjunto gênico de ação pleiotrópico atuante, e os blocos gênicos presentes nos indivíduos são os responsáveis pela associação nas populações derivadas.

Os resultados apontam significância para as correlações fenotípicas e genéticas, respectivamente. As correlações fenotípicas apresentam 23 pares significativos, as correlações genotípicas apontaram 28 pares com significância. Na análise dos pares de correlações a magnitude das relações genotípicas é superior as correlações fenotípicas para todas as estimativas, a superioridade deste grupo indica que as contribuições dos componentes genotípicos têm maior magnitude na correlação total, do que os componentes genéticos e ambientais que resultam na correlação fenotípica (FALCONER, 1987), porém a correlação genética representa a fração herdável dos caracteres do genitor para progênie, causados geralmente por

efeitos de genes pleiotrópicos ou ligados, sendo um atributo importante e que pode ser considerado em programas de melhoramento genético (COIMBRA et al., 2005).

Tabela 11- Coeficientes de correlação fenotípica (diagonal superior) e genotípica (inferior) de dez caracteres agrônômicos avaliados em cinco ambientes, Frederico Westphalen, 2013.

G/P	DC ¹	AF	CFB	DUN	CP	NR	NRS	MMG	AFT	Rend
DC	--	0,346*	-0,015	0,484*	0,168	0,399*	0,396*	-0,101	-0,143	0,325*
AF	0,438*	--	-0,482*	0,149	0,177	0,240*	0,401*	0,216	-0,490*	-0,004
CFB	-0,026	-0,566*	--	0,042	0,018	0,087	-0,126	-0,241*	0,706*	0,008
DUN	0,603*	0,230*	-0,023	--	0,416*	0,579*	0,203	-0,228*	-0,326*	-0,548*
CP	0,178	0,279*	-0,057	0,443*	--	0,117	-0,168	-0,108	-0,248*	-0,324*
NR	0,440*	0,300*	0,099	0,734*	0,136	--	0,362*	-0,244*	-0,187	-0,344*
NRS	0,454*	0,497*	-0,154	0,255*	-0,214	0,378*	--	-0,003	-0,153	-0,022
MMG	-0,160	0,296*	-0,297*	-0,321*	-0,155	-0,293*	-0,005	--	0,099	0,581*
AFT	-0,238*	-0,610*	0,789*	-0,378*	-0,329*	-0,241*	-0,193	0,097	--	0,284*
Rend	0,036	-0,016	0,026	-0,678*	-0,363*	-0,390*	-0,027	0,680*	0,311*	--

¹DC: diâmetro do colmo (mm); AF: ângulo de folha; CFB: distância da folha bandeira a primeira ramificação (cm); DUN: distância do último nó até inserção da ramificação do pendão (cm); CP: comprimento do pendão (cm); NR: número de ramificações; NRS: número de ramificações secundárias; AFT: área foliar; MMG: massa de mil grãos (g); Rend: Rendimento de grãos (kg ha⁻¹).

*Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade de erro.

Com relação à magnitude de sinais pode-se apontar que as correlações fenotípicas e genotípicas apresentam os mesmos indicativos, não contrastantes para magnitude dos sinais, não revelando para a correlação fenotípica efeitos positivos e para a genotípica efeitos negativos, segundo Falconer (1987), o contraste de sinais entre as correlações indicam que ambas as causas de variação fenotípicas e genotípicas influenciam a expressão do caráter por mecanismos fisiológicos diferentes. Deste modo, características que possuem correlações genéticas positivas e negativas para ambiente, terão um entrave, uma vez que uma favorecerá para o incremento do caráter e a outra para redução. Porém estes efeitos não foram evidenciados entre os caracteres avaliados.

Com relação as correlações fenotípicas significativas chama-se a atenção as correlações dos pares CFB x MMG (-21,10%), DUN x MMG (-22,80%) e NR x MMG

(-24,4%), todos caracteres relacionados com o tamanho do pendão, demonstrando que fenótipos com expressão para maior tamanho de pendão, possuem probabilidade de redução da MMG, logo não sendo seus efeitos desejados pelos melhoristas, em vista da associação elevada deste com o rendimento de grãos, conforme revelada neste trabalho e também de Carvalho et al. (2001), Mohammadi et al. (2003), Lopes et al. (2007), Khayatnezhad et al. (2010), Nastasic et al. (2010). Entretanto muitas estimativas foram baixas, neste sentido Vencovsky e Barriga (1992), relatam que tais parâmetros não são verdadeiramente corretos, pois a ausência de correlação pode estar vinculada a não ligação linear dos caracteres, demonstrando desta forma, ausência de correlação.

As correlações fenotípicas entre os caracteres e principalmente os efeitos sobre o rendimento de grãos é destacado pela importância que é dada ao caráter no meio agrônomo. Entre as associações fenotípicas destacam-se os efeitos negativos dos caracteres do pendão DUN, CP e NR sobre o rendimento de grãos, pressupõe-se que a seleção para diminuição destes caracteres beneficiará o rendimento de grãos, devido a presença das associações lineares negativas destes componentes. Exceto para o número de ramificações, que já tem-se resultados de pesquisa que corroboram com este trabalho, onde as ramificações presentes no pendão influenciam negativamente o rendimento de grãos, segundo Sangoi e Salvador, (1998); Sangoi et al. (2002); Edwards (2011) devido a maior demanda de energia e pelo balanço hormonal na planta, entretanto os demais caracteres são ainda pouco pesquisados, mas pressupõe-se que afetam da mesma forma o rendimento de grãos e merecem atenção por parte do melhorista.

As correlações genotípicas positivas indicam que a seleção para aumento de um caráter proporcionará a mesma magnitude de resposta no outro caráter, as correlações negativas indicam que a redução de um caráter afetará positivamente o aumento do outro caráter. Deste modo, é importante ressaltar as correlações significativas de AF x MMG (29,6%), CFB x MMG (-29,7), DUN x MMG (-32,10%), NR x MMG (-29,30). Para Falconer (1987) uma variável ou caráter auxiliar, pode ser, às vezes, mais adequado para se melhorar o caráter principal, do que a própria seleção do caráter principal.

Em relação as associações lineares com o rendimento, destacam-se principalmente os efeitos negativos das características de pendão, onde a redução no tamanho do pendão e no número de ramificações afetaria positivamente o

rendimento de grãos. A magnitude dos efeitos é respectivamente para os pares DUN x Rend (-67,8%), CP x Rend (-36,3%), NR x Rend (-39,0%), pressupõe-se que a seleção deve ser realizada considerando estes três caracteres pois suas estimativas são negativas e com magnitudes consideráveis sobre o rendimento de grãos. As associações genéticas entre caracteres são ocasionadas pelo pleitropismo ou ligação, de um gene que confere mais que uma característica simultaneamente e também pelo desequilíbrio de associações entre alelos de diferentes *loci* não realizados de forma aleatória (FALCONER, 1987).

Os caracteres DUN, CP, NR e NRS revelam estimativas positivas e significativas com AF, pressupõe-se que seleção para menor ângulo de folha afetaria positivamente o rendimento via estimativas indiretas. Da mesma forma a seleção para maior AFT diminuiria os caracteres DUN, CP e NR, influenciando positivamente o rendimento de grãos. Porém tais inferências podem ser tomadas de forma precipitada, pela circunstância de poder existir relações com outros caracteres que podem não serem vistos, ou seja, a inferência sobre das correlações não pode estar vinculada as ações de causa e efeito, não justificando a tomada de inferências concretas sobre o tipo de associação que governa o par de caracteres X/Y (COIMBRA et al., 2005). Sugere-se para, um cuidado especial com caracteres que possuem estimativas positivas e negativas com outros caracteres, em virtude da seleção para um caráter provocar efeitos indesejáveis em outro caráter (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Para tanto é necessário uma análise com estimativas que separam as associações das variáveis em efeitos diretos e indiretos sobre um caráter principal. Neste contexto, a estratégia de adoção a análise de trilha para desmembramento das reais ações de causa e efeito entre os caracteres torna-se uma importante ferramenta aos pesquisadores, permitindo priorizar os caracteres de maior relevância, como alternativa de redução de tempo para aumento do rendimento de grãos (COIMBRA et al., 2005).

Com relação ao caráter diâmetro do colmo (DC) os efeitos diretos fenotípicos e genotípicos foram elevados (34,6% e 65,11%), sobre o rendimento de grãos (Tabela 12).

Tabela 12 - Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos e genotípicos do diâmetro do colmo (DC), ângulo de folha (AF) e distância da folha bandeira até inserção da primeira ramificação do pendão dos caracteres sobre o caráter fixado como principal rendimento de grãos, na cultura do milho para os cinco ambientes de avaliação, Frederico Westphalen, RS, 2013.

Variável diâmetro do colmo	Fenotípica	Genotípica
Efeito direto sobre rendimento	0,34629	0,65114
Efeito indireto via AF	-0,01966	-0,16688
Efeito indireto via CFB	-0,00198	-0,00301
Efeito indireto via DUN	-0,22788	-0,56798
Efeito indireto via CP	-0,01986	0,01050
Efeito indireto via NR	-0,02757	0,10083
Efeito indireto via NRS	-0,00779	0,00788
Efeito indireto via MMG	-0,04814	-0,10532
Efeito indireto via AFT	0,00451	0,04394
Total	0,3250	0,03630
Variável ângulo de folha		
Efeito direto sobre rendimento	-0,05680	-0,38136
Efeito indireto via DC	0,11989	0,28494
Efeito indireto via CFB	-0,06502	-0,06688
Efeito indireto via DUN	-0,06999	-0,21638
Efeito indireto via CP	-0,02099	0,01641
Efeito indireto via NR	-0,01655	0,06872
Efeito indireto via NRS	-0,00790	0,00863
Efeito indireto via MMG	0,10313	0,19503
Efeito indireto via AFT	0,01547	0,11281
Total	-0,00440	-0,01640
Variável distância do colar da folha bandeira		
Efeito direto sobre rendimento	0,13484	0,11822
Efeito indireto via DC	-0,00509	-0,01660
Efeito indireto via AF	0,02739	0,21573
Efeito indireto via DUN	-0,01970	0,02196
Efeito indireto via CP	-0,00214	-0,00336
Efeito indireto via NR	-0,00603	0,02258
Efeito indireto via NRS	0,00248	-0,00268
Efeito indireto via MMG	-0,11498	-0,19589
Efeito indireto via AFT	-0,02228	-0,14594
Total	0,00800	0,02590
Coeficiente de determinação	0,60118	0,95137
Valor de K	0,10022	0,10022
Efeito da variável residual	0,63159	0,22050
Variável determinante	0,18703	4,05151

Os efeitos das correlações genótípicas são superiores as fenotípicas. Os efeitos totais são muito inferiores aos diretos, em virtude do DUN (-22,7 e -56,7%) afetar indiretamente de forma negativa o DC, reduzindo a magnitude total. Sangoi et al. (2001) relatam que híbridos com maior diâmetro de colmo possuem potencial para serem híbridos mais produtivos, devido capacidade de remobilizarem as reservas do colmo para a espiga, e segundo Rajcan e Tollenaar (1999) os híbridos com diâmetros maiores contribuem positivamente com rendimento principalmente na ocorrência de algum dano nas folhas da planta, em específico na fase reprodutiva. Tais efeitos comentados por estes autores corroboram com este trabalho, porém as magnitudes de causa e efeito somente são identificadas via análise de trilha, pois os efeitos indiretos mascaram a relação total e positiva de DC com rendimento de grãos.

Para a avaliação dos efeitos do ângulo de folha (AF) sobre rendimento (Tabela 12) as correlações fenotípicas e genótípicas são inferiores as magnitudes diretas, principalmente das estimativas genótípicas. Os efeitos diretos são negativos (-38,13%), revelando que maior angulação de folha afeta negativamente o rendimento de grãos, a variável DUN via efeitos indiretos afeta negativamente AF, desta forma pressupõe-se que tais caracteres poderiam ser selecionados de maneira conjunta, já que apresentam efeitos indiretos. Na revisão realizada por Boomsma et al. (2009), é destacado que entre as características mais alteradas pelo adensamento de plantas estão o menor alongamento de folha e ângulo de folha, tais caracteres são alterados pelo aumento da competição por fotoassimilados entre as estruturas da planta, entretanto.

O ângulo de folha tem ganhado atenção de melhoristas, juntamente com arquitetura foliar e morfologia do pendão, com objetivo de investigar os controles genéticos vinculados a produtividade de grãos, para tornar eficiente a prática de adensamento de plantas, fator este que limita a incidência de radiação solar sobre as folhas, logo, para elevadas populações de plantas menores ângulos são desejáveis, pois melhoram a captação de energia luminosa (KU et al., 2010).

A interceptação de radiação fotossinteticamente ativa (400-700nm) equivalente a apenas 46 e 50% da radiação global (BARNI et al., 1995) pelo dossel exerce grande influencia sobre o rendimento de grãos da cultura do milho, uma das formas de se aumentar a interceptação é pelo arranjo de plantas, que vincula-se indiretamente com a menor angulação de folha do milho (ARGENTA et al., 2001;

SANGOI, 2001). Entretanto, a energia fotossinteticamente ativa que é convertida em massa seca e aproveitada depende de mudanças na fotossíntese em função de temperatura e radiação e da fração do carbono fixado pela fotossíntese consumido na respiração (GALLAGHER; BISCOE, 1978). A eficiência de utilização da radiação solar pelas culturas é extremamente baixo teoricamente 11% (GOOD; EVANS, 1980), em condições de campo a eficiência pode ser inferior a estes níveis, pressupõe-se desta forma que qualquer modificação na interceptação de radiação possa vir a contribuir com aumento da eficiência da fotossíntese.

Com relação a distância da folha bandeira até a inserção da primeira ramificação do pendão (CFB) (Tabela 12) revelam-se efeitos fenotípicos e genotípicos totais de baixa magnitude sobre o rendimento de grãos, da mesma forma os efeitos diretos apresentam baixas estimativas. Para a maioria dos componentes de rendimento está elucidada a associação dos caracteres com rendimento e ou MMG, porém para caracteres secundários como os morfológicos são poucos os estudos que os vinculam ao rendimento.

Neste contexto chama-se atenção dos programas de melhoramento para observações também para morfologia das linhagens, pois Hallauer (2007) discutindo sobre a genética quantitativa do futuro em milho, argumenta que o sucesso de programas de melhoramento são baseados nas compreensões da herança de cada característica, principalmente os caracteres vinculados ao rendimento de grãos, e ainda as correlações entre caracteres que indiretamente estão interligados com a performance da cultivar.

O caráter distância do último nó até a primeira ramificação do pendão (DUN) (Tabela 13) revela efeitos diretos negativos elevados com rendimento de grãos, entre todos os caracteres avaliados o DUN é que revela os maiores efeitos com o rendimento de grãos para ambas estimativas fenotípicas (-47,13%) e genotípicas (-94,24%). Estudos têm demonstrado que a redução parcial do tamanho do pendão tem efeitos positivos sobre o rendimento de grãos, Shekhawat et al. (1964), Hunter et al. (1969), Gue e Wasson (1996), Sangoi et al. (2002), devido a menor demanda por fotoassimilados, melhor performance em condições de estresse, porém entre as diferentes estruturas morfológicas presentes no pendão a DUN é a que apresenta maior magnitude de associação com rendimento.

Tabela 13 - Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos e genotípicos da distancia do último nó do colmo até a inserção da primeira ramificação do pendão (DUN), comprimento do pendão (CP) e número de ramificações principais do pendão (NR) sobre o caráter fixado como principal rendimento de grãos, na cultura do milho para os cinco ambientes de avaliação, Frederico Westphalen, RS, 2013.

Variável distância último nó a 1ª ramificação	Fenotípica	Genotípica
Efeito direto sobre rendimento	-0,47131	-0,94240
Efeito indireto via DC	0,16743	0,39244
Efeito indireto via AF	-0,00843	-0,08756
Efeito indireto via CFB	0,00564	-0,00275
Efeito indireto via CP	-0,04922	0,02606
Efeito indireto via NR	-0,04003	0,16806
Efeito indireto via NRS	-0,00399	0,00443
Efeito indireto via MMG	-0,10905	-0,21156
Efeito indireto via AFT	0,01028	0,06995
Total	-0,54580	-0,67790
Variável comprimento do pendão		
Efeito direto sobre rendimento	-0,11831	0,05884
Efeito indireto via DC	0,05814	0,11616
Efeito indireto via AF	-0,01008	-0,10636
Efeito indireto via CFB	0,00244	-0,00675
Efeito indireto via DUN	-0,19607	-0,41730
Efeito indireto via NR	-0,00805	0,03110
Efeito indireto via NRS	0,00330	-0,00370
Efeito indireto via MMG	-0,05163	-0,10203
Efeito indireto via AFT	0,00781	0,06077
Total	-0,32420	-0,36340
Variável número de ramificações		
Efeito direto sobre rendimento	-0,06912	0,22900
Efeito indireto via DC	0,13810	0,28670
Efeito indireto via AF	-0,01360	-0,11445
Efeito indireto via CFB	0,01177	0,01166
Efeito indireto via DUN	-0,27294	-0,69163
Efeito indireto via CP	-0,01378	0,00799
Efeito indireto via NRS	-0,00711	0,00655
Efeito indireto via MMG	-0,11656	-0,19286
Efeito indireto via AFT	0,00590	0,04453
Total	-0,34430	-0,38980
Coeficiente de determinação	0,60118	0,95137
Valore de K	0,10022	0,10022
Efeito da variável residual	0,63159	0,22050
Variável determinante	0,18703	4,05151

Sangoi et al. (2006) relatam que híbridos modernos estão sendo desenvolvidos por programas de melhoramento para menor tamanho de pendão, pois exercem menor dominância apical sobre espigas, onde suprimem o desenvolvimento da espiga em condições de estresse, pela planta priorizar o pendão. Desta forma, híbridos com tamanho reduzido de pendão teriam menor dominância apical, tendo equilíbrio para a distribuição de nutrientes entre as partes reprodutivas. O caráter DUN mensurado do prolongamento do último nó até a primeira ramificação do pendão revela ação causal com o rendimento de grãos, revelando que entre todas as variáveis morfológicas analisadas neste trabalho é a mais importante para ser considerada pelo melhorista de plantas, onde deve ser buscada a redução deste prolongamento até a ramificação do pendão, por outro lado favorecendo o rendimento de grãos.

Os elevados resultados para o coeficiente de determinação apresentados ao final das tabelas, principalmente para as estimativas genotípicas (95,13%) indica o ajuste dos dados ao modelo foram adequados expressando confiabilidade para aos resultados obtidos.

Com relação aos efeitos diretos do comprimento total do pendão (CP) sobre o rendimento (Tabela 13), as estimativas diretas fenotípicas e genotípicas possuem baixa magnitude, onde as estimativas fenotípicas são superiores, em virtude da interferência negativa indireta de DUN sobre CP ser maior para as estimativas genotípicas. As características de pendão como tamanho de pendão foram sendo reduzidas nos híbridos comerciais (DUVICK et al., 2004), o principal fator que contribui para os programas de melhoramento selecionarem para um menor tamanho de pendão, é justificado por Hallauer et al. (2010) que a massa de pendão está diretamente relacionado com o tamanho, influenciando negativamente a produção de grãos, devido a competição com a espiga por nutrientes, em virtude disto pendões maiores seriam uma maior fonte de dreno para direcionamento de nutrientes, diminuindo a disponibilidade para a espiga. Entretanto, entre as estruturas do pendão mensuradas evidencia-se que mesmo o pendão afetando negativamente o rendimento, sua magnitude é inferior a DUN. Parvez (2007) investigando os efeitos gênicos de caracteres de pendão sobre massa e comprimento da espiga, relata efeitos significativos negativos de 38% da correlação entre o comprimento do pendão com a massa de espiga, resultados semelhantes a este trabalho (fenotípica -32,42% e genotípica -36,34%). Ainda, o mesmo autor

juntamente com Mickelson et al. (2002); Upadyayula et al. (2006), concluem que a seleção do comprimento e massa do pendão são negativamente correlacionados com comprimento de espiga, que é importante atributo do rendimento, e neste contexto os melhoristas devem selecionar para pendões mais curtos e leves para resultar em maior rendimento de grãos. Resultados que corroboram com este trabalho onde a mesma magnitude foi revelada sobre MMG e rendimento de grãos.

O número de ramificações na haste principal do pendão (Tabela13) é um caráter investigado por muitos pesquisadores, alguns autores citam a relação do caráter com a tolerância as a condições de estresse hídrico e de elevadas densidades de plantas. As estimativas revelam que o número de ramificações do pendão tem relação linear negativa com rendimento (-34,4% fenotípica e -38,98% genotípica), porém com a decomposição das estimativas via análise de trilha, revelam-se que suas magnitudes diretas sobre o rendimento de grãos são baixas, a relação linear é superior devido a DUN influenciar indiretamente o NR. O número de ramificações apresenta elevada herdabilidade, logo a seleção se tornaria bastante eficiente, para redução de tamanho do pendão e número de ramificações, (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008). Geraldi (1977), observando o tamanho e massa de pendão concluiu que híbridos com maior número de ramificações não são desejáveis pelo melhoramento também por aumentarem o sombreamento sobre a folha bandeira da planta, diminuindo a taxa fotossintética e conseqüentemente reduzindo o acúmulo de fotoassimilados.

Com relação ao número de ramificações secundárias no pendão (Tabela 14) houve baixa magnitude das estimativas fenotípicas e genotípicas. Porém como foi comentado anteriormente o número de ramificações possui efeitos sobre massa de pendão, este por sua vez negativamente com rendimento, segundo Hunter et al. (1969), Johnson e Lambert (1975), Parvez (2007), em estudos de caracteres de pendão em diferentes densidades de plantas e com prática do despendoamento, concluem que a remoção total do pendão eleva o rendimento de grãos principalmente em elevadas densidades de plantas, em virtude da maior competição intraespecífica, porém híbridos que foram selecionados para menor número de ramificações secundárias não diferem dos híbridos com maior número de ramificações secundárias em produtividade, quando despendoados.

Tabela 14 - Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos e genotípicos do número de ramificações secundárias e área foliar sobre o caráter fixado como principal rendimento de grãos, na cultura do milho para os cinco ambientes de avaliação, Frederico Westphalen, RS, 2013.

Variável número ramificações secundárias	Fenotípica	Genotípica
Efeito direto sobre rendimento	-0,01968	0,01735
Efeito indireto via DC	0,13706	0,29588
Efeito indireto via AF	-0,02279	-0,18969
Efeito indireto via CFB	-0,01702	-0,01824
Efeito indireto via DUN	-0,09558	-0,24069
Efeito indireto via CP	0,01986	-0,01256
Efeito indireto via NR	-0,02499	0,08649
Efeito indireto via MMG	-0,00163	-0,00303
Efeito indireto via AFT	0,00482	0,03575
Total	-0,02190	-0,02690
Variável massa de mil grãos		
Efeito direto sobre rendimento	0,47810	0,65867
Efeito indireto via DC	-0,03487	-0,10412
Efeito indireto via AF	-0,01225	-0,11292
Efeito indireto via CFB	-0,03243	-0,03516
Efeito indireto via DUN	0,10751	0,30270
Efeito indireto via CP	0,01278	-0,00911
Efeito indireto via NR	0,01685	-0,06705
Efeito indireto via NRS	0,00007	-0,00008
Efeito indireto via AFT	-0,00306	-0,01822
Total	0,58070	0,68050
Variável área foliar total		
Efeito direto sobre rendimento	-0,03155	-0,18494
Efeito indireto via DC	-0,04955	-0,15471
Efeito indireto via AF	0,02785	0,23263
Efeito indireto via CFB	0,09521	0,09329
Efeito indireto via DUN	0,15360	0,35642
Efeito indireto via CP	0,02929	-0,01934
Efeito indireto via NR	0,01292	-0,05514
Efeito indireto via NRS	0,00301	-0,00335
Efeito indireto via MMG	0,04638	0,06488
Total	0,28390	0,31110
Coeficiente de determinação	0,60118	0,95137
Valore de K	0,10022	0,10022
Efeito da variável residual	0,63159	0,22050
Variável determinante	0,18703	4,05151

Tendo em vista que a retirada do pendão é uma prática que demanda elevada mão de obra, e é onerosa do ponto de vista econômico, torna-se desta forma inviável, assim a seleção de linhagens com menor número de ramificações secundárias seria eficiente para obtenção de aumento do rendimento de grãos de milho, pois segundo Andrade e Miranda Filho (2008) a herdabilidade para o caráter é elevada, o que facilitaria a obtenção de genitores desejáveis.

Segundo Parvez (2007) ocorre uma discussão entre melhoristas de plantas para seleção de linhagens com menores características de pendão, sendo defendido a seleção para menor número de ramificações, principalmente secundárias e menor tamanho de pendão, em virtude de aumentar a radiação e proporcionar menor consumo de fotoassimilados pela planta, disponibilizando para a espiga uma maior quantidade de nutrientes importantes para seu desenvolvimento.

Por outro lado híbridos sobre condições de estresse elevado com pendão de pequeno tamanho e com poucas ramificações não possibilitaria uma adequada fecundação pela pouca quantidade de pólen produzido, logo os genitores deveriam ser selecionados para maior tamanho de pendão, devido a produção de pólen ser drasticamente reduzida em condições elevadas de estresse. Porém uma forma de contornar esta situação seria pela seleção de linhagens com ramificações em posições verticais no pendão, segundo Mickelson et al. (2002) diminuiria o ângulo de interceptação de energia luminosa pelas ramificações e também não comprometeria a fecundação das plantas em condições de estresse elevado, este processo seria facilitado, pois conforme mencionado o caráter apresenta alta herdabilidade.

Na avaliação das estimativas da MMG (Tabela 14) sobre rendimento revelam-se efeitos diretos elevados tanto fenotípicos 47,8% como genotípicos 65,8%, da mesma forma que as estimativas totais 58% e 68%, revelando que os dois caracteres apresentam magnitudes significativas de associações, pressupondo-se que seleção poderia ser realizada de forma indireta para aumento da massa de grãos que influenciaria positivamente o rendimento de grãos, estas estimativas também foram reveladas em trabalhos de outros autores, demonstrando a relação positiva entre os dois componentes de rendimento (LOPES et al., 2007; KHAYATNEZHAD et al., 2010; NASTASIC et al., 2010).

Com relação à variável AFT (Tabela 14) as correlações fenotípicas e genotípicas apontam efeitos praticamente nulos sobre rendimento de grãos, porém

as estimativas totais apresentam magnitudes positivas e superiores aos efeitos diretos, devido principalmente as associações positivas do AF e DUN com AFT.

Com relação a tabela 14, pode-se inferir que os valores residuais foram baixos para os efeitos genotípicos, já para efeitos fenotípicos os efeitos são mais pronunciados, possivelmente pelas ações do ambiente sobre os caracteres, as inflações da variância (VIF's) (dados não apresentados), de acordo com Cruz e Carneiro (2006) são de baixa magnitude, logo que os valores absolutos foram inferiores a 10 VIF's, desta forma, pode-se inferir que as estimativas obtidas das associações fenotípicas e genotípicas são confiáveis. Os coeficientes de determinação revelados podem ser considerados como elevados, revelando bom ajuste dos dados ao modelo empregado neste trabalho.

4.4 Conclusão

As correlações genotípicas são superiores as fenotípicas para todos os caracteres avaliados revelando associações significativas com os componentes de rendimento avaliados.

As variáveis distância do último nó até primeira ramificação do pendão, comprimento do pendão e número de ramificações revelam efeitos negativos com massa de mil grãos e rendimento tanto para as estimativas lineares fenotípicas e genotípicas.

A distância do último nó até a primeira ramificação do pendão influencia negativamente via efeito direto o rendimento de grãos, devendo ser um caráter considerado para os critérios de seleção de linhagens com menor prolongamento entre o último nó do pendão até as ramificações do pendão.

A seleção para menor ângulo de folha e maior diâmetro de colmo e massa de mil grãos mostram-se favoráveis para o aumento de rendimento de grãos em milho.

4.5 Referências bibliográficas

ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; SANGOI, L. Arranjo de plantas em milho: Análise do estado da arte. **Ciência Rural**, vol. 31, n. 6, p. 1075-1084, Santa Maria, dez. 2001.

ANDRADE, J. A. C; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, v. 65, p.174-182, 2008.

BARNI, N. A.; BERLATO, M. A.; BERGAMASCHI, H.; RIBOLDI, J. Rendimento máximo do girassol com base na radiação solar e temperatura: I. Absorção da radiação solar fotossinteticamente ativa. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**. Porto Alegre, v. 1, n. 2, p. 185-199, 1995.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CARGNIN, A.; SIMONI, D. Estimativas de correlações e coeficientes de trilha como critérios de seleção para rendimento de grãos em aveia. **Revista Brasileira Agrociência**, v. 9, n. 1, p. 09-16, jan./mar.2003.

BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Estimativas de heterose em híbridos de populações F_2 de milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 42, n. 1, p. 56-62, jan./mar. 2012.

BOOMSMA, C. R.; SANTINI, J. B.; TOLLENAAR, M.; VYN, T. Maize morphophysiological responses to intense crowding and low nitrogen availability: an analysis and review. **Agronomy Journal**, v. 101, n. 6, p. 1426-1452, 2009.

CARVALHO, C. G. P.; BORSATO, R.; CRUZ, C. D.; VIANA, J. M. S. Path analysis under multicollinearity in $S_0 \times S_0$ maize hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 3, p. 263-270, 2001.

CARVALHO, S. P; CRUZ, C. D. Diagnosis of multicollinearity: assessment of the condition of correlation matrices used in genetic studies. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 3, p. 479-484, 1996.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 142 p. 2004.

COIMBRA, J. L. M.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; GUIDOLIN, A. F.; SOARES, A. P. Conseqüências da multicolinearidade sobre a análise de trilha em canola. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, p. 347-352, 2005.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 586 p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, p. 35, n.3, p. 271-276, 2013.

DUVICK, D. N.; SMITH, J. S. C.; COOPER, M. Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 24, n. 2 p. 109-151, apr. 2004.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2004. 360p.

FRANCIS, C. A.; RUTGER, J. N.; PALMER, A. F. E. A rapid method for plant leaf area estimation in maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 9, p. 537-539, 1969.

FERREIRA, F. M.; BARROS, W. S.; SILVA, F. L.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana de açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 605-610, 2007.

GALLAGHER, J. N.; BISCOE, P. V. Radiation absorption growth and yield of cereals. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 91, n. 1, p. 47-60, 1978.

GERALDI, I. O. Estimção de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. **Boletim Científico da Escola Superior Luiz de Queiróz**, Piracicaba, v. 11, p. 63-70, 1977.

GOOD, R. M., EVANS, L. T. Photosynthesis, plant productivity and crop yield. In: CARSON, P. S. **The biology of crop productivity**. New York : Academic, 1980. p. 3-51.

GUE, R.; WASSON, C. Quantitative *Trait Loci* de caracteres do pendão em milho. **Crop Science**, v. 39, p. 1439-1443, 1996.

HALLAUER, A. R. History, Contribution and Future of Quantitative Genetics in Plant Breeding: Lessons From Maize. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 4-19, 2007.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. Berlin: Springer - Verlag, v. 1, 2010, 500p.

HUNTER, R. B.; DAYNARD, T. B.; HUME, D. J.; TANNER, J. W.; CURTIS, J. D.; KANNENBERG, L. W. Effects of tassel removal on grain yield of corn. **Crop Science** v. 9, p. 405-406, 1969.

JOHNSON, R. R.; LAMBERT, R. J. Tassel Trivia: Little-Known facts about corn. **Illinois Research**, v. 17, n. 5, 1975.

KHAYATNEZHAD, M.; GHOLAMIN, R.; SOMARIN, S. J.; MAHAMOODABAD, R. Z. Correlation coefficient analysis between grain yield and its components in corn (*Zea mays* L.) hybrids. **Am-Euras Journal Agricultural & Environmental Science**, v. 9, n. 1, p. 105-108, 2010.

KU, L. X.; ZHAO, W. M.; ZHANQ, J.; WU, L. C.; WANG, C. L.; WANG, P. A.; ZHANG, W. Q.; CHEN, Y. H. Quantitative trait loci mapping of leaf angle and leaf orientation value in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, p. 951-959, 2010.

KUREK, A. L.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; MARCHIORO, V. S.; CRUZ, P. J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 7 n. 1, p. 29-32, jan./abr.2001.

LI, C. C. **Path analysis** - a primer. 3. ed. Pacific Grove, Boxwood. 1975. 347 p.

LOPES, S. J.; LÚCIO, A. D.; STORCK, L.; DAMO, H. P.; BRUM, B.; SANTOS, V. J. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v. 37, n. 6, nov./dez. 2007.

MICKELSON, S. M.; STUBER, C. S.; SENIOR, L.; KAEPLER, S. M. Quantitative *Trait Loci* Controlling Leaf and Tassel Traits in a B73xMo17 Population of Maize. **Crop Science**, v. 42, p. 1902-1909, 2002.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M.; SINGH, N. N. Sequential path model for determining interrelationships among grain yield related characters in maize. **Crop Science**, v. 43, n. 5, p. 690-697, 2003.

MONTGOMERY, E. G. Correlation studies of corn. **Annual report**. Nebraska Agricultural Experiment Station, v. 24, p. 108-159, 1911.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. John Willey and Sons, New York, 1982. 504 p.

NASTASIC, A.; JOCKOVIC, D.; IVANOVIC, M.; STOJAKOVIC, M.; BOCANSKI, J.; DALOVIC, I.; SRECKOV, Z. Genetic relationship between yield and yield components of maize. **Genetika**, v. 42, n. 3, p. 529-534, 2010.

PARVEZ, A. S. Genetic analysis of tassel and ear characters in Maize (*Zea mays* L.) Using Triple Test Cross. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 5, p. 881-883, 2007.

PETRY, M. T.; ZIMMERMANN, F. L.; CARLESSO, R.; MICHELON, C. J.; KUNZ, J. H. Disponibilidade de água do solo ao milho cultivado sob sistemas de semeadura direta e preparo convencional. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 31, n. 3, p. 531-539, 2007.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras: UFLA, 2012. 565p.

RAJCAN, I.; TOLLENAAR, M. Source: sink ratio and leaf senescence in maize: dry matter accumulation and partitioning during grain filling. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 60, n. 3, p. 245-253, feb.1999.

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

SANGOI, L. Understanding plant density effects on maize growth and development: an important issue to maximize grain yield. **Ciência Rural**, vol. 31, n. 1. Santa Maria, Jan./Feb. 2001.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M. L.; LECH, V. A.; GRACIETTI, L. C.; RAMPAZZO, C. Desempenho de híbridos de milho com ciclos contrastantes em função da desfolha e da população de plantas. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 2, p. 271-276, abr./ jun. 2001.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M. L.; SILVA, P. R. P. F.; ARGENTA, G. Bases morfofisiológicas para maior tolerância dos híbridos modernos de milho a altas densidade de plantas. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, p. 101-110, 2002.

SANGOI, L.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M.; SILVA, P. R. F. Resposta de híbridos de milho cultivados em diferentes épocas à população de plantas e ao despendoamento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 5, p. 1367-1373, set./out. 2006.

SHEKHAWAT, G. S.; SINGH, U. B.; JAIN, R. K. Preliminary observations on the effect of detasseling in maize. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 33, p. 57-58, 1964.

SILVA, R. M.; ROSSE, L. N.; MÔRO, J. R. Estabilidade e adaptabilidade de híbridos duplos experimentais de milho. **Scientia Agraria**, v. 3, n. 1-2, p. 61-68, 2002.

STEEL, R.; TORRIE, J. **Principles and procedures of statistics a biometrical approach**. 2nd ed., McGraw Hill, 1980. 633p.

UPADYAYULA, N.; SILVA, H.; BOHN, M.; ROCHEFORD, T. Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, p. 592-606, 2006.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v. 20, n. 7, p. 557-585, 1921.

WRIGHT, S. The theory of path coefficients: a replay to Nilés' criticism. **Genetics**, Austin, v. 8, n. 3, p. 239-255, 1923.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A cultura do milho é uma das culturas mais investigadas dentro do campo da genética, serve de molde de estudos para muitas outras espécies alógamas. Sua importância não é apresentada somente por isso, mas também pela grande quantidade de alimentos disponibilizados para toda cadeia produtiva, como também pela recente inserção no mercado de alimentos funcionais.

Por tal importância que a cultura do milho apresenta não somente a nível nacional, mas a nível mundial que pesquisas continuam sendo realizadas de maneira eficiente e fidedigna pelos inúmeros pesquisadores que atuam nesta área. O melhoramento genético conjuntamente com outras áreas contribuiu progressivamente para o avanço genético do milho, mas o primeiro, ano após ano com inovações tecnológicas e com inserção e adesão das práticas moleculares é o principal responsável pelo ganho genético e pelos patamares genéticos dos híbridos atingidos na atualidade, claro o rendimento de grãos está muito aquém do que realmente a genética do híbrido pode gerar, mas aos poucos vão se melhorando as práticas culturais e os níveis tecnológicos nos mais variados sistemas de produção com redução de seus custos e assim facilitando a aderência de pequenos produtores, os quais contribuem significativamente com a produção a nível nacional.

Muitas pesquisas foram e estão sendo geradas e cada vez mais caracteres até pouco tempo considerados de pouca influencia, passaram a gerar dúvidas aos melhoristas, principalmente sobre a magnitude de relação com rendimento de grãos em milho. Desta forma, este trabalho investiga características de pendão, entre as quais algumas já passaram por investigações como o tamanho do pendão, número de ramificações do pendão, sendo estes relatados por muitos pesquisadores como prejudiciais a produção de grãos do híbrido. Baseado nestas justificativas este trabalho de dissertação buscou investigar através de um cruzamento dialélico parcial com linhagens endogâmicas a magnitude das associações, as ações gênicas envolvidas na expressão destes caracteres e de outros componentes morfológicos do pendão e da planta, como também de rendimento, em vista da importância deste caráter para o meio agrônomo.

Para as avaliações dos efeitos gênicos gerais, a capacidade específica de combinação revela maior contribuição, indicando que os efeitos não aditivos estão presentes e são mais importantes. Na comparação dos dois conjuntos para capacidade geral o grupo II de linhagens endogâmicas revela que as ações aditivas são mais importantes dos que os efeitos não aditivos, ponto muito importante para melhoramento genético, pois pressupõe-se que há acúmulo de alelos favoráveis para os caracteres pesquisados neste grupo. As estimativas das linhagens 15 e 4 grupo I e 3' e 4' grupo II são promissoras e indicadas para cruzamentos cujo objetivo é o aumento dos componentes de rendimento analisados. Da mesma forma, estes genitores destacam-se para as estimativas da capacidade específica de combinação, onde que as combinações 1-1', 1-4', 2-3', 3-1', 3-4', 4-3', 4-6', 4-7', 5-3', 5-4', 6-3', 6-4', 7-4', 8-4', 9-4', 10-5', 11-3', 12-3', 14-4', 15-2', 15-5' e 15-8', são promissoras para aumento do rendimento. Para o melhoramento é de extrema importância que indivíduos ou mesmo grupos de indivíduos apresentem interação alélica para aditividade, pois a descendência irá possuir média igual ao indivíduo ou ao grupo, pois o efeito de cada alelo efetivo se soma para formação do fenótipo. As estimativas da capacidade específica para os caracteres comprimento de pendão, distância do último nó e da folha bandeira até a primeira ramificação do pendão 1-3', 2-4', 3-3', 4-4', 7-3', 8-3', 9-3', 10-3', 10-4', 11-4', 12-4', 14-3' e 15-4' são promissores para estes caracteres, combinações que revelam magnitudes negativas mais favoráveis para redução do caráter, em razão da demanda de energia e pela presença de dominância apical no milho.

Os efeitos fenotípicos resultantes da soma dos efeitos de ambiente e genotípicos foram inferiores as associações genotípicas, que representam a fração herdável, pressupõe-se que os ambientes reduziram as magnitudes reais de associações entre os caracteres, também caracterizado pela amplitude da variância genética e da herdabilidade nos ambientes, mas não ao nível de trocar a magnitude linear de relação entre dois caracteres. As variáveis morfológicas de pendão apresentam relação linear negativa com rendimento de grãos. Porém este trabalho decompôs a mensuração total do tamanho do pendão em três diferentes variáveis, distância do colar da folha bandeira até a primeira ramificação do pendão e distância do último nó até a primeira ramificação do pendão e o comprimento total do pendão, identificaram-se resultados promissores e importantes para o melhoramento genético de milho, onde com a decomposição destes componentes o caráter

distância do último nó até a primeira ramificação do pendão, revelou efeitos diretos elevados negativos com rendimento de grãos, pressupondo que o prolongamento acima do último nó até as ramificações do pendão deve ser um critério considerado e selecionado em linhagens para menor comprimento. A seleção indireta para menor ângulo de folha e maior diâmetro de colmo e massa de mil grãos seria favorável para o aumento de rendimento de grãos em milho.