

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO OESTE DO PARANÁ
CAMPUS DE MARECHAL CÂNDIDO RONDON**

JONATAS MARCOLIN

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL, CONTROLE GENÉTICO E HETEROSE PARA
MATURAÇÃO E PRODUTIVIDADE DE MILHO SAFRINHA**

MARECHAL CÂNDIDO RONDON - PARANÁ

2017

JONATAS MARCOLIN

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL, CONTROLE GENÉTICO E HETEROSE PARA
MATURAÇÃO E PRODUTIVIDADE DE MILHO SAFRINHA**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Oeste do Paraná, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Dr. Adilson Ricken Schuelter

MARECHAL CÂNDIDO RONDON - PARANÁ

2017

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)

M321e

Marcolin, Jonatas

Estratificação ambiental, controle genético e heterose para maturação e produtividade de milho safrinha. / Jonatas Marcolin. Marechal Cândido Rondon, 2017.

92 f.

Orientador: Prof. Dr. Adilson Ricken Schuelter

Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Campus de Marechal Cândido Rondon, 2017
Programa de Pós-Graduação em Agronomia

1. Milho. I. Schuelter, Adilson Ricken. II. Universidade Estadual do Oeste do Paraná. III. Título.

CDD 21.ed. 633.15
CIP-NBR 12899

Ficha catalográfica elaborada por Helena Soterio Beijo – CRB 9ª/965



unioeste

Universidade Estadual do Oeste do Paraná

Campus de Marechal Cândido Rondon - CNPJ 78680337/0003-46

Rua Pernambuco, 1777 - Centro - Cx. P. 91 - <http://www.unioeste.br>

Fone: (45) 3284-7878 - Fax: (45) 3284-7879 - CEP 85960-000

Marechal Cândido Rondon - PR.



PARANÁ

GOVERNO DO ESTADO

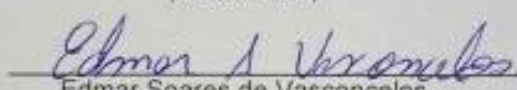
JONATAS MARCOLIN

Estratificação ambiental, controle genético e heterose para maturação e produtividade de milho safrinha

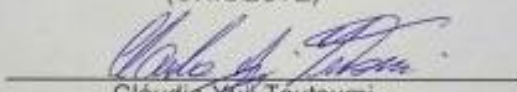
Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia em cumprimento parcial aos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia, área de concentração Produção Vegetal, linha de pesquisa Manejo de Culturas, APROVADO(A) pela seguinte banca examinadora:


Orientador(a) - Adilson Ricken Schuelter

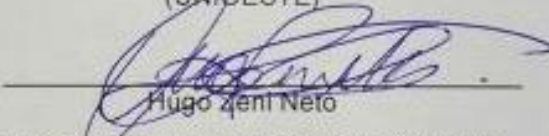
Universidade Estadual do Oeste do Paraná - Campus de Marechal Cândido Rondon
(UNIOESTE)


Edmar Soares de Vasconcelos

Universidade Estadual do Oeste do Paraná - Campus de Marechal Cândido Rondon
(UNIOESTE)


Cláudio Yoji Tsutsumi

Universidade Estadual do Oeste do Paraná - Campus de Marechal Cândido Rondon
(UNIOESTE)


Hugo Zeni Neto

Universidade Estadual de Maringá (UEM)

Marechal Cândido Rondon, 28 de agosto de 2017

À meus pais, João e Eliane pela vida e incentivo;
À meus irmãos Igor e Gerusa pela força e carinho;
À minha esposa Camila pelo amor incondicional, companheirismo e compreensão; e
ao Caio, filho que ainda não conhecemos mas amamos.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por mais esta conquista e à Mãe Santíssima, minha intercessora.

À Universidade Estadual do Oeste do Paraná (UNIOESTE), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pela oportunidade e suporte acadêmico.

À minha esposa Camila Portela Marcolin, pela paciência, companheirismo, ajuda e motivação e ao nosso filho Caio, fonte de força para realização deste trabalho.

À minha família, meu pai João Marcolin Neto, minha mãe Eliane Bergeier Marcolin, meus irmãos Igor e Gerusa Marcolin pelo incentivo.

Ao professor Dr. Adilson Ricken Schuelter, pela orientação, disponibilidade, ensinamentos e dedicação à minha formação.

À Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola pelo suporte e infraestrutura que possibilitaram este trabalho.

A todos os colegas da Pesquisa Milho da Coodetec, pelo suporte na realização deste trabalho, compreensão das minhas ausências e amizade.

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Agronomia pelo conhecimento disponibilizado.

A todos os colegas de Pós-graduação, pela amizade, companheirismo e agradável convivência.

A todos meus sinceros agradecimentos!

RESUMO

MARCOLIN, Jonatas, M. S., Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Julho – 2017. **Estratificação ambiental, controle genético e heterose para maturação e produtividade de milho na safrinha.** Orientador: Dr. Adilson Ricken Schuelter.

O trabalho teve como objetivo estratificar ambientes de safrinha do Oeste e Centro Ocidental do Paraná quanto a complementariedade de informações obtidas em cada local, avaliar o potencial “per se” de genitores, a manifestação da heterose em híbridos e obter informações sobre o controle genéticos para atributos relacionados a produtividade e maturação. Informações de produtividade e de umidade de colheita de 16 híbridos comerciais, conduzidos em DBC com duas repetições, presentes nos ensaios de VCU da Coodetec nas safrinhas 2014 e 2015, semeados nas microrregiões de Cascavel, Toledo, Foz do Iguaçu para representação do Oeste e na microrregião de Campo Mourão e em Mariluz, representando o arenito Caiuá, para a representação do Centro Ocidental paranaense, foram utilizados para estratificação ambiental, utilizando-se a metodologia de análise de fatores. Para o estudo da heterose, potencial “per se” e o controle genético, foram selecionadas 13 linhagens elite do programa de melhoramento da Coodetec, das quais foram coletados discos foliares para genotipagem com marcadores moleculares SNP. Os 78 híbridos, obtidos em um dialélo de meia tabela, os 13 genitores e 9 híbridos comerciais foram semeados em Mariluz, Palotina e São Pedro do Iguaçu, em látice quadrado 10x10 com três repetições. Foram avaliados floração masculina e feminina, umidade de colheita, produtividade e peso de mil sementes. Para o agrupamento baseado na matriz de dissimilaridade foi empregado o método de Tocher modificado (sequencial), para a avaliação do dialélo foi utilizada a metodologia de Gardner e Eberhart (1966) e a metodologia de Hayman (1954). A estratificação ambiental evidenciou que os municípios Cascavel, Palotina, Mariluz, Campo Mourão e São Pedro do Iguaçu são mais informativos para seleção para produtividade e Campo Mourão, Cascavel, Mariluz, Santa Terezinha do Itaipu, Palotina e São Pedro do Iguaçu para umidade de colheita. A análise agrupamentos formou três grupos heteróticos baseado na distância genética, a heterose média evidenciou possibilidade de exploração do grupo de linhagens para precocidade e produtividade. Destacaram-se as combinações CD008 x CD038 e CD072 x CD070 para síntese de populações e CD010 x CD034 para a síntese direta de híbrido. A linhagem CD034 destacou-se como divergente entre as linhagens estudada sendo um testador de potencial. As informações genéticas evidenciaram que alelos dominantes encontram-se em maior frequência nos genitores, exceto para produtividade que há predominância de recessivos. Há predominância de efeitos gênicos de dominância no controle das variáveis estudadas com

interação de sobredominância entre os alelos. A linhagem CD069 apresenta maior número de genes em dominância para maturação e a linhagem CD038 maior número de genes em dominância para produtividade.

Palavras-chave: Diversidade genética. Dialélo. Interação genótipo ambiente. Componentes genéticos

ABSTRACT

MARCOLIN, Jonatas, M. S., Universidade Estadual do Oeste do Paraná, July – 2017. **Environmental stratification, genetic control and heterosis for maturation and productivity in the corn second season.** Advisor: Dr. Adilson Ricken Schuelter.

The objective of this work was to stratify the crop environments of west and central western Paraná, in order to complement the information obtained in each location, to evaluate the potential per se of the genitors, to demonstrate heterosis in hybrids and to obtain genetic control information for attributes related to productivity and maturation. Productivity and harvest moisture information of 16 commercial hybrids, conducted in DBC with two replicates, present in the Coodetec VCU trials in the seasons of 2014 and 2015, sown in the micro regions of Cascavel, Toledo, Foz do Iguaçu for representation of the West and in the microregion of Campo Mourão and in Mariluz, representing the Caiuá sandstone, for the representation of the central western Paraná, were used for environmental stratification, using the factor analysis methodology. For the study of heterosis, potential per se and genetic control, we selected 13 elite strains from the Coodetec breeding program, from which leaf discs were collected for genotyping with SNP molecular markers. The 78 hybrids, recorded in a half-diallel table, the 13 parents and 9 commercial hybrids were planted in Mariluz, Palotina and São Pedro do Iguaçu, in a 10x10 square lattice with three repetitions. Male and female blooms, crop moisture, yield and the weight of one thousand seeds were evaluated. For the grouping based on the dissimilarity matrix, the modified Tocher (sequential) method was used, and the methodologies of Gardner and Eberhart (1966) and Hayman (1954) were used for evaluation of the diallel. The environmental stratification showed that the municipalities of Cascavel, Palotina, Mariluz, Campo Mourão and São Pedro do Iguaçu are vital selections for yields, and Campo Mourão, Cascavel, Mariluz, Santa Terezinha do Itaipu, Palotina and São Pedro do Iguaçu for crop moisture. The cluster analysis formed three heterotic groups based on genetic distance, and the mean heterosis showed the possibility of exploiting the group of strains for precocity and yield. The combinations CD008 x CD038 and CD072 x CD070 stood out for population synthesis and CD010 x CD034 for direct synthesis of the hybrid. The CD034 strain stood out as more divergent among the strains studied for testing potential. The genetic information showed that the dominant strains are found more frequently in the parents, except for yield, which is predominantly recessive. Dominant gene effects are predominant in the control of the variables studied with an overdominant interaction between the alleles. The CD069 strain shows a higher

number of dominant genes for maturation and the CD038 strain had a higher number of dominant genes for yield.

Keywords: Genetic diversity. Diallel. Interaction genotype environment. Genetic components.

LISTA DE TABELAS

- Tabela 01 - Locais de condução de ensaios de avaliação de híbridos nas safrinhas 2014 e 2015 no oeste e centro Ocidental do Paraná. 19
- Tabela 02 - Resumo das análises de variância conjuntas para produtividade de grãos e a umidade de colheita em híbridos de milho safrinha no oeste e centro ocidental do Paraná, em 2014 e 2015. 23
- Tabela 03 - Estratificação de ambientes, segundo a metodologia de análise de fatores, para produtividade de grãos de híbridos de milho safrinha nas safrinhas 2014 e 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná. 24
- Tabela 04 - Estratificação de ambientes, segundo a metodologia de análise de fatores, para umidade de colheita de híbridos de milho safrinha nas safrinhas 2014 e 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná. 25
- Tabela 05 - Resumo da estratificação de ambientes obtida pelo método da análise de fatores para produtividade de grãos e umidade de colheita nas safrinhas 2014 e 2015 em ambientes do oeste e centro ocidental do Paraná. 26
- Tabela 06 - Matriz de dissimilaridade genética de 13 linhagens de milho, construída através da distância genética obtida por genotipagem com marcadores moleculares SNP. 38
- Tabela 07 - Agrupamento de genótipos pelo método de Tocher Modificado (Sequencial) com base na divergência genética entre 13 progenitores de milho. 38
- Tabela 08 - Valores médios de floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e massa de mil sementes (MMS) dos 13 progenitores. 41
- Tabela 09 - Estimativas dos componentes do efeito varietal (V_i) para a floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e peso de mil sementes (MMS) dos 13 parentais, para Mariluz (MLZ), São Pedro do Iguaçu (SPI), Palotina (PTNA). 44
- Tabela 10 - Estimativas dos componentes de heterose varietal (H_i) e heterose média (H_m) para a floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e peso de mil sementes (MMS) dos 13 parentais, para Mariluz (MLZ), São Pedro do Iguaçu (SPI), Palotina (PTNA). 46
- Tabela 11 - Teste de adequação do modelo aditivo-dominante com base na análise de variância dos valores de $W_i - V_i$ e na análise de regressão linear de W_i em relação a V_i para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) médios de Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e massa de mil sementes (MMS) média de Mariluz e Palotina. 63

Tabela 12 - Estimativas dos parâmetros genéticos e não-genéticos para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) médios de Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e massa de mil sementes (MMS) média de Mariluz e Palotina. 64

Tabela 13 - Estimativa dos componentes genéticos dos caracteres floração masculina e feminina (FM e FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e massa de mil sementes (MMS), segundo metodologia de Hayman (1954). 66

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	12
1.1	REFERÊNCIAS	14
2	CAPITULO 1.....	16
2.1	INTRODUÇÃO.....	18
2.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	20
2.2.1	Análises genético-estatísticas	21
2.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
2.3.1	Análise de variância individual	22
2.3.2	Análise de variância conjunta.....	22
2.3.3	Estratificação de ambientes	24
2.4	CONCLUSÕES	28
2.5	REFERÊNCIAS	30
3	CAPITULO 2.....	33
3.1	INTRODUÇÃO.....	35
3.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	36
3.2.1	Material e condições de cultivo	36
3.2.2	Características avaliadas.....	37
3.2.3	Análise da Diversidade Genética por Marcadores SNP	37
3.2.4	Análise genético-estatística	38
3.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
3.3.1	Agrupamento de Tocher	39
3.3.2	Análise de variância.....	41
3.3.3	Análise Dialélica.....	44
3.4	CONCLUSÕES	52
3.5	REFERÊNCIAS	53
4	CAPITULO 3.....	57
4.1	INTRODUÇÃO.....	59
4.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	60
4.2.1	Material e condições de cultivo	60
4.2.2	Características avaliadas.....	61
4.2.3	Análise genético-estatística	61
4.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	63
4.3.1	Análise de variância.....	63

4.3.2	Análise dialética	64
4.4	CONCLUSÃO.....	74
4.5	REFERENCIAS	75
5	APÊNDICES.....	77
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	92

1 INTRODUÇÃO GERAL

A agricultura é a atividade econômica mais importante desenvolvida no Paraná, gerando um valor bruto superior a 41 bilhões de reais em 2016 e, nesse aspecto, o milho é a segunda cultura de maior importância econômica do estado (MAPA, 2017). Foram semeados 2,89 milhões de hectares de milho no ano agrícola 2016/2017, sendo que, destes, 2,39 milhões de hectares foram na safrinha, com destaque para as mesorregiões Oeste e Centro Ocidental, responsáveis por 49% da área plantada (SEAB/DERAL, 2017).

As mesorregiões Oeste e Centro Ocidental têm áreas de baixas altitudes (inferiores a 200 metros na mesorregião Oeste e inferiores a 400 metros na mesorregião Centro Ocidental) que apresentam verões quentes, geadas pouco frequentes e áreas de maiores altitudes (superiores a 800 metros em ambas mesorregiões) que possuem verões frescos, invernos com geadas severas e frequentes. Em parte das áreas de menor altitude da Mesorregião Centro Ocidental ocorrem solos oriundos de arenito Caiuá, solo predominante no Noroeste do Paraná, caracterizados pela susceptibilidade erosiva e textura arenosa, onde a temperatura média anual é mais elevada (IPARDES, 2003; 2004a; 2004b).

A utilização de cultivares precoces de soja expandiu o período de exploração da safrinha, possibilitando a antecipação do plantio (GESTEIRA et al., 2015), oferecendo melhores condições de clima para obtenção da máxima produtividade (SHIOGA; GERAGE, 2010). A oportunidade de antecipação do plantio da safrinha possibilita, nas áreas de menores altitudes onde os riscos de geadas são menores, a utilização de híbridos de ciclo precoce, os quais têm maior potencial produtivo e maior tolerância a doenças se comparados com os de ciclo superprecoce (GERAGE et al., 2009). Nas áreas de elevadas altitudes com maiores riscos de geadas ou em plantios tardios, híbridos superprecoces tem ganhado destaque (CRUZ et al., 2010) pela possibilidade de completarem o ciclo antes da ocorrência das geadas.

O ciclo de um híbrido de milho é determinado pelo número de dias para o florescimento e pela velocidade da perda de umidade de grãos (FIORINI et al., 2012; MARCONDES et al., 2015). O conhecimento do controle genético de uma característica de importância agrônômica, como aquelas relacionadas à maturação, é essencial para a definição de estratégias de melhoramento do milho. Nesse contexto, os atributos genéticos de uma espécie podem ser governados por um ou poucos genes e apresentam classes fenotípicas facilmente distinguidas umas das outras, ou determinados por vários genes e muito influenciados pelas condições de ambiente (BENIN et al., 2004). O controle genético para florescimento de milho foi investigado por vários autores que reportam influência de dois a dezenove genes envolvidos

nesta característica (GIESBRECHT, 1960; KOESTER et al., 1993; LOPES et al., 1995; LIMA et al., 2008).

Para o estudo do controle genético para caracteres quantitativos como o número de dias para o florescimento e umidade de colheita, diferentes metodologias genético-estatísticas podem ser empregadas, tais como: análise de médias e variâncias, através do método proposto por Mather e Jinks (1984); ou análise dialélica, através dos métodos propostos por Hayman (1954), por Griffing (1956), Gardner e Eberhart (1966), entre outros.

Devido a importância da precocidade e da produtividade no desenvolvimento de híbridos de milho, pela heterogeneidade de condições ambientais do Oeste e Centro Ocidental do Paraná e pela complexidade do estudo destes caracteres, este trabalho teve como objetivo estratificar ambientes no cultivo de milho safrinha do Oeste e Centro Ocidental paranaense; estudar o controle genético de caracteres relacionados a maturação e a produtividade sob diferentes condições de ambiente; e avaliar o potencial “per se” de genitores e a manifestação da heterose em híbridos para atributos relacionados a produtividade e maturação.

1.1 REFERÊNCIAS

- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A.G. da; LORENCETTI, C.; MAIA, M.B.; MARCHIORO, V.S.; FREITAS, F.; HARTWIG, I. Uma proposta de seleção para caracteres quantitativos e qualitativos em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.3, p.701-706, 2004.
- CRUZ, J. C.; SILVA, G. H.; PEREIRA FILHO, I. A.; GONTIJO NETO, M. M.; MAGALHÃES, P. C. Caracterização do cultivo de milho safrinha de alta produtividade em 2008 e 2009. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 9, n. 2, p. 177-188, 2010.
- FIORINI, I.V.A.; FIORINI, F.V.A.; PINHO, R.G.V.; LASMAR, C.S.; CARVALHO, M.R. Avaliação do ciclo, somatório de graus dias e produtividade de híbridos de milho. IN: XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo: **Anais**. Águas de Lindóia, p.1903-1909, 2012.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Raleigh, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.
- GERAGE, A.C.; SHIOGA, P.S.; ARAÚJO, P.M. de; SERA, G.H. **Avaliação estadual de cultivares de milho safrinha 2009**. Instituto Agrônômico do Paraná, Londrina. Informe de pesquisa, n.158, 2009.
- GESTEIRA, G. de S.; ZAMBIAZZI, E.V.; BRUZI, A.T.; SOARES, I.O.; REZENDE, P.M. de; SILVA, K.B. Seleção fenotípica de cultivares de soja precoce para a região Sul de Minas Gerais. **Revista Agrogeambiental**, Pouso Alegre, v.7, n.3, p.79-88, 2015.
- GIESBRECHT, J. The inheritance of maturity in maize. **Canadian Journal of Plant Science**. Morden, v.40, p 490-499, 1960.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Clayton South, v.9, n.4, p.463-493, 1956.
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Bethesds, v.39, n.04, p.789-809, 1954.
- INSTITUTO PARANAENSE DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL (IPARDES). **Leituras regionais: Mesorregião Geográfica Oeste Paranaense**. Instituto Paranaense de Desenvolvimento Econômico e Social – Curitiba, 2003. 143p.
- INSTITUTO PARANAENSE DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL (IPARDES). **Leituras regionais: Mesorregião Geográfica Centro-Ocidental Paranaense**. Instituto Paranaense de Desenvolvimento Econômico e Social – Curitiba, 2004a. 133p.
- INSTITUTO PARANAENSE DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL (IPARDES). **Leituras regionais: Mesorregião Geográfica Noroeste Paranaense**. Instituto Paranaense de Desenvolvimento Econômico e Social – Curitiba, 2004b. 141p.
- KOESTER, R. P.; SISCO, P. H.; STUBER, C. W. Identification of Quantitative Trait Loci Controlling Days to Flowering and Plant Height in Two Near Isogenics Lines of Maize. **Crop Science**, Madison, v.33, n.6, p.1209-1216, 1993.

LIMA, J. L.; SOUZA, J. C.; MACHADO, J. C.; RAMALHO, M. A. P. Controle genético da exigência térmica para o início do florescimento em milho. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, p. 127-131, 2008.

LOPES, U. V.; GALVÃO, J. D.; CRUZ, C. D. Inheritance of the flowering time in maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 10, p.1267-1271, 1995.

MARCONDES, M. M.; FARIA, M. V.; MENDES, M. C.; OLIVEIRA, B. R.; SANTOS, J. F.; CAVALLIN, I.; WALTER, A. L. B. Desempenho agrônômico de linhagens S4 de milho em cruzamentos top crosses. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 14, n. 1, p. 145-154, 2015.

MATHER, K.; JINKS, L.L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242p.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). **VBP - Valor bruto da produção**. Brasília, 2017. 60p.

SECRETARIA DE ESTADO DA AGRICULTURA E DO ABASTECIMENTO DO PARANÁ (SEAB). DEPARTAMENTO DE ECONOMIA RURAL (DERAL). **Comparativo de área, produção e rendimento**. Curitiba, 2017. Disponível em <<http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/pss.xls>>. Acesso em 09 de junho de 2017.

SHIOGA, P.S.; GERAGE, A.C. Influência da época de plantio no desempenho do milho safrinha no estado do Paraná, Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.9, n.3, p.236-253, 2010.

2 CAPÍTULO 1

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL DA SAFRINHA DE MILHO DO OESTE E CENTRO OCIDENTAL DO PARANÁ

RESUMO

O milho é a principal cultura da safrinha paranaense, mas a heterogeneidade de condições ambientais dificulta a seleção de genótipos superiores adaptados. O objetivo deste estudo foi estratificar ambientes de safrinha das mesorregiões Oeste e Centro Ocidental, para identificar ambientes essenciais para a seleção de genótipos para produtividade e umidade de colheita. Foram utilizados dados de produtividade e umidade de colheita de 16 híbridos comerciais, provenientes de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) da Coodetec semeados em delineamento em blocos casualizados com duas repetições, no Oeste do Paraná nas microrregiões de Cascavel, Toledo e Foz do Iguaçu e no Centro Ocidental na microrregião de Campo Mourão e em Mariluz, representando a formação arenito Caiuá, das safrinhas de 2014 e 2015. A avaliação da representatividade dos ambientes foi feita por ano de avaliação, via análise de estratificação ambiental, utilizando a metodologia de análise de fatores. Os resultados da estratificação ambiental evidenciaram que ensaios em mesmo ambiente proporcionam resultados redundantes, tanto para produtividade quanto para umidade de colheita, não trazendo ganhos para a seleção de genótipos superiores e que o posicionamento nas diferentes microrregiões trazem dados complementares, auxiliando à seleção. Assim, os municípios Cascavel, Palotina, Mariluz, Campo Mourão e São Pedro do Iguaçu são informativos para seleção para produtividade e os municípios Campo Mourão, Cascavel, Mariluz, Santa Terezinha do Itaipu, Palotina e São Pedro do Iguaçu para umidade de colheita.

Palavras-chave: Análise multivariada. Análise de fatores. Método de Murakami e Cruz.

ABSTRACT

Maize is the main crop of the paranense second season, however the heterogeneity of the environmental conditions creates a challenge for the selection of adapted superior genotypes. The objective of this study was to stratify the environments of the Western and Mid-western mesoregions, to identify the environments which are essential for the selection of genotypes to ensure productivity and crop moisture. Data sets regarding the yield and crop moisture of 16 commercial hybrids were used, sourced from "Coodetec" Value for Cultivation and Use ("VCU"), testing in a randomized complete block design with two replicates, of crops grown in the interim-harvests of 2014 and 2015 in the west of Paraná, in the Cascavel, Toledo and Foz do Iguaçu microregions, the Mid-western Campo Mourão microregion and Mariluz, constituting the Caiuá sandstone formation. The evaluation of the representativeness of the environments was carried out over one year of study, through environmental stratification analysis, using the factor analysis methodology. The results of the environmental stratification demonstrated that trials in the same environment provide redundant results, both for yield and for crop moisture. There were no gains for the selection of superior genotypes and the positioning in the different microregions yielded complementary data, aiding the selection. As such, for the West and West Central regions of Paraná, the Cascavel, Palotina, Mariluz, Campo Mourão and São Pedro do Iguaçu municipalities are indispensable for selection for yield and the Campo Mourão, Cascavel, Mariluz, Santa Terezinha do Itaipu, Palotina and São Pedro do Iguaçu municipalities are indispensable for selection for crop humidity.

Keywords: Multivariate analysis. Analysis of factors. Method of Murakami and Cruz.

2.1 INTRODUÇÃO

Nas mesorregiões Oeste e Centro Ocidental foram semeados 1,17 milhões de hectares de milho na safrinha 2017, o que corresponde a 49% de todo o cultivo de milho safrinha do Paraná (CONAB, 2017), divididos em condições climáticas contrastantes. O Oeste e o Centro Ocidental paranaense apresentam áreas de elevadas altitudes (próximo a 800 metros de altitude), com invernos tendo geadas frequentes e severas e áreas de baixas altitudes (no Oeste chegando abaixo de 200 metros de altitude e no Centro Ocidental abaixo dos 400 metros de altitude), com altas temperaturas e com geadas pouco frequentes (IPARDES, 2003; 2004a). Em parte da área de baixas altitudes da mesorregião Centro Ocidental ocorrem solos oriundos do arenito Caiuá, presentes em 16% do território estadual, onde o clima se assemelha à mesorregião Noroeste (IPARDES, 2004b).

O milho é a principal cultura da safrinha paranaense, responsável por aproximadamente 18% do valor bruto agropecuário paranaense de 2017 (MAPA, 2017) semeado geralmente após a soja. Sua produtividade pode ser afetada por limitações de radiação solar e temperatura (SANS; GUIMARÃES, 2006) e, por essa razão, a antecipação do plantio da safrinha, pelo uso de cultivares de soja precoces, proporcionam melhores condições de clima para o desenvolvimento do milho, aumentando o potencial produtivo (SHIOGA; GERAGE, 2010). Em áreas de maiores altitudes, devido a limitação de baixas temperaturas e geadas, genótipos de milho de ciclo muito curto, com menor exigência térmica, tem permitido a expansão da safrinha (BERGAMASCHI; MATZENAUER, 2009).

Essa heterogeneidade de condições climáticas da região dificulta a seleção devido a interação genótipos x ambientes, que resulta em diferentes respostas de um mesmo genótipo em diferentes ambientes (SHIOGA et al., 2015). Os estudos da interação genótipos x ambientes são no sentido de reduzir ou minimizar os efeitos da interação (RIBEIRO; ALMEIDA, 2011), selecionando genótipos consistentes para os mais diversos ambientes. A estabilidade dos genótipos é tão importante quanto o elevado potencial produtivo, pois é interessante que sejam produtivos e previsíveis, ou seja, apresentem adaptabilidade e estabilidade (MARTINELLI et al., 2012).

Para a seleção de genótipos consistentes, as áreas de experimentação devem representar as diferentes condições da região em estudo. É fundamental identificar se, dentre os locais, existem ambientes de padrões similares de resposta de genótipos, classificando os ambientes como geradores de informações redundantes ou complementares (PEREIRA et al., 2010), sendo possível assim reduzir o número de ambientes sem gerar perdas no processo de

seleção (MENDONÇA et al., 2007). A identificação da similaridade ou complementariedade de ambientes é feita através da estratificação ambiental.

Existem diversos métodos propostos para estudo da estratificação ambiental: a estimativa de ecovalência, proposta por Wricke (1965) que avalia a contribuição de cada ambiente por meio da decomposição da soma de quadrados da interação; o método de Lin (1982) que forma subgrupos de ambientes homogêneos em que a interação genótipo x ambiente não seja significativa; metodologia apresentada por Cruz e Castoldi (1991) que identifica o percentual relativo à parte simples da interação genótipo x ambiente, também possibilita a estratificação quando a interação genótipo x ambiente é significativa entre pares de ambientes; e o método proposto por Murakami e Cruz (2004) que é baseado em técnicas multivariadas de análise de fatores.

A análise de fatores de Murakami e Cruz (2004) utiliza o princípio da similaridade de desempenho genotípico, reduzindo um grande número de variáveis originais a um menor número de variáveis abstratas, chamadas fatores. Cada fator irá agrupar um conjunto de ambientes altamente correlacionados entre si e fracamente correlacionados com os ambientes agrupados nos demais fatores (GARBUGLIO et al., 2007). A análise de fatores é vantajosa pois associa estratificação ambiental, adaptabilidade e estabilidade, além de que, essa metodologia não segrega os ambientes em apenas dois grupos (favoráveis e desfavoráveis) que é um fato questionável de outras metodologias (CRUZ; CARNEIRO, 2006). A análise de fatores tem sido utilizada por diversos autores para estudos de adaptabilidade e estratificação ambiental (GARBUGLIO et al., 2007; MENDONÇA et al., 2007, PEREIRA et al., 2013; CARVALHO et al., 2014).

Os ambientes da safrinha paranaense apresentam grande heterogeneidade climática, com regimes hídricos, temperaturas médias e altitudes bastante contrastantes. O objetivo deste estudo foi estratificar ambientes de safrinha das mesorregiões Oeste, representada por ensaios na microrregião de Cascavel, Toledo e Foz do Iguaçu, e Centro Ocidental, representada por ensaios na microrregião de Campo Mourão e em Mariluz representando a formação arenito Caiuá, nas safrinhas de 2014 e 2015, para identificar ambientes essenciais para a seleção de genótipos para produtividade e umidade de colheita.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola – COODETEC, das safrinhas de 2014 e 2015, da mesorregião Oeste paranaense, representado por ensaios nas microrregiões de Cascavel, Toledo e Foz do Iguaçu, e da mesorregião Centro Ocidental paranaense, representada por ensaio na microrregião de Campo Mourão e em Mariluz, que representa as áreas baixas do Centro Ocidental e parte do Noroeste onde ocorrem solos oriundos do arenito Caiuá (Tabela 01).

Tabela 01 - Locais de condução de ensaios de avaliação de híbridos nas safrinhas 2014 e 2015 no oeste e centro Ocidental do Paraná.

Mesorregião	Microrregião	Município	Ensaio	Safra	Altitude (m)	Plantio	Colheita
Centro Ocidental	Campo Mourão	Campo Mourão	1	2014	651	26/02/14	28/07/14
Oeste	Cascavel	Cascavel	2	2014	667	11/02/14	10/07/14
Oeste	Cascavel	Cascavel	3	2014	667	11/02/14	10/07/14
Noroeste	Umuarama	Mariluz	4	2014	405	13/02/14	02/07/14
Noroeste	Umuarama	Mariluz	5	2014	405	13/02/14	02/07/14
Oeste	Toledo	Palotina	6	2014	370	13/02/14	27/06/14
Oeste	Toledo	Palotina	7	2014	373	17/02/14	12/07/14
Oeste	Foz do Iguaçu	Santa Teresinha do Itaipu	8	2014	264	11/02/14	22/07/14
Oeste	Toledo	São Pedro do Iguaçu	9	2014	523	16/02/14	25/07/14
Centro Ocidental	Campo Mourão	Campo Mourão	10	2015	628	02/03/15	13/08/15
Oeste	Cascavel	Cascavel	11	2015	657	02/02/15	06/07/15
Oeste	Cascavel	Cascavel	12	2015	657	02/02/15	06/07/15
Noroeste	Umuarama	Mariluz	13	2015	415	22/02/15	03/08/15
Noroeste	Umuarama	Mariluz	14	2015	415	22/02/15	03/08/15
Oeste	Toledo	Palotina	15	2015	362	18/02/15	29/06/15
Oeste	Toledo	Palotina	16	2015	362	18/02/15	29/06/15
Oeste	Foz do Iguaçu	Santa Teresinha do Itaipu	17	2015	264	10/02/15	23/07/15
Oeste	Toledo	São Pedro do Iguaçu	18	2015	510	12/02/15	23/07/215

O clima da safrinha 2014 caracterizou-se por irregularidades nas precipitações, concentrando grandes volumes de chuva em curtos períodos e por acentuadas quedas de temperatura pela passagem de frentes frias, porém não foram registradas geadas (SHIOGA et al., 2014). Na safrinha 2015, além de também não ocorrer geadas, as temperaturas máximas e mínimas foram mais elevadas, em comparação com a média histórica, durante o ciclo do milho, o que favoreceu o desenvolvimento da cultura (SHIOGA et al., 2015). Porém, segundo Fancelli

(2001), para um desenvolvimento ótimo do milho safrinha são necessários 150 mm de precipitação média mensal, principalmente no período de cultivo que corresponde do florescimento ao enchimento de grãos. No mês de abril da safrinha 2015 foi registrado precipitação média inferior a 150 mm tanto no Oeste quanto no Centro Ocidental paranaense, sendo o período crítico para o desenvolvimento do milho o que pode ter afetado a produtividade da safrinha (Apêndice A).

Os ensaios foram compostos por 50 híbridos, entre comerciais, pré comerciais e experimentais, dos quais foram selecionados os 16 híbridos comerciais, sendo 10 híbridos simples e 6 híbridos triplos, presentes em todos os ensaios nos dois anos de avaliação para este estudo. O delineamento experimental empregado foi de blocos casualizados com duas repetições, a unidade experimental constituiu-se de duas linhas de 5 metros de comprimento com espaçamento de 0,76 m entre linhas.

Para a semeadura foi utilizada plantadeira de parcelas de 4 linhas, em sistema de plantio direto. As adubações de base e de cobertura e o controle químico de plantas daninhas, pragas e doenças foram os mesmos utilizados nas áreas de lavouras comerciais onde foram plantados os ensaios e para garantir que os manejos fossem realizados na melhor época foi prestado assistência técnica aos produtores.

A população de plantas utilizada foi de 60000 plantas.ha⁻¹ em todos os ensaios nos dois anos. Para isso, foram semeadas 50% de sementes a mais para que o ajuste da população fosse feito através de desbaste. O desbaste foi realizado entre os estágios V3 e V5 em todos os ensaios. A colheita foi realizada em parcela total, com colhedora adaptada para colheita de parcelas, que coleta informações de peso e umidade de cada parcela. Os dados brutos de peso foram transformados em kg ha⁻¹ para produtividade ajustados a 14% de umidade que é o padrão do software utilizado pela Coodetec para dados de experimentação.

2.2.1 Análises genético-estatísticas

Os dados de cada ensaio foram submetidos à análise de variância individual, a fim de detectar variabilidade e precisão experimental. Para o teste de homogeneidade de variâncias residuais foi utilizado o F máximo de Hartley (1950).

Para a análise de variância conjunta foi utilizada correção da homogeneidade de variâncias residuais dos ensaios que não apresentaram homogeneidade pelo teste F máximo de Hartley (1950), possibilitando a análise conjunta de todos os ambientes de cada safra. A análise

conjunta visou estimar a significância da interação de genótipos x ambientes e de ambientes, para assim justificar a estratificação ambiental.

A estratificação ambiental foi realizada através do método de análise de fatores proposta por Murakami e Cruz (2004). Para a definição dos números finais de fatores seguiu-se a recomendação de Cruz e Carneiro (2006), que o número de fatores finais é igual ao número de autovalores superiores à 1 na matriz de correlações fenotípicas ou até se obter proporção adequada de variabilidade total, geralmente maior que 80%.

O número final de fatores definido para cada conjunta foi utilizado para gerar as cargas fatoriais finais após a rotação, pelo método de componentes principais. O agrupamento dos ambientes foi realizado conforme descrito por Johnson e Wichern (1992), que dizem que cargas fatoriais finais iguais ou superiores a 0,70 e de mesmo sinal indicam ambientes com alto padrão de similaridade e podem ser agrupados dentro de cada fator.

As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2013).

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

2.3.1 Análise de variância individual

Os resultados da análise de variância individual da safrinha 2014, para produtividade e para umidade de colheita, revelaram homogeneidade de variâncias residuais pelo testes de F máximo de Hartley (1950), possibilitando a análise conjunta dos resultados (Apêndice B). Para a safrinha 2015, a variável produtividade apresentou homogeneidade de variâncias residuais, porém, umidade de colheita apresentou heterogeneidade, ambos pelo teste de F máximo de Hartley (1950), sendo então realizada a correção da homogeneidade de variâncias a custos de graus de liberdade do resíduo e da interação genótipo X ambiente, conforme o método de Cochran (1954), possibilitando a análise conjunta (Apêndice C).

2.3.2 Análise de variância conjunta

A análise de variância conjunta foi realizada dentro de cada ano de avaliação. Os coeficientes de variação foram classificados como baixos e médios, segundo critério proposto por Scapim, Carvalho e Cruz (1995) e Pimentel-Gomes (2009), confirmando a boa precisão dos ensaios nos diferentes anos (Tabela 02).

Para produtividade, na safrinha 2014, e para umidade de colheita, nas safrinhas 2014 e 2015, observa-se significância a 1% de probabilidade para as fontes de variação Ambientes (A) e interação Genótipos x Ambientes (G x A) pelo teste F. A significância da interação G x A indica comportamento diferenciado dos genótipos frente as variações ambientais e a avaliação dessa interação é importante pois um genótipo pode se destacar em alguns locais e não em outros (FARIA et al., 2009). A significância da interação G x A justifica a realização da estratificação ambiental (MENDONÇA et al., 2007; PEREIRA et al., 2010).

Na safrinha 2015, a variável produtividade não apresentou significância para a interação Genótipos x Ambientes, porém, a fonte de variação Ambientes (A) foi significativa a 5% pelo teste F. Pereira et al. (2010) afirmam que se detectadas diferenças significativas entre locais, evidencia a possibilidade de realização das análises de estratificação ambiental. Melo et al. (2007) afirmam que o efeito significativo para ambientes indica que há variabilidade entre locais.

Tabela 02 - Resumo das análises de variância conjuntas para produtividade de grãos e a umidade de colheita em híbridos de milho safrinha no oeste e centro ocidental do Paraná, em 2014 e 2015.

FV	Produtividade (kg ha ⁻¹)			
	2014		2015	
	GL	QM	GL	QM
Blocos/Ambientes	9	639107,1	9	2489136,5
Genótipos (G)	15	1858990,4 ^{ns}	15	10240252,3 ^{**}
Ambientes (A)	8	41040152,6 ^{**}	8	11194712,3 [*]
GxA	120	1259538,4 ^{**}	120	1900651,4 ^{ns}
Resíduo	135	541561,8	135	1934353,5
Média	7297,09		7693,94	
CV (%)	10,09		18,08	

FV	Umidade (%)			
	2014		2015	
	GL	QM	GL	QM
Blocos/Ambientes	9	9,12	9	2,97
Genótipos (G)	15	128,93 ^{**}	15	171,44 ^{**}
Ambientes (A)	8	417,23 ^{**}	8	634,5 ^{**}
GxA	120	16,28 ^{**}	83	13,33 ^{**}
Resíduo	135	4,77	90	4,76
Média	25,81		22,24	
CV (%)	8,46		9,81	

*, **, ns: Significativo a 5% e 1% de probabilidade e não significativo pelo teste F, respectivamente

2.3.3 Estratificação de ambientes

Para definição do número de fatores finais ideais, seguiu-se o sugerido por Cruz e Carneiro (2006), que dizem que o número de fatores finais seria igual ao número de autovalores superiores à unidade ou até obter proporção adequada de variabilidade, geralmente 80%. Murakami (2001) diz que em casos que a proporção da variabilidade explicada pelos autovalores maiores que 1 for baixa, podem ser considerados mais fatores, até que se consiga variabilidade adequada, geralmente mais que 80%. Esse padrão vem sendo utilizado por vários pesquisadores (CRUZ; CARNEIRO, 2003; GARBUGLIO et al., 2007; MENDONÇA et al., 2007; MURAKAMI; CRUZ, 2004). Para que se tivesse acima de 80% da variação explicada foi necessário considerar 5 fatores para produtividade na safrinha 2014 que captou 84,88% da variabilidade, 4 fatores para produtividade na safrinha 2015 que captou 81,18% da variabilidade, 3 fatores para umidade na safrinha 2014 que captou 85,43% da variabilidade e 2

fatores para umidade da safrinha 2015 captando 83,65% da variabilidade (Apêndice D). O número de fatores de cada variável e em cada ano foi utilizado para a obtenção das cargas fatoriais após a rotação.

Tabela 03 - Estratificação de ambientes, segundo a metodologia de análise de fatores, para produtividade de grãos de híbridos de milho safrinha nas safrinhas 2014 e 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná.

Ambiente	Safra	Fator 1	Fator 2	Fator 3	Fator 4	Fator 5	Comunalidades
Campo Mourão	2014	0,849	-0,002	-0,186	0,071	0,144	0,781
Cascavel 1	2014	0,239	0,284	-0,017	0,869	-0,188	0,929
Cascavel 2	2014	0,003	0,955	0,004	0,168	-0,042	0,941
Mariluz 1	2014	0,041	0,360	-0,692	0,051	-0,398	0,771
Mariluz 2	2014	-0,417	-0,167	-0,610	0,578	0,074	0,913
Palotina 1	2014	0,239	-0,085	0,079	-0,177	0,900	0,911
Palotina 2	2014	0,608	0,331	0,310	0,140	0,518	0,864
Sta. Terezinha do Itaipu	2014	-0,105	0,145	0,849	-0,052	-0,002	0,756
S. Pedro do Iguaçu	2014	0,563	-0,243	0,551	0,093	0,290	0,772
Campo Mourão	2015	0,175	-0,074	0,832	-0,255		0,793
Cascavel 1	2015	0,807	-0,050	0,143	-0,374		0,814
Cascavel 2	2015	0,265	0,206	0,850	-0,209		0,878
Mariluz 1	2015	0,254	0,731	-0,277	-0,171		0,705
Mariluz 2	2015	-0,349	0,798	0,211	-0,039		0,804
Palotina 1	2015	0,149	0,165	0,230	-0,897		0,907
Palotina 2	2015	0,252	0,194	0,216	-0,889		0,938
Sta. Terezinha do Itaipu	2015	0,273	0,616	0,311	-0,312		0,648
S. Pedro do Iguaçu	2015	0,803	0,143	0,379	-0,096		0,819

Todas as comunalidades foram acima de 0,64 (Tabelas 03 e 04), que tem-se considerado como aceitáveis (CRUZ; CARNEIRO, 2006), pois equivaleria a coeficiente de correlação superior a 0,80 entre a variável padronizada e a parte comum que explica esta variável (PONTES JÚNIOR, 2016). As altas comunalidades mostram qualidade de fatoração para o agrupamento dos ambientes e pequena variância específica.

Analisando as cargas fatoriais finais da análise conjunta da safrinha 2014 (Tabela 03), observa-se que os ambientes Campo Mourão, Cascavel 2, Santa Terezinha do Itaipu, Cascavel 1 e Palotina 1 ficaram isolados nos fatores 1, 2, 3, 4 e 5. A correlação desses ambientes foi baixa, todas abaixo de 0,37 (Apêndice E), confirmando assim essa segregação de fatores. Os ambientes Mariluz 1, Mariluz 2, Palotina 2 e São Pedro do Iguaçu não foram agrupados em nenhum dos cinco fatores, por não atingirem cargas fatoriais acima de 0,70, resultados

semelhantes foram relatados por Garbuglio et al. (2007) onde 3 dos 22 ambientes estudados não foram agrupados.

As cargas fatoriais finais para produtividade da safrinha 2015 (Tabela 05), agruparam no fator 1 os ambientes Cascavel 1 e São Pedro do Iguaçu, que tiveram correlação de 0,64, reafirmando a proximidade entre eles. No fator 2 foram agrupados os ambientes Mariluz 1 e Mariluz 2, porém estes com correlação abaixo de 0,5. No fator 3 agrupou-se os ambientes Campo Mourão e Cascavel 2 que apresentaram correlação de 0,74. No fator 4 agruparam-se os ambientes Palotina 1 e Palotina 2, estes com cargas fatoriais negativas e correlação de 0,86.

Para umidade de colheita da safrinha 2014 (Tabela 04), o fator 1 agrupou os ambientes Campo Mourão, Cascavel 1, Cascavel 2 e São Pedro do Iguaçu, confirmado pelas elevadas correlações entre ambientes. O fator 2 agrupou os ambientes Mariluz 1 e Mariluz 2 com correlação de 0,94, comportamento esse dentro do esperado, visto que se trata do mesmo município. O fator 3 gerou um subgrupo somente com o ambiente Santa Terezinha do Itaipu, mostrando resposta diferencial deste ambiente em relação aos demais, afirmado pelas baixas correlação encontradas neste ambiente (Apêndice E). Os ambientes Palotina 1 e Palotina 2 não obtiveram cargas fatoriais superiores a 0,70, não podendo ser agrupadas.

A fatoração para a umidade de colheita para a safrinha 2015 gerou 2 fatores. No fator 1 foram agrupados os ambientes Campo Mourão, Cascavel 1, Mariluz 1 Palotina 1 e Santa Terezinha do Itaipu, agrupamento confirmados pelas altas correlações entre ambientes (Apêndice E). No Fator 2 foram agrupados Cascavel 2, Mariluz 2 e São Pedro do Iguaçu, todos com cargas fatoriais negativas e alta correlação.

Os ambientes Campo Mourão, Cascavel 2, Cascavel 1 e Palotina 1 (Tabela 05), permaneceram agrupados para produtividade nos dois anos de avaliação, mostrando sua importância para seleção para esta característica. Para umidade de colheita os ambientes Campo Mourão, Cascavel 1, Cascavel 2, São Pedro do Iguaçu, Mariluz 1, Mariluz 2 e Santa Terezinha do Itaipu foram agrupados em ambas as safras, mostrando-se importantes para a seleção para esta característica. Porém, observa-se que para produtividade da safrinha 2015 e para umidade

Tabela 04 - Estratificação de ambientes, segundo a metodologia de análise de fatores, para umidade de colheita de híbridos de milho safrinha nas safrinhas 2014 e 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná.

Ambiente	Safra	Fator 1	Fator 2	Fator 3	Comunalidades
Campo Mourão	2014	0,851	0,326	-0,208	0,874
Cascavel 1	2014	0,806	0,163	-0,386	0,825
Cascavel 2	2014	0,889	0,207	-0,260	0,901
Mariluz 1	2014	0,136	0,961	-0,046	0,945
Mariluz 2	2014	0,207	0,946	-0,020	0,939
Palotina 1	2014	0,682	0,432	-0,367	0,786
Palotina 2	2014	0,627	0,498	-0,444	0,838
Sta. Terezinha do Itaipu	2014	-0,147	-0,011	0,895	0,823
S. Pedro do Iguaçu	2014	0,822	-0,027	0,286	0,758
Campo Mourão	2015	0,804	-0,471		0,868
Cascavel 1	2015	0,738	-0,601		0,906
Cascavel 2	2015	0,199	-0,906		0,861
Mariluz 1	2015	0,797	-0,553		0,941
Mariluz 2	2015	0,446	-0,793		0,828
Palotina 1	2015	0,823	-0,255		0,742
Palotina 2	2015	0,628	-0,677		0,852
Sta. Terezinha do Itaipu	2015	0,797	-0,250		0,697
S. Pedro do Iguaçu	2015	0,544	-0,732		0,832

de colheita da safrinha 2014, os ensaios repetidos no mesmo ambiente ficaram no mesmo agrupamento, indicando respostas similares, ocasionando resultados redundantes, não contribuindo para a diferenciação e seleção de genótipos. Resultados semelhantes apresentados por Garbuglio et al. (2007), que trabalhando com análise de fatores em milho em safra de verão, agrupou o ambiente Ponta Grossa em anos distintos em um mesmo fator, o que, segundo os autores, leva a inferir que os genótipos tiveram comportamentos similares.

Tabela 05 - Resumo da estratificação de ambientes obtida pelo método da análise de fatores para produtividade de grãos e umidade de colheita nas safrinhas 2014 e 2015 em ambientes do oeste e centro ocidental do Paraná.

Produtividade		
Agrupamento	2014	2015
I	Campo Mourão	Cascavel 1 S. Pedro do Iguaçu
II	Cascavel 2	Mariluz 1 Mariluz 2
III	Sta. Terezinha do Itaipu	Campo Mourão Cascavel 2
IV	Cascavel 1	Palotina 1 Palotina 2
V	Palotina 1	-
Umidade de colheita		
Agrupamento	2014	2015
I	Campo Mourão Cascavel 1 Cascavel 2 S. Pedro do Iguaçu	Campo Mourão Cascavel 1 Mariluz 1 Palotina 1 Sta. Terezinha do Itaipu
II	Mariluz 1 Mariluz 2	Cascavel 2 Mariluz 2 S. Pedro do Iguaçu
III	Sta. Terezinha do Itaipu	-

2.4 CONCLUSÕES

Os municípios Campo Mourão, Cascavel e Palotina são geradores de informação para a seleção visando produtividade. Santa Terezinha do Itaipu, São Pedro do Iguaçu e Mariluz são boas fontes de resultados para complementar a diferenciação de genótipos para produtividade.

Os municípios Campo Mourão, Cascavel, Mariluz, Santa Terezinha do Itaipu e São Pedro do Iguaçu são geradores de informação para seleção de híbridos para umidade de colheita, porém alguns ambientes apresentaram resultados redundantes, haja vista que estão no mesmo agrupamento. Então, os ambientes de Campo Mourão, Mariluz e Santa Terezinha do Itaipu são uma boa escolha para ensaios para avaliação da velocidade de perda de umidade de grãos.

A semeadura de ensaios em um mesmo município gerou informações redundantes para a produtividade na safrinha 2015 e para umidade de colheita na safrinha 2014, não contribuindo para a seleção de genótipos superiores.

2.5 REFERÊNCIAS

- BERGAMASCHI, H.; MATZENAUER, R. Milho. In: MONTEIRO, J.E.B.A. N. **Agrometeorologia dos cultivos: O fator meteorológico na produção agrícola**. Brasília, DF: Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), 2009. p.239-260.
- CARVALHO, A.D.F. de; SILVA, G.O. da; PEREIRA, R.B.; PINHEIRO, J.B. Análise de fatores e regressão bissegmentada no estudo da adaptabilidade e estabilidade de cenoura. **Revista Ceres**, Viçosa, v.61, n.6, p.932-940. 2014.
- CAVALLIN, I.C.; MENDES, M.C.; OLIVEIRA, B.R. de; LIMA, L.G.N.V. de; CONTE, M.V.D.; GAVA, E.; ZOCHE, J.C.; FARIA, M.V. Desempenho de híbridos de milho comerciais e pré-comerciais de ciclo superprecoce no município de Guarapuava – PR. in: XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo: **Anais**. Águas de Lindóia, 2012.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Brasília, 2015, 166p.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Valor Bruto da Produção**. Brasília, 2017, 60p.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v.2. 585p.
- CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v.38, p.422-430, 1991.
- FANCELLI, A. L. Fisiologia das plantas de milho em condições de segunda safra. In: SHIOGA, P.; BARROS, A. S. do R. (coord.). **A cultura do milho segunda safra**. Londrina: IAPAR, 2001, p. 11 – 31.
- FARIA, A.P.; MODA-CIRINO, V.; BURATTO, J.S.; SILVA, C.F.B. da; DESTRO, D. Interação genótipo x ambiente na produtividade de grãos de linhagens e cultivares de feijão. **Acta Scientiarum Agronomy**. Maringá, v.31, n.4, p.579-585, 2009.
- GARBUGLIO, D.D.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M. de; FONSECA JUNIOR, N. da S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.42, n.2, p.183-191. 2007.
- INSTITUTO PARANAENSE DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL (IPARDES). **Leituras regionais: Mesorregião Geográfica Oeste Paranaense**. Instituto Paranaense de Desenvolvimento Econômico e Social – Curitiba, 2003. 143p.
- INSTITUTO PARANAENSE DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL (IPARDES). **Leituras regionais: Mesorregião Geográfica Centro-Ocidental Paranaense**. Instituto Paranaense de Desenvolvimento Econômico e Social – Curitiba, 2004a. 133p.

INSTITUTO PARANAENSE DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL (IPARDES). **Leituras regionais: Mesorregião Geográfica Noroeste Paranaense**. Instituto Paranaense de Desenvolvimento Econômico e Social – Curitiba, 2004b. 141p.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Englewood Cliffs, 1992. 642p.

LIN, C.S. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean-square. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.62, p.277-280, 1982.

MARTINELLI, A.P.; PEREIRA, R.S.B.; TAVARES, M.; ALBUQUERQUE, C.J.B. Adaptabilidade e Estabilidade de híbridos de milho em ambientes de safrinha na região central do Brasil. in: XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo: **Anais**. Águas de Lindóia, 2012.

MELO, L.C.; MELO, P.G.S.; FARIA, L.C. de; DIAZ, J.L.C.; PELOSO, M.J.D.; RAVA, C.A.; COSTA, J.G.C. da. Interação em ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.5, p.715-723, 2007.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍCOLO, V.; GARBUGLIO, D.D.; FONSECA JUNIOR, N. da S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.42, n.11, p. 1567-1575, 2007.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). **VBP - Valor bruto da produção**. Brasília, 2017. 60p.

MURAKAMI, D.M. **Novas metodologias de análise de interação genótipos x ambientes: Análise combinada de estratificação, adaptabilidade e estabilidade e análise de representatividade ambiental**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 142f. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

MURAKAMI, D.M.; CRUZ, C.D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis is genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, p.7-11, 2004.

PEREIRA, H.S.; COSTA, A.F. da; MELJO, L.C.; PELOSO, M.J.D.; FARIA, L.C. de; WENDLAND, A. Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.34, n.6, p.2603-2614. 2013.

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; FARIA, L.C. de; PELOSO, M.J.D.; WENDLAND, A. Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de feijoeiro-comum tipo carioca em Goiás e no Distrito Federal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.6, p.554-562. 2010.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15.ed.Piracicaba, Fealq, 2009. 451p.

PONTES JÚNIOR, V. de A. N. **Avaliação da eficiência da rede experimental da Embrapa em dez anos do programa de melhoramento do feijoeiro-comum**. Goiânia, GO, 2016, 253f.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

RIBEIRO, J.Z.; ALMEIDA, M.I.M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, n.8, p.875-883, 2011.

SANS, L.M.A.; GUIMARÃES, D.P. **Zoneamento agrícola de riscos climáticos para a cultura do milho**. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. 2006.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SECRETARIA DE ESTADO DA AGRICULTURA E DO ABASTECIMENTO DO PARANÁ (SEAB). DEPARTAMENTO DE ECONOMIA RURAL (DERAL). **Comparativo de área, produção e rendimento**. Curitiba, 2017. Disponível em <<http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/pss.xls>>. Acesso em 09 de junho de 2017.

SHIOGA, P.S.; GERAGE, A.C. Influência da época de plantio no desempenho do milho safrinha no estado do Paraná, Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.9, n.3, p.236-253, 2010.

SHIOGA, P.S.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M. de; BIANCO, R.; CUSTÓDIO, A.A. de P. **Avaliação Estadual de Cultivares de Milho Segunda Safra 2014**. Instituto Agrônomo do Paraná – IAPAR. Boletim Técnico Nº 82. Londrina, 2014.

SHIOGA, P.S.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M. de; BIANCO, R.; CUSTÓDIO, A.A. de P. **Avaliação Estadual de Cultivares de Milho Safra 2014/2015**. Instituto Agrônomo do Paraná – IAPAR. Boletim Técnico Nº 85. Londrina, 2015.

SOUSA, T.R. de; FARIA, A.R.; GONSALVES, R.N.; SILVA NETO, S.P. da; PELÁ, A.; FREITAS, R.F. de; PIRES CASSIANO, M.V.; ROMÃO, L.G.F.E. Avaliação de híbridos de milho safrinha em Ipameri, no sudeste de Goiás. in: XII Seminário Nacional de Milho Safrinha – Estabilidade e Produtividade: **Anais**. Dourados. 2013.

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v.52, p.127-138, 1965.

3 CAPÍTULO 2

ESTUDO DA HETEROSE PARA MATURAÇÃO E PRODUTIVIDADE EM MILHO EMPREGANDO CRUZAMENTOS DIALÉLICOS E DISTÂNCIA GENÉTICA

RESUMO

A identificação de genótipos divergentes é fator essencial para o sucesso de programas de melhoramento. O presente trabalho teve como objetivos avaliar o potencial “per se” de linhagens elites e a manifestação da heterose em híbridos para atributos relacionados a produtividade e maturação empregando-se cruzamentos dialélicos, bem como verificar se existe relação entre heterose e o agrupamento das linhagens realizado com base em informações de marcadores SNP. Foram selecionadas 13 linhagens elite do programa de melhoramento da Coodetec, das quais foram coletados discos foliares para genotipagem com marcadores SNP para determinação da distância genética e sintetizados setenta e oito híbridos um dialélio parcial. Os híbridos e os parentais foram avaliados em Palotina, Mariluz e São Pedro do Iguaçu, em delineamento experimental Látice quadrado 10x10, com três repetições. Avaliou-se florações masculinas e femininas, umidade de colheita, peso de mil sementes e produtividade. Análises de variância foram efetuadas, sendo as médias dos genitores submetidas ao teste de Tukey a 5% e a manifestação da heterose e o potencial “per se” das linhagens foi obtido de acordo com o método de Gardner e Eberhart (1966). A diversidade genética entre os acessos foi avaliada utilizando-se análise multivariada, empregando-se o método de otimização de Tocher Modificado (sequencial). As linhagens foram distribuídas em três grupos heteróticos, sendo que o grupo 1 reteve nove linhagens, evidenciando proximidade genética de grande parte dos genótipos utilizados neste estudo. As heteroses médias obtidas para florações masculinas e femininas, produtividade e massa de mil sementes indicam potencial de exploração deste grupo de linhagens para trabalhos de melhoramento. Destacaram-se os híbridos CD008 x CD038 e CD072 x CD070 para síntese de populações e CD010 x CD034 para a síntese direta de híbrido. A linhagem CD034 destacou-se como divergente em relação as demais linhagens estudadas.

Palavras-chave: Marcadores Moleculares. Dissimilaridade genética. Dialélio. SNP.

ABSTRACT

Identification of divergent genotypes is an essential factor for the success of breeding programs. The objective of this study was to evaluate the potential per se of elite strains and the manifestation of heterosis in hybrids for attributes related to yield and maturation using diallel crosses, and to verify whether there is a relationship between heterosis and the grouping of strains based on SNP marker data. 13 elite breeding lines were selected from the Coodetec breeding programme, from which leaf discs were collected for genotyping with SNP markers to determine genetic distance and seventy-eight hybrids, a partial diallel, synthesized. The hybrids and parentals were evaluated in Palotina, Mariluz s São Pedro do Iguaçu, in a 10x10 square lattice experimental design, with three replications. Male and female blooms, harvest moisture, thousand kernel weight and productivity were evaluated. Variance analysis was performed, being the means of the parents submitted to the Tukey test to 5% and the hybrid vigour and the potential per se of the lineages being obtained according to the Gardner and Eberhart method (1966). Genetic diversity among the accessions was evaluated using multivariate analysis, with the Modified Tocher (sequential) optimization method being employed. The breeding lines were distributed in three heterotic groups, with group 1 retaining nine breeding lines, evidencing genetic proximity among a large number of the genotypes used in this study. The mean heteroses obtained for male and female blooms, yield and weight of one thousand kernels indicate the exploration potential of this group of inbred for the breeding program. The combinations CD008 x CD038 and CD072 x CD070 stood out for population synthesis and CD010 x CD034 for direct hybrid synthesis. The inbred CD034 stood out as divergent among the breeding lines studied

Key words: Molecular Markers. Genetic dissimilarity. Diallel. SNP.

3.1 INTRODUÇÃO

O cultivo de milho safrinha no Paraná caracteriza-se por semeaduras entre janeiro e final de março (IAPAR, 2017), sendo que quanto mais tarde for efetuada, menor será o potencial de produção (CRUZ et al., 2010; MARQUES, 2012), devido a redução das horas de luz solar e de temperatura (SHIOGA et al., 2012), além de aumentar os riscos de perdas por geadas (SANS; GUIMARÃES, 2012).

Já na década de 1990 produtores começaram a buscar híbridos adaptados às condições de safrinha (FORNASIERI FILHO, 2007) procurando diminuir as perdas por interferências climáticas. Isso teve reflexo nos programas de melhoramento e consequentemente no mercado de sementes brasileiro, que, no ano agrícola 2013/2014, do total de híbridos disponíveis no mercado, em torno de 66% eram de ciclo precoce e em torno de 24% eram de ciclo superprecoce (CRUZ; PEREIRA FILHO; QUEIROZ, 2013), utilizados para escapar de estresses climáticos como geada em plantios tardios de safrinha nos estados mais ao sul, ou em condições de período de chuva reduzida, como em algumas regiões do Nordeste e Centro-Oeste (CRUZ et al., 2010).

Os altos níveis de produtividade de milho alcançados estão ligados a estudos desenvolvidos por Shull (1909) e East (1909) que introduziram o conceito de heterose ou vigor híbrido (MÔRO, 2011). Na busca por heterose, a identificação de genótipos divergentes é fator essencial para o sucesso de programas de melhoramento (PATERNIANI et al., 2008). Nesse contexto, o potencial heterótico de genótipos de milho em combinações híbridas pode ser avaliado por análise dialélica (DONÁ et al. 2011). As metodologias de análise dialélica mais comumente utilizadas são a proposta por Griffing (1956), em que são estimados os efeitos de capacidade geral e específica de combinação, a proposta por Hayman (1954), que traz informações sobre o mecanismo básico de herança do caractere em estudo, sobre os valores genéticos dos parentais e o limite de seleção e a metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966), onde são estimados os efeitos de variedade, de heterose varietal e, através destes, o potencial *per se* e em combinações híbridas dos genótipos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2006). Esta última destaca-se pois permite o desdobramento detalhado do efeito da heterose em heterose média, do genitor e específica (NASCIMENTO et al., 2010).

Os métodos de análise dialélicos são bastante robustos porém de difícil aplicação em programas de melhoramento genético devido ao grande esforço operacional necessário para a realização de todos os cruzamentos possíveis e avaliação dos híbridos no campo (PATERNIANI et al., 2008). Contudo, técnicas de marcadores moleculares como SSR (Simple Sequence Repeat) e, principalmente SNP (Single Nucleotide Polymorphism), têm sido

aplicadas em programas de melhoramento para diferentes finalidades, destacando-se o seu emprego de informação em estudos de estimação da diversidade genética e alocação de linhagens elites em seus respectivos grupos heteróticos, resultando no aumento da eficiência do processo de criação de combinações híbridas com potencial comercial (FERNANDES et al., 2015).

Assim, o presente trabalho teve como objetivos avaliar o potencial “per se” de linhagens elites e a manifestação da heterose em híbridos para atributos relacionados a produtividade e maturação empregando-se cruzamentos dialélicos; bem como verificar se existe relação entre heterose e o agrupamento das linhagens realizado com base em informações de marcadores SNP.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Material e condições de cultivo

Treze linhagens elite do programa de melhoramento de milho Sul da Coodetec (Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola), com ciclo entre superprecoces à tardias, selecionadas com base na avaliação realizada por Friske (2015), foram empregadas para obtenção de populações F_1 , seguindo um esquema de cruzamento dialélico de meia tabela. A obtenção das sementes foi realizada através de bloco de cruzamento manual semeado na safra de verão 2014/2015 na fazenda experimental da Coodetec em Palotina/PR.

Os experimentos foram realizados na safrinha 2015 nos municípios de Palotina, São Pedro do Iguaçu e Mariluz, no Paraná, respeitando o zoneamento agroclimático do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para cada local sendo realizado a semeadura nos dias 27 de fevereiro, 17 de fevereiro e 22 de fevereiro de 2015 respectivamente.

Os ensaios contaram com as 13 linhagens progenitoras (pais), os 78 híbridos F_1 e 9 híbridos comerciais, totalizando 100 tratamentos. O delineamento experimental empregado foi o Látice 10x10 com três repetições por ambiente. A unidade experimental foi de duas linhas com 5 metros de comprimento e 0,76 metros de espaçamento entre linhas. A semeadura foi mecanizada e entre 25 e 30 dias após a emergência das plantas foi realizado o desbaste, estabelecendo população média de 65.000 plantas ha^{-1} .

3.2.2 Características avaliadas

Para a determinação do número de dias para o florescimento masculino (FM) e feminino (FF), foram feitas avaliações visuais de todas as parcelas de cada ensaio com periodicidade de dois dias entre avaliações, sempre no mesmo horário do dia e mesmo avaliador, considerando para a FM e FF o número de dias entre o plantio e quando 50% + uma das plantas estavam com emissão de pólen e estilo-estigmas expostos.

Para a determinação da massa de mil sementes (MMS) foram coletadas aleatoriamente cinco espigas de cada parcela, debulhadas e levadas ao secador até atingirem 13% de umidade. O valor de MMS de cada parcela foi calculado através do peso médio de seis amostragem de 100 sementes.

A percentagem de umidade na massa de grãos (UM) foi determinada no momento da colheita através da colheitadeira de parcelas. A produtividade (PROD) foi calculada a partir dos dados de peso e umidade de cada parcela fornecidos pela colheitadeira somando-se o peso de grãos das 5 espigas coletadas para a determinação do MMS e ajustados a 13% de umidade e expressos em kg ha⁻¹. A colheita foi mecanizada e realizada na área total de cada parcela.

3.2.3 Análise da Diversidade Genética por Marcadores SNP

Discos foliares das 13 linhagens de milho no estágio V5 foram coletados, devidamente acondicionados e levadas até o Laboratório de Biotecnologia da COODETEC, para realização do processo de extração do DNA. O DNA genômico foi obtido empregando-se o protocolo Doyle e Doyle (1990). As amostras foram quantificadas e a pureza foi verificada em espectrofotômetro (NanoDrop® 2000-2000c).

As amostras de DNA genômico foram enviadas para a Companhia Affymetrix (Affymetrix Inc., Santa Clara, CA, USA), que realizou a genotipagem com marcadores SNP com a Plataforma 650K. Do total de 616.201 marcadores SNP avaliados, 418.287 marcadores foram polimórficos e com alta resolução.

Para a análise dos resultados, o cálculo da distância genética entre duas populações (I e J) foi estimado de acordo com Yao et al. (2007), a partir do coeficiente de coincidência simples obtido pela expressão:

$$CS = 2 \frac{N_{ij}}{N_i + N_j}$$

em que N_{ij} é o número de alelos comuns a ambas as populações para determinado *primer*, N_i é o número total de alelos SNP na população i e N_j o número total de alelos na população j. O

complemento do coeficiente de coincidência simples entre pares de itens foi portanto estimada por:

$$D_{ij} = 1 - CS = 1 - \left[2 \frac{N_{ij}}{N_i + N_j} \right]$$

Com base nas distâncias, foi construída uma matriz de valores D_{ij} , a qual deu origem à matriz de dissimilaridade genética.

A diversidade genética entre os acessos foi avaliada utilizando-se análise multivariada, empregando-se o método de otimização de Tocher Modificado (sequencial), proposto por Vasconcelos et al. (2007). Para isso, a partir da matriz de dissimilaridade genética identificou-se o par mais próximo que constituiu o primeiro grupo e obteve-se o α , que é o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada progenitor. A partir disso, foi avaliado a possibilidade de inclusão de outros acessos neste primeiro grupo, respeitando o critério de distância média intragrupo ser inferior a quaisquer distâncias intergrupos. Após concluído a inclusão de acessos no primeiro grupo, obteve-se um novo valor de α a partir da matriz composta apenas pelos acessos ainda não agrupados, assim o valor de α volta a ser o máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias, envolvendo cada progenitor ainda não agrupado. Após a formação de cada grupo, um novo valor de α foi obtido.

3.2.4 Análise genético-estatística

Para toda a análise estatística foram consideradas as 13 linhagens progenitoras e os 78 híbridos obtidos em dialelo.

Para a definição do modelo estatístico a ser empregado, estimou-se a eficiência do delineamento em látice. Após a definição do modelo estatístico, realizou-se as análises de variância individuais, para detectar presença de variabilidade nos tratamentos em estudo, precisão experimental e homogeneidade de variâncias residuais. Nas médias dos parentais foi aplicado teste de Tukey com significância de 5%.

Para análise conjunta foi considerada a homogeneidade das variâncias através do teste de F máximo de Hartley (1950) para que os ensaios possam ser analisados em conjunto. Objetivou-se com essa análise estimar a significância dos ambientes, da interação tratamentos x ambientes e a interação dos genótipos, testemunhas e grupos com o ambiente. Após interpretados os resultados foram realizadas análises de variância dialélica individual e conjunta de acordo com modelo IV proposto por Gardner e Eberhart (1966).

Todos os procedimentos estatísticos foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013).

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 Agrupamento de Tocher

Pela análise genotípica das 13 linhagens elites de milho, empregando-se marcadores SNP foi possível identificar 418.287 marcadores polimórficos, que foram utilizados para estimar o complemento do coeficiente de coincidência simples entre os pares de linhagens (Tabela 6). A amplitude das distâncias genéticas entre as linhagens foi pequena, ocorrendo no intervalo entre 0,196 à 0,324. Fernandes et al. (2015) encontraram distâncias genéticas entre linhagens de milho no intervalo de 0,4 a 0,6 utilizando marcadores moleculares microssatélites. As menores distâncias genéticas são vistas entre as linhagens CD070 e CD060, CD067 e CD072, CD008 e CD034 e CD008 e CD038, onde são esperados as menores heteroses. As maiores distâncias ocorreram da interação da linhagem CD034 com as demais, evidenciando ser a mais divergente dentre os treze parentais em estudo. Somente apresentou proximidade genética com a linhagem CD008.

Pela análise de agrupamento pelo método de Tocher Modificado, verificou-se que as linhagens ficaram distribuídas em três grupos heteróticos (Tabela 07). O grupo 1 reteve nove linhagens, evidenciando a proximidade genética de grande parte dos genótipos utilizados neste estudo.

Resultados semelhantes apresentados por Rotili et al. (2012) que agruparam 63% dos genótipos no grupo 1 e por Silva et al. (2016) que agruparam 82,56% dos genótipos no grupo 1. No grupo 2 foram agrupadas os genótipos CD007, CD056 e CD069 indicando menor dissimilaridade genética entre eles.

Tabela 06 - Matriz de dissimilaridade genética de 13 linhagens de milho, construída através da distância genética obtida por genotipagem com marcadores moleculares SNP.

Parental	CD069	CD070	CD007	CD008	CD010	CD067	CD034	CD072	CD038	CD056	CD060	CD063	CD065
CD069	0,000	0,293	0,295	0,295	0,298	0,303	0,315	0,295	0,298	0,306	0,289	0,286	0,301
CD070		0,000	0,289	0,274	0,275	0,233	0,316	0,251	0,286	0,296	0,196	0,280	0,282
CD007			0,000	0,283	0,291	0,290	0,316	0,293	0,280	0,284	0,288	0,285	0,290
CD008				0,000	0,284	0,275	0,208	0,260	0,217	0,280	0,292	0,274	0,270
CD010					0,000	0,263	0,304	0,282	0,284	0,292	0,293	0,247	0,299
CD067						0,000	0,302	0,196	0,277	0,304	0,281	0,278	0,285
CD034							0,000	0,317	0,284	0,305	0,324	0,307	0,306
CD072								0,000	0,268	0,301	0,276	0,277	0,280
CD038									0,000	0,289	0,295	0,281	0,264
CD056										0,000	0,289	0,285	0,297
CD060											0,000	0,283	0,301
CD063												0,000	0,286
CD065													0,000

O grupo 3 apresentou apenas a linhagem CD034, indicando que esta é mais divergente em relação as demais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004), sendo uma opção para cruzamentos com genitores dos outros grupos para a formação direta de híbridos. Resultados semelhantes relatado por Santos et al. (2015), que analisando 10 populações de milho quanto à quantidade de óleo, geraram três grupos, sendo que o terceiro contou com apenas um genótipo.

Tabela 07 - Agrupamento de genótipos pelo método de Tocher Modificado (Sequencial) com base na divergência genética entre 13 progenitores de milho.

Grupo	Acessos								
1	CD070	CD060	CD067	CD072	CD008	CD038	CD063	CD010	CD065
2	CD007	CD056	CD069						
3	CD034								

O conhecimento da divergência genética e a separação em grupos favorece a escolha de genitores, que ao serem cruzados, podem apresentar maior efeito heterótico na progênie (ROTILI et al., 2012). A utilização de genótipos de diferentes grupos como genitores reduz o número de cruzamentos a serem feitos aumentando as chances de sucesso (MÔRO et al., 2007; GUEDES et al., 2013), porém é necessário a seleção de indivíduos superiores para o agrupamento e posteriormente para os cruzamentos, pois genótipos somente contrastantes não garantem sucesso (PATERNIANI et al., 2008; CARVALHO et al., 2011). Nesse contexto, torna-se necessário avaliar a relação da divergência genética, apresentada pelos marcadores

moleculares e da heterose, estimada através de análise dialélica proposta por Gardner e Eberhart (1966).

3.3.2 Análise de variância

A eficiência do delineamento em látice foi estimada para todos os caracteres avaliados, sendo para todos inferior ao limite de 120% de eficiência que justificaria o trabalho nesta metodologia, permitindo trabalhar com o modelo estatístico de blocos casualizados (MORAES et al., 1988; GOMES; GARCIA, 1991).

Observa-se na análise de variância individual (Apêndice F) que há diferenças significativas entre o comportamento médio das linhagens a nível de 1% de probabilidade pelo teste F para todos os ambientes, evidenciando a existência de variabilidade genética. Os coeficientes de variação mostram boa precisão experimental para todos os ambientes, classificados como baixos ou médios segundo sugerido por Scapim, Carvalho e Cruz (1995). Os coeficientes de variação para PROD foram considerados médios, o que pode ser justificado pelo fato de ser um caractere quantitativo, o que o torna bastante influenciável pelo ambiente (MATOS FILHO et al., 2009).

A variável PROD não apresentou significância para a fonte de variação Testemunha, fato esse atrelado à baixa produtividade das linhagens (testemunhas). Observa-se que a média geral de todos os ambientes foi baixa para os padrões produtivos da região de estudo, que pode estar relacionado com a presença dos progenitores nos ensaios, os quais apresentaram produtividades variando de 345,11 kg ha⁻¹ a 2.359,57 kg ha⁻¹ (Tabela 10).

A relação CVg/CVe foi superior a 1, ratificando a existência de variabilidade genética e a importância dos fatores genéticos na seleção dos caracteres relacionados com maturação e produtividade em milho (Apêndice F). Resultados semelhantes relatados por Faluba et al. (2010), que trabalhando com população de milho UFV 7, encontraram relação CVg/CVe superior a 1,00 para produtividade em todos os ambientes testados e por Prado, Almeida e Oliveira (2016), que trabalhando com 36 famílias de meios-irmãos, encontraram relação CVg/CVe alta relatando suficiente variabilidade genética para ganhos em melhoramento para os caracteres agrônômicos estudados. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) a razão CVg/CVe, pode ser empregada como índice indicativo do grau de facilidade de seleção de progênies para cada caráter. Quando essa relação atinge valor igual ou superior a unidade, indica que é possível obter ganhos genéticos no melhoramento (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Todas as variáveis apresentaram homogeneidade de variâncias residuais e podem ser avaliados em conjunto. Porém os resultados da análise de variância conjunta (Apêndice G), observa-se que a fonte de variação AMBIENTE e a interação TRAT x AMB e seus desdobramentos foram significativos para todas as variáveis, sugerindo que os ambientes se comportaram diferentemente quanto aos valores médios dos genótipo para todos os caracteres e/ou que o desempenho dos genótipos variou dependendo do ambiente de avaliação, sendo assim preferível proceder-se a análise individual de cada local.

Para floração masculina (FM) e feminina (FF) as linhagens CD069, CD070 e CD072 destacaram-se como as de menores médias em todos os locais, segundo teste de Tukey a 5% de significância (Tabela 8), indicando maior precocidade do que as demais linhagens, porém, em São Pedro do Iguaçu, além destas, as linhagens CD060, CD007, CD06, CD010, CD067 e CD038 não diferiram estatisticamente integrando o grupo de maior precocidade. Para produtividade (PROD) a linhagem CD067 destacou-se com melhores médias em Mariluz e em Palotina. Pelo teste de Tukey a 5% de significância, em Mariluz a linhagem CD067 diferiu-se estatisticamente somente da linhagem CD056 e em Palotina não diferiu estatisticamente das linhagens CD069, CD007, CD070, CD038, CD072 e CD034. Em São Pedro do Iguaçu, os destaques em produtividade foram as linhagens CD060 e CD038, com 2332,26 kg ha⁻¹ e 2243,77 kg ha⁻¹ respectivamente, que diferiram estatisticamente somente da linhagem CD056. Em todos os ambientes a linhagem CD056 diferiu-se estatisticamente, pelo teste de Tukey, a 5% de significância, evidenciando o menor potencial produtivo neste grupo de linhagens.

Para umidade de colheita observa-se respostas diferentes das linhagens para cada ambiente (Tabela 08), evidenciando a dificuldade de seleção desta característica. Em Mariluz (MLZ) destacou-se a linhagem CD056 como a de maior velocidade de perda de umidade, porém diferiu-se estatisticamente somente das linhagens CD060, CD008, CD038 e CD063 pelo teste de Tukey a 5% de significância, formando um grande grupo de linhagens superiores em velocidade de perda de umidade com, além da linhagens CD056, as linhagens CD069, CD007, CD065, CD010, CD067, CD072 e CD034. Em São Pedro do Iguaçu (SPI) somente ganhou destaque a linhagem CD007, sendo a única que diferiu estatisticamente das demais, porém, como a de menor velocidade de perda de umidade. Em Palotina (PTNA), as linhagens de maior velocidade de perda de umidade foram a CD069, CD060, CD065 e CD067 destacando-as como as mais precoces, segundo teste de Tukey a 5% de significância.

Tabela 08: Valores médios de floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e massa de mil sementes (MMS) dos 13 progenitores.

Parental	FM (dias)			FF (dias)			PROD (kg ha ⁻¹)			UM (%)			MMS (g)	
	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	PTNA
CD069	59,33d	57,33d	52,33d	60,00e	62,33abcd	53,00d	1762,52ab	1037,28ab	1059,88abcde	11,17cde	23,06b	17,63f	208,15e	165,77cd
CD060	68,67a	63,00abcd	57,00ab	68,67abc	64,67abcd	60,00a	1863,60ab	2332,26a	662,87cde	17,58a	23,72b	19,75def	287,02abc	155,27de
CD056	66,00ab	66,42abc	57,00ab	67,00abc	70,42a	60,00a	1122,75b	593,34b	345,11e	10,33e	23,07b	21,69bcd	319,36a	195,47bcd
CD007	65,67abc	63,50abcd	57,00ab	64,67cd	65,50abcd	59,00ab	1332,09ab	2123,57ab	1166,02abcde	10,82de	35,11a	22,45bcd	239,99bcde	197,17bcd
CD070	59,67d	58,00cd	52,00d	59,00e	59,67d	52,67d	1747,34ab	870,44ab	1630,46ab	11,36cde	21,33b	22,74bcd	220,35de	193,40bcd
CD065	67,00a	64,67abcd	56,00bc	69,00ab	68,00abcd	58,00b	1497,31ab	1052,84ab	493,94de	11,42cde	21,87b	18,50ef	235,93bcde	102,90e
CD008	68,67a	69,00a	58,00a	70,33a	70,00ab	60,00a	2023,76ab	1348,13ab	460,16de	14,07bc	25,73b	24,40ab	262,68abcde	182,43bcd
CD010	62,33bcd	64,00abcd	56,00bc	65,67bc	69,00abcd	58,00b	2035,96ab	1197,61ab	775,00bcde	12,19cde	23,25b	20,87cde	265,06abcde	217,80bc
CD067	61,67cd	63,00abcd	55,00c	60,67de	62,33abcd	55,00c	2359,57 ^a	1147,98ab	1928,55a	11,98cde	22,55b	19,73def	273,49abcd	195,77bcd
CD038	69,67a	60,00bcd	58,00a	71,00a	60,33cd	60,00a	1762,01ab	2243,77a	1419,48abc	16,79ab	22,84b	27,15a	280,05abcd	288,63a
CD063	67,33a	67,33ab	57,00ab	69,67ab	69,67abc	59,00ab	1862,89ab	1105,89ab	487,85de	13,89bcd	25,42b	24,4ab	300,37ab	314,23a
CD072	58,33d	57,33d	52,00d	58,67e	60,67bcd	53,00d	2202,90ab	1360,47ab	1357,90abcd	12,94cde	26,60b	21,95bcd	305,40a	220,83b
CD034	68,33a	69,67 ^a	57,00ab	70,00a	69,67abc	59,00ab	1639,10ab	2005,57ab	1422,83abc	11,04cde	26,41b	23,57bc	232,08cde	187,70bcd

Médias seguidas pela mesma letra na coluna, não diferiram estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de significância. MLZ: Mariluz; SPI: São Pedro do Iguaçu; PTNA: Palotina.

Para massa de mil sementes (MMS) o ambiente também apresentou grande influência, destacando as linhagens CD056 e CD072 em Mariluz (MLZ) com as maiores médias, porém não diferentes estatisticamente das linhagens CD060, CD008, CD010, CD067, CD038 e CD063. Em Palotina, as linhagens CD038 e CD063 se destacaram em relação as demais pelo teste de Tukey a 5% de significância, sendo as de maior massa de mil sementes.

3.3.3 Análise Dialética

Os coeficientes de variação das análises individuais evidenciam uma boa precisão experimental em todos os ambientes, segundo classificação proposta por Scapim, Carvalho e Cruz (1995). Os maiores coeficientes de variação foram para PROD (produtividade), que, sendo um caractere quantitativo, é bastante influenciável pelo ambiente (MATOS FILHO et al., 2009).

Em Mariluz todos os efeitos apresentaram significância ($p < 0,01$) em todas as variáveis estudadas (Apêndice G). Comportamento semelhante é visto em Palotina, onde somente o desdobramento do quadrado médio dos efeitos de heterose em heterose média não foi significativo para a variável UM. Em São Pedro do Iguaçu todas as variáveis foram significativas ($p < 0,01$ ou $p < 0,05$) para todos os efeitos. Resultados semelhantes foram encontrados por Doná et al. (2011), trabalhando com oito populações F_2 de milho, encontraram significância dos efeitos de genótipos e de heterose, indicando variabilidade entre os parentais e a manifestação da heterose em seus híbridos. A significância do efeito de parentais (variedades) e de heterose evidência que as linhagens não constituem um grupo homogêneo e que há manifestação da heterose em seus cruzamentos, resultados também obtidos por Bernini e Paterniani, (2012) que avaliaram híbridos de populações F_2 .

A variável PROD apresentou significância para os efeitos de parentais, heterose e seus desdobramentos em todos os locais, resultados semelhante encontrados por Bernini (2011) que avaliou 28 híbridos de populações F_2 de milho e seus parentais e Bernini e Paterniani (2012) avaliando híbridos de populações F_2 , que encontraram efeito de heterose altamente significativo para produtividade.

A FM apresentou significância ($p > 0,01$) para todas as fontes de variação e desdobramentos para todos os ambientes. Resultados distintos aos encontrados por Garbuglio e Araújo (2006), que não encontraram significância de heterose para FM, trabalhando com cruzamentos dialélicos intervarietal com sete variedades de milho.

Na análise dialética conjunta, observa-se significância a 1% e a 5% de pelo teste F para todas as variáveis em todas as fontes de variação (Apêndice H), exceto para o desdobramento

da interação Heterose x Ambiente em heterose média (Hm) x ambiente para a variável MMS, a qual não apresentou significância. A significância de ambientes e de todas as suas interações, indica comportamento distinto dos híbridos e das linhagens diante das variações ambientais e por tal comportamento, as análises serão realizadas individualmente. Esses resultados afirmam a necessidade de diversificação de ambientes para o sucesso da seleção destas características.

O efeito varietal corresponde aos efeitos do comportamento das linhagens *per se* e são estimados pelos desvios das populações, em relação à média de todas as populações incluídas no dialelo (BERNINI; PATERNANI, 2012). Para FM e FF observa-se resultados semelhantes, destacando-se, no sentido de diminuir os dias para floração (masculina e feminina) os progenitores CD069, CD070 e CD072, que apresentam as maiores magnitudes deste sentido (Tabela 09) e no sentido de aumentar os dias para floração, as linhagens CD056, CD065, CD008, CD063 e CD034 que mantiveram a tendência de aumentar os dias para floração em todos os ambientes. Também em ambos caracteres a linhagem CD038 apresentou comportamento atípico, apresentando valores de magnitudes aproximadas, porém de grandezas inversas, onde observa-se valores no ambiente MLZ e PTNA no sentido de aumentar os dias para floração e em SPI no sentido de reduzir. Fato esse que evidencia a interação com o ambiente, pois apresentou respostas inversas e de proporções aproximadas para ambientes diferentes. Resultados semelhantes foram encontrados por Bolson et al. (2016) avaliando *topcrosses* verificaram valores *per se* para florescimento, com possibilidade de seleção de linhagens promissoras para o melhoramento.

Outra medida de precocidade utilizada nos programas de melhoramento é a umidade de colheita. Para essa variável (UM), destacam-se, no sentido de reduzir a umidade de colheita (ou aumentar a velocidade de perda de umidade dos grãos) os progenitores CD069, CD056, CD065, CD010 e CD067, que apresentaram valores negativos em todos os ambientes. Para aumentar a umidade de colheita destacaram-se CD008, CD063 e CD072, com valores positivos em todos os locais, mas também merecem destaque neste sentido as linhagens CD007 e CD038 com elevados valores positivos.

Tabela 09 - Estimativas dos componentes do efeito varietal (V_i) para a floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e peso de mil sementes (MMS) dos 13 parentais, para Mariluz (MLZ), São Pedro do Iguaçu (SPI), Palotina (PTNA).

Variável	Local	Progenitor												
		CD007	CD008	CD010	CD034	CD038	CD056	CD060	CD063	CD065	CD067	CD069	CD070	CD072
FM (dias)	MLZ	0,85	3,85	-2,49	3,51	4,85	1,18	3,85	2,51	2,18	-3,15	-5,49	-5,15	-6,49
	SPI	0,17	5,67	0,67	6,34	-3,33	3,09	-0,33	4,00	1,34	-0,33	-6,00	-5,33	-6,00
	PTNA	1,28	2,28	-0,72	1,28	2,28	1,28	1,28	1,28	0,28	2,28	-3,39	-3,72	-3,72
FF (dias)	MLZ	-1,05	4,61	-0,05	4,28	5,28	1,28	2,95	3,95	3,28	-5,05	-5,72	-6,72	-7,05
	SPI	-0,06	4,44	3,44	4,11	-5,23	4,86	-0,89	4,11	2,44	-3,23	-3,23	-5,89	-4,89
	PTNA	1,56	2,56	0,56	1,56	2,56	2,54	2,56	1,56	0,56	-2,44	-4,44	-4,77	-4,44
PROD (kg ha⁻¹)	MLZ	-453,43	238,24	250,44	-146,42	-23,51	-662,77	78,08	77,37	-288,21	574,05	-23,00	-38,18	417,38
	SPI	706,71	-68,73	-219,25	588,71	826,91	-823,52	915,40	-310,97	-364,02	-268,88	-379,58	-546,42	-56,39
	PTNA	149,86	-556,00	-241,16	406,67	403,32	-671,05	-353,29	-528,31	-522,22	912,39	43,72	614,30	341,74
UM (%)	MLZ	-1,92	1,33	-0,55	-1,70	4,05	-2,41	4,84	1,15	-1,32	-0,76	-1,57	-1,38	0,20
	SPI	10,42	1,04	-1,44	1,72	-1,85	-1,62	-0,97	0,73	-2,82	-2,14	-1,63	-3,36	1,91
	PTNA	0,54	2,49	-1,04	1,66	5,24	-0,22	-2,16	2,49	-3,41	-2,18	-4,28	0,83	0,04
MMS (g)	MLZ	-23,85	-1,16	1,22	-31,76	16,21	55,52	23,18	36,53	-27,91	9,65	-55,69	-43,49	41,56
	PTNA	-4,19	-18,91	16,48	-13,65	87,30	-5,89	-46,07	112,89	-98,42	-5,54	-35,59	-7,93	19,51

MLZ: Mariluz; SPI: São Pedro do Iguaçu; PTNA: Palotina.

Para PROD (produtividade) os valores mostram maior influência no sentido de baixar a produtividade (Tabela 09) e nota-se que o ambiente tem grande influência nesse caractere, pois há inversão de grandezas (valores positivos e negativos) em grande parte dos progenitores. As linhagens CD056 e CD065 apresentam respostas semelhantes em todos os ambientes, porém no sentido de reduzir a produtividade. Para aumentar a produtividade, se destacam as linhagens CD060 em São Pedro do Iguaçu, CD067 em Palotina e Mariluz, CD038 e CD034 em São Pedro do Iguaçu e em Palotina, porém todas apresentaram algum valor no sentido de reduzir a produtividade em um dos locais. Isso afirma e interação diferenciada que cada genótipo tem com o ambiente, principalmente para esse caractere controlado por vários genes. Resultados concordantes com os obtidos por Bolson et al., (2016) que obtiveram médias gerais de rendimento de grãos variantes em diferentes locais e afirmaram que as diferenças edafoclimáticas tiveram influencias sobre a produtividade genótipos.

Para MMS obtiveram os maiores valores, para aumentar o peso de mil sementes, os progenitores CD010, CD038, CD063 e CD072 em todos os ambientes. Para reduzir o peso de mil sementes, destacam-se CD069, CD007, CD070, CD065, CD008 e CD034, com valores negativos em todos os ambientes.

Os valores de heterose varietal para FM destacam os progenitores CD070 e CD034 como os mais heteróticos para esse caractere (Tabela 10), sendo o primeiro no sentido de aumentar os dias para a floração apresentando valores positivos e de elevada magnitude em todos os ambientes e o segundo no sentido de reduzir, apresentando os maiores valores negativos para todos os ambientes. Em segundo plano, no sentido de reduzir os dias para a floração masculina, as linhagens CD056, CD065 e CD008 apresentam valores de heterose negativa em todos os ambientes e para aumentar, as linhagens CD010, CD063 e CD072 apresentam valores positivos de heterose em todos os ambientes.

Para FF destacam-se as mesmas linhagens com respostas semelhantes às vistas para FM (CD070 e CD034) e, em segundo plano, para reduzir o número de dias para floração feminina, a linhagens CD056 tem valores negativos em todos os locais e para aumentar o

Tabela 10 - Estimativas dos componentes de heterose varietal (H_i) e heterose média (H_m) para a floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), unidade de colheita (UM) e massa de mil sementes (MMS) dos 13 parentais, para Mariluz (MLZ), São Pedro do Iguaçu (SPI), Palotina (PTNA).

Variável	Local	Progenitor													
		CD007	CD008	CD010	CD034	CD038	CD056	CD060	CD063	CD065	CD067	CD069	CD070	CD072	Hm
FM (dias)	MLZ	-0,164	-0,664	1,658	-2,919	-1,558	-0,874	-0,148	1,31	-1,313	0,442	-0,024	2,261	1,991	-5,949
	SPI	0,344	-1,167	0,566	-3,923	2,125	-1,961	1,898	0,491	-0,756	-1,597	0,818	2,011	1,149	-5,389
	PTNA	0,356	-0,114	0,917	-2,069	-0,623	-0,805	0,81	1,78	-0,054	-0,645	-1,067	1,461	0,053	-3,603
FF (dias)	MLZ	1,159	-0,973	0,9	-3,597	-1,975	-0,915	-0,236	0,964	-1,462	0,977	0,493	2,538	2,128	-6,69
	SPI	0,655	-0,152	-0,878	-2,764	3,058	-2,747	2,192	0,813	-1,321	-0,311	-1,073	2,223	0,305	-6,577
	PTNA	0,299	0,148	1,164	-2,473	-0,77	-1,315	0,178	2,285	0,118	-0,366	-0,745	1,313	0,163	-4,72
PROD (kg ha ⁻¹)	MLZ	296,03	731,913	-57,86	72,042	-214,721	758,54	1190,47	8,23	-417,166	-352,849	-1680,02	56,437	-391,038	5,643,832
	SPI	341,953	-310,1	64,249	-504,296	-111,707	-82,80	-76,59	-21,405	-129,226	667,688	-291,72	566,347	-112,387	3,533,637
	PTNA	950,554	335,197	590,119	-421,453	-214,622	368,24	-530,64	921,165	-895,08	-494,208	-582,43	287,095	-313,93	4,594,056
UM (%)	MLZ	0,554	0,446	-0,02	0,858	-1,523	0,63	-0,025	-1,025	1,251	-0,544	-1,874	1,186	0,085	2,452
	SPI	-3,053	-0,15	-0,355	0,219	0,878	0,137	2,268	1,611	-0,255	-1,779	-1,981	4,073	-1,612	0,794
	PTNA	0,357	1,248	1,824	-2,299	-0,771	-1,305	3,173	0,835	0,098	-1,117	-2,55	0,043	0,464	0,483
MMS (g)	MLZ	11,514	17,703	-31,183	37,03	-11,362	-35,82	5,901	-20,766	7,018	9,261	-1,727	41,013	-28,581	67,531
	PTNA	19,202	22,298	-16,805	-1,729	-30,463	-4,268	8,66	-29,717	-4,201	12,261	3,71	39,487	-18,437	70,256

MLZ: Mariluz; SPI: São Pedro do Iguaçu; PTNA: Palotina.

número de dias as linhagens CD007, CD063 e CD072 tem valores positivos em todos os locais.

Para UM, observa-se maior heterose para o progenitor CD069, que apresentou os maiores valores negativos para esse caractere, seguido pelo progenitor CD067 também com valores de heterose negativos. A linhagem CD070 foi a única que apresentou heterose positiva em todos os ambientes, tendo a melhor resposta de heterose para diminuir a velocidade de perda de umidade dos grãos.

O maior efeito de PROD, com elevados valores positivos em todos os ambientes foi para CD007 com estimativa de heterose varietal chegando a $950,55 \text{ kg ha}^{-1}$, a qual demonstrou maior heterose em relação ao grupo de linhagens em estudo. Destaca-se também o progenitor CD070 que apresentou todos valores positivos expressivos para esse caractere. As menores estimativas foram para CD069, com $-1680,00 \text{ kg ha}^{-1}$, $-291,7 \text{ kg ha}^{-1}$ e $-582,4 \text{ kg ha}^{-1}$ com heterose negativa para produtividade, seguida pelo progenitor CD065 que também apresentou elevados valores negativos para esse caractere em todos os ambientes. Observa-se uma grande interação de alguns genótipos com o ambiente, através da inversão de sinais das grandezas obtidas, neste sentido, observa-se maior amplitude na linhagem CD060 que em MLZ obteve $1190,498 \text{ kg ha}^{-1}$ e em PTNA obteve $-530,643 \text{ kg ha}^{-1}$, evidenciando a importância de diferentes locais para a seleção desta característica.

Para MMS, destacaram-se os genitores CD007, CD070 e CD008 com maiores heteroses positivas e os genitores CD010, CD038, CD063 e CD072 com heteroses negativas.

De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), cruzamentos envolvendo parentais com maior efeito de heterose varietal resultarão em combinações híbridas mais heteróticas. Mas Cruz e Vencovsky (1989) alertam que a heterose não traduz a superioridade de frequências alélicas, mas apenas sua divergência. Assim, a linhagem selecionada pode ser uma cuja frequência de alelos favoráveis é baixa e, portanto, indesejável e, assim, o potencial heterótico varietal não deve ser o principal determinante para a escolha de uma linhagem para programas de melhoramento.

As estimativas de heterose média (Hm) para os caracteres FM e FF foram negativas, ou seja, no sentido de reduzir o número de dias entre o plantio e as florações masculinas e femininas, e de grande magnitude (de $-3,603$ para FM a $-6,69$ para FF), mostrando potencial para exploração florações mais precoces dentro deste grupo de parentais. Porém para umidade de colheita (UM), outra medida de precocidade, o comportamento não foi o mesmo. Observam-se heteroses médias positivas, ou seja, no sentido de aumentar a umidade de colheita, o que representa aumento no ciclo ($2,452$, $0,794$ e $0,483$).

Os valores de heterose média para PROD (produtividade) foram de 5643,832 em Mariluz, 3533,637 em São Pedro do Iguaçu e 4594,056 em Palotina, todos indicando potencial de exploração deste grupo de linhagens para aumento da produtividade. Para MMS observam-se elevados valores positivos de heterose média, também evidenciando potencial de exploração deste grupo de linhagens para o aumento do peso de mil sementes.

Resultados de heterose média semelhantes a esses são descritos por Doná et al. (2011), que encontraram estimativas de heterose média predominante no sentido de reduzir os dias para FM e no sentido de aumentar o PG (produtividade).

O efeito de heterose específica é interpretado como sendo o desvio de um cruzamento, em relação ao que seria esperado, na capacidade geral de combinação de seus parentais (CRUZ; VENCOVSKY, 1989). As combinações híbridas CD060 x CD007, CD008 x CD038, CD010 x CD034 e CD072 x CD034 destacam-se com valores negativos de maior magnitude, para heterose específica, em todos os ambientes para floração masculina (FM) (Apêndice J). Para floração feminina (FF) os cruzamentos CD070 x CD065, CD008 x CD038 e CD010 x CD072 apresentam melhores valores de heterose específica no sentido de reduzir os dias para a floração. Para redução da umidade de colheita (UM) os cruzamentos CD060 x CD065, CD056 x CD008 e CD067 x CD034 se destacam com elevados valores negativos em todos os ambientes.

As combinações CD060 x CD067, CD008 x CD038 e CD010 x CD034 apresentam elevados valores positivos de heterose específica para produtividade (PROD) em todos os ambientes (Apêndice K). Para MMS as combinações CD069 x CD067, CD063 x CD072 e CD072 x CD034 apresentam os maiores valores em todos os locais no sentido de aumentar o peso de mil sementes.

Neste grupo de progenitores evidencia-se a dificuldade em se encontrar em um mesmo híbrido complementações favoráveis em todas as características, dificuldade também relatada por Doná et al. (2011) que trabalharam com 8 populações F₂ de híbridos comerciais.

Comparando os resultados de dissimilaridade genética e de heterose para produtividade, observa-se que das três combinações específicas destacadas com maior heterose, uma está entre as maiores distâncias genéticas obtidas pelos marcadores moleculares (CD010 x CD034) e uma está entre as menores distâncias (CD008 x CD038), pertencentes ao mesmo agrupamento segundo metodologia de Tocher. Fernandes et. al. (2015) avaliando 48 linhagens, relataram que os valores médios de produtividade e heterose foram maiores entre linhagens do mesmo grupo e que não houve relação entre heterose e distância genética para produtividade.

Para MMS (massa de mil sementes) nenhuma das combinações destacadas como mais heteróticas estão entre as de menor dissimilaridade genética, porém as linhagens da combinação CD063 x CD072 estão no mesmo agrupamento de Tocher Modificado. Para FM, no sentido de reduzir o número de dias para o florescimento, destacaram-se quatro combinações, das quais apenas uma está entre as de menor dissimilaridade e de mesmo agrupamento e duas estão dentre as de maior dissimilaridade. Já para FF, todas as combinações destacadas no sentido de reduzir os dias para florescimento estão no mesmo agrupamento, evidenciando menor distância. Para umidade de colheita, dos cruzamentos em destaque no sentido de aumentar a velocidade de perda de umidade, apenas um tem linhagens pertencentes ao mesmo grupo heterótico (agrupamento de Tocher Modificado), os demais estão dentre os de maior dissimilaridade.

Para produtividade e floração feminina, os valores de heterose foram maiores entre as linhagens pertencentes ao mesmo grupo de divergência, não havendo relação entre a heterose e a distância genética para essas variáveis. Para massa de mil sementes, floração masculina e umidade de colheita, as melhores resultados de heterose, no sentido de aumentar a precocidade e a massa de mil sementes, foi encontrada no cruzamento entre linhagens pertencentes a diferentes grupos heteróticos em sua maioria, evidenciando correlação entre a dados de heterose e distância genética para essas variáveis.

Para síntese de novas populações para trabalhos de melhoramento, deve-se selecionar genitores com elevado valor *per se* e que apresentem pequena distância genética. Neste sentido, observa-se como potenciais cruzamentos intragrupo, as combinações CD008 x CD038 pelo elevado valor de heterose específica no sentido de reduzir os dias para florações masculina e feminina e aumentar produtividade, CD072 x CD070, pelo elevado potencial *per se* para precocidade de floração e medianos para produtividade da linhagem CD072 e pela elevada heterose varietal para produtividade da linhagem CD070.

Para a síntese direta de híbrido, destaca-se o cruzamento CD010 x CD034, com maior valor de heterose específica para produtividade, elevados valores negativos para floração masculina e feminina e umidade de colheita e valores positivos intermediários para peso de mil sementes, elevado potencial de uso *per se* do genitor CD034 para produtividade e do CD010 para umidade de colheita. Heterose confirmada pelo agrupamento de Tocher, onde as linhagens ficaram agrupadas nos grupos 1 e 3 respectivamente, evidenciando que cruzamentos intergrupos podem gerar elevadas heteroses.

O progenitor CD034, ficou isolado no grupo 3 no agrupamento de Tocher com base na divergência genética, destacou-se como um dos principais testadores, estando presente em

combinações híbridas destacadas, com base na heterose específica, para FM, UM, PROD e MMS, sendo um boa opção para cruzamentos com novas linhagens obtidas a partir de populações cruzamentos entre linhagens do grupo 1 e 2, exceto quando envolver a linhagem CD008 pois apresentam baixa distância genética.

3.4 CONCLUSÕES

As linhagens podem ser distribuídas em três grupos distintos (grupos heteróticos), facilitando a seleção de progenitores para síntese de novas populações intragrupo e síntese de híbridos entre grupos.

A linhagem CD069 é recomendada para hibridações para aumentar a precocidade.

O genitor CD038 é recomendado para aumentar a produtividade e a massa de mil sementes.

A linhagem CD034 destaca-se como testador para cruzamentos intragrupos, com elevada heterose e distância genética.

A combinação híbrida CD034 x CD010 destacou-se por elevada heterose específica e potencial “per se” dos genitores.

A relação entre heterose e distância genética foi baixa para as variáveis produtividade e floração feminina e alta para massa de mil sementes, floração masculina e umidade de colheita.

3.5 REFERÊNCIAS

- BERNINI, C.S. **Avaliação agronômica e heterose de híbridos de populações F₂ de milho, visando nova alternativa para o estado de São Paulo**. 2011. 74f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agronômico de Campinas-IAC, Campinas-SP.
- BERNINI, C.S.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z. Estimativas de parâmetros de heterose em híbridos de populações F₂ de milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 42, n. 1, p. 56-62, 2012.
- BOLSON, E.; SCAPIM, C.A.; RAFAEL CLOVIS, L.; AMARAL JUNIOR, A.T. do; FREITAS, I.L. de J. Capacidade combinatória de linhagens de milho avaliada por meio de testadores adaptados à safrinha. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 63, n. 4, p. 492-501, 2016.
- CARVALHO, E.V.; AFFÉRI, F.S.; PELUZIO, J.M.; DOTT, M.A.; CAPPELLESSO, R.B.; MELO, A.V. Desempenho agronômico e divergência genética na seleção de linhagens S5 de milho. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.27, n.5, p.794-797, 2011.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, v1 - 3a. ed., Editora UFV, Viçosa, MG. 2004. 480p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. v. 1. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, p.425-463, 1989.
- CRUZ, J.C.; SILVA, G.H.; PEREIRA FILHO, I.A.; GONTIJO NETO, M. M.; MAGALHÃES, P. C. Caracterização do cultivo de milho safrinha de alta produtividade em 2008 e 2009. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 9, n. 2, p. 177-188, 2010.
- CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A.; QUEIROZ, L.R. **Quatrocentas e sessenta e sete cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2013/14**. EMBRAPA Milho e Sorgo. Sete Lagoas, MG. 2013. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em 12 de julho de 2017.
- DONÁ, S.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; GALLO, P.B.; DUARTE, A.P. Heterose e seus componentes em híbridos de populações F₂ de milho. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 767-774, 2011.
- DOYLE, J.J.; DOYLE J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Madison, v.12, p.13-15, 1990.
- FALUBA, J. de S.; MIRANDA, G.V.; DELIMA, R.O.; SOUZA, L.V. de; DEBEM, E.A.; OLIVEIRA, A.M.C. e. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.6, p.125-1256, 2010.

FERNANDES, E.H.; SCHUSTER, I.; SCAPIM, C.A.; VIEIRA, E.S.N.; COAN, M.M.D. Genetic diversity in elite inbred lines of maize and its association with heterosis. **Genetics and Molecular Research**, v.14, p.6509-6517, 2015.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep. 2007, 576p

FRISKE, É. **Diversidade genética e mapeamento por associação em linhagens de milho para maturação de grãos**. Marechal Cândido Rondon, PR, 2016. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná – Marechal Cândido Rondon.

GARBUGLIO, D.D.; ARAÚJO, P.M. Avaliação de Híbridos Intervarietais de Milho por Meio de Cruzamento Dialélico Parcial, Considerando Quatro Ambientes. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.27, p.379-392, 2006.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Raleigh, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.

GOMES, F. P.; GARCIA, C. H. **Experimentos em látice: planejamento e análise por meio de “pacotes” estatísticos**. Piracicaba: ESALQ/USP, v. 7, n. 23, 1991. 69 p. (Série Técnica).

GRIFFING, B. Concept of general and especific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Clayton South, v.9, n.4, p.463-493, 1956.

GUEDES, J.M.; VILELA, D.J.M; REZENDE, J.C.; SILVA, F.L.; BOTELHO, C.E.; CARVALHO, S.P. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasmas Maragogipe. **Bragantia**, Campinas, v.72, n.2, p.127-132, 2013.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Bethesds, v.39, n.04, p.789-809, 1954.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ (IAPAR). **Zoneamento Agrícola**. 2017. Disponível em: <<http://www.iapar.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=1044>> Acesso em: 16/07/2017.

MARQUES, O.J. **Épocas de semeadura de milho pipoca sob irrigação suplementar no Noroeste do Paraná**. Maringá, PR: UEM, 2012, 136f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

MATOS FILHO, C.H.A.; GOMES, R.L.F.; ROCHA, M.M.; FREIRE FILHO, F.R.; LOPES, A.C. de A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.2, p.348-354, 2009.

MORAES, M.L.T.; PATINO-VALERA, F.; MORI, E.S.; KAGEYAMA, P.Y. **Aspectos práticos dos delineamentos em látice**. Piracicaba: ESALQ/USP, v. 5, n. 14, 21 p. 1988. (Série Técnica).

MÔRO, G.V. **Uso da seleção genômica e fenotípica em linhagens para a predição de testcrosses em milho**. 2011, 116f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

NASCIMENTO, I.R. do; MALUF, W.R.; GONÇALVES, L.D.; FARIA, M.V.; RESENDE, J.T.V. de; NOGUEIRA, D.W. Capacidade combinatória de linhagens de pimentão a partir de análise dialética multivariada. **Acta Scientiarum agronomy**, Maringá, v.32, n.2, p.235-240, 2010.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; GUIMARÃES, P. de S.; LUDERS, R.R.; GALLO, P.B. SOUZA, A.P. de; LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.639-648, 2008.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15.ed. Piracicaba, Fealq, 2009. 451p.

PRADO, M.C do; ALMEIDA, R.V. de; OLIVEIRA, J.C. Avaliação de progênies de meios-irmãos de primeiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em milho. in: XXXI Congresso Nacional de Milho e Sorgo: **Anais**. Bento Gonçalves, 2016.

ROTILI, E.A.; CANCELLIER, L.L.; DOTTO, M.A.; PELUZIO, J.M.; CARVALHO, E.V. de. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, n.43, n.3, p.16-521, 2012.

SANS, L.M.A.; GUIMARÃES, D.P. **Zoneamento agrícola: cultivo do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo 8º ed. out. 2012. Disponível em:< http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_8_ed/zoneamento.htm> . Acesso em: 12 julho 2017.

SANTOS, W.F. dos; AFFÉRI, F.S.; PELÚZIO, J.M.; SODRÉ, L.F.; REINA, E.; FARIAS, T.C.M. Divergência genética e eficiência no uso do nitrogênio em populações de milho, visando à produção de óleo. **Tecnologia e Ciência Agropecuária**, João Pessoa, v.9, n.4, p.33-38, 2015.

SCAPIM, C.A; CARVALHO, C.G.P; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SHIOGA, P.S.; GERAGE, A. C.; ARAÚJO, P.M. de; BIANCO, R. **Avaliação estadual de cultivares de milho segunda safra 2012**. Londrina: IAPAR, 2012. 114p.

SILVA, D.F.G.; COELHO, C. de J.; ROMANEK, C.; GARDINO, J.R.; SILVA, A.R. da; GRACZYKI, B.L.; OLIVEIRA, E.A.T.; MATIELLO, R.R. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho verde. **Bragantia**, Campinas, v.7, n.4, p.401-410, 2016.

VASCONCELOS, E.S. de; CRUZ, C.D.; BHERING, L.L.; RESENDE JÚNIOR, M.F.R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p.1421-1428. 2007.

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

YAO, Q.; YANG, K.; PAN, G.; RONG, T. Genetic Diversity of Maize (*Zea mays* L.) Landraces from Southwest China Based on SSR Data. **Journal of Genetics and Genomics**, n.34, p.851-860, 2007.

4 CAPÍTULO 3

CONTROLE GENÉTICO PARA CARACTERES RELACIONADOS À MATURAÇÃO E PRODUTIVIDADE EM MILHO

RESUMO

O conhecimento do controle genético de uma característica é de suma importância para a condução eficiente de um programa de melhoramento. Este estudo objetivou obter informações a respeito do controle genético dos atributos floração masculina, floração feminina e umidade de colheita, relacionados à maturação e dos atributos produtividade e massa de mil sementes, através de análise dialélica. Foram selecionadas 13 linhagens elite do programa de melhoramento da Coodetec e sintetizados setenta e oito híbridos um dialélo de meia tabela. Os híbridos e os parentais foram avaliados em Palotina, Mariluz e São Pedro do Iguaçu, em delineamento experimental Látice quadrado 10x10, com três repetições. Avaliou-se florações masculinas e femininas, umidade de colheita, peso de mil sementes e produtividade. Foram realizadas análises de variância individual, conjunta e análise dialélica pela metodologia de Hayman (1954). As análises de variância individual revelam variabilidade em todas as características estudadas. O modelo genético foi atendido em pelo menos dois testes de significância do modelo aditivo dominante. As informações genéticas revelam que alelos dominantes encontram-se em maior frequência nos genitores, exceto para produtividade que há predominância de recessivos. Há predominância de efeitos gênicos de dominância no controle das variáveis estudadas com interação de sobredominância entre os alelos. A linhagem CD069 apresenta maior número de genes em dominância para maturação e a linhagem CD038 maior número de genes em dominância para produtividade. É possível ter maiores ganhos de seleção para floração masculina e feminina e massa de mil sementes no ambiente de Palotina. Para umidade de colheita maiores ganhos são possíveis nos ambientes de Mariluz e Palotina.

Palavras-chave: Componentes genéticos. Sobredominância. Dialélo de Hayman.

ABSTRACT

An understanding of the genetic control of a characteristic is of paramount importance for the efficient implementation of an improvement program. This study aimed to obtain information about the genetic control of the attributes of 'male' flowering, 'female' flowering and crop humidity, related to the maturation and productivity and mass attributes of a thousand seeds, through diallel analysis. Thirteen elite lines of the Coodetec breeding program were selected and seventy-eight hybrids were synthesized as a half table diallel. The hybrids and parentals were evaluated in Palotina, Mariluz s São Pedro do Iguaçu, in a 10x10 square lattice experimental design, with three replications. Male and female blooms, harvest moisture, thousand seed weight and productivity were evaluated. Analyses of individual and joint variance, and of diallel analysis were performed using the Hayman methodology (1954). Analyses of individual variance reveal variability in all the characteristics studied. The genetic model was observed in at least two tests of significance of the dominant additive model. The genetic information showed that dominant alleles are found more frequently in the genitors, except for yield, which is predominantly recessive. Dominant gene effects are predominant in the control of the variables studied with an overdominance interaction between the alleles. The CD069 strain shows a higher number of dominant genes for maturation and the CD038 strain had a higher number of dominant genes for yield. It is possible to have greater selection gains for male and female flowering and one thousand seed weight in the Palotina environment. For crop moisture greater gains are possible in the Mariluz and Palotina environments.

Keywords: Genetic components. Overdominance Diallel of Hayman.

4.1 INTRODUÇÃO

O milho, tradicionalmente, era uma cultura típica do período de primavera-verão (safra de verão), semeado entre os meses de agosto e novembro (FORNASIERI FILHO, 2007). No Paraná, na década de 70, iniciou-se o cultivo do milho safrinha, semeado entre os meses de janeiro a março e, atualmente, tal atividade representa mais de 80% do milho cultivado no estado (SEAB/DERAL, 2017). A consolidação da safrinha no Paraná deu-se pelo grande avanço tecnológico, sobretudo pela utilização de híbridos simples, de ciclos precoces e adaptados às condições climáticas de outono-inverno (FORNASIERI FILHO, 2007).

Para atender a demanda do mercado por híbridos precoces, produtivos e adaptados às condições de cultivo, o conhecimento do controle genético de tais características é fundamental para a condução de um programa de melhoramento, auxiliando na escolha de métodos mais eficientes de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para tal, a utilização de cruzamentos dialélicos é eficiente para a geração de informações sobre genitores para síntese de populações, identificação de métodos eficientes de seleção e conhecimento das bases genéticas que controlam tais características (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; NASCIMENTO et al. 2010).

Para o estudo do controle genético destaca-se a metodologia proposta por Hayman (1954), que baseia-se no conhecimento da natureza ambiental e genética das médias, variâncias e covariâncias, obtidas a partir de uma tabela dialélica e, além do controle genético, fornece informações sobre valores genéticos dos genitores, limites de seleção, proporção entre genes dominantes e recessivos e coeficiente de determinação genotípica e número de genes ou blocos gênicos que controlam a variável em estudo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Porém, para a utilização desta metodologia, devem ser atendidas algumas premissas, como segregação diploide, utilização de genitores homozigotos, ausência de efeito materno, ausência de alelismo múltiplo, distribuição independente dos genes e ausência de epistasia, que podem ser obstáculos para a utilização (SCHUELTER et al. 2010; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Para a cultura do milho, alguns autores utilizaram esta metodologia para gerar informações sobre diversos caracteres quantitativos de interesse, como Lopes, Galvão e Cruz (1995) que estudaram a herança do número de dias para floração e concluíram que esta é controlada por pelo menos três genes ou blocos gênicos e por efeitos aditivos e de dominância. Saleem et al. (2002) estudando o número de dias para floração masculina e feminina, número de fileiras de grãos por espiga, número de grãos por fileira e massa de cem sementes, concluíram que a sobredominância é a ação gênica que controla essas características. Wattoo et al. (2009)

estudaram dias para floração masculina e feminina, número de fileiras de grãos por espiga, altura de plantas, número de espigas por planta, número de grãos por fileira, massa de cem sementes, produção e porcentagem de proteína e óleo nas sementes e detectaram ação gênica de sobredominância e não-aditiva para os componentes de rendimento. Sher et al. (2012) estudaram maturidade e floração e observaram ação de dominância e interação epistática no controle destes caracteres.

Embora caracteres relacionados à maturação e a produtividade em milho tenham enorme importância e pesquisadores dediquem sua atenção para a tal, os estudos apresentam resultados divergentes, tanto no sentido dos efeitos gênicos, quanto na herdabilidade e número de genes envolvidos (LIMA et al. 2008). Assim, este estudo objetivou obter informações a respeito do controle genético dos atributos floração masculina, floração feminina e umidade de colheita, relacionados à maturação e dos atributos produtividade e massa de mil sementes, através de análise dialélica.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Material e condições de cultivo

Treze linhagens elite do programa de melhoramento de milho Sul da Coodetec (Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola), com ciclo entre superprecoces à tardias, selecionadas com base na avaliação realizada por Friske (2015), foram empregadas para obtenção de populações F_1 , seguindo um esquema de cruzamento dialélico de meia tabela. A obtenção das sementes foi realizada através de bloco de cruzamento manual semeado na safra de verão 2014/2015 na fazenda experimental da Coodetec em Palotina/PR.

Os experimentos foram realizados na safrinha 2015 nos municípios de Palotina, São Pedro do Iguaçu e Mariluz, no Paraná, respeitando o zoneamento agroclimático do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para cada local sendo realizado a semeadura nos dias 27 de fevereiro, 17 de fevereiro e 22 de fevereiro de 2015, respectivamente.

Os ensaios contaram com as 13 linhagens progenitoras (pais), os 78 híbridos F_1 e 9 híbridos comerciais, totalizando 100 tratamentos. O delineamento experimental empregado foi o Látice 10x10 com três repetições por ambiente. A unidade experimental foi de duas linhas com 5 metros de comprimento e 0,76 metros de espaçamento entre linhas. A semeadura foi mecanizada e entre 25 e 30 dias após a emergência das plantas foi realizado o desbaste, estabelecendo população média de 65.000 plantas ha^{-1} .

4.2.2 Características avaliadas

Para a determinação do número de dias para o florescimento masculino (FM) e feminino (FF), foram feitas avaliações visuais de todas as parcelas de cada ensaio com periodicidade de dois dias entre avaliações, sempre no mesmo horário do dia e mesmo avaliador, considerando para a FM e FF o número de dias entre o plantio e quando 50% + uma das plantas estavam com emissão de pólen e estilo-estigmas expostos.

Para a determinação da massa de mil sementes (MMS) foram coletadas aleatoriamente cinco espigas de cada parcela, debulhadas e levadas ao secador até atingirem 13% de umidade. O valor de MMS de cada parcela foi calculado através do peso médio de seis amostragem de 100 sementes.

A percentagem de umidade na massa de grãos (UM) foi determinada no momento da colheita através da colheitadeira de parcelas. A produtividade (PROD) foi calculada a partir dos dados de massa e umidade de cada parcela fornecidos pela colheitadeira somando-se o peso de grãos das 5 espigas coletadas para a determinação do MMS e ajustados a 13% de umidade e expressos em kg ha⁻¹. A colheita foi mecanizada e realizada na área total de cada parcela.

4.2.3 Análise genético-estatística

Para toda a análise estatística foram consideradas as 13 linhagens progenitoras e os 78 híbridos obtidos em dialelo.

A eficiência do delineamento em látice foi estimada para todos os caracteres avaliados, sendo para todos inferior ao limite de 120% de eficiência que justificaria o trabalho nesta metodologia, permitindo trabalhar com o modelo estatístico de blocos casualizados (MORAES et al., 1988; GOMES; GARCIA, 1991).

Após a definição do modelo estatístico, realizou-se as análises de variância individuais, para detectar presença de variabilidade nos tratamentos em estudo, precisão experimental e cálculo da homogeneidade de variâncias residuais. Para análise conjunta foi considerada a homogeneidade das variâncias através do teste de F máximo de Hartley (1950). Objetivou-se com essa análise estimar a significância dos ambientes, da interação tratamentos x ambientes e a interação dos desdobramentos de tratamento (genótipos, testemunhas e grupos) com o ambiente. Após interpretados os resultados foram realizadas análises de variância dialélica individual e conjunta proposta por Hayman (1954).

Para testar a adequação dos dados ao modelo aditivo-dominante, ou seja, a verificação se os dados de cada variável analisada atende às restrições impostas para a utilização do modelo genético de Hayman, foram empregados três testes: no primeiro as variâncias e covariâncias foram calculadas para cada linha em cada uma das repetições e a variação entre os valores de $W_i - V_i$ de cada repetição foi avaliada por meio de uma análise de variância, em blocos ao acaso, tendo como fonte de variação os blocos e as linhas de cada tabela dialélica. Se o teste F foi não significativo para o efeito de “linhas” atendeu as pressuposições do modelo. No segundo teste, a significância do coeficiente angular da reta (b) foi testado utilizando-se um teste F ($=t^2$) com 1 e “n-2” graus de liberdade. No terceiro teste foi testado se o coeficiente angular “b” foi igual a 1,0, utilizando-se a análise de regressão de W_i em função de V_i para se obter o valor do quadrado médio do desvio da regressão e depois a variância de “b”, procedendo-se então um teste “t” com “n-2” graus de liberdade. Sendo o coeficiente angular da reta diferente de zero e igual a 1,0, atendeu as restrições do modelo.

Com a adequação dos dados ao modelo aditivo-dominante, os resultados obtidas da tabela dialélica foram utilizadas na estimação dos componentes de variação genéticos $\tilde{H}_1, \tilde{H}_2, \tilde{D}, \tilde{h}^2$ e $\tilde{F}$, sendo que $\tilde{H}_1$ e $\tilde{H}_2$, são a variação causada pelos efeitos de dominância; $\tilde{D}$ é a medida da variação causada pelos efeitos gênicos aditivos; $\tilde{h}^2$, a medida da variação causada pelos efeitos de dominância; e $\tilde{F}$ significa a medida da covariância média entre efeitos gênicos aditivos e de dominância.

A significância de cada componente foi testada pela estatística t, obtida pela divisão das estimativas do efeito pelo respectivo desvio padrão. Quando os valores de t foram acima de 1,98, foram considerados significativos, a 5% de probabilidade (SINGH; CHAUDHARY, 1979). Para o cálculo do desvio padrão de cada estimativa, as variâncias dos componentes foram obtidas consultando-se a tabela apresentada por Ferreira (1985).

A associação entre os componentes de variação genéticos foram também empregados na estimação dos seguintes parâmetros:

$$(\tilde{H}_1 / \tilde{D})^{1/2}$$

é uma medida do grau médio de dominância em todos os locos;

$$\tilde{H}_2 / 4\tilde{H}_1$$

é uma medida do valor médio dos produtos das frequências dos alelos positivos e negativos nos locos que exibem dominância;

$$K_D / K_R = \left(\sqrt{4\tilde{D}\tilde{H}_1} + \tilde{F} \right) / \left(\sqrt{4\tilde{D}\tilde{H}_1} - \tilde{F} \right)$$

é uma medida do tipo de alelo com maior frequência, em que uma relação próxima do valor um indica igualdade entre o número de alelos dominantes e recessivos nos genótipos parentais;

$$\tilde{h}^2/\tilde{H}_2$$

é uma medida do número de genes ou blocos gênicos que controlam o caractere e exibem algum grau de dominância;

$$\tilde{h}_R^2 = \left(\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \tilde{H}_2 \right) / \left(\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \frac{1}{2} \tilde{H}_2 + 2\tilde{\varepsilon} \right)$$

é uma medida do coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito;

$$\tilde{h}_A^2 = \left(\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \frac{1}{2} \tilde{H}_2 \right) / \left(\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \frac{1}{2} \tilde{H}_2 + 2\tilde{\varepsilon} \right)$$

é uma medida do coeficiente de determinação genotípico no sentido amplo.

Além desses parâmetros, foram obtidos por meio da regressão de W_i , em V_i , o grau médio de dominância e a constituição genética relativa dos genitores.

Todos os procedimentos estatísticos foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2013).

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Análise de variância

Observa-se na análise de variância individual (Apêndice F) que há diferenças significativas entre o comportamento médio das linhagens a nível de 1% de probabilidade pelo teste F para todos os ambientes, evidenciando a existência de variabilidade genética, confirmado pela relação CVg/CVe superior a 1. Os coeficientes de variação revelam boa precisão experimental para todos os ambientes, classificados como baixos ou médios segundo sugerido por Scapim, Carvalho e Cruz (1995). Os coeficientes de variação para produtividade (PROD) foram considerados médios, o que pode ser justificado pelo fato de ser um caractere quantitativo, o que o torna bastante influenciável pelo ambiente (MATOS FILHO et al., 2009).

A variável produtividade (PROD) não apresentou significância para a fonte de variação Testemunha, fato esse atrelado à baixa produtividade das linhagens (testemunhas). Observa-se que a média geral de todos os ambientes foi baixa para os padrões produtivos da região de estudo, que pode estar relacionado com a presença dos progenitores nos ensaios, os quais apresentaram produtividades variando de 345,11 kg ha⁻¹ a 2.359,57 kg ha⁻¹ (Tabela 10).

Todas as variáveis atendem a premissa de homogeneidade de variâncias residuais, permitindo a análise conjunta dos dados. Porém os resultados da análise de variância conjunta (Apêndice G), observa-se que a fonte de variação AMBIENTE e a interação TRAT x AMB e seus desdobramentos foram significativos para todas as variáveis, sugerindo que os ambientes se comportaram diferentemente quanto aos valores médios dos genótipo para todos os caracteres e/ou que o desempenho dos genótipos variou dependendo do ambiente de avaliação, sendo assim preferível proceder-se a análise individual de cada local.

4.3.2 Análise dialélica

As restrições impostas na utilização do método de Hayman (1954) foram avaliadas por testes de suficiência do modelo aditivo-dominante (Tabela 11) com base na heterogeneidade de $W_i - V_i$. Os resultados evidenciam que, exceto para a variável umidade (UM) no ambiente médio, o modelo genético foi atendido em pelo menos dois testes para todas as variáveis. Resultados semelhantes foram apresentados por Schuelter et al. (2010) que, trabalhando com pimenteiras, relatam adequação das variáveis estudadas ao modelo genético em pelo menos dois testes.

A estimativa do grau médio de dominância ($\sqrt{H_1/D}$) para todas as variáveis foi acima de 1,0 indicando sobredominância, sendo a variável PROD a que apresentou os maiores índices, chegando a 11,3467 para o ambiente Palotina (PTNA) (Tabela 12). Porém, não concordam com o que foi obtido por meio do gráfico de W_r em V_r (Figuras 01, 02, 03, 04 e 05), onde a reta da regressão corta o eixo W_i acima da origem, na maioria dos casos, mostrando possível dominância parcial.

Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), o parâmetro $H_2/4H_1$ permite avaliar a proporção de genitores que se encontram em homozigose dominante ou recessiva, onde valores próximos a 0,25 indicam distribuição simétrica dos alelos entre os genitores. Neste ponto, observa-se que somente a variável produtividade (PROD) apresentou tendência à simetria entre genitores, pois teve valores entre 0,2262 a 0,2422.

Tabela 11 - Teste de adequação do modelo aditivo-dominante com base na análise de variância dos valores de $W_i - V_i$ e na análise de regressão linear de W_i em relação a V_i para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) médios de Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e massa de mil sementes (MMS) média de Mariluz e Palotina.

Variável	Local	ANOVA ($W_i - V_i$) [#]	Regressão [$W_i = 1/4(D - H_1) + bV_i$] ^{##}	
		Quadrado Médio	t ($H_0 : b = 1$)	t ² ($H_0 : b' = 0$)
PROD (kg ha ⁻¹)	MLZ	57521880807,64 ^{ns}	0,109 ^{ns}	6,696*
	SPI	427002169724,76*	0,609 ^{ns}	0,737 ^{ns}
	PTNA	87934573054,77 ^{ns}	0,117 ^{ns}	6,015*
	Médio	29997786024,48 ^{ns}	0,138 ^{ns}	3,531 ^{ns}
UM (%)	MLZ	2,99*	0,404 ^{ns}	1,845 ^{ns}
	SPI	100,88*	0,395 ^{ns}	4,056 ^{ns}
	PTNA	25,57*	0,549 ^{ns}	2,072 ^{ns}
	Médio	4,29*	0,274 ^{ns}	4,937*
MMS (g)	MLZ	375944,99*	0,444 ^{ns}	2,672 ^{ns}
	PTNA	1155970,09*	0,619 ^{ns}	0,353 ^{ns}
	Médio	396623,57*	0,458 ^{ns}	1,266 ^{ns}
FM (dias)	MLZ	81,87*	0,733 ^{ns}	2,714 ^{ns}
	SPI	85,76*	0,673 ^{ns}	1,59 ^{ns}
	PTNA	4,76*	0,429 ^{ns}	2,743 ^{ns}
	Médio	36,36*	0,720 ^{ns}	2,404 ^{ns}
FF (dias)	MLZ	127,78*	0,677 ^{ns}	4,178 ^{ns}
	SPI	90,31*	0,537 ^{ns}	1,723 ^{ns}
	PTNA	21,80*	0,567 ^{ns}	2,449 ^{ns}
	Médio	66,43*	0,699 ^{ns}	2,498 ^{ns}

^{ns}: não significativo; *: Significativo a 5% de probabilidade; ([#]: Teste F; ^{##}: Teste t); t²: teste t, ponderando os valores médios de W_i e V_i por uma rotação de 45°.

Tabela 12 - Estimativas dos parâmetros genéticos e não-genéticos para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) médios de Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e massa de mil sementes (MMS) média de Mariluz e Palotina.

Variável	Local	Parâmetros					
		$\sqrt{H_1/D}$	$H_2/4H_1$	K_D / K_R	h^2/H_2	h^2_R	h^2_A
FM (dias)	MLZ	1,2402	0,1858	2,1055	6,7012	0,4518	0,9560
	SPI	1,1915	0,1642	2,4577	6,4330	0,4407	0,8663
	PTNA	1,5415	0,1798	1,0783	5,4936	0,6272	0,9728
	Médio	1,2678	0,1827	1,7249	7,2194	0,5322	0,9447
FF (dias)	MLZ	1,1856	0,1807	2,3618	7,0870	0,4414	0,9636
	SPI	1,3925	0,1840	1,9020	6,7250	0,4135	0,8697
	PTNA	1,4157	0,1907	1,1171	6,0332	0,6110	0,9653
	Médio	1,3531	0,1970	1,5623	6,8011	0,5230	0,9979
PROD (kg ha⁻¹)	MLZ	-	0,2306	-	8,5071	0,1515	0,9148
	SPI	5,8714	0,2422	0,8520	8,1180	0,1384	0,9042
	PTNA	11,3467	0,2262	0,9215	8,7314	0,1820	0,9296
	Médio	8,8841	0,2369	1,0634	8,8933	0,1094	0,99999
UM (%)	MLZ	1,2951	0,1758	1,5351	3,5432	0,6013	0,9546
	SPI	1,9768	0,1973	1,5895	0,0517	0,3535	0,9434
	PTNA	1,9480	0,1787	0,8221	0,2983	0,5933	0,9201
	Médio	1,9928	0,1881	0,8946	0,5147	0,5942	0,9969
MMS (g)	MLZ	2,0529	0,1638	2,4328	4,6968	0,3490	0,9997
	PTNA	1,3180	0,1891	1,7801	4,4164	0,5096	0,9998
	Médio	1,7393	0,1980	2,1094	5,1306	0,3689	0,9997

$\sqrt{H_1/D}$: grau médio de dominância; $H_2/4H_1$: distância dos alelos (simetria); K_D / K_R : relação dominante/recessivo; h^2/H_2 : número de genes com dominância; h^2_R : coeficiente de determinação no sentido restrito; h^2_A : coeficiente de determinação no sentido amplo. -: impossibilidade de estimar o parâmetro.

Pela relação K_D/K_R (Tabela 12), conclui-se que os alelos dominantes encontram-se em maior frequência nos genitores de todos os caracteres, exceto para produtividade (PROD) que há predominância de recessivos, fato evidenciado, também, pelo gráfico de W_r em V_r desta variável (Figura 03), que apresenta influência da recessividade.

Os resultados de h^2/H_2 indicam elevado número de genes em dominância dentro das linhagens utilizadas para todas as variáveis, exceto para umidade (UM), onde os valores não

indicam presença de dominância para essa característica. Amaral Junior et al. (1999), relataram baixa confiabilidade e baixa robustez dos resultados da estatística h^2/H_2 , onde encontraram atipicidades nos resultados. Semelhantemente, observa-se que para a variável umidade (UM) o estimador $\sqrt{H_1/D}$ indica sobredominância e o estimador h^2/H_2 indica que não há genes em dominância para essa característica.

As estimativas do número de genes ou blocos gênicos com dominância, indicados pelos valores de h^2/H_2 , indicam a existência de pelo menos cinco a sete genes ou blocos gênicos em dominância para floração masculina (FM), seis ou sete para floração feminina (FF), oito ou nove para produtividade (PROD), um a quatro para umidade de colheita (UM) e quatro ou cinco para massa de mil sementes (MMS). Porém, segundo Cruz, Regazzi e Carneiro, (2012) este estimador subestima o número de genes que exibe pouca ou nenhuma dominância.

Os coeficientes de determinação genotípicos no sentido amplo foram altos (acima de 0,86) em todas as variáveis, enquanto no sentido restrito foram de moderados a baixo. Analisando-se os valores do coeficiente de determinação no sentido restrito (h^2_R) observa-se que é possível ter ganhos de seleção diferenciados para cada variável em diferentes locais. Para floração masculina e feminina (FM e FF) e massa de mil sementes (MMS) o ambiente Palotina (PTNA) mostrou-se mais promissor, com valor de h^2_R de 0,6272. Para umidade de colheita (UM) os melhores ambientes de seleção foram Mariluz (MLZ) e Palotina (PTNA) com valores de 0,6013 e 0,5933 respectivamente. Esses resultados mostram possibilidade de ganho genético e obtenção de segregantes superiores para essas características, haja vista que, segundo Cardoso et al. (2015), essas magnitudes propõem que os alelos desejáveis serão transmitidos às próximas gerações com maior fidedignidade. Para produtividade (PROD) nota-se baixo valor de coeficiente de determinação no sentido restrito, evidenciando que ganhos diretos de seleção para essa característica são mais difíceis.

Nas estimativas dos componentes genéticos, percebe-se maior importância dos componentes relacionados aos efeitos de dominância (H_1 , H_2 e h^2) do que dos componentes associados aos efeitos aditivos (D) para todas as variáveis estudadas (Tabela 13). Fato evidenciado também pelo valor negativo de $D-H_1$, mostrando predominância de efeitos gênicos de dominância no controle gênico dessas variáveis e denotando potencial de ganhos através da obtenção de segregantes superiores.

Tabela 13 - Estimativa dos componentes genéticos dos caracteres floração masculina e feminina (FM e FF), produtividade (PROD), unidade de colheita (UM) e massa de mil sementes (MMS), segundo metodologia de Hayman (1954).

Variável	Local	Componente						
		E	D	H ₁	H ₂	h ²	F	D-H ₁
FM (dias)	MLZ	0,391 ^{ns}	15,730*	24,196*	17,980*	120,489*	13,889*	-8,465*
	SPI	1,204*	16,442*	23,342*	15,328*	98,608*	16,518*	-6,900*
	PTNA	0,158 ^{ns}	4,708*	11,189*	8,047*	44,212*	0,547 ^{ns}	-6,480*
	Médio	0,391 ^{ns}	9,952*	15,996*	11,693*	84,421*	6,713*	-6,044*
FF (dias)	MLZ	0,374 ^{ns}	21,159*	29,745*	21,495*	152,337*	20,325*	-8,585*
	SPI	1,560*	15,309*	29,686*	21,845*	146,907*	13,252*	-14,377*
	PTNA	0,307 ^{ns}	8,217*	16,471*	12,566*	75,816*	1,287*	-8,253*
	Médio	0,019 ^{ns}	12,491*	22,851*	18,006*	122,465*	7,412*	-10,370*
PROD (kg ha⁻¹)	MLZ	355632,21*	-240031,60*	13821029,3*	12748762,3*	108454735,4*	-433158,36*	-14061060,98*
	SPI	163709,23*	156795,66*	5405319,57*	5236238,1*	42507785,2*	-147160,75*	-5248523,90*
	PTNA	193779,59*	70658,57*	9097133,01*	8231652,2*	71873685,8*	-65529,14*	-9026474,44*
	Médio	2,15*	107984,64*	8522996,57*	8075959,5*	71821952,2*	58974,19*	-8415011,93*
UM (%)	MLZ	0,185 ^{ns}	5,010*	8,403*	5,767*	20,434*	2,739*	-3,393*
	SPI	0,874 ^{ns}	11,823*	46,201*	36,458*	1,885*	10,640*	-34,377*
	PTNA	0,997 ^{ns}	6,011*	22,811*	16,306*	0,486 ^{ns}	-2,286*	-16,800*
	Médio	0,199 ^{ns}	3,419*	13,578*	10,217*	5,258*	-0,757 ^{ns}	-10,159*
MMS (g)	MLZ	0,333 ^{ns}	1198,833*	5052,298*	3309,278*	15543,112*	2054,432*	-3853,464*
	PTNA	0,333 ^{ns}	2898,101*	5034,710*	3809,173*	16822,837*	2143,732*	-2136,609*
	Médio	0,333 ^{ns}	1463,662*	4428,016*	3152,980*	16176,647*	1816,610*	-1964,354*

E: componente de variância ambiental; D: componente de variância associado aos efeitos aditivos; H₁ e H₂: componentes de variância associados aos desvios de dominância; h²: componente quadrático determinado pela diferença de média entre híbridos e pais; F: componente associado à covariância entre efeitos aditivos e não aditivos; D-H₁: componente que expressa a diferença entre efeitos gênicos aditivos e dominantes. * e ^{ns}: significativo a 5% e não significativo pelo teste t.

A maior concentração de alelos dominantes para floração masculina (FM) e floração feminina (FF) são detectadas nas linhagens CD069, CD070, CD067 e CD072 (Figura 01 e 02), permitindo-se sugerir que a presença de alelos em dominância proporciona maior precocidade de florações masculinas e femininas (Tabela 08) e que é possível sintetizar novas populações com maior grau de dominância reduzindo assim o tempo para floração (Figura 01 e 02). A linhagem com maior concentração de alelos recessivos é a CD034, seguida pela linhagem CD008, as quais, por sua recessividade proporcionam florações mais tardias.

Para produtividade (PROD) nota-se um posicionamento das linhagens que indica a presença principalmente de alelos recessivos para todas as linhagens para essa característica (Figura 03), evidenciando assim o baixo ganho de seleção para produtividade neste grupo de linhagens. Observa-se que as linhagens mais próximas às regiões de dominância dos gráficos

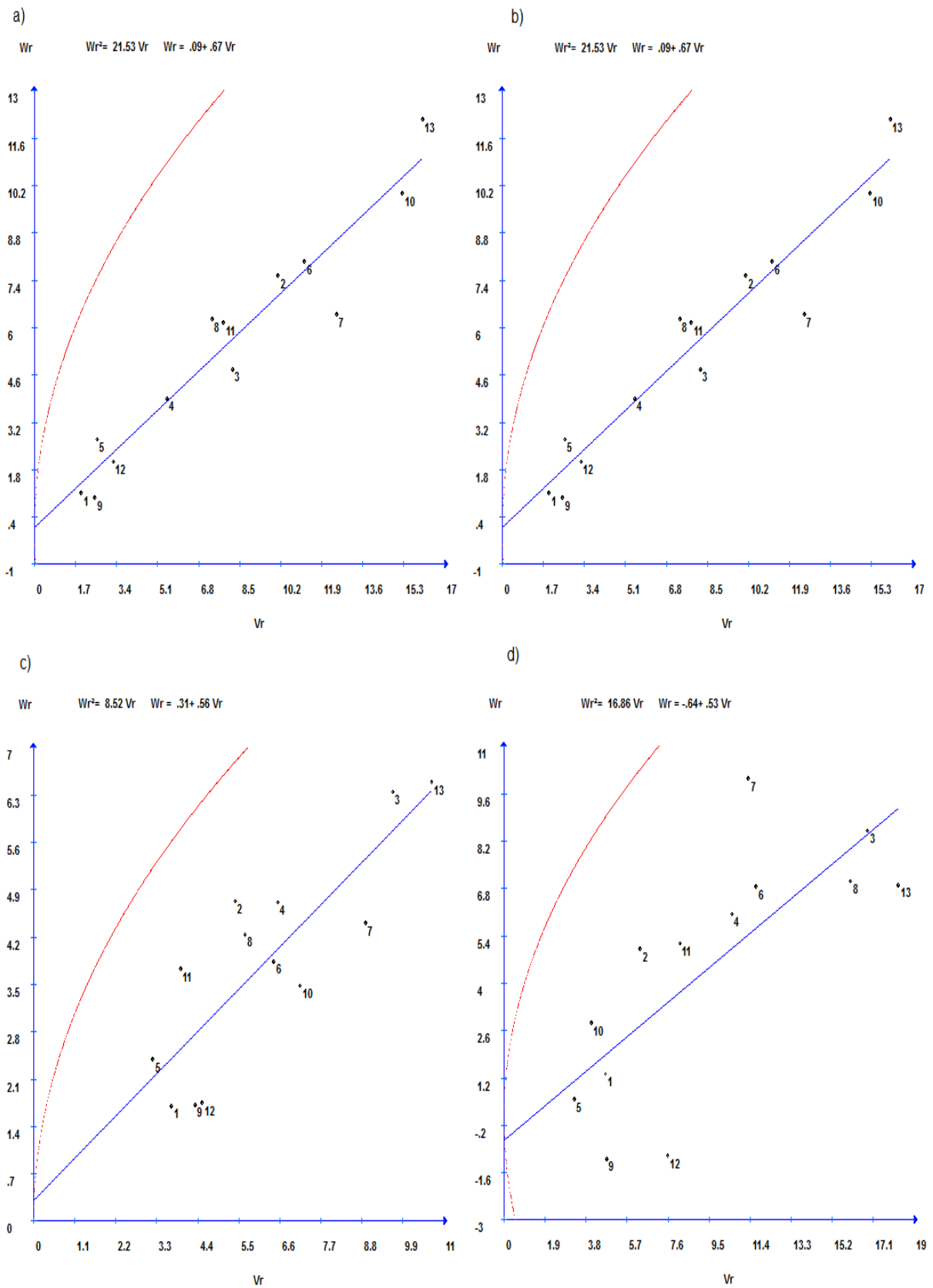


Figura 01 - Regressões de W_r em V_r para floração feminina (FF) para avaliação conjunta (a), Mariluz (b), Palotina (c) e São Pedro do Iguaçu (d). 1: CD069; 2: CD060; 3: CD056; 4: CD007; 5: CD070; 6: CD065; 7: CD008; 8: CD010; 9: CD067; 10: CD038; 11: CD063; 12: CD072; e 13: CD034.

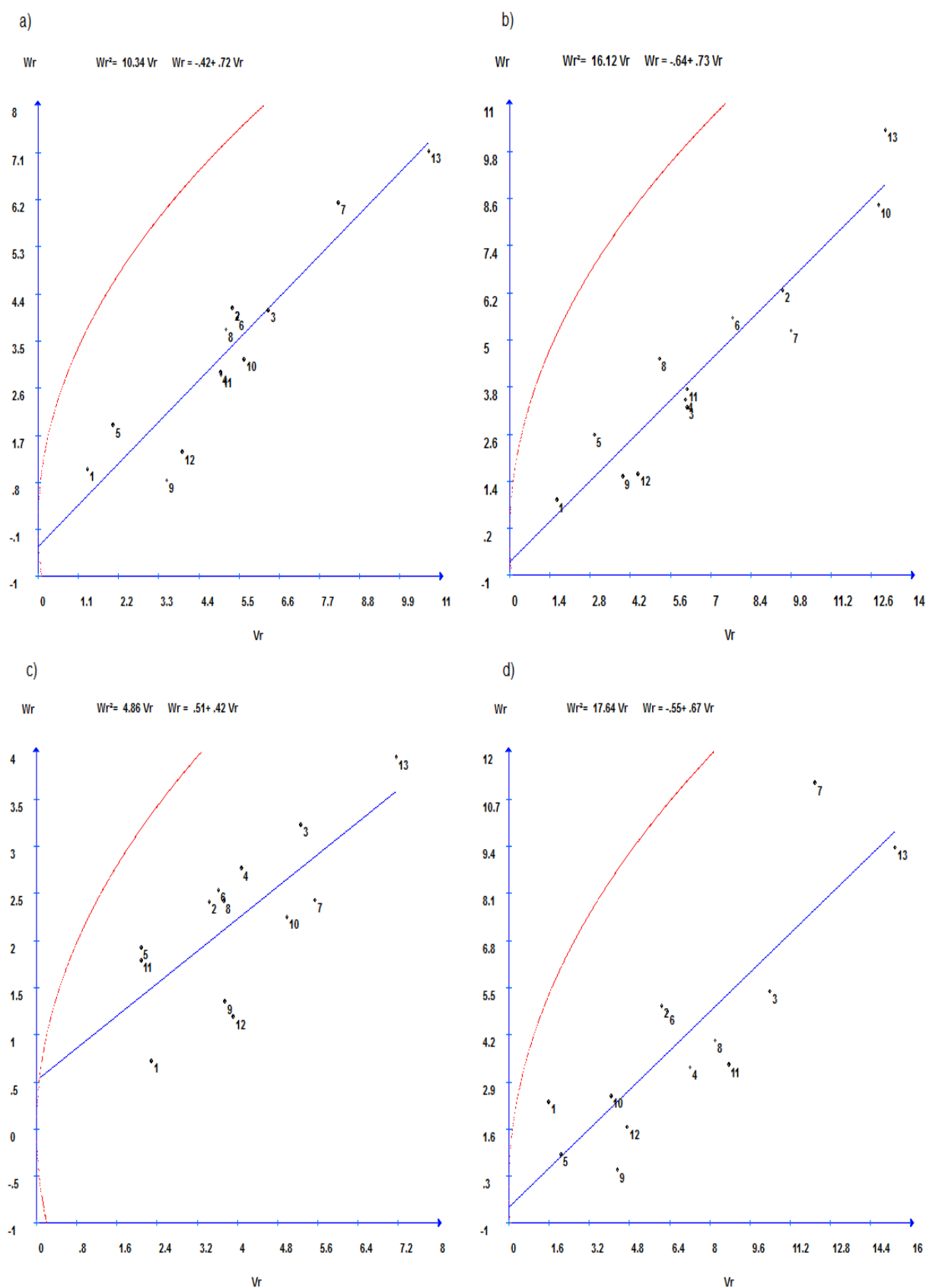


Figura 02 - Regressões de W_r em V_r para floração masculina (FM) para avaliação conjunta (a), Mariluz (b), Palotina (c) e São Pedro do Iguaçu (d). 1: CD069; 2: CD060; 3: CD056; 4: CD007; 5: CD070; 6: CD065; 7: CD008; 8: CD010; 9: CD067; 10: CD038; 11: CD063; 12: CD072; e 13: CD034.

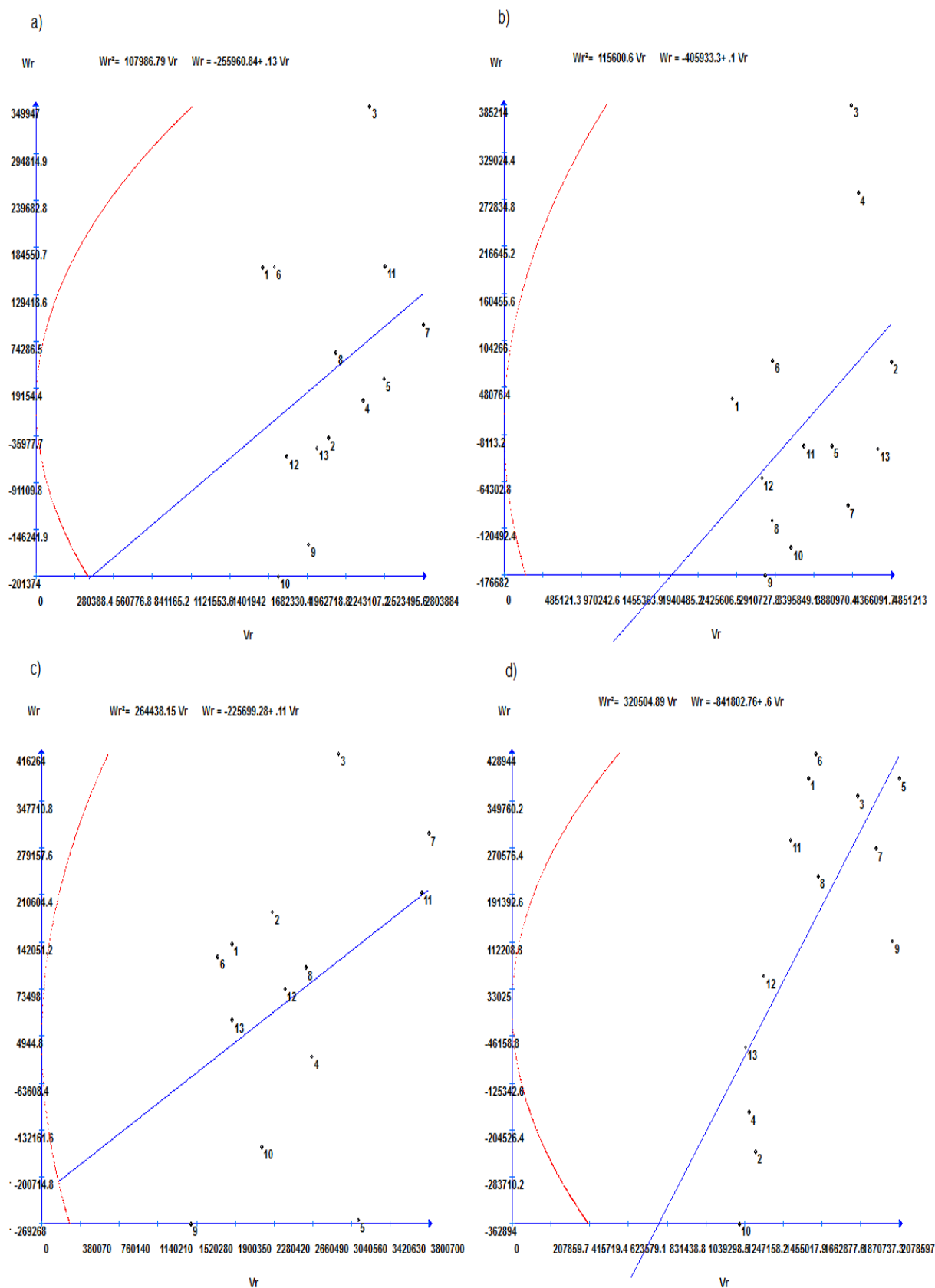


Figura 03 - Regressões de W_r em V_r para produtividade (PROD) para avaliação conjunta (a), Mariluz (b), Palotina (c) e São Pedro do Iguaçu (d). 1: CD069; 2: CD060; 3: CD056; 4: CD007; 5: CD070; 6: CD065; 7: CD008; 8: CD010; 9: CD067; 10: CD038; 11: CD063; 12: CD072; e 13: CD034.

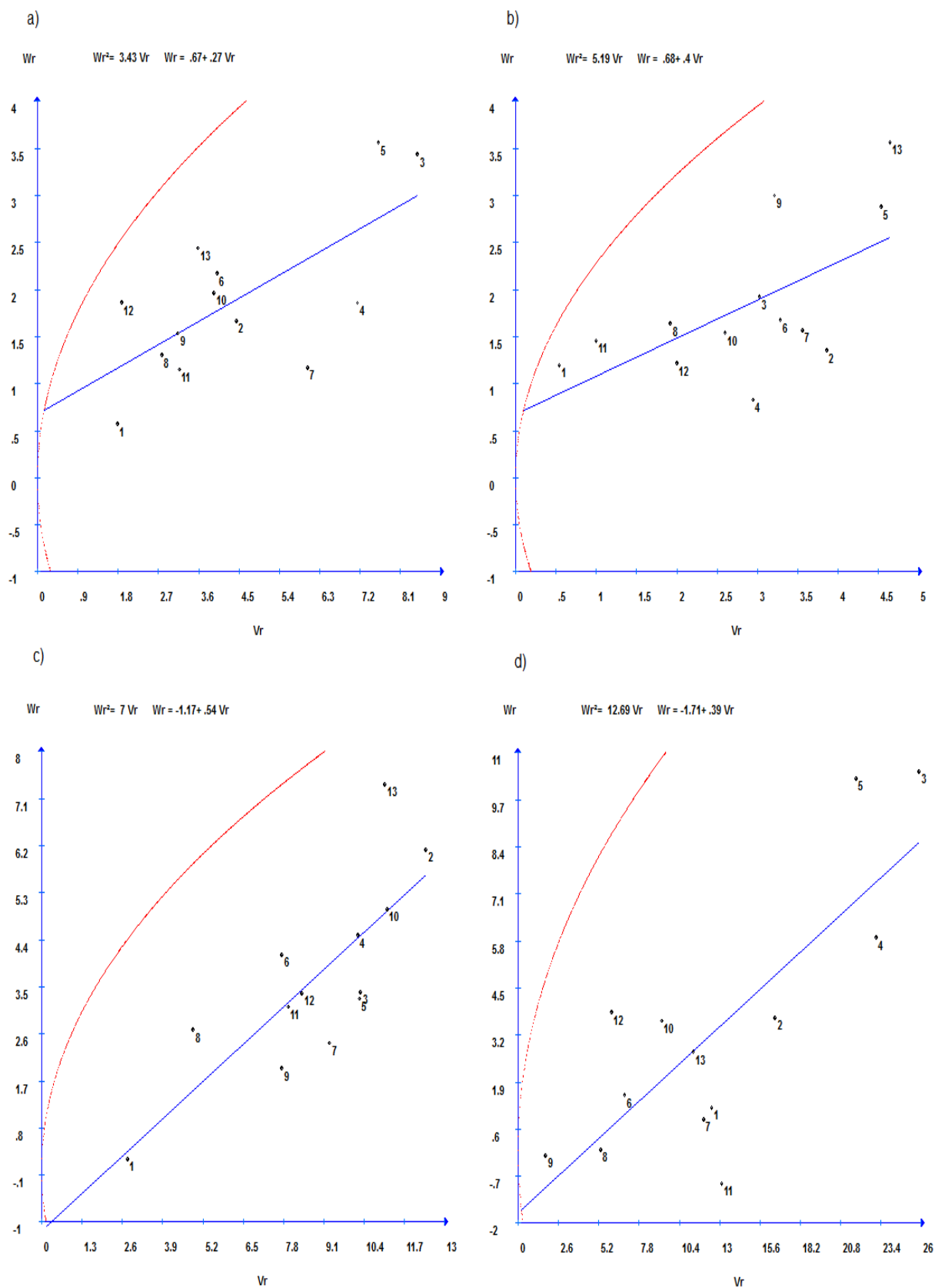


Figura 04 - Regressões de W_r em V_r para unidade de colheita (UM) para avaliação conjunta (a), Mariluz (b), Palotina (c) e São Pedro do Iguaçu (d). 1: CD069; 2: CD060; 3: CD056; 4: CD007; 5: CD070; 6: CD065; 7: CD008; 8: CD010; 9: CD067; 10: CD038; 11: CD063; 12: CD072; e 13: CD034.

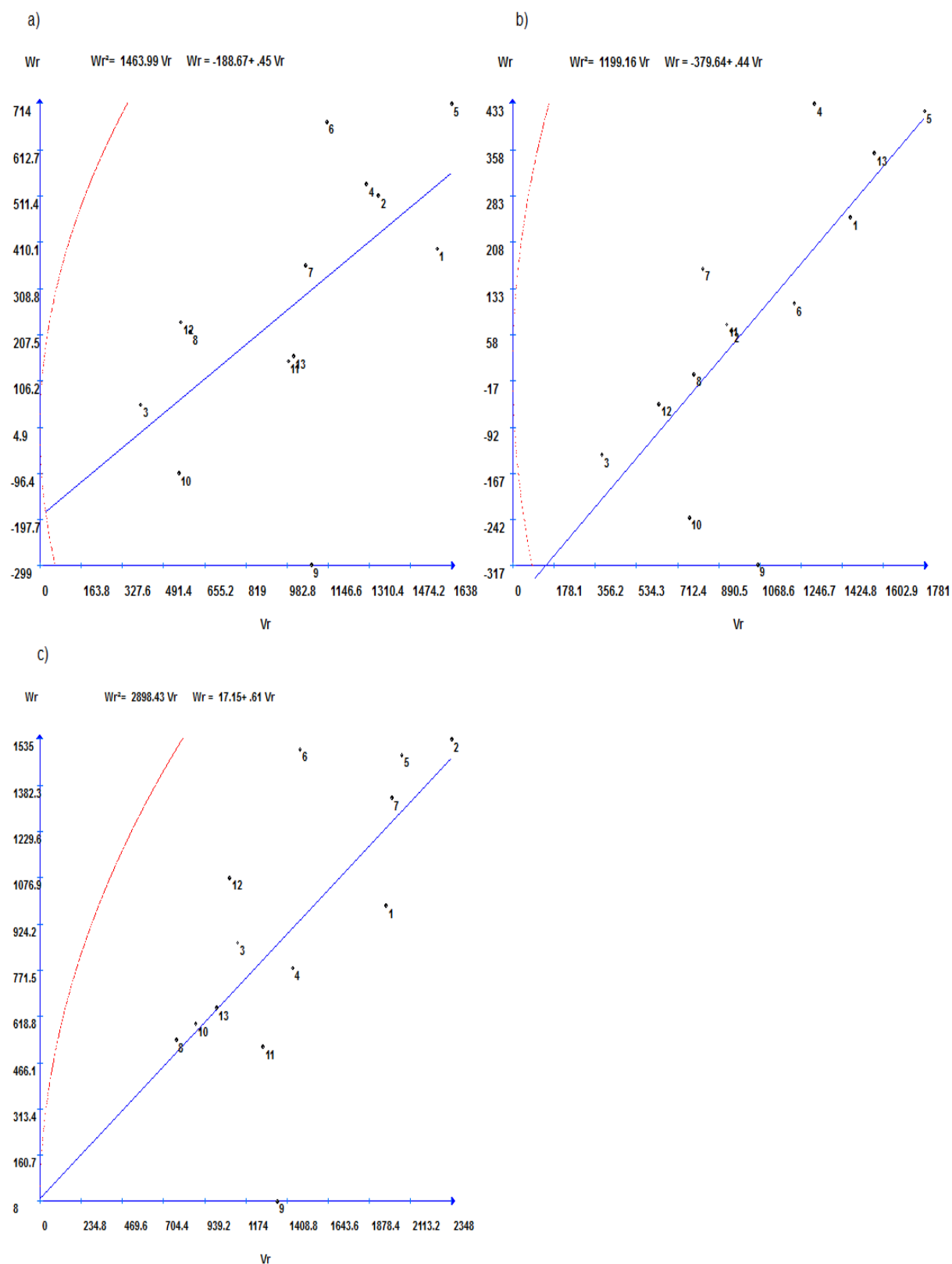


Figura 05 - Regressões de W_r em V_r para massa de mil sementes (MMS) para avaliação conjunta (a), Mariluz (b) e Palotina. 1: CD069; 2: CD060; 3: CD056; 4: CD007; 5: CD070; 6: CD065; 7: CD008; 8: CD010; 9: CD067; 10: CD038; 11: CD063; 12: CD072; e 13: CD034.

são as linhagens CD067 e CD038 e com maior presença de alelos recessivos é a CD056. Analisando-se a distribuição das linhagens nos gráficos, pode-se afirmar que híbridos e populações oriundas do cruzamento destas linhagens terão baixo potencial produtivo, já que este é atribuído por alelos em dominância.

A linhagem CD069 destaca-se com maior número de alelos em dominância para a variável unidade de colheita (UM) (Figura 04), que proporcionam maior velocidade de perda de umidade e, conseqüentemente, maior precocidade.

Para massa de mil sementes (MMS), destacam-se as linhagens CD0056, CD038 e CD072 como sendo as com maior número de alelos dominantes, evidenciando a possibilidade de obtenção de segregantes ou híbridos mais dominantes e possivelmente com maior massa de mil sementes (MMS) (Figura 05).

4.4 CONCLUSÃO

Alelos dominantes foram encontrados em maior frequência nos genitores, exceto para produtividade que há predominância de recessivos. Há predominância de efeitos gênicos de dominância no controle das variáveis estudadas com interação de sobredominância entre os alelos.

Ao menos cinco a sete blocos gênicos controlam a floração masculina, seis ou sete a floração feminina, oito ou nove a produtividade, um a três a umidade de colheita e quatro ou cinco a massa de mil sementes, neste grupo de genitores.

É possível ter maiores ganhos de seleção para floração masculina e feminina e massa de mil sementes no ambiente de Palotina. Para umidade de colheita maiores ganhos são possíveis nos ambientes de Mariluz e Palotina.

A linhagem CD069 é recomendada para a utilização para trabalhos de melhoramento pois apresenta maior número de genes em dominância para maturação proporcionando maior precocidade.

A linhagem CD038 é recomendada para trabalhos de melhoramento por apresentar maior número de genes em dominância para produtividade e massa de mil sementes.

4.5 REFERENCIAS

- AMARAL JUNIOR, A.T. do.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; FINGER, F.L. Inferências genéticas na produção e qualidade de tomateiro sob cruzamento dialélico. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.8, p.1407-1416, 1999.
- CARDOSO, D.L.; VIVAS, M.; AMARAL JUNIOR, A.T. do.; PEREIRA, M.G. Análise dialélica de Hayman de características relacionadas à produção e a qualidade de frutos em mamoeiro. **Bragantia**, Campinas, v.74, n.4, p.394-399, 2015.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. v. 1. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- FERREIRA, P.E. On Jinks-Hayman's analysis of half diallels. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.8, n.1, p. 149-1, 1985.
- FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep. 2007, 576p
- FRISKE, É. **Diversidade genética e mapeamento por associação em linhagens de milho para maturação de grãos**. Marechal Cândido Rondon, PR, 2016. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná – Marechal Cândido Rondon.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Raleigh, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.
- GOMES, F. P.; GARCIA, C. H. **Experimentos em látice: planejamento e análise por meio de “pacotes” estatísticos**. Piracicaba: ESALQ/USP, v. 7, n. 23, 1991. 69 p. (Série Técnica).
- GRIFFING, B. Concept of general and especific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Clayton South, v.9, n.4, p.463-493, 1956.
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Bethesds, v.39, n.04, p.789-809, 1954.
- LIMA, J. L.; SOUZA, J. C.; MACHADO, J. C.; RAMALHO, M. A. P. Controle genético da exigência térmica para o início do florescimento em milho. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, p. 127-131, 2008.
- LOPES, U. V.; GALVÃO, J. D.; CRUZ, C. D. Inheritance of the flowering time in maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 10, p.1267-1271, 1995.
- MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. de A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.2, p.348-354, 2009.

MORAES, M. L. T.; PATINO-VALERA, F.; MORI, E. S.; KAGEYAMA, P. Y. **Aspectos práticos dos delineamentos em látice**. Piracicaba: ESALQ/USP, v. 5, n. 14, 21 p. 1988. (Série Técnica).

NASCIMENTO, I.R. do; MALUF, W.R.; GONÇALVES, L.D.; FARIA, M.V.; RESENDE, J.T.V. de; NOGUEIRA, D.W. Capacidade combinatória de linhagens de pimentão a partir de análise dialélica multivariada. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.32, n.2, p.235-240, 2010.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15.ed. Piracicaba. Fealq, 2009. 451p.

SALLEN, M.; SHAZAD, K.; JAVID, M.; AHMED, A. Genetic analysis for various quantitative traits in maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **International Journal of Agriculture e Biology**, Deirz, v.3, p.379-382, 2002.

SCAPIM, C. A; CARVALHO, C. G. P; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SCHUELTER, A.R.; PEREIRA, G.M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; CASALI, V.W.D.; SCAPIM, C.A.; BARROS, W.S.; FINGER, F.L. Genetic control of agronomically important traits os pepper fruits analyzed by Hayman's partial diallel cross scheme. **Genetics and Molecular Research**. Ribeirão Preto, v. 9, p.113-127. 2010.

SECRETARIA DE ESTADO DA AGRICULTURA E DO ABASTECIMENTO DO PARANÁ (SEAB). DEPARTAMENTO DE ECONOMIA RURAL (DERAL). **Comparativo de área, produção e rendimento**. Curitiba, 2017. Disponível em <<http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/pss.xls>>. Acesso em 09 de junho de 2017.

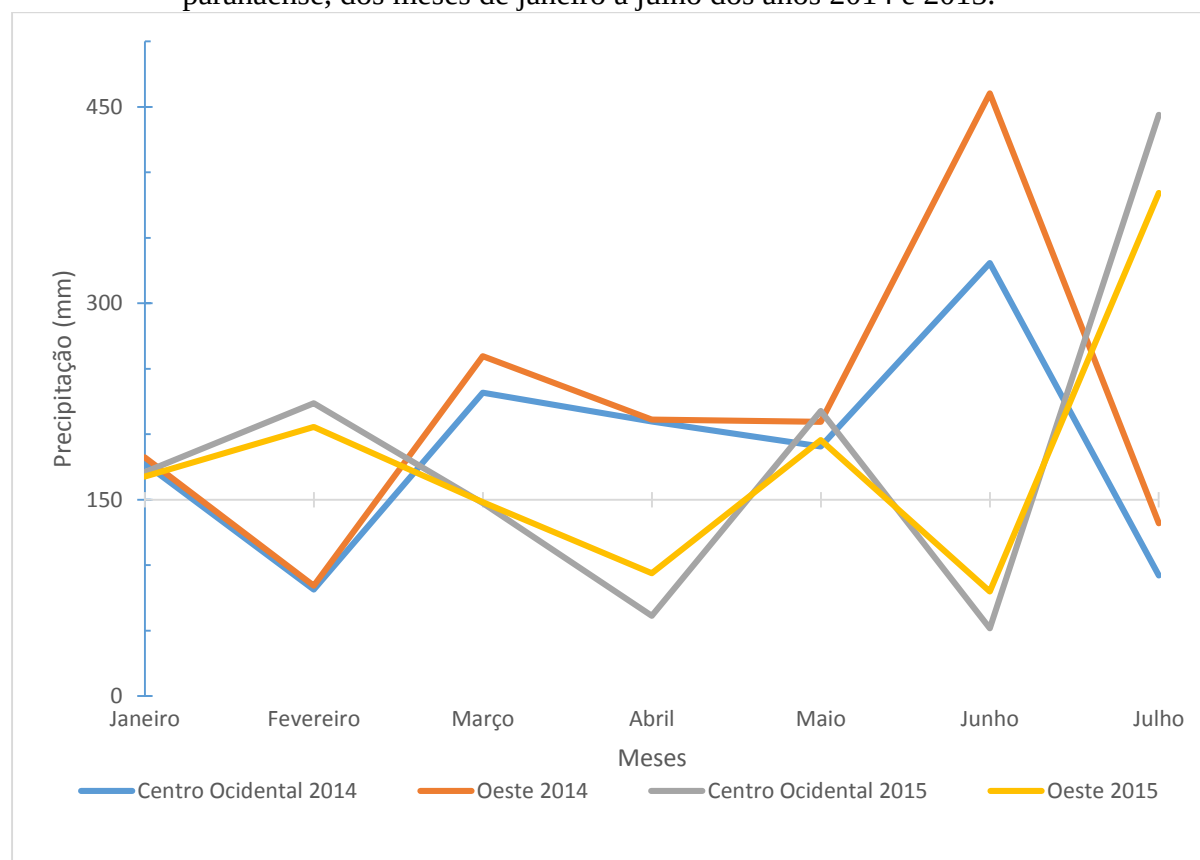
SHER, H.; IQBAL, M.; KHAN, K.; YASIR, M.; RAHMAN, H. ur. Genetic analysis of maturity and flowering characteristics in maize (*Zea mays* L.). **Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine**, Hailov, v.2, p.621-626, 2012.

SINGH, R.K.; CHAUDHARY, B.D. **Biometrical methods in quantitative genetics analysis**. Nova Delhi, Ludhiana: Kalyani Publishers, 1977, 288p.

WATTOO, F.M.; SALEEM, M.; AHSAN, M.; SAIJAD, M.; ALI, W. Genetic analysis for yield potential and quality traits in maize (*Zea mays* L.). **American-Eurasian Journal of Agriculture and Environment Scientiae**, v.6, p723-729, 2009.

5 APÊNDICES

Apêndice A – Precipitações médias mensais das mesorregiões Oeste e Centro Ocidental paranaense, dos meses de janeiro a julho dos anos 2014 e 2015.



Fonte: Agência Nacional das Águas.

Apêndice B - Quadrados médios, médias e coeficientes de variação para produtividade de grãos avaliados em 18 ensaios de milho safrinha em 2014 e 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná.

Ensaio	Safr	Produtividade (kg ha ⁻¹)			
		QMG	QMR	Média	CV%
Campo Mourão	2014	1925534,36 ^{ns}	824790,96	5568,39	16,31
Cascavel 1	2014	677713,98 ^{ns}	368596,05	5956,84	10,19
Cascavel 2	2014	592090,25 ^{ns}	551830,51	6324,90	11,75
Mariluz 1	2014	1252414,10 ^{ns}	622718,99	8427,63	9,36
Mariluz 2	2014	815496,03 ^{ns}	411720,49	7788,94	8,24
Palotina 1	2014	1828909,03 ^{**}	161404,79	7743,88	5,19
Palotina 2	2014	1066141,80 ^{ns}	690070,87	7943,72	10,46
Sta. Terezinha do Itaipú	2014	2034005,06 ^{**}	395985,60	8831,22	7,13
S. Pedro do Iguaçu	2014	1175306,72 ^{ns}	1253687,25	6919,24	16,18
Campo Mourão	2015	768086,17 ^{ns}	855872,73	7256,38	12,75
Cascavel 1	2015	1771683,82 ^{ns}	1557020,92	8519,91	14,65
Cascavel 2	2015	2414720,67 ^{ns}	3990496,00	8510,25	23,47
Mariluz 1	2015	2781690,13 ^{ns}	2272221,74	7596,83	19,84
Mariluz 2	2015	1305428,48 ^{ns}	4751988,18	7595,61	28,70
Palotina 1	2015	3638597,70 ^{**}	926498,45	7380,47	13,04
Palotina 2	2015	2333411,74 [*]	803639,71	7352,68	12,19
Sta. Terezinha do Itaipú	2015	3053513,48 ^{ns}	1569386,13	8199,17	15,28
S. Pedro do Iguaçu	2015	5096732,88 ^{ns}	2771152,30	6935,91	24,00

*, **, ^{ns}: Significativo a 5% e 1% de probabilidade e não significativo pelo teste F, respectivamente.

Apêndice C - Quadrados médios, médias e coeficientes de variação para umidade de grãos avaliados em 18 ensaios de milho safrinha em 2014 e 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná.

Ensaio	Safr	Umidade de colheita (%)			
		QMG	QMR	Média	CV%
Campo Mourão	2014	46,90**	5,42	34,45	6,76
Cascavel 1	2014	24,90**	5,98	23,47	10,42
Cascavel 2	2014	23,77**	3,66	22,67	8,44
Mariluz 1	2014	30,18**	2,72	26,16	6,30
Mariluz 2	2014	45,00**	4,50	26,77	7,92
Palotina 1	2014	33,37**	3,28	26,03	6,96
Palotina 2	2014	24,13**	1,97	24,25	5,78
Sta. Terezinha do Itaipú	2014	9,68 ^{ns}	12,13	24,91	13,98
S. Pedro do Iguaçu	2014	11,67 ^{ns}	5,51	23,14	10,15
Campo Mourão	2015	25,93**	0,62	17,72	4,42
Cascavel 1	2015	46,33**	3,67	26,44	7,24
Cascavel 2	2015	17,77*	7,10	26,13	10,20
Mariluz 1	2015	7,53**	0,53	15,83	4,61
Mariluz 2	2015	11,03**	2,00	16,36	8,65
Palotina 1	2015	31,12**	4,48	25,34	8,35
Palotina 2	2015	55,72**	0,99	26,48	3,76
Sta. Terezinha do Itaipú	2015	26,17**	6,51	21,10	12,09
S. Pedro do Iguaçu	2015	17,02**	4,65	24,59	8,77

*, **, ^{ns}: Significativo a 5% e 1% de probabilidade e não significativo pelo teste F, respectivamente.

Apêndice D - Estimativas de autovalores e porcentagem de variabilidade acumulada pela análise de fatores para genótipos de milho avaliados em 8 ambientes na safrinha 2014 e em 9 ambientes na safrinha 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná.

Nº Fatores finais	Produtividade (kg ha ⁻¹)			
	2014		2015	
	Autovalor	Variabilidade acumulada	Autovalor	Variabilidade acumulada
1	2,976	33,07	3,966	44,06
2	1,860	53,74	1,511	60,86
3	1,331	68,53	1,028	72,28
4	0,813	77,56	0,801	81,18
5	0,658	84,88	0,624	88,12
6	0,603	91,58	0,450	93,12
7	0,438	96,44	0,320	96,68
8	0,290	99,66	0,230	99,24
9	0,031	100,00	0,069	100,00
Umidade (%)				
1	5,222	58,02	6,809	75,65
2	1,469	74,35	0,720	83,65
3	0,997	85,43	0,563	89,90
4	0,590	91,98	0,312	93,37
5	0,308	95,40	0,214	95,75
6	0,191	97,53	0,158	97,50
7	0,126	98,93	0,105	98,67
8	0,069	99,70	0,065	99,40
9	0,027	100,00	0,054	100,00

Apêndice E - Estimativas de correlação dos ambientes para produtividade de grãos acima da diagonal principal e para umidade de colheita abaixo da diagonal principal, para as safrinhas de 2014 e 2015 no oeste e centro ocidental do Paraná.

2014									
Ambientes	Campo Mourão	Casca vel 1	Casca vel 2	Mari luz 1	Mari luz 2	Palotina 1	Palotina 2	Sta. Ter. do Itaipu	S. Pedro do Iguaçu
Campo Mourão		0,22	0,05	0,04	-0,11	0,34	0,41	-0,09	0,32
Cascavel 1	0,76		0,37	0,24	0,28	-0,25	0,27	-0,05	0,00
Cascavel 2	0,87	0,88		0,32	-0,02	-0,18	0,29	0,13	-0,18
Mariluz 1	0,40	0,33	0,31		0,37	-0,35	-0,31	-0,43	-0,42
Mariluz 2	0,50	0,34	0,40	0,94		-0,17	-0,44	-0,45	-0,39
Palotina 1	0,78	0,68	0,77	0,47	0,50		0,51	0,15	0,42
Palotina 2	0,79	0,70	0,75	0,55	0,53	0,89		0,08	0,60
Sta. Ter. do Itaipu	-0,30	-0,44	-0,32	-0,13	-0,13	-0,33	-0,39		0,35
S. Pedro do Iguaçu	0,58	0,51	0,57	0,15	0,19	0,37	0,30	-0,06	
2015									
Ambientes	Campo Mourão	Casca vel 1	Casca vel 2	Mari luz 1	Mari luz 2	Palotina 1	Palotina 2	Sta. Ter. do Itaipu	S. Pedro do Iguaçu
Campo Mourão		0,32	0,74	0,00	0,00	0,37	0,47	0,25	0,42
Cascavel 1	0,89		0,43	0,14	-0,16	0,44	0,56	0,30	0,64
Cascavel 2	0,57	0,66		0,07	0,22	0,48	0,44	0,50	0,51
Mariluz 1	0,89	0,90	0,68		0,32	0,22	0,30	0,33	0,13
Mariluz 2	0,76	0,82	0,73	0,77		0,17	0,17	0,36	-0,02
Palotina 1	0,70	0,74	0,44	0,78	0,50		0,86	0,48	0,39
Palotina 2	0,75	0,87	0,72	0,86	0,75	0,79		0,52	0,40
Sta. Ter. do Itaipu	0,75	0,69	0,45	0,78	0,60	0,53	0,56		0,43
S. Pedro do Iguaçu	0,79	0,82	0,69	0,83	0,78	0,60	0,85	0,58	

Apêndice F - Quadrados médios da análise de variância individual para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e peso de mil sementes (MMS) dos 13 progenitores e seus 78 respectivos híbridos.

FV	GL	Quadrado Médio				
		Mariluz				
		FM	FF	PROD	UM	MMS [#]
BLOCOS	2	9,20	7,92	1106786,03	3,11	1434,89
TRATAMENTOS	90	32,54**	38,80**	16405612,8**	12,71**	4327,23**
Genótipos	77	15,13**	15,86**	5292840,4**	9,82**	2517,30**
Testemunha	12	48,37**	64,60**	346801,8 ^{ns}	15,59**	3597,50**
G vs Test,	1	1182,95**	1495,25**	1064794815,6**	200,98**	152448,40**
RESÍDUO	180	1,18	1,12	1066896,64	0,56	337,35
TOTAL	272					
Média Geral		59,72	59,99	6623,09	14,84	321,72
CV(%)		1,82	1,77	15,60	5,02	5,71
CVg/CVe		1,99	2,09	1,15	2,36	1,47
Palotina						
BLOCOS	2	2,77	1,31	4267,81	12,32	134,23
TRATAMENTOS	90	18,37**	28,63**	10863288,7**	34,06**	6476,61**
Genótipos	77	13,56**	19,81**	3411106,4**	36,44**	4072,09**
Testemunha	12	14,60**	25,58**	793314,5 ^{ns}	21,03**	8695,30**
G vs Test,	1	434,11**	744,53**	705521016,8**	7,76 ^{ns}	164999,99**
RESÍDUO	180	0,48	0,92	581338,76	2,99	251,79
TOTAL	272					
Média Geral		52,63	53,39	4953,92	22,33	261,55
CV(%)		1,31	1,80	15,39	7,75	6,07
CVg/CVe		3,03	2,61	1,27	1,93	2,25
São Pedro do Iguaçu						
BLOCOS	2	5,08	2,00	3203730,1	0,56	
TRATAMENTOS	90	32,14**	42,20**	6679031,2**	42,98**	
Genótipos	77	16,71**	22,66**	2235917,3**	44,03**	
Testemunha	12	52,94**	50,61**	961514,7 ^{ns}	38,09**	
G vs Test,	1	970,77**	1445,55**	417409003,9**	21,11 ^{ns}	
RESÍDUO	180	3,61	4,68	491127,7	2,62	
TOTAL	272					
Média Geral		58,71	59,92	4445,69	25,37	
CV(%)		3,24	3,61	15,76	6,38	
CVg/CVe		1,10	1,13	1,09	2,29	

**:Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns: Não significativo; CV (%): coeficiente de variação; CVg/CVe: razão do coeficiente de variação genético com o coeficiente de variação experimental. #: Realizado somente em Mariluz e Palotina.

Apêndice G - Análise dialélica individual para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) e peso de mil sementes (MMS) de 13 parentais e seus 78 híbridos, de acordo com o modelo IV de Gardner e Eberhart (1966).

FV	GL	Quadrados Médios				
		FM	FF	PROD	UM	MMS [#]
Mariluz						
TRATAMENTO	90	32,55**	38,81**	16405614,0**	12,71**	4327,23**
VARIEDADE	12	95,27**	110,78**	11650497,9**	52,48**	8185,67**
HETEROSE	78	22,90**	27,74**	17137170,3**	6,59**	3733,62**
H.MÉDIA	1	1183,0**	1496,0**	1064794896,2**	200,95**	152448,4**
H.VARIEDADE	12	20,28**	26,45**	4361676,8**	8,65**	5356,82**
H.ESPECÍFICA	65	5,53**	5,39**	3377911,8**	3,22**	1146,03**
RESÍDUO	180	1,18	1,12	1066896,6	0,56	337,35
MÉDIA GERAL		59,72	59,99	6623,09	14,84	321,72
CV(%)		1,82	1,77	15,60	5,02	5,709
Palotina						
TRATAMENTO	90	18,37**	28,63**	10863294,9**	34,06**	6476,61**
VARIEDADE	12	74,67**	113,81**	9328473,4**	147,89**	22059,03**
HETEROSE	78	9,71**	15,53**	11099421,3**	16,55**	4079,31**
H.MÉDIA	1	434,01**	744,70**	705521568,1**	7,81ns	164999,99**
H.VARIEDADE	12	10,13**	12,92**	3240722,7**	22,99**	3766,74**
H.ESPECÍFICA	65	3,10**	4,80**	1866840,3**	15,49**	1661,32**
RESÍDUO	180	0,48	0,92	581338,76	2,99	251,79
MÉDIA GERAL		52,63	53,39	4953,92	22,32	261,55
CV(%)		1,31	1,80	15,391	7,75	6,07
São Pedro do Iguaçu						
TRATAMENTO	90	32,55**	42,21**	6679026,9**	42,99**	
VARIEDADE	12	95,27**	113,98**	5118628,6**	114,20**	
HETEROSE	78	22,90**	31,16**	6919088,2**	32,03**	
H.MÉDIA	1	1183,0**	1445,87**	417408832,2**	21,10**	
H.VARIEDADE	12	20,28**	28,79**	1010668,1**	32,55**	
H.ESPECÍFICA	65	5,54**	9,84**	1694646,6*	32,11**	
RESÍDUO	180	1,18	4,68	491127,700	2,62	
MÉDIA GERAL		58,71	59,92	4445,68	25,37	
CV(%)		3,24	3,61	15,764	6,38	

** : significativo a 1% pelo teste F; * : significativo a 5% pelo teste F; ns: não significativo. #: Realizado somente em Mariluz e Palotina.

Apêndice H - Quadrados médios da análise de variância conjunta, seguindo o modelo fatorial simples com testemunhas adicionais para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) em Palotina, Mariluz e São Pedro do Iguaçu e peso de mil sementes (MMS) em Palotina e São Pedro do Iguaçu.

FV	GL	Quadrados médios				GL	Quadrado médio
		FM	FF	PROD	UM		MMS [#]
BLOCO/AMB	6	5,68	3,74	1438261,32	5,33	4	784,56
BLOCOS	2	4,60	7,05	442322,01	9,49	2	466,64
BL x AMB	4	6,22	2,09	1936230,98	3,25	2	1102,48
TRATAMENTO	90	74,45**	99,92**	28584936,06**	52,35**	90	8711,06**
Genótipos	77	40,21**	52,46**	5814088,77**	54,35**	77	4691,74**
Testemunha	12	93,09**	112,51**	971881,12	30,95	12	8783,97*
Grupos	1	2487,54*	3603,60*	2113296836,79*	154,91	1	317324,27**
AMBIENTES	2	4016,85**	3919,36**	354241706,46**	8017,28**	1	494182,53**
TRABxAMB	180	4,30**	4,85**	2681498,32**	18,71**	90	2092,77**
Gen x Amb	154	2,60**	2,94*	2562887,66**	17,97**	77	1897,66**
Tes x Amb	24	11,41**	14,14**	564874,93	21,88**	12	3508,83**
Grupos x Amb	2	50,14**	40,87**	37213999,75**	37,47**	1	124,12**
RESÍDUO	540	1,75	2,24	713121,03	2,06	360	294,57
TOTAL	818					545	
Média Geral		57,02	57,77	5340,90	20,84		291,64
CV (%)		2,32	2,59	15,81	6,88		5,89

** e *:Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F respectivamente; ns: Não significativo. CV (%): coeficiente de variação. #: Realizado somente em Mariluz e Palotina.

Apêndice I - Quadrados médios da análise dialélica conjunta para floração masculina (FM), floração feminina (FF), produtividade (PROD), umidade de colheita (UM) em Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e peso de mil sementes (MMS) em Mariluz e São Pedro do Iguaçu, de 13 parentais e seus 78 híbridos, de acordo com o modelo IV de GARDNER & EBERHART (1966).

FV	GL	Quadrados Médios				GL	QM
		FM	FF	PROD	UM		MMS [#]
TRATAMENTO	90	74,465**	99,946**	28584936,158**	52,342**	90	8711,061**
VARIEDADE	12	252,193**	327,495**	13251893,187**	222,913**	12	19058,602**
HETEROSE	78	47,123**	64,939**	30943865,846**	26,100**	78	7119,132**
H.MÉDIA	1	2487,339**	3604,734**	2113297230,259**	155,008**	1	317324,268**
H.VARIEDADE	12	43,231**	44,832**	4120878,556**	31,170**	12	7837,676**
H.ESPECÍFICA	65	10,299**	14,193**	3859596,355**	23,181**	65	2214,091**
AMBIENTE	2	4016,941**	3919,617**	354241501,076**	8018,655**	1	494182,528**
TRAT x AMB	180	4,303**	4,854**	2681499,797**	18,709**	90	2092,773**
VAR x AMB	24	6,512**	5,534**	6422853,333**	45,829**	12	11186,101**
HET x AMB	156	3,963**	4,749**	2105906,945**	14,537**	78	693,800**
Hm x AMB	2	50,162**	40,896**	37214033,153**	37,427**	1	124,118 ^{ns}
Hv x AMB	24	7,728**	11,662**	2246094,534**	16,508**	12	1285,889**
Hs x AMB	130	2,557**	2,917*	1539901,141**	13,821**	65	593,255**
RESÍDUO	540	1,755	2,242	713121,032	2,056	360	294,569
Média Geral		57,020	57,766	5340,901	20,844		291,639

*: significativo a 5% pelo teste F; **: significativo a 1% pelo teste F; #: realizado somente em Mariluz e Palotina.

Apêndice J - Estimativas dos efeitos de heterose específica e desvio padrão (S^2) de 78 híbridos de milho para a floração masculina (FM) e feminina (FF) e umidade de colheita (UM) de Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina. (Continua...)

Progenitores	FM			FF			UM		
	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA
CD069 x CD060	0,12	-1,16	0,19	-0,57	-1,37	-0,21	-1,01	-0,42	0,98
CD069 x CD056	0,18	-0,01	-0,19	-0,06	0,35	0,28	0,38	-2,44	-0,31
CD069 x CD007	1,31	0,31	-0,35	0,70	0,08	-0,83	-0,55	-4,15	-2,37
CD069 x CD070	-0,12	0,56	0,04	0,49	1,10	-0,01	-0,48	-2,47	-1,01
CD069 x CD065	0,12	0,66	0,56	0,16	0,81	1,85	-0,01	-1,09	1,29
CD069 x CD008	-0,03	-0,76	0,29	0,01	-1,36	0,15	-0,53	-1,00	0,02
CD069 x CD010	-0,52	-1,21	0,26	-0,54	-2,25	0,13	0,40	0,67	1,11
CD069 x CD067	0,03	0,33	-0,02	0,22	0,63	-0,17	0,34	1,97	2,61
CD069 x CD038	-0,64	-0,22	-0,20	-0,33	-0,41	0,06	0,05	-0,53	-1,08
CD069 x CD063	-1,34	-1,92	-0,11	-0,60	-0,83	-0,15	1,05	-2,51	-0,24
CD069 x CD072	0,15	-0,24	-0,55	0,06	-0,49	-0,70	0,26	1,93	-0,88
CD069 x CD034	0,73	3,66	0,07	0,46	3,74	-0,39	0,10	10,04	-0,13
CD060 x CD056	-1,37	3,41	-0,40	-0,66	3,92	0,53	0,21	9,84	-1,45
CD060 x CD007	-3,24	-2,10	-1,89	-2,57	-2,36	-0,93	-2,86	-0,18	-0,34
CD060 x CD070	0,67	-0,02	0,50	1,55	1,32	0,89	1,25	-3,77	3,08
CD060 x CD065	-1,43	-0,92	-1,65	-2,12	-0,96	-1,91	-1,58	-2,88	-4,05
CD060 x CD008	1,09	-0,67	0,41	0,73	-1,13	0,72	1,94	1,79	0,94
CD060 x CD010	1,27	1,09	1,05	0,53	0,10	0,05	-0,84	-1,30	-0,26
CD060 x CD067	0,48	-0,91	0,77	0,28	-0,80	0,74	1,81	0,09	4,38
CD060 x CD038	2,15	1,87	0,25	2,74	0,83	0,31	0,67	-2,29	3,71
CD060 x CD063	0,46	0,50	0,01	0,46	-0,93	-1,24	-1,41	3,85	-2,88
CD060 x CD072	-0,72	-1,49	-0,76	-0,87	-0,92	-0,79	0,49	-2,25	-2,27
CD060 x CD034	0,52	0,41	1,53	0,52	2,31	1,84	1,33	-2,47	-1,84
CD056 x CD007	1,82	-0,95	1,05	1,28	-0,62	1,57	2,43	8,05	6,76
CD056 x CD070	-0,27	0,46	-0,22	-0,60	0,06	-1,28	-1,09	-3,33	-0,83
CD056 x CD065	0,31	1,23	-0,04	1,07	1,10	-0,08	0,07	-0,99	0,09
CD056 x CD008	-0,18	-1,19	1,35	-0,42	-0,06	1,56	-1,19	-2,79	-2,86
CD056 x CD010	0,67	-0,43	0,32	0,37	-0,18	-0,46	0,13	0,38	-0,07
CD056 x CD067	-1,13	-0,31	0,05	-0,88	-0,69	-0,10	0,18	-1,45	-1,32
CD056 x CD038	-0,46	-0,99	-0,39	-0,42	-0,11	-0,64	-0,29	-2,28	0,23
CD056 x CD063	-0,82	-0,02	-0,04	-0,02	-0,53	0,58	-0,70	-3,43	-1,84
CD056 x CD072	1,34	-0,75	-0,64	1,31	-1,61	-0,63	0,14	-0,13	3,14
CD056 x CD034	-0,09	-0,44	-0,85	-0,97	-1,63	-1,32	-0,27	-1,42	-1,54
CD007 x CD070	0,51	2,28	0,62	0,16	1,78	0,60	0,11	6,07	-1,08
CD007 x CD065	1,09	-0,61	0,80	1,49	1,16	0,13	-0,27	-1,44	0,11
CD007 x CD008	-0,06	1,29	0,19	-0,33	0,32	-0,56	0,45	0,21	1,13
CD007 x CD010	0,46	3,73	0,50	0,79	5,55	0,76	-0,25	-2,27	-1,50
CD007 x CD067	-0,33	-0,11	-1,11	-0,12	-0,68	-0,71	-0,50	-2,00	-1,72

Apêndice J - Estimativas dos efeitos de heterose específica e desvio padrão (S^2) de 78 híbridos de milho para a floração masculina (FM) e feminina (FF) e umidade de colheita (UM) de Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina. (Continua...)

Progenitores	FM			FF			UM		
	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA
CD007 x CD038	0,00	-2,50	0,37	-0,66	-2,72	-0,31	0,31	-0,22	-1,61
CD007 x CD063	0,63	0,14	0,14	1,07	0,19	0,81	0,26	-3,35	0,77
CD007 x CD072	-1,55	-0,52	-0,64	-0,94	-1,14	-0,41	0,08	0,37	-0,52
CD007 x CD034	-0,64	-0,95	0,32	-0,88	-1,57	-0,11	0,79	-1,08	0,37
CD070 x CD065	-0,67	-0,87	-1,13	-1,06	-1,16	-1,05	1,64	1,04	0,02
CD070 x CD008	-0,15	-2,29	0,26	0,46	-1,66	-0,08	-0,14	6,88	4,42
CD070 x CD010	1,36	-1,12	0,23	0,25	-0,93	1,41	0,89	0,05	-0,72
CD070 x CD067	-0,43	1,47	0,29	0,01	1,33	0,61	-0,70	-0,08	0,54
CD070 x CD038	0,25	-0,08	-0,56	-0,20	0,30	-0,49	-0,14	3,27	-1,48
CD070 x CD063	-0,45	-0,11	-0,81	-0,82	-0,46	-1,38	-0,58	0,55	-1,35
CD070 x CD072	0,37	0,23	0,09	0,52	-0,79	0,41	0,33	-3,11	-0,96
CD070 x CD034	-1,06	-0,53	0,71	-0,75	-0,88	0,37	-1,08	-5,09	-0,62
CD065 x CD008	0,76	0,81	1,10	1,13	0,38	1,78	0,36	-0,65	1,08
CD065 x CD010	0,61	0,24	0,74	1,25	1,28	0,44	-0,29	2,05	2,93
CD065 x CD067	-0,52	0,24	-0,20	-0,66	0,04	-0,86	-1,22	1,02	-2,51
CD065 x CD038	0,81	0,35	0,61	0,46	0,34	0,04	0,62	-0,53	-1,78
CD065 x CD063	-0,54	0,32	-0,62	-0,48	0,92	0,82	-0,05	4,41	1,39
CD065 x CD072	-0,06	-0,67	0,27	-0,48	-1,41	-0,06	0,01	-0,48	1,26
CD065 x CD034	-0,49	-0,77	-0,44	-0,75	-2,50	-1,10	0,72	-0,45	0,16
CD008 x CD010	0,79	1,49	0,47	1,76	0,44	0,74	0,70	-0,08	1,61
CD008 x CD067	1,33	0,11	-0,47	0,86	1,42	-0,56	0,97	1,18	-1,20
CD008 x CD038	-5,00	-1,74	-4,33	-5,36	-3,16	-5,33	-2,56	-0,63	-1,03
CD008 x CD063	0,30	1,57	0,11	0,37	1,41	0,79	0,88	-2,19	-0,31
CD008 x CD072	-0,88	-1,09	-0,34	-0,64	0,42	-0,09	-0,02	-0,34	-2,95
CD008 x CD034	2,03	2,47	0,96	1,43	2,99	0,88	-0,86	-2,39	-0,86
CD010 x CD067	-0,82	-0,75	-0,84	-0,03	-1,57	-0,91	-0,42	0,69	-0,57
CD010 x CD038	-0,15	1,37	-0,36	-0,57	1,73	0,33	0,22	-1,02	-0,97
CD010 x CD063	-0,18	-2,00	-0,59	-0,18	-1,36	-0,23	0,23	4,27	-0,37
CD010 x CD072	-2,03	-0,99	-0,70	-2,18	-1,69	-1,78	-0,20	-1,84	-1,19
CD010 x CD034	-1,45	-1,42	-1,07	-1,45	-1,12	-0,47	-0,57	-1,59	-0,01
CD067 x CD038	0,39	0,03	1,04	0,18	-1,17	1,69	-0,37	0,66	-0,22
CD067 x CD063	-0,63	-1,67	0,47	-1,42	-0,93	-0,20	0,35	-0,17	0,31
CD067 x CD072	2,52	2,00	1,37	1,92	4,08	1,92	1,13	-0,05	0,95
CD067 x CD034	-0,91	-0,43	-1,35	-0,36	-1,68	-1,44	-1,56	-1,86	-1,26
CD038 x CD063	0,37	0,78	-0,05	0,37	-0,29	-0,63	0,61	-3,59	-0,20
CD038 x CD072	-1,15	0,45	1,50	-0,30	2,38	1,50	-1,52	5,76	-2,36
CD038 x CD034	3,43	0,68	2,13	4,09	2,28	3,46	2,41	1,41	6,77
CD063 x CD072	3,15	4,09	1,94	2,10	2,96	1,60	-0,16	-1,28	5,76
CD063 x CD034	-0,94	-1,68	-0,44	-0,84	-0,14	-0,76	-0,49	3,46	-1,05

Apêndice J - Estimativas dos efeitos de heterose específica e desvio padrão (S^2) de 78 híbridos de milho para a floração masculina (FM) e feminina (FF) e umidade de colheita (UM) de Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina.

Progenitores	FM			FF			UM		
	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	SPI	PTNA
CD072 x CD034	-1,12	-1,01	-1,55	-0,51	-1,80	-0,97	-0,54	1,43	0,01
S^2	0,33	1,00	0,13	0,31	1,30	0,26	0,15	0,73	0,83

Apêndice K - Estimativas dos efeitos de heterose específica e desvio padrão (S^2) de 78 híbridos de linhagens de milho para produtividade (PROD) em Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e massa de mil sementes (MMS) em Mariluz e São Pedro do Iguaçu (Continua...).

Progenitores	PROD			MMS	
	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	PTNA
CD069 x CD060	1998,50	-55,99	51,08	-26,57	-26,60
CD069 x CD056	-216,98	-122,01	-186,75	3,85	-9,38
CD069 x CD007	-417,69	-142,00	160,95	-33,74	-41,80
CD069 x CD070	-187,80	213,08	-171,67	23,30	-0,82
CD069 x CD065	-215,13	-429,05	-511,12	-3,74	-4,96
CD069 x CD008	-518,46	-659,46	367,63	19,52	25,85
CD069 x CD010	563,26	585,65	689,04	8,32	-22,55
CD069 x CD067	615,08	-388,43	-10,74	39,08	45,48
CD069 x CD038	1733,37	1358,81	249,60	3,39	36,52
CD069 x CD063	-1284,58	-924,06	-1541,99	-30,94	-43,68
CD069 x CD072	-1467,01	-487,18	547,15	8,76	22,46
CD069 x CD034	-602,56	1050,65	356,81	-11,24	19,50
CD060 x CD056	475,46	19,38	-641,47	3,99	-23,77
CD060 x CD007	-3068,40	34,15	294,02	-7,38	30,81
CD060 x CD070	-802,98	-619,61	-1927,19	1,82	-2,90
CD060 x CD065	-860,07	-461,03	783,60	-10,63	-7,41
CD060 x CD008	324,47	681,85	35,65	-2,13	-9,42
CD060 x CD010	430,09	625,45	479,40	-8,07	0,38
CD060 x CD067	824,38	1482,18	1818,75	24,01	40,07
CD060 x CD038	397,88	-1042,83	166,71	12,80	-12,03
CD060 x CD063	515,14	-30,80	-220,02	10,32	40,63
CD060 x CD072	-987,23	-26,17	-1112,29	-1,86	-30,90
CD060 x CD034	752,76	-606,56	271,75	3,70	1,15
CD056 x CD007	-1098,15	-84,14	-249,51	24,44	28,30
CD056 x CD070	384,00	40,43	1023,00	2,35	3,90
CD056 x CD065	1278,75	-1055,27	587,92	-7,43	17,01
CD056 x CD008	-128,77	-244,89	-756,27	7,07	-26,07
CD056 x CD010	80,35	-283,70	556,19	10,22	31,49
CD056 x CD067	-111,34	1183,94	446,15	-12,27	-8,22
CD056 x CD038	436,96	203,18	-601,70	-10,51	-0,01
CD056 x CD063	447,68	-318,23	114,80	-11,10	-9,76
CD056 x CD072	-979,90	1126,74	181,73	-11,36	17,56
CD056 x CD034	-568,06	-465,42	-474,10	0,73	-21,05
CD007 x CD070	1315,09	764,05	556,53	8,48	-6,10
CD007 x CD065	-417,32	-365,58	95,08	6,91	21,81
CD007 x CD008	-17,23	1227,16	477,92	-19,33	1,40
CD007 x CD010	-231,11	-482,88	-1119,40	-8,66	-24,84
CD007 x CD067	630,94	-744,80	129,77	-9,22	-9,01

Apêndice K - Estimativas dos efeitos de heterose específica e desvio padrão (S^2) de 78 híbridos de linhagens de milho para produtividade (PROD) em Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e massa de mil sementes (MMS) em Mariluz e São Pedro do Iguaçu (Continua...).

Progenitores	PROD			MMS	
	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	PTNA
CD007 x CD038	1040,46	-979,34	-667,79	24,52	7,60
CD007 x CD063	158,63	-18,31	351,77	14,64	12,08
CD007 x CD072	-192,40	515,45	61,04	-3,57	-18,71
CD007 x CD034	2297,18	276,26	-90,39	2,89	-1,53
CD070 x CD065	-1540,60	-916,68	-549,11	2,18	-38,17
CD070 x CD008	1130,23	632,17	886,51	-20,64	4,89
CD070 x CD010	-1419,28	-116,70	-459,12	-27,07	-0,08
CD070 x CD067	-356,82	531,89	112,75	-7,22	7,72
CD070 x CD038	-383,96	769,72	-863,63	19,24	5,22
CD070 x CD063	-265,24	-533,71	998,79	22,79	27,09
CD070 x CD072	889,98	-383,05	76,31	-25,16	-14,89
CD070 x CD034	1237,38	-381,58	316,84	-0,07	14,14
CD065 x CD008	700,28	487,34	-703,15	6,93	-13,02
CD065 x CD010	879,46	-48,47	-224,53	-23,96	0,94
CD065 x CD067	-596,56	-22,70	513,00	-5,28	2,45
CD065 x CD038	755,63	1393,52	-346,21	0,67	-9,38
CD065 x CD063	-455,81	72,68	643,54	8,99	19,13
CD065 x CD072	386,08	410,33	-406,86	5,25	2,61
CD065 x CD034	85,29	934,90	117,83	20,10	8,99
CD008 x CD010	-512,41	-1034,57	127,37	4,93	16,97
CD008 x CD067	1096,57	-396,59	-378,80	28,17	21,96
CD008 x CD038	763,40	833,81	1552,97	-2,42	25,49
CD008 x CD063	83,29	636,08	1246,23	4,07	8,27
CD008 x CD072	-575,76	-924,01	-1422,80	4,33	-25,82
CD008 x CD034	-2345,61	-1238,90	-1433,24	-30,50	-30,49
CD010 x CD067	-329,16	47,68	-275,61	-12,95	-10,41
CD010 x CD038	-1310,03	-1158,12	-1320,96	10,24	-5,07
CD010 x CD063	-860,95	-92,31	-352,27	-12,31	-24,61
CD010 x CD072	1457,37	303,83	848,07	4,83	20,90
CD010 x CD034	1252,40	1654,13	1051,83	54,49	16,88
CD067 x CD038	-1799,33	-915,96	-465,18	6,14	-14,20
CD067 x CD063	124,74	336,69	-1265,48	-28,18	-39,15
CD067 x CD072	621,33	-573,89	-305,71	-13,22	-23,51
CD067 x CD034	-719,83	-539,99	-318,88	-9,06	-13,20
CD038 x CD063	242,38	447,10	694,64	3,83	-8,87
CD038 x CD072	-144,68	-634,76	1228,38	-34,09	-24,25
CD038 x CD034	-1732,07	-275,11	373,17	-33,81	-1,03
CD063 x CD072	971,91	752,98	-96,71	40,60	43,39

Apêndice K - Estimativas dos efeitos de heterose específica e desvio padrão (S^2) de 78 híbridos de linhagens de milho para produtividade (PROD) em Mariluz, São Pedro do Iguaçu e Palotina e massa de mil sementes (MMS) em Mariluz e São Pedro do Iguaçu.

Progenitores	PROD			MMS	
	MLZ	SPI	PTNA	MLZ	PTNA
CD063 x CD034	322,82	-328,11	-573,31	-22,72	-24,51
CD072 x CD034	20,30	-80,25	401,68	25,48	31,16
S^2	296360,18	136424,36	161482,99	93,71	69,94

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os municípios Campo Mourão, Cascavel e Palotina são indispensáveis para a seleção visando produtividade. Os ambientes de Campo Mourão, Mariluz e Santa Terezinha do Itaipu são indicados para ensaios para avaliação da velocidade de perda de umidade de grãos. A semeadura de ensaios em um mesmo município gerou informações redundantes não contribuindo para a seleção de genótipos superiores para maturação e produtividade.

O conjunto de progenitores utilizados neste estudo apresentaram variabilidade genética para os caracteres estudados, distância genética suficiente para distribuí-los em três grupos heteróticos, elevados valores de uso “per se”, heterose varietal e específica mostrando potencial de exploração para trabalhos de melhoramento.

A linhagem CD034 é recomendada para uso como testador para cruzamentos com as demais linhagens para síntese de híbridos.

A linhagem CD069 é recomendada para hibridações para aumentar a precocidade, pelos elevados valores de uso “per se” e de heterose, além de apresentar maior número de genes em dominância para maturação proporcionando maior precocidade.

O genitor CD038 é recomendado para aumentar a produtividade e a massa de mil sementes pelos elevados valores de uso “per se” e de heterose e por apresentar maior número de genes em dominância para produtividade e massa de mil sementes.

A relação entre heterose e distância genética foi baixa para as variáveis produtividade e floração feminina e alta para massa de mil sementes, floração masculina e umidade de colheita.

Alelos dominantes encontram-se em maior frequência nos genitores, exceto para produtividade.

Há predominância de efeitos gênicos de dominância no controle das variáveis estudadas com interação de sobredominância entre os alelos.