

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

AMIR JOSÉ KLEIN WERLE

Avaliação dialéctica de linhagens elite e híbridos de milho

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
FEVEREIRO – 2011

AMIR JOSÉ KLEIN WERLE

Avaliação dialéctica de linhagens elite e híbridos de milho

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Ronald José Barth Pinto

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
FEVEREIRO – 2011

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)

W489	<p>Werle, Amir José Klein Avaliação dialélica de linhagens elite e híbridos de milho / Amir José Klein Werle. -- Maringá, 2011. 70 f.</p> <p>Orientador : Profº Drº Ronald José Barth Pinto. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Maringá, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, 2011.</p> <p>1. Milho - Análise dialélica. 2. Milho - Capacidade combinatória. 3. Efeitos aditivos. 4. Efeitos não-aditivos. I. Pinto, Ronald José Barth, orient. II. Universidade Estadual de Maringá. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. III. Título.</p> <p>CDD 21. ed. 633.15</p>
------	--

DEDICO

A minha esposa, Ana Marta
Aos filhos, Matheus, Christian e Lais
e à família ...
que serviram de base nessa caminhada

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual de Maringá – UEM, pela oportunidade oferecida.

À Syngenta Seeds Ltda, pelo apoio e fornecimento de estruturas.

Ao professor doutor Ronald José Barth Pinto, pela orientação, apoio e ensinamentos.

Ao melhorista de milho sul da Syngenta Seeds Ltda, Arnaldo Afonso Bellucci, por ter acreditado, pelo apoio, ensinamento e exemplo profissional.

Ao amigo e colega, doutor Marcos de Araújo Rodovalho, pelo incentivo e pela contribuição prestada.

Aos amigos e colegas, Adriano Balbinot, Marcelo Chiaretti, Jéssica Subtil, Rogério Everson Matos, Wagner Luiz Costa, pela continuidade nas atividades durante a ausência.

À Rosana Kelli Locatelli, pela grande colaboração na coleta de dados.

A todos os colegas de apoio de campo, pela valiosa contribuição.

Aos membros da Banca, pela disponibilidade e sugestões.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento da UEM.

Enfim, a todos os que direta ou indiretamente estiverem envolvidos neste trabalho, meu MUITO OBRIGADO!!!

BIOGRAFIA

AMIR JOSÉ KLEIN WERLE, filho de Renato Estanislau Werle e de Ilza Klein Werle, nasceu em 30 de abril de 1980, na cidade de Roque Gonzales, Estado do Rio Grande do Sul, Brasil.

Em dezembro de 1992, concluiu o Ensino Básico na “Escuela Graduada Linea Progreso” San Rafael Del Parana, Itapua, Paraguay.

Concluiu o Ensino Médio, em julho de 2000, no “Colegio Privado Virgen de Caacupé”, Tomás Romero Pereira, Itapua, Paraguay.

Ingressou no Curso de Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas com ênfase em Biotecnologia, em fevereiro de 2001, na Universidade Paranaense – Unipar, Cascavel, Paraná, obtendo o título de Biólogo, em dezembro de 2004.

Em agosto de 2002, ingressou na empresa Syngenta Seeds Ltda, no Programa de Melhoramento de Milho.

Em março de 2009, ingressou no Curso de Mestrado do Programa em Genética e Melhoramento (PGM), na Universidade Estadual de Maringá – UEM, em Maringá – PR, Brasil.

SUMÁRIO

LISTA DE QUADROS	vii
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Milho	4
2.1.1 Origem, evolução e dispersão	4
2.1.2 Classificação e características botânicas do milho	5
2.2. Melhoramento genético do milho	6
2.3. Influências do ambiente no desenvolvimento de plantas	8
2.4. Dialelos	10
3. MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1. Linhagens utilizadas	16
3.2. Variáveis analisadas	18
3.3. Análises estatísticas	19
3.3.1. Análise de variância	19
3.3.2. Análise dialélica	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
4.1. Análise de variância	23
4.1.1. Análise de variância individual	23
4.1.2. Análise de variância conjunta	25
4.2. Análise dialélica	45
4.2.1. Análise da capacidade geral de combinação	49
4.2.2. Análise da capacidade específica de combinação	53
5. CONCLUSÕES	65
6. REFERÊNCIAS	66

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 – Locais de ensaios, dados de semeadura, tipos de solo e coordenadas geográficas	15
Quadro 2 – Dados das linhagens utilizadas no dialelo	16
Quadro 3 – Estrutura do dialelo	17
Quadro 4 – Esquema da análise de variância individual, para o delineamento em blocos ao acaso	19
Quadro 5 – Esquema da análise de variância conjunta, para o delineamento em blocos ao acaso, com o desdobramento da soma de quadrados de tratamentos	20
Quadro 6 – Esquema da análise de variância para dialelos balanceados envolvendo os parentais e as F1's, segundo a metodologia de Griffing (1956) ...	22
Quadro 7 – Esquema da análise de variância conjunta para dialelos balanceados envolvendo os parentais e as F1's, segundo a metodologia de Griffing (1956)	22
Quadro 8 – Análise de variância individual para distintos caracteres avaliados em Campo Mourão-CM, Cascavel-CA, Mauá da Serra-MS e Palotina-PL	24
Quadro 9 – Análise de variância conjunta para os caracteres de rendimento de grãos (RG), altura de plantas (AP), altura de inserção de espiga (AE), peso mil sementes (PMIL), número de fileiras de grãos por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF)	26
Quadro 10 – Resultados de rendimento de grãos (kg/ha) nos quatro ambientes	27
Quadro 11 – Resultados de altura de planta nos quatro ambientes	29
Quadro 12 – Resultados de altura de inserção de espigas nos quatro ambientes	31
Quadro 13 – Resultados do peso de mil sementes nos quatro ambientes	33
Quadro 14 – Resultados do número de fileiras de grãos por espiga nos quatro ambientes	35
Quadro 15 – Resultados do número de grãos por fileira nos quatro ambientes ...	37
Quadro 16 – Resultados da relação entre altura de inserção de espiga e altura de planta (AE/AP)	41

Quadro 17 – Correlações entre os caracteres rendimento de grãos (RG), altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira de grãos por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral	44
Quadro 18 – Correlações entre os caracteres rendimento de grãos (RG) versus altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral, contendo apenas os híbridos e estratificados por ambiente	45
Quadro 19 – Correlações entre os caracteres rendimento de grãos (RG) versus altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral, contendo apenas os progenitores e estratificados por ambiente	45
Quadro 20 – Análise de variância para os caracteres rendimento de grãos (RG), altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), com desdobramentos da soma de quadrados de tratamentos em capacidade combinatória e interações com os locais, pelo método 2 de Griffing (1956)	46
Quadro 21 – Porcentagem de cada estimador de parâmetro do modelo em relação à soma de quadrados de tratamentos, para cada caráter analisado, rendimento de grão (RG), altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral	48
Quadro 22 – Estimativas da capacidade geral de combinação (g_i) por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Rendimento de Grão, Altura de Planta e Inserção de espiga	50
Quadro 23 – Estimativas da capacidade geral de combinação (g_i) por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Peso de mil sementes, Número de fileiras por espiga e Número de grãos por fileira	51

Quadro 24 – Estimativas da capacidade específica de combinação por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Rendimento de Grão, Altura de Planta e Inserção de espiga	55
Quadro 25 – Estimativas s_{ij} da capacidade específica de combinação por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Peso de mil sementes, Número de fileiras por espiga e Número de grãos por fileira	58

RESUMO

WERLE, Amir José Klein, M.Sc. Universidade Estadual de Maringá, fevereiro de 2011. **Avaliação dialélica de linhagens elite e híbridos de milho**. Professor orientador: Dr. Ronald José Barth Pinto. Professor conselheiro: Dr. Carlos Alberto Scapim.

Esse trabalho teve por objetivo apontar informações genéticas inerentes à produção de grãos em milho. Foi estimada a capacidade geral de combinação (CGC) de 12 linhagens de milho e a capacidade específica de combinação (CEC) dos 66 híbridos simples obtidos nos cruzamentos, utilizando o método 2 da metodologia proposta por Griffing (1956). Os híbridos e seus genitores foram avaliados em quatro experimentos conduzidos em ambientes distintos, delineados em blocos completos casualizados, com três repetições. Foram coletados os dados de rendimento de grãos, altura de plantas e de inserção de espigas, peso de mil sementes, número de fileiras de grãos por espiga e número de grãos por fileira. Após as análises individuais de variância, a constatação da homogeneidade dos resíduos permitiu a realização das análises conjuntas de variância, decompondo-se a soma de quadrados de tratamentos em soma de quadrado dos progenitores, F1's e progenitores com F1's. A aplicação do teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade permitiu o agrupamento das médias de rendimento de grãos dos híbridos SF076xPD620, HD128xPD620, PD620xPD391, PD391xPF128 e HD128xSF241 dentro do primeiro grupo, nos quatro ambientes estudados. Os genitores SF241, PD620 e PD391 apresentaram os maiores valores de CGC para rendimento de grãos. Os híbridos HD128xSF241, HD128xSD462 e HD128xPF771 apresentaram as maiores estimativas de CEC. As linhagens PD620, PD391 e SF241 apresentaram alta CGC, sendo promissoras para utilização no programa de melhoramento.

Palavras-chave: dialélico, capacidade geral de combinação, capacidade específica de combinação, efeitos aditivos, efeitos não-aditivos.

ABSTRACT

WERLE, Amir José Klein, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, February, 2011. **Diallelic evaluation of elite inbred lines and hybrids of maize.** Adviser: Dr. Ronald José Barth Pinto. Committee Member: Dr. Carlos Alberto Scapim.

Current investigation generated genetic information related to maize production. The general combining ability (GCA) of twelve maize elite inbred lines and the specific combining ability (SCA) of all possible 66 single hybrids obtained from those parents were estimated according to Griffing's methodology's second model (1956). A randomized block design was applied in four experiments with three replications. The evaluated traits were grain yield, plant and ear height, a 1000 grain weight, number of kernel rows per ear and number of kernels per row. After performing the individual analysis of variance and checking the homogeneity of residuals for each trait, a joint analysis of variance was undertaken. The sum of squares of treatments was subdivided into sum of squares of parents, of F1 and parents x F1. Application of the Scott and Knott test at 5% probability level classified mean grouping of grain yield of hybrids (SF076 x PD620, HD128 x PD620, PD620 x PD391, PD391 x PF128 and HD128xSF241) within the first group in all environments under analysis. Diallel analysis identified three strains with a high GCA ability for grain yield (SF241, PD620 and PD391) and three hybrids with a remarkable SCA for the same trait (HD128 x SF241, HD128 x SD462 and HD128 x PF771). Strains PD620, PD391 and SF241 were the most promising with the improvement program.

Key words: diallel, general combining ability, specific combining ability, additive and non-additive effects.

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é produzido praticamente em todos os continentes. Os maiores produtores são os Estados Unidos, China, Brasil e México, com 333, 155, 53 e 21 milhões de toneladas anuais, respectivamente. Na safra 2009/2010, a produção mundial chegou a 805 milhões de toneladas. Aproximadamente 70% da produção mundial destinam-se à alimentação animal e 15% ao consumo humano, direta ou indiretamente (USDA, 2010).

A importância econômica do milho se caracteriza pelas diversas formas de sua utilização, como alimentação humana, alimentação animal, produção de bebidas e o uso na indústria de alta tecnologia para a produção de filmes e embalagens biodegradáveis. No Brasil, 4% da produção são destinadas diretamente para o consumo humano e 10% à indústria alimentícia. Uma pesquisa realizada pelo IBGE, em 2002/2003, confirmou o milho como uma das mais importantes fontes alimentares da população brasileira. Os altos índices de carboidratos, gorduras, proteínas, vitaminas e sais minerais presentes no milho conferem a ele o “status” de cereal nutritivo, principalmente em países em vias de desenvolvimento, como os situados na África e América Latina (Prasanna et al., 2001).

Por ser um dos cereais mais importantes do mundo, o milho tornou-se uma das espécies vegetais mais estudadas. Inúmeros programas de melhoramento dedicam-se ao milho, buscando a obtenção de variedades e híbridos mais produtivos e adaptados às condições ambientais adversas. Assim, diversas instituições de pesquisa desenvolvem novas técnicas e procedimentos de melhoramento, muitas vezes com a utilização de ferramentas modernas de genética molecular.

Os programas de melhoramento genético de milho tiveram grande impulso no início do século XX, com a obtenção de linhagens oriundas da autofecundação sucessiva das plantas, por várias gerações, associada aos relatos de vigor híbrido e heterose. Além do rendimento de grãos, o conhecimento e o emprego da genética clássica permitiram grande êxito no melhoramento da resistência a pragas e doenças, qualidade nutricional, redução de tombamento e quebraimento de plantas e o progresso em outras características importantes para a cultura.

O melhoramento de milho no Brasil iniciou, em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas – IAC, com a criação de programas para a produção de cultivares e híbridos, a partir de populações tropicais de porte alto e ciclos tardios, permitindo que fossem alcançados sucessos substanciais com a obtenção de cultivares melhoradas e híbridos superiores às cultivares até então disponíveis. Desta forma, no IAC, Krug e colaboradores produziram, em 1932, o primeiro híbrido duplo brasileiro (Sawazaki e Paterniani, 2004).

Ao longo do tempo, as mudanças na realidade econômica do país, em geral, e da agricultura, em particular, levaram à busca de maiores rendimentos, mesmo que, para isso, fosse incrementado o custo variável de produção, em decorrência da necessidade de aquisição de maior quantidade de insumos de qualidade. Além desse aspecto, a redução na depressão endogâmica das linhagens parentais também contribuiu para que as empresas viessem a substituir, pelo menos parcialmente, a produção de sementes de variedades e híbridos duplos por sementes de híbridos triplos e híbridos simples (Souza Sobrinho et al., 2000).

O Brasil foi o segundo país a comercializar sementes de milho híbrido. O milho híbrido colaborou com um aumento de até 75% no rendimento de grãos, em comparação à produtividade obtida pelo uso de cultivares de polinização aberta. Hoje, como já destacado, o Brasil ocupa a posição de terceiro maior produtor mundial (Borém e Miranda, 2007).

O emprego de linhagens em programas de melhoramento está associado à busca do vigor híbrido ou heterose. A utilização do vigor híbrido ou heterose é vantajosa por vários motivos. Ela associa as características positivas de parentais distintos numa única planta, pela obtenção de genótipos superiores que capitalizam diversas interações gênicas nas gerações híbridas. Além disso, os híbridos são relativamente uniformes e podem apresentar menor interação com o ambiente, sendo comercialmente muita vantajosa, tanto a sua produção como a sua utilização (Paterniani, 1978).

A obtenção de linhagens de alto potencial *per se* e a avaliação de sua capacidade de combinação para o seu emprego na formação de híbridos comerciais constituem um dos objetivos básicos de um programa de melhoramento genético (Lemos et al., 2002). As estimativas de capacidade combinatória auxiliam na escolha dos possíveis genitores a serem utilizados no programa e auxiliam no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres. Em função da

importância dessas informações, a metodologia de cruzamentos dialélicos é amplamente utilizada pelos melhoristas, apesar de a avaliação da capacidade de combinação representar a etapa mais trabalhosa e onerosa dos programas de melhoramento de milho (Cruz et al., 2004).

O presente trabalho objetiva apontar informações inerentes à:

- a) produção de grãos em milho;
- b) controle genético do potencial produtivo;
- c) efeitos heteróticos e efeitos da interação de genótipos por ambientes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Milho

2.1.1. Origem, evolução e dispersão

O milho (*Zea mays* L.) tem origem americana, mais precisamente restrita ao México e países limítrofes, onde se encontram seus parentes silvestres mais próximos, como *Zea mays* Subs. *mexicana* (teosinte) e *Tripsacum* (Paterniani e Campos, 2005).

A domesticação do milho começou há cerca de 7.000 anos em regiões do Sul do México. Esta domesticação partiu da utilização dos grãos do teosinte na alimentação e envolveu modificações no tamanho do grão e da espiga, além de adaptações para facilitar a colheita (Mangelsdorf, 1974). Durante os últimos 7.000 anos, os nativos americanos conseguiram transformar o teosinte - uma planta que continha em sua espiga apenas uma ou duas fileiras de sementes - em variedades de milho com espigas contendo até 24 fileiras (Buckler e Stevens, 2005).

O milho vem sendo cultivado há séculos por indígenas. Durante esse período, o homem contribuiu para a seleção e evolução de diversas variedades como milho duro, farináceo, grão dentado, pipoca e milho doce. A contribuição humana foi também decisiva para a criação de variedades adaptadas às mais diversas regiões do mundo (Poehlman, 1959).

As espigas do milho atual diferem muito das espigas de seus ancestrais. Por isso, durante muitos anos, não houve consenso sobre a sua origem. Hoje, porém, o milho (*Zeamayssubsp. mays*) é reconhecido como a forma domesticada de uma gramínea alta denominada *Zeamayssubsp. parviglumis*, conhecida como teosinte anual sul-mexicano (Raven et al., 2001).

As diversas espécies de teosinte crescem desde a região de Chihuahua, México, até a Nicarágua. Elas são capazes de formar espontaneamente híbridos com o milho, quando milho e teosinte crescem juntos. Nesse caso, os híbridos são férteis e conhecidos como maiz de coyote, ou ainda milho silvestre (Raven et al., 2001).

Cristóvão Colombo, em 1492, na América Central, observou detalhadamente as plantas de milho e levou algumas sementes para a Espanha. Mais tarde, o milho passou a fazer parte da dieta dos mais variados povos e a ter grande importância econômica. Durante a domesticação do cereal, o milho perdeu a característica de sobrevivência sem a intervenção humana (Paterniani e Campos, 2005).

2.1.2. Classificação e características botânicas do milho

O milho é uma gramínea da família Poaceae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L. É uma planta alógama com praticamente 100% de fecundação cruzada, decorrente de vários fatores entre eles a da diclínia, caracterizada pela separação espacial das inflorescências femininas (espigas) e masculinas (pendão), a protandria, na qual a planta tem as anteras e grãos de pólen viáveis antes da do estigma estar receptível.

O gênero *Zea* está descrito em cinco espécies baseadas nas características morfológicas e delineamentos geográficos (Buckler e Stevens, 2005):

- a) *Zea diploperennis* (Iltis) são teosintes diploides, perenes, delimitados nas regiões continentais ao Oeste do México e nas ilhas ao redor;
- b) *Zea perennis* (Hitchcock) são teosintes perenes e tetraploides, também limitados às regiões mencionadas acima;
- c) *Zea luxurians* (Durieu e Ascherson) são teosintes anuais, que ocupam regiões equatoriais ao Sudeste de Honduras e Guatemala;
- d) *Zea nicaraguensis* (Iltis e Benz) ocupam especificamente a região central da Nicarágua;
- e) *Zea mays* (L.) - espécie anual diploide com alto polimorfismo, dividida em quatro subespécies, a saber:
 - i) *Zea mays* (L.) ssp. *huehuetenangensis* (Iltis e Doebley): teosinte anual, ocupando o Noroeste da Guatemala e ilhas da região;
 - ii) *Zea mays* (L.) ssp. *mexicana* (Schrader): teosinte anual do centro e do Nordeste México, além de ilhas da região;
 - iii) *Zea mays* (L.) ssp. *parviglumis* (Iltis e Doebley): teosinte anual, comum em regiões altas e medianas do Sudoeste mexicano;
 - iv) *Zea mays* (L.) ssp. *mays*: milho, provavelmente domesticado pelos índios do Sudeste do México.

As sementes de milho podem ser amareladas, brancas, pretas e até avermelhadas. O grão é considerado o maior entre os cereais, com um peso que varia de 250 a 300 mg. A composição de matéria seca dos grãos tem 61-78% de amido, 6-12% de proteínas, 2-4% de fibra, 3-6% de óleo e 1-4% de minerais, distribuídas de forma desigual em suas principais bases estruturais: endosperma, embrião pericarpo e ponta (Paes, 2006).

A semente do milho é composta de três partes principais: pericarpo, endosperma e embrião. O endosperma representa 83% do peso do grão, o embrião, 11% e o pericarpo, 5%. O pericarpo é a parede celular do gameta feminino maduro e corresponde às camadas externas que envolvem o embrião. O endosperma e o embrião resultam da dupla-fertilização (Lopes e Larkins, 1993).

2.2. Melhoramento genético do milho

O melhoramento de plantas é arte e ciência (Allard, 1999). O melhoramento é arte porque, a exemplo do escultor que formata o mármore segundo um modelo estético previamente concebido, o melhorista modifica as plantas de acordo com um ideotipo desejado. Por outro lado, o melhoramento é, sobretudo, uma ciência porque uma seleção consciente requer a contribuição de vários conhecimentos científicos procedentes de diversas áreas, de modo a promover mudanças que exploram a variabilidade genética das características de interesse nas populações de plantas (Pinto, 2009).

O melhoramento de plantas iniciou quando o homem aprendeu a selecionar as melhores plantas para usar suas sementes na formação das próximas gerações. Esse melhoramento incipiente contribuiu muito para o desenvolvimento e a adaptação de diferentes culturas. Com a evolução dos conhecimentos em Genética, Citologia, Botânica, Fisiologia de Plantas, Fitopatologia, Entomologia, Bioquímica de Plantas, Agronomia e Estatística (Poehlman, 1959), e mais recentemente em Genética Molecular, foi fortalecida a concepção do melhoramento como ciência, mais do que uma arte. A partir de meados do século XX, a contribuição do melhoramento de plantas para a agricultura tornou-se ainda mais decisiva, levando os melhoristas a uma visão mais ampla sobre o futuro do seu trabalho, incluindo-se nos últimos anos os aspectos diretamente relacionados ao agronegócio e suas implicações (Queiróz, 2001).

As cultivares desenvolvidas nos programas de melhoramento genético precisam atender, simultaneamente, aos interesses de produtores e consumidores. Os agricultores exigem produção, resistência a pragas e doenças e tolerância às adversidades climáticas. Os consumidores, por sua vez, exigem produtos que apresentam melhor qualidade nutricional e maior quantidade ou teor de determinados produtos ou substâncias, como proteína, óleo ou sacarose (Souza Jr., 2001).

A condução de um programa de melhoramento de milho envolve basicamente dois importantes aspectos: os materiais e os métodos.

Os materiais constituem o germoplasma a ser utilizado. Já a metodologia, no caso do milho, representa o conjunto de procedimentos a serem adotados seguindo duas estratégias diferentes, mas, frequentemente, relacionadas entre si: o melhoramento de populações e a obtenção de F1's com vigor híbrido, esta última, a mais utilizada no Brasil (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

Os programas de melhoramento de milho que visam à obtenção de híbridos envolvem sucessivas etapas: escolha da população base, obtenção das linhagens, avaliação das capacidades combinatórias das linhagens e testes intensivos dos híbridos obtidos (Paterniani e Campos, 2005). Obviamente, a escolha das populações base é de suma importância, pois dela dependerá o sucesso do programa.

A obtenção de linhagens envolve várias gerações de autofecundação para que um nível elevado de homozigose seja alcançado. As plantas a serem autofecundadas podem proceder de várias fontes de germoplasma, como populações crioulas, sintéticos ou híbridos comerciais. Os híbridos comerciais são considerados como uma das alternativas mais interessantes porque são previamente adaptados e possuem alto rendimento de grãos, decorrente de alta frequência de alelos favoráveis, concentrada durante longo processo de melhoramento, mediante determinada pressão de seleção durante as etapas de desenvolvimento (Paterniani e Campos, 2005). Após a etapa de obtenção de linhagens, a capacidade combinatória das mesmas deverá ser avaliada ao longo de cruzamentos, com a restauração da heterozigose (Pinto, 2009).

A hibridação tem sido de interesse no melhoramento de grande parte das espécies cultivadas, tanto para exploração do vigor híbrido na geração F1 tanto para promover o aparecimento de variabilidade genética em populações.

O milho híbrido pode ser conceituado como a primeira geração do cruzamento entre linhagens endogâmicas e ou variedades, assim explorando o máximo da heterose dos cruzamentos (Miranda Filho e Nass, 2001). Os procedimentos adotados na cultura do milho constituem um exemplo notável da utilização do processo da hibridação para a exploração comercial da heterose.

O cruzamento entre as plantas de uma mesma linhagem não promove aumento de vigor, pois a constituição genética dos genitores é idêntica. Assim, o vigor híbrido depende basicamente da dissimilaridade genética entre os genitores envolvidos no cruzamento, pois essa dissimilaridade genética entre os genitores promove o aumento do vigor híbrido como resultado da maior frequência de alelos dominantes favoráveis na geração F1. Por outro lado, o vigor híbrido depende também da capacidade de combinação desses genitores. A capacidade de combinação se manifesta positiva ou negativamente quando não existe uma relação direta entre o rendimento de um híbrido e o rendimento dos seus genitores, ou seja, quando o cruzamento entre linhagens altamente produtivas pode originar híbridos de menor potencial produtivo, e vice-versa (Carvalho et al., 2003).

2.3. Influências do ambiente no desenvolvimento de plantas

A produção de qualquer planta depende basicamente de seu potencial genético e de condições ambientais a ela oferecidas. Essas condições ambientais podem ser propiciadas por fatores imprevisíveis, que envolvem condições meteorológicas como precipitação pluvial, temperatura, umidade do ar, radiação solar e velocidade do vento, ou ainda por fatores previsíveis, representados pelos tratamentos culturais, tipos de solo ou fotoperíodo, este último resultante da latitude da região em questão (Queiroz, 2001; Pinto, 2009).

O principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos de consistente e elevada produtividade, nos mais diversos ambientes. A interação entre genótipos e ambientes representa um problema importante por reduzir a precisão na seleção de um ambiente para outro. A presença desta interação provoca aumento no desvio-padrão fenotípico, reduzindo a herdabilidade ao longo dos ambientes e, conseqüentemente, diminuindo os ganhos genéticos potenciais (Matheson e Raymond, 1986). Pela importância dessa interação, cabe aos melhoristas avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos e

fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para a minimização ou seu aproveitamento (Cruz et al., 2004).

Considerando um determinado ambiente e os genótipos ali cultivados, podem-se encontrar o seu limite de adaptabilidade, pois se o estresse ambiental limitar a produtividade, é necessário procurar outros genótipos que estejam mais adaptados a este ambiente, dependendo da variabilidade genética disponível (Queiroz, 2001).

O fenótipo de uma planta é resultado da ação do efeito genotípico sob a influência do ambiente em que tal planta estiver sendo cultivada. No entanto, quando uma variedade for avaliada em diferentes ambientes, surge um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico (Cruz e Carneiro, 2003). As alterações no desempenho dos genótipos em virtude de diferenças de ambiente são denominadas interação genótipo x ambiente (G x A) (Borém e Miranda, 2007).

Quando os genótipos são avaliados em diferentes localidades, as interações genótipo x ambiente são geralmente evidenciadas para a maioria das características agrônômicas, como rendimento de grãos, altura de planta ou ciclo. No entanto, na maioria dos casos, a interação é menos significativa para características de herança mono ou oligogênicas (Borém e Miranda, 2007).

A interação genótipo x ambiente pode ser atribuída a fatores fisiológicos, adaptativos e relativos à escala de mensuração das variáveis. No contexto da genética, uma interação pode ser quantificada em função da instabilidade da expressão genotípica dos homozigotos e dos heterozigotos, cujos valores genotípicos, na notação de Cruz e Carneiro (2003), podem ser representados por $U + a$, $U + d$ e $U - a$ para os genótipos hipotéticos BB, Bb e bb, respectivamente.

Existem diversos modelos estatísticos a serem empregados na análise das interações entre genótipos e ambientes, porém o mais comumente utilizado parte da pressuposição de uma aditividade dos efeitos que os compõem e as condições lineares em seu parâmetro. Em termos gerais, a análise pode partir do modelo expresso por $Y_{ij} = m + G_i + A_j + (GA)_{ij} + \varepsilon_{ij}$, em que Y_{ij} é o valor fenotípico do caráter Y , medido no material genético i , no ambiente j ; m é a média geral paramétrica dos dados em estudo; G_i é o efeito do genótipo ou material genético i ; A_j é efeito do ambiente j ; $(GA)_{ij}$ é o efeito da interação do genótipo i com o ambiente j ; ε_{ij} é erro médio associado à observação Y_{ij} (Vencovsky e Barriga, 1992).

2.4. Dialelos

Define-se dialelo como o conjunto de todos os possíveis cruzamentos dentro de um determinado grupo de genótipos parentais. Assim, com n genitores, é possível a avaliação de um máximo de n^2 genótipos, resultante da soma de $n(n-1)$ cruzamentos com os n progenitores (Oliveira et al., 1987).

A origem dos procedimentos de análises dialélicas é atribuída a Schmidt, na década de 1920. No entanto, a formalização dos termos *capacidade geral de combinação* (CGC) e *capacidade específica de combinação* (CEC) ocorreu bem mais tarde, com Sprague e Tatum (1942). A CGC foi descrita como o parâmetro que quantifica o nível de comportamento médio de cada genitor em cruzamentos com os demais parentais do grupo estudado. Já a CEC é interpretada como um efeito genético capaz de explicar a diferença que possa ocorrer entre o desempenho real de um híbrido e seu desempenho teórico previsto com base na CGC de seus respectivos genitores (Pinto, 2009).

A análise dialélica é um delineamento genético muito poderoso, pois pode quantificar a variabilidade genética de um caráter e avaliar e quantificar o valor genético dos genitores envolvidos, assim como medir a capacidade específica e geral de combinação (Cruz, 2005). Por meio da análise dialélica é possível determinar os efeitos aditivos e não-aditivos no controle genético de uma característica de interesse (Souza et al., 2008). Por isso, o esquema de cruzamentos dialélicos é extensamente empregado com a finalidade de se obter informações sobre o comportamento dos parentais em cruzamentos, além de permitir a identificação de grupos heteróticos (Hallauer e Miranda Filho, 1995).

A metodologia de cruzamentos dialélicos permite a escolha dos parentais promissores com base, principalmente, nos conceitos de capacidade de combinação e heterose (Griffing, 1956). Em programas de melhoramento, há grande preocupação com a escolha criteriosa de variedades ou linhagens a serem cruzadas, mesmo porque uma decisão equivocada poderia comprometer, logo de início, o próprio êxito do programa. Assim, o grupo de parentais superiores deverá incluir materiais de bom comportamento *per se* e alta capacidade de combinação. É necessário também um mínimo de diversidade genética entre os progenitores disponíveis, a serem avaliados por meio de análises dialélicas (Cruz, 2006).

Segundo Kureket al. (2001), a literatura registra várias metodologias dialélicas propostas por distintos autores, como as de Haymann (1954), Griffing (1956), Gardner e Eberhart (1966) ou Cocherhane Weir (1977).

O método de Haymann (1954) permite avaliar o potencial de linhagens endogâmicas e, assim, estimar os parâmetros genéticos que possam ser úteis: a) na compreensão do controle genético de caracteres; b) na avaliação da eficácia do emprego de estratégias no melhoramento; c) na obtenção de informações sobre a concentração de alelos favoráveis dominantes ou recessivos dentro do material genético avaliado (Cruz, 2006).

Os métodos de Griffing (1956) podem ser aplicados a um conjunto fixo ou aleatório de genótipos, dependendo se os tratamentos ou experimentos fornecem conclusões que possam ser extrapoladas para uma população na qual os tratamentos representam uma amostra (Hallauer e Miranda Filho, 1995), porém apesar destes métodos terem sido desenvolvidos para linhagens, este pode ser aplicada a um grupo de progenitores com qualquer nível de endogamia (Machado, 2007). Ele fornece informações sobre a capacidade de combinação dos genitores, aportando informações sobre a capacidade geral e específica de combinação.

A metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966) trabalha mais em nível de heterose varietal. É mais usualmente utilizada e aplicada em populações que supostamente estejam em equilíbrio de Hardy-Weinberg. A metodologia é aplicada em dialelos que envolvam apenas os progenitores e seus cruzamentos, e fornece informações importantes sobre o potencial dos progenitores e da heterose que se manifesta em seus híbridos (Cruz e Vencovsky, 1989).

A metodologia de Cocherhan e Weir (1977) tem por objetivo avaliar o potencial das variedades *per se* e em combinações híbridas, de modo a quantificar a influência de efeitos recíprocos no comportamento de híbridos. Nessa metodologia são considerados dois modelos genéticos. No primeiro, o comportamento dos progenitores e de seus híbridos é explicado por efeitos da capacidade geral e específica de combinação, além dos recíprocos. No segundo, denominado modelo biológico, o desempenho dos progenitores é explicado pela ação de genes nucleares, extranucleares e da interação entre eles (Cruz, 2006).

Cruz et al. (2004) detalham as seguintes modalidades dialélicas:

- a) dialelos balanceados: incluem os híbridos F_1 's entre todos os pares de combinação dos genitores, podendo ser incluídos seus cruzamentos

recíprocos, seus genitores e até gerações diferentes, mas relacionadas, como as gerações F_2 's e de retrocruzamentos. Na prática, este modelo de dialelo limita o número de materiais a serem testados, requerendo muito esforço nas polinizações manuais para a obtenção de todos os cruzamentos desejados;

- b) dialelos parciais: são utilizados quando existem dois grupos de genitores, com a realização de cruzamentos entre genitores de grupos distintos, de tal forma que não ocorram cruzamentos dentro de um mesmo grupo. São muito utilizados quando se dispõe de grupos heteróticos previamente definidos, e têm possibilitado maximizar as informações sobre os grupos em estudo, com número menor de cruzamentos (Geraldi e Miranda Filho, 1988);
- c) dialelos circulantes: são aqueles em que os diferentes genitores são representados por um mesmo número de cruzamentos (inferior a $p-1$), de modo a viabilizar a obtenção de informações sobre os genitores mesmo quando se dispõe de um número reduzido de cruzamentos. Em contrapartida, porém, o método limita a obtenção de determinadas informações de certas combinações híbridas;
- d) dialelos incompletos: são aqueles em que os genitores apresentam um número variável de combinações híbridas. Em geral, isto ocorre pela perda de tratamentos durante a condução dos ensaios ou pela ausência de tratamentos motivada por problemas diversos, tais como a incompatibilidade de cruzamentos ou a insuficiente produção de sementes;
- e) dialelos desbalanceados: são aqueles em que todas as combinações híbridas e também as demais gerações estão representadas, mas com frequência variável por um número desigual de repetições por tratamento.

Segundo Griffing (1956), a metodologia para análise dialélica pode ser dividida em quatro métodos experimentais, dependendo da inclusão (ou não) dos genitores e dos híbridos F_1 's e seus recíprocos:

- a) Método 1: são incluídas as p^2 combinações, ou seja F_1 's, seus recíprocos e os progenitores;

- b) Método 2: são incluídas $p(p-1)/2$ combinações, sem incluir híbridos recíprocos;
- c) Método 3: são incluídas $p(p-1)$ combinações, sem incluir genitores;
- d) Método 4: não são incluídos os genitores e híbridos F_1 's recíprocos;

Em contraposição à grande utilidade potencial dos dialelos, diversos problemas de ordem prática devem ser considerados. Um deles é o grande número de cruzamentos necessários para avaliar um determinado número (n) de linhagens. Se n for muito alto, a avaliação de todos os híbridos torna-se impraticável, pois o número de híbridos possíveis é enorme. Para contornar esse problema, pode-se optar pelo método conhecido como *topcross*, que consiste na busca de informações de uso imediato pelo uso de testadores na avaliação de um grande número de linhagens (Miranda Filho e Viégas, 1987).

Na prática, os dialelos completos limitam o número de materiais a serem utilizados, requerendo muito esforço nas polinizações manuais para a obtenção de todos os híbridos e cruzamentos desejados. Nesse contexto, os dialelos parciais e circundantes permitem reduzir a quantidade de cruzamentos a serem realizados e posteriormente avaliados.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os cruzamentos foram realizados na cidade de Lucas do Rio Verde (MT), no período de março a agosto de 2009. Os cruzamentos dialélicos envolveram 12 linhagens oriundas do programa de melhoramento da Syngenta Seeds Ltda.

Considerando os 66 híbridos obtidos e seus 12 parentais, 78 genótipos foram analisados em um dialelo completo incluindo os genitores, mas sem os recíprocos. A não-utilização dos recíprocos partiu do pressuposto da não-significância estatística das diferenças atribuídas ao suposto efeito materno, na determinação do rendimento de grãos (Bordallo et al., 2005).

O presente trabalho demandou a condução de quatro experimentos instalados em locais distintos. Cada experimento foi delineado em blocos completos com tratamentos casualizados com três repetições, tendo cada parcela duas linhas de 6 m de comprimento por 0,6 m de espaçamento entre as linhas e 0,20 m entre plantas dentro da linha. A área bruta por parcela foi de 7,2 m², adotando-se uma densidade de 70.000 plantas por hectare após a correção de stand feita manualmente deixando em média 4,2 sementes por metro linear.

Os locais dos experimentos foram definidos por critérios agrônômicos, geológicos e geográficos, conforme consta no Quadro 1.

Os quatro experimentos foram conduzidos em propriedades de agricultores, com os mesmos tratos culturais, normalmente, empregados pelos referidos colaboradores. No ambiente de Palotina, a área contava com sistema de irrigação, para prevenir perdas por falta de chuva, este sistema não estava disponível nos demais ambientes, porém durante esse ano agrícola as chuvas foram distribuídas uniformemente não sendo essa limitante para o potencial produtivo dos genótipos utilizados nos experimentos.

É válido ainda ressaltar que a alta produtividade do milho decorreu do elevado nível de tecnologia empregado pelos agricultores em questão, exemplificado pela apreciável quantidade de nitrogênio aplicada em cobertura, para os quatro ambientes.

Quadro 1 – Locais de ensaios, dados de semeadura, tipos de solo e coordenadas geográficas

Locais	Semeadura	Colheita	Altitude (m)	Longitude	Latitude	Solo
MAUÁ DE SERRA (PR)	25/9/2009	04/03/2010	1000	51°15'45"W	23°53'05"S	NEOSSOLOS LITOLICOS EUTRÓFICOS
CASCADEL (PR)	9/10/2009	12/03/2010	750	53°21'58"W	25°00'40"S	LATOSSOLOS VERMELHOS DISTROFÉRRICOS
CAMPO MOURÃO (PR)	29/9/2009	18/02/2010	600	52°18'30"W	24°01'52"S	LATOSSOLOS VERMELHOS DISTROFÉRRICOS EUTRÓFICOS
PALOTINA (PR)	27/9/2009	08/02/2010	350	53°59'10"W	24°12'06"S	AGRISSOLOS VERMELHOS DISTRÓFICOS

3.1. Linhagens utilizadas

As linhagens utilizadas no trabalho integram o programa de melhoramento da Syngenta Seeds Ltda. (Quadro 2). Foram utilizadas as linhagens HD128, HF001, HD733, SF076, SF241, PD620, PD412, SD462, PD391, PF128, PD317 e PF771.

Quadro 2 – Dados das linhagens utilizadas no dialelo

Nº de REF.	LINHAGEM	CICLO	GRUPO	ORIGEM
1	HD128	Hiperprecoce	Dentado	Southern dent
2	HF001	Hiperprecoce	Flint	B73
3	HD733	Hiperprecoce	Dentado	Southern dent
4	SF076	Superprecoce	Flint	Lancaster
5	SF241	Superprecoce	Flint	Pop Suwan
6	PD620	Precoce	Dentado	StiffStalkSintetic
7	PD412	Precoce	Dentado	StiffStalkSintetic
8	SD462	Precoce	Dentado	Tuxpeno
9	PD391	Precoce	Dentado	Tuxpeno
10	PF128	Precoce	Flint	No StiffStalkSintetic
11	PD317	Precoce	Dentado	Tuxpeno
12	PF771	Precoce	Flint	Pop Suwan

Na denominação das linhagens, as letras P, S e H são referentes ao ciclo (P = Precoce, S = Superprecoce, H = Hiperprecoce). Já as letras D e F referem-se ao tipo de grão, ou seja, dentado (D) e flint (F). Os dados das linhagens utilizadas no dialelo estão no Quadro 2.

Em consideração ao ciclo, são consideradas hiperprecoce - linhagens com florescimento inferior 900 graus dias, superprecoce - com florescimento entre 900 a 1.000 e precoce - com florescimento superior a 1000 graus dias para florescimento.

O grupo referido no Quadro 2, é o grupo heterótico a que pertencem as linhagens participantes do dialelo, grupos usados na prática para definir cruzamentos direcionados para híbridos (grupos heteróticos distintos) e projetos para desenvolver novas linhagens (dentro do mesmo grupo heterótico).

Quanto à origem das linhagens, indicam que em seus ancestrais apresentam as citadas origens, não necessariamente tenham origem direta das populações citadas.

A estrutura do dialelo está demonstrada no Quadro 3. Seguindo o método 2 de Griffing (1956), que incluem os híbridos e os progenitores.

Quadro 3 – Estrutura do dialeto

	PD412	HF001	SF076	PD317	PD391	PF771	SD462	HD128	PD620	SF241	HD733	PF128
PD412	PD412	PD412/HF001	PD412/SF076	PD412/PD317	PD412/PD391	PD412/PF771	PD412/SD462	PD412/HD128	PD412/PD620	PD412/SF241	PD412/HD733	PD412/PF128
HF001		HF001	HF001/SF076	HF001/PD317	HF001/PD391	HF001/PF771	HF001/SD462	HF001/HD128	HF001/PD620	HF001/SF241	HF001/HD733	HF001/PF128
SF076			SF076	SF076/PD317	SF076/PD391	SF076/PF771	SF076/SD462	SF076/HD128	SF076/PD620	SF076/SF241	SF076/HD733	SF076/PF128
PD317				PD317	PD317/PD391	PD317/PF771	PD317/SD462	PD317/HD128	PD317/PD620	PD317/SF241	PD317/HD733	PD317/PF128
PD391					PD391	PD391/PF771	PD391/SD462	PD391/HD128	PD391/PD620	PD391/SF241	PD391/HD733	PD391/PF128
PF771						PF771	PF771/SD462	PF771/HD128	PF771/PD620	PF771/SF241	PF771/HD733	PF771/PF128
SD462							SD462	SD462/HD128	SD462/PD620	SD462/SF241	SD462/HD733	SD462/PF128
HD128								HD128	HD128/PD620	HD128/SF241	HD128/HD733	HD128/PF128
PD620									PD620	PD620/SF241	PD620/HD733	PD620/PF128
SF241										SF241	SF241/HD733	SF241/PF128
HD733											HD733	HD733/PF128
PF128												PF128

3.2. Variáveis analisadas

Os programas de melhoramento geralmente objetivam maximizar a expressão de caracteres importantes na produção de grãos. A busca por ganhos adicionais de rendimento tem sido complementada com esforços para o melhoramento de outros caracteres agrônômicos, como redução de altura de planta e redução de inserção de espiga, pois o percentual de acamamento e de quebramento de plantas tende a ser menor em materiais com redução de ciclo vegetativo, menor estatura de planta e menor altura de inserção de espiga (Araújo, 1992). Tais considerações são importantes porque a produtividade é um caráter complexo, determinado pela ação de numerosos genes que participam dos processos vitais da planta (Poehlman, 1959).

No presente trabalho, as variáveis analisadas foram:

- a) altura da planta (AP): medida entre a base da planta, ao nível do solo, e a inserção da folha bandeira, em centímetros;
- b) altura de inserção de espiga (AE): medida entre a base da planta, em nível do solo, e o ponto de inserção da espiga superior, medida em centímetros;
- c) rendimento de grãos (PG): estimado após a colheita, realizada com colhedora mecânica dotada de sistema de pesagem e aferidor de umidade, após a correção da umidade das amostras, para 13% de umidade, e conversão em quilogramas por hectare do peso registrado em gramas por parcela;
- d) peso de mil sementes (PMIL): expresso em gramas, foi obtido antes da realização da colheita, a partir da coleta de amostras de quatro espigas por parcela;
- e) número de fileiras de grãos por espiga (NF): obtido por contagem, antes da realização da colheita, a partir de amostras de quatro espigas por parcela;
- f) número de grãos por fileira (NGF): obtido por contagem, antes da realização da colheita, a partir de amostras de quatro espigas por parcela.

3.3. Análises estatísticas

3.3.1. Análise de variância

Inicialmente, as análises de variância foram feitas individualmente, isto é, de forma respectiva a cada um dos experimentos. A seguir, realizou-se uma análise conjunta da variância, englobando todos os diferentes ambientes, conforme os modelos matemáticos de blocos casualizados descritos por Cruz et al. (2004), como segue:

a) Análise individual (Quadro 4)

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \epsilon_{ij} \quad (1)$$

em que:

Y_{ij} = média da amostra da análise individual;

μ = média geral;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo;

B_j = efeito do j-ésimo bloco;

ϵ_{ij} = efeito do erro aleatório associado à observação de ordem ij em análises individuais;

Quadro 4 – Esquema da análise de variância individual, para o delineamento em blocos ao acaso

FV	GL	SQ	QM	F
BLOCOS (B)	(b-1)	SQ _B	QM _B	
TRATAMENTOS (T)	(t-1)	SQ _T	QM _T	QM _T /QM _R
RESÍDUO	(t-1)(b-1)	SQ _R	QM _R	
TOTAL	tb			

b) Análise conjunta (Quadro 5):

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + (B/A)_{jk} + \epsilon_{ijk} \quad (2)$$

em que:

Y_{ijk} = média da amostra da análise conjunta;

A_j = efeito do j-ésimo ambiente;

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

$(B/A)_{jk}$ = efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

ϵ_{ijk} = efeito do erro aleatório associado à observação de ordem ijk em análises conjuntas;

Quadro 5 – Esquema da análise de variância conjunta, para o delineamento em blocos ao acaso, com o desdobramento da soma de quadrados de tratamentos

FV	GL	SQ	QM	F
B/A	(b-1)a	SQ _{A/B}	QM _{A/B}	
BLOCOS (B)	(b-1)	SQ _B	QM _B	
B x A	(a-1)(b-1)	SQ _{BA}	QM _{BA}	
AMBIENTES (A)	(a-1)	SQ _A	QM _A	QM _A /QM _{A/B}
TRATAMENTOS (T)	(t-1)	SQ _T	QM _T	QM _T /QM _{TA}
PROGENITORES (P)	(p-1)	SQ _P	QM _P	QM _P /QM _{PA}
HÍBRIDOS (H)	(h-1)	SQ _H	QM _H	QM _H /QM _{HA}
P x H	1	SQ _{PH}	QM _{PH}	QM _{PH} /QM _{PHA}
T x A	(t-1)(a-1)	SQ _{TA}	QM _{TA}	QM _{TA} /QM _R
P x A	(p-1)(a-1)	SQ _{PA}	QM _{PA}	QM _{PA} /QM _R
H x A	(h-1)(a-1)	SQ _{HA}	QM _{HA}	QM _{HA} /QM _R
(P x H) x A	(a-1)	SQ _{PHA}	QM _{PHA}	QM _{PHA} /QM _R
RESÍDUO	(p-1)(b-1)a	SQ _R	QM _R	
TOTAL	tba			

c) Teste de agrupamento

O teste de agrupamento utilizado foi de Scott-Knott (1974), a 5% de probabilidade.

3.3.2. Análise dialélica

A análise dialélica foi realizada segundo o método II de Griffing (1956), o qual foi aplicado a análises conjuntas, inclui os F1's e os progenitores. O modelo permite a quantificação da capacidade geral e específica de combinação, bem como suas interações com o ambiente, sendo considerado fixo o efeito de genótipos e de ambientes. Ao serem fixos os referidos efeitos, os resultados deverão ser considerados válidos apenas para os genótipos e os ambientes testados, procedimento aceitável, no presente trabalho, pela condição “elite” das linhagens

selecionadas. A natureza fixa ou aleatória da interação é determinada pelos efeitos principais, de tal modo que, se os genótipos e ambientes são fixos, a interação será fixa, porém se pelo menos um dos fatores for aleatórios, a interação será aleatória (Chaves, 2001).

No presente trabalho, foi utilizado o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + G_i + G_j + S_{ij} + \epsilon_{ij}$$

(3)

em que:

Y_{ij} = valor médio do híbrido resultante do cruzamento dos progenitores i e j, quando i for diferente de j ou do progenitor i, quando i for igual a j;

m = efeito da média geral;

G_i e G_j = efeito da capacidade geral de combinação associados aos progenitores i e j;

S_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os progenitores i e j;

ϵ_{ij} = erro médio aleatório associado ao tratamento de ordem ij.

As estimativas de capacidade geral de combinação (CGC ou G_i) e das capacidades específicas de combinação (CEC ou S_{ij}) foram obtidas de acordo com Griffing (1956), conforme adaptação de Cruz et al. (2004).

$$G_i = \frac{1}{P+2} \sum_j Y_{ij} + Y_i - \frac{2}{P} Y \quad (4)$$

$$S_{ij} = Y_{ij} - (m + G_i + G_j) \quad (5)$$

em que:

$$\sum_l G_l = 0;$$

$$S_{ij} + \sum_l S_{ij} = 0.$$

O Quadro 6 apresenta o esquema da análise de variância para dialelos balanceados envolvendo os parentais e as F1's, segundo a metodologia de Griffing (1956). Analogamente, o Quadro 7 contém o esquema da análise de variância

conjunta, adequado ao exame da variação do desempenho dos genótipos ao longo dos vários ambientes.

Quadro 6 – Esquema da análise de variância para dialelos balanceados envolvendo os parentais e as F1's, segundo a metodologia de Griffing (1956)

FV	GL	SQ	QM	FIXO
CGC	(p-1)	SQ _G	QM _G	QM _G /QM _{Rm}
CEC	p(p-1)/2	SQ _s	QM _s	QM _s /QM _{Rm}
RESÍDUO MÉDIO	m	SQ _{Rm}	QM _{Rm}	

Quadro 7 – Esquema da análise de variância conjunta para dialelos balanceados envolvendo os parentais e as F1's, segundo a metodologia de Griffing (1956)

FV	GL	SQ	QM	F
B/A	(b-1)a	SQ _{A/B}	QM _{A/B}	
BLOCOS (B)	(b-1)	SQ _B	QM _B	
B x A	(a-1)(b-1)	SQ _{BA}	QM _{BA}	
TRATAMENTOS (T)	(t-1)	SQ _T	QM _T	QM _T /QM _{TA}
CGC	(p-1)	SQ _G	QM _G	QM _G /QM _{GA}
CEC	p(p-1)/2	SQ _s	QM _s	QM _s /QM _{SA}
AMBIENTE (A)	(a-1)	SQ _A	QM _A	QM _A /QM _{A/B}
T x A	(t-1)(a-1)	SQ _{TA}	QM _{TA}	QM _{TA} /QM _{RC}
CGC x A	(p-1)(a-1)	SQ _{GA}	QM _{GA}	QM _{GA} /QM _{RC}
CEC x A	[p(p-1)/2](a-1)	SQ _{SA}	QM _{SA}	QM _{SA} /QM _{RC}
RESÍDUO MÉDIO COMBINADO	ma	SQ _{RC}	QM _{RC}	

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de variância

4.1.1 Análise de variância individual

No Quadro 8 encontram-se os resultados das análises individuais de variância para os quatro ambientes: Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL), considerando os seis caracteres estudados: rendimento de grãos (RG), altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileiras por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF).

Os valores dos coeficientes de variação (CV%) para os seis caracteres nos quatro ambientes analisados podem ser considerados adequados, indicando que a precisão experimental dos experimentos foi satisfatória (Quadro 8). Para rendimento de grãos, por exemplo, o CV% variou de 8.8 a 11.3. Esses percentuais são classificados entre baixos e médios, segundo a literatura (Scapimet al, 1995), da mesma forma que os valores detectados para altura de planta (2.8 a 4.2) e altura de inserção de espiga (7.4 a 5.7). O CV% relativo ao peso de mil sementes (4.46 a 6.98) pode ser considerado médio. Por outro lado, não foram encontrados trabalhos na literatura para a comparação dos coeficientes de variação relacionados ao número de fileiras de grãos por espiga (9.9 a 6.6) e ao número de grãos por fileira (6.8 a 6.4) (Quadro 8).

O efeito de tratamentos foi significativo a 1% de probabilidade pelo F-teste, para todos os seis caracteres, nos quatro ambientes analisados (Quadro 8). As médias para rendimento de grãos e para os demais caracteres podem ser consideradas altas em comparação às médias verificadas em outros dialelos conduzidos pelo mesmo modelo (Aguiar, 2004; Guimarães, 2007; Machado, 2007). Isso evidencia que as áreas selecionadas são adequadas ao cultivo do milho, possivelmente em função do clima favorável, precisão experimental, adubação adequada e potencial genético dos materiais testados.

Quadro 8 – Análise de variância individual para distintos caracteres avaliados em Campo Mourão-CM, Cascavel-CA, Mauá da Serra-MS e Palotina-PL

VARIÁVEL	AMB	QUADRADOS MÉDIOS			MÉDIA (Kg/ha)	C.V.(%)
		BLOCOS	TRATAMENTOS ¹	RESÍDUO		
RENDIMENTO DE GRÃOS	CM	625543.27	14580281.00**	641528.18	7425.55	10.79
	CA	1303644.74	20087830.22**	676700.36	8759.20	9.39
	MS	1205252.58	20119863.97**	616638.91	8963.37	8.76
	PL	2184267.90	22708054.73**	728165.41	7524.71	11.34
ALTURA DE PLANTA	CM	163.72	2041.83**	39.36	225.98	2.78
	CA	176.11	1800.80**	42.55	218.51	2.99
	MS	114.54	2152.38**	81.16	216.65	4.16
	PL	238.17	1892.62**	34.79	203.79	2.89
INSERÇÃO DE ESPIGA	CM	4.80	1321.03**	48.91	121.28	5.77
	CA	18.94	1271.92**	51.32	117.00	6.12
	MS	35.90	1441.77**	64.59	108.12	7.43
	PL	73.09	1219.88**	43.68	101.97	6.48
PESO DE mil SEMENTES	CM	729.39	2819.66**	459.83	307.34	6.98
	CA	97.76	3100.70**	367.17	343.61	5.58
	MS	1087.44	4653.62**	544.96	338.85	6.89
	PL	252.52	4813.52**	198.98	315.98	4.46
NÚMERO DE FILEIRAS DE GRÃOS POR ESPIGA	CM	0.84	7.92**	1.34	15.02	7.71
	CA	0.07	7.88**	1.38	15.48	7.60
	MS	2.17	8.40**	0.98	15.03	6.57
	PL	0.34	7.27**	2.13	14.74	9.89
NÚMERO DE SEMENTES POR FILEIRA	CM	1.15	62.48**	4.42	32.71	6.43
	CA	7.44	82.28**	5.46	34.65	6.74
	MS	5.44	89.36**	5.60	34.87	6.79
	PL	0.72	90.36**	5.04	33.18	6.76

1 - ** indica significância a 1% de probabilidade.

Pela análise das médias dos tratamentos envolvendo progenitores e híbridos, o local mais produtivo foi Mauá da Serra, com 8.963.37 kg/ha, sendo Campo Mourão o ambiente menos produtivo com 7.425.55 kg/ha (Quadro 8).

A razão entre o maior quadrado médio residual e o menor quadrado médio residual foi inferior à proporção de 7:1 para os seis caracteres, o que sugere a possibilidade de realização da análise de variância conjunta para cada característica, entre os quatro ambientes (Banzatto e Kronka, 2006).

4.1.2. Análise de variância conjunta

No Quadro 9 encontra-se o resultado das análises conjuntas de variância para os seis caracteres avaliados, bem como o desdobramento do efeito de tratamentos em seus componentes (efeito parental, efeito dos híbridos e efeito da interação). Foi realizada também a estratificação das interações de tratamentos com ambientes em pais x ambientes, híbridos x ambientes e a interação tripla entre (pais x híbridos) x ambientes.

Os resultados das análises foram significativos a 1% de probabilidade pelo teste de F (Quadro 9). Embora os efeitos da interação entre pais e ambientes não tenham sido estatisticamente significativos para número de fileiras de grãos por espiga, a 5% de probabilidade, verificou-se, em termos gerais, uma grande diversidade genética entre as linhagens envolvidas no dialelo, bem como diferenças marcantes entre os híbridos e efeitos significativos das interações dos genótipos com os ambientes.

A significância da interação de tratamentos x ambiente indica que os resultados devem ser analisados separadamente em cada ambiente (Quadro 9). Esse aspecto dificulta a análise, pois a presença da interação faz com que a análise de um caráter medido em dois ambientes seja comparável à análise de dois caracteres diferentes, uma vez que a interação pode ser proveniente da atuação de mecanismos fisiológicos e genéticos distintos. Nesse caso, os locos requeridos para alta adaptação em determinado ambiente podem ser diferentes dos locos requeridos no ambiente contrastante (Falconer, 1987).

Nos Quadros 10, 11, 12, 13, 14 e 15 são apresentados os testes de médias dos caracteres estudados, distribuídos nos ambientes, em função da significância da interação de tratamentos x ambientes. Os dados provenientes dos pais foram separados dos dados provenientes dos híbridos, para a realização dos testes de médias pela metodologia de Scott-Knott a 5% de probabilidade, dentro de cada grupo.

Quadro 9 – Análise de variância conjunta para os caracteres de rendimento de grãos (RG), altura de plantas (AP), altura de inserção de espiga (AE), peso mil sementes (PMIL), número de fileiras de grãos por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF)

FONTES DE VARIÇÃO	RG		AP	AE	PMIL	NF	NGF
	GL	QM ¹	QM ¹	QM ¹	QM ¹	QM ¹	QM ¹
B/A	8	1329677.12	173.14	33.18	541.78	0.85	3.69
BLOCOS (B)	2	1210377.99	5.99	46.93	196.17	1.62	1.26
B x A	6	1369443.50	228.85	28.60	656.98	0.60	4.49
TRATAMENTOS (T)	77	71041120.84 **	7381.75 **	4823.92 **	12721.09 **	24.69 **	261.90 **
PAIS (P)	11	11947675.33 **	2867.08 **	2168.22 **	12560.22 **	42.15 **	133.27 **
HÍBRIDOS (H)	65	18283654.12 **	1705.62 **	2631.79 **	2929.27 **	20.32 **	74.67 **
P x H	1	4150304358.24 **	425991.08 **	176525.10 **	650958.88 **	117.27 **	13846.98 **
AMBIENTES (A)	3	151880265.23 **	19907.60 **	17688.70 **	71991.75 **	22.09 **	265.96 **
T x A	231	2151636.36 **	168.63 **	143.56 **	888.80 **	2.26 **	20.86 **
P x A	33	2119067.44 **	137.58 **	114.26 **	1325.41 **	1.62 ns	23.70 **
H x A	195	2019950.38 **	169.75 **	146.78 **	664.85 **	2.28 **	19.59 **
(P X H) X A	3	11069483.21 **	437.60 **	256.52 **	10643.21 **	8.17 **	72.62 **
RESÍDUO	616	665758.21	49.46	52.13	392.74	1.46	5.13
MÉDIA GERAL		8168.20	216.20	112.09	326.44	15.07	33.85
MÉDIA DOS PAIS		3029.80	166.00	79.00	264.50	14.26	24.83
MÉDIA DOS HÍBRIDOS		9066.00	225.62	117.90	337.68	15.22	35.49
CV(%)		10.0	3.3	6.44	6.07	8.01	6.69
CV GENÉTICO		29.64	11.43	17.79	9.81	9.23	13.66

1 - Valores seguidos por ** são significativos a 1% de probabilidade.

Quadro 10 – Resultados de rendimento de grãos (kg/ha) nos quatro ambientes

GENITORES	CAMPO MOURÃO	CASCAVEL	MAUÁ DA SERRA	PALOTINA	MÉDIAS
HD128	1472.2 b	2425.9 b	2787.2 b	1744.8 c	2107.5
HF001	518.5 b	2144.9 b	1382.7 c	788.2 c	1208.6
HD733	3446.9 a	3004.6 b	5554.0 a	2922.5 b	3732.0
SF076	4384.0 a	4169.3 a	4564.8 a	1866.3 c	3746.1
SF241	3625.0 a	4303.7 a	6517.0 a	1269.9 c	3928.9
PD620	3905.0 a	5008.7 a	5449.2 a	1784.1 c	4036.8
PD412	4353.1 a	4989.5 a	3832.7 b	4390.0 a	4391.3
SD462	3251.8 a	3264.2 b	4010.3 b	2704.4 b	3307.7
PD391	2705.6 a	4238.9 a	2961.7 b	2296.3 b	3050.6
PF128	3248.0 a	3378.0 b	2930.7 b	1569.4 c	2781.5
PD317	4108.7 a	4998.4 a	5224.5 a	2947.9 b	4319.9
PF771	3029.9 a	1156.5 b	3735.6 b	666.7 c	2147.2
MÉDIAS	3170.7	3590.2	4079.2	2079.2	3229.8
HÍBRIDOS					
HD128 x HF001	5623.3 d	5777.3 d	3876.2 e	3287.8 e	4641.2
HD128 x HD733	5184.4 d	5530.6 d	6702.5 d	5283.6 d	5675.3
HD128 x SF076	10004.7 a	11380.9 a	10900.7 a	7632.5 c	9979.7
HD128 x SF241	10743.0 a	10777.0 a	11919.2 a	9656.8 a	10774.0
HD128 x PD620	9772.0 a	11020.8 a	11370.9 a	9902.8 a	10516.6
HD128 x PD412	9484.7 b	9464.0 b	10750.7 a	9711.8 a	9852.8
HD128 x SD462	9445.2 b	11756.2 a	11733.7 a	8997.1 b	10483.1
HD128 x PD391	8260.1 b	11378.6 a	10225.4 b	9098.2 b	9740.6
HD128 x PF128	8918.1 b	10784.7 a	10737.0 a	8670.8 b	9777.7
HD128 x PD317	8716.0 b	10296.9 a	11049.2 a	9181.0 b	9810.8
HD128 x PF771	9859.0 a	11015.7 a	11838.2 a	9131.4 b	10461.1
HF001 x HD733	6425.8 d	7926.1 c	6415.6 d	6258.7 d	6756.6
HF001 x SF076	6785.4 d	7315.8 c	7707.3 c	5796.7 d	6901.3
HF001 x SF241	6740.2 d	7888.7 c	8393.9 c	5390.7 d	7103.4
HF001 x PD620	7841.8 c	9202.3 b	10902.7 a	7260.4 c	8801.8
HF001 x PD412	6147.5 d	5919.0 d	6228.7 d	5594.9 d	5972.5
HF001 x SD462	7454.4 c	8563.6 b	6287.3 d	7757.5 c	7515.7
HF001 x PD391	7937.2 c	9447.1 b	8578.8 c	7017.9 c	8245.3
HF001 x PF128	7525.0 c	9879.9 b	8070.5 c	5382.6 d	7714.5
HF001 x PD317	6520.8 d	8103.3 c	8478.0 c	8278.4 c	7845.1
HF001 x PF771	7345.4 c	9554.2 b	8789.4 c	6950.2 c	8159.8
HD733 x SF076	8479.2 b	9761.7 b	10366.8 b	8675.4 b	9320.8
HD733 x SF241	9626.2 a	9306.1 b	11583.5 a	8839.3 b	9838.8
HD733 x PD620	9729.2 a	9120.1 b	11301.4 a	8016.2 c	9541.7
HD733 x PD412	7949.3 c	10214.4 a	9806.4 b	9419.6 b	9347.4
HD733 x SD462	9081.9 b	11424.6 a	10890.8 a	9177.1 b	10143.6
HD733 x PD391	7091.0 c	9741.7 b	10711.1 a	8452.5 b	8999.1
HD733 x PF128	7000.0 c	10294.5 a	10922.4 a	9115.7 b	9333.2
HD733 x PD317	9746.0 a	10678.8 a	10879.9 a	7853.0 c	9789.4
HD733 x PF771	10568.4 a	9119.4 b	11653.9 a	8995.2 b	10084.2
SF076 x SF241	8771.9 b	9695.1 b	9900.1 b	8693.3 b	9265.1
SF076 x PD620	10226.7 a	10688.4 a	11129.4 a	10500.8 a	10636.3
SF076 x PD412	8345.4 b	9669.3 b	9391.3 b	8895.8 b	9075.5

Quadro 10, Cont.

SF076 x SD462	9370.4 b	10206.7 a	10674.8 a	8906.2 b	9789.5
SF076 x PD391	8006.2 c	10941.7 a	10619.9 a	8872.7 b	9610.1
SF076 x PF128	7633.4 c	10202.8 a	10408.4 b	9789.9 a	9508.6
SF076 x PD317	6675.7 d	10260.9 a	8729.0 c	9341.4 b	8751.8
SF076 x PF771	7825.0 c	9486.3 b	8844.8 c	7675.9 c	8458.0
SF241 x PD620	9273.7 b	10780.2 a	11125.9 a	8579.9 b	9939.9
SF241 x PD412	6841.1 d	9546.2 b	10918.6 a	10658.6 a	9491.1
SF241 x SD462	9090.4 b	10555.3 a	11179.7 a	8789.4 b	9903.7
SF241 x PD391	8961.1 b	11145.4 a	10730.0 a	10845.5 a	10420.5
SF241 x PF128	7616.5 c	11069.1 a	10641.4 a	9191.8 b	9629.7
SF241 x PD317	6431.5 d	7031.4 c	10371.6 b	8116.3 c	7987.7
SF241 x PF771	8444.3 b	10286.8 a	9542.4 b	8316.3 c	9147.5
PD620 x PD412	7549.9 c	10221.0 a	10694.4 a	9514.5 b	9495.0
PD620 x SD462	8695.4 b	9673.4 b	10027.7 b	7259.6 c	8914.0
PD620 x PD391	10370.4 a	11133.4 a	11716.3 a	10851.8 a	11018.0
PD620 x PF128	9402.4 b	11105.7 a	10932.1 a	8261.6 c	9925.5
PD620 x PD317	7055.9 c	7386.0 c	8486.8 c	6590.3 c	7379.8
PD620 x PF771	7593.4 c	11361.7 a	9940.0 b	8554.4 b	9362.4
PD412 x SD462	7781.8 c	9754.7 b	10748.4 a	8130.8 c	9103.9
PD412 x PD391	7903.4 c	10194.0 a	10134.5 b	10296.3 a	9632.1
PD412 x PF128	7445.3 c	9435.5 b	9835.1 b	8515.6 b	8807.9
PD412 x PD317	7831.7 c	8709.3 b	8692.3 c	9877.3 a	8777.7
PD412 x PF771	8441.0 b	9731.6 b	9309.8 b	7388.3 c	8717.7
SD462 x PD391	7636.6 c	10475.8 a	9452.4 b	9054.4 b	9154.8
SD462 x PF128	7866.4 c	8979.0 b	9616.2 b	10517.9 a	9244.9
SD462 x PD317	7299.3 c	8835.9 b	9205.8 c	8882.5 b	8555.9
SD462 x PF771	7631.4 c	9928.2 b	8826.6 c	7796.3 c	8545.6
PD391 x PF128	10768.4 a	10377.3 a	10811.2 a	10491.9 a	10612.2
PD391 x PD317	8842.4 b	10777.0 a	9857.1 b	11277.8 a	10188.6
PD391 x PF771	7187.9 c	9718.1 b	9070.6 c	9720.3 a	8924.2
PF128 x PD317	8038.8 c	8940.5 b	9798.4 b	9138.9 b	8979.2
PF128 x PF771	8428.1 b	9337.5 b	9801.9 b	8546.3 b	9028.5
PD317 x PF771	7855.5 c	9849.5 b	9955.6 b	9350.7 b	9252.8
MÉDIAS	8199.2	9699.0	9851.4	8514.8	9066.1
MÉDIA GERAL	7425.55	8759.19	8963.37	7524.71	8168.21
C.V (%)	10.79	9.39	8.76	11.34	9.99
C.V GENÉTICO					29.65
QM RESÍDUO	641528.00	676700.41	616638.92	728165.40	665758.21

Médias seguidas de uma mesma letra constituem um grupo homogêneo de acordo com o agrupamento de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Quadro 11 – Resultados de altura de planta nos quatro ambientes

GENITORES	CAMPO MOURÃO	CASCADEL	MAUÁ DA SERRA	PALOTINA	MÉDIAS
HD128	175.0 c	171.7 a	172.0 b	172.7 b	172.9
HF001	135.7 d	148.7 a	133.7 d	126.0 d	136.0
HD733	167.7 c	148.7 a	155.7 c	140.0 c	153.0
SF076	171.3 c	168.3 a	166.0 b	143.3 c	162.2
SF241	171.0 c	168.0 a	153.7 c	139.7 c	158.1
PD620	201.7 a	205.0 a	187.0 a	189.7 a	195.9
PD412	185.3 b	172.0 a	164.7 b	161.3 b	170.8
SD462	190.0 b	180.7 a	170.0 b	171.7 b	178.1
PD391	179.7 b	182.7 a	178.3 a	176.0 b	179.2
PF128	166.7 c	167.7 a	141.0 d	137.0 c	153.1
PD317	176.0 c	170.3 a	168.0 b	172.0 b	171.6
PF771	177.3 c	169.7 a	161.3 b	146.3 c	163.7
MÉDIAS	174.8	171.1	162.6	156.3	166.2
HIBRIDOS					
HD128 x HF001	209.7 d	205.0 d	188.7 d	186.7 d	197.5
HD128 x HD733	205.7 d	191.0 e	207.7 c	183.7 d	197.0
HD128 x SF076	232.7 c	243.7 b	242.7 a	209.3 c	232.1
HD128 x SF241	230.3 c	231.3 c	223.3 b	215.3 b	225.1
HD128 x PD620	259.0 a	253.3 a	246.0 a	233.7 a	248.0
HD128 x PD412	250.0 b	233.7 b	239.7 a	233.0 a	239.1
HD128 x SD462	242.0 b	237.7 b	241.7 a	233.3 a	238.7
HD128 x PD391	243.3 b	230.0 c	232.0 b	227.7 a	233.3
HD128 x PF128	245.7 b	250.0 a	234.3 a	230.7 a	240.2
HD128 x PD317	237.0 c	205.3 d	244.7 a	236.0 a	230.8
HD128 x PF771	244.0 b	227.0 c	236.0 a	227.0 a	233.5
HF001 x HD733	202.7 d	196.0 e	202.3 c	169.0 e	192.5
HF001 x SF076	209.3 d	204.7 d	210.3 c	190.0 d	203.6
HF001 x SF241	199.7 d	195.3 e	201.3 c	185.3 d	195.4
HF001 x PD620	220.3 d	202.7 d	212.3 c	198.3 c	208.4
HF001 x PD412	207.3 d	203.0 d	193.3 d	192.3 d	199.0
HF001 x SD462	222.3 c	227.0 c	208.7 c	202.0 c	215.0
HF001 x PD391	212.0 d	219.7 c	206.0 c	186.3 d	206.0
HF001 x PF128	207.3 d	209.3 d	207.7 c	195.0 d	204.8
HF001 x PD317	225.7 c	227.0 c	215.0 b	209.3 c	219.3
HF001 x PF771	208.3 d	226.7 c	222.0 b	197.7 c	213.7
HD733 x SF076	228.7 c	234.7 b	220.3 b	203.0 c	221.7
HD733 x SF241	240.0 b	208.0 d	218.0 b	200.7 c	216.7
HD733 x PD620	242.3 b	229.0 c	231.3 b	224.7 a	231.8
HD733 x PD412	252.3 b	215.7 c	224.7 b	222.3 b	228.8
HD733 x SD462	239.3 b	230.0 c	219.3 b	205.3 c	223.5
HD733 x PD391	233.3 c	224.7 c	226.3 b	208.3 c	223.2
HD733 x PF128	232.7 c	234.0 b	235.3 a	221.0 b	230.8
HD733 x PD317	235.0 c	239.0 b	229.3 b	214.3 b	229.4
HD733 x PF771	225.0 c	225.7 c	230.7 b	209.0 c	222.6
SF076 x SF241	236.0 c	233.3 b	235.0 a	209.0 c	228.3
SF076 x PD620	237.3 c	240.3 b	236.3 a	213.0 b	231.7
SF076 x PD412	235.3 c	227.0 c	187.7 d	207.7 c	214.4

Quadro 11, Cont.

SF076 x SD462	244.7	b	234.3	b	228.3	b	210.3	c	229.4
SF076 x PD391	245.3	b	230.3	c	238.7	a	217.7	b	233.0
SF076 x PF128	250.0	b	233.3	b	234.0	a	214.3	b	232.9
SF076 x PD317	244.7	b	237.0	b	229.3	b	220.7	b	232.9
SF076 x PF771	235.7	c	235.7	b	225.7	b	212.7	b	227.5
SF241 x PD620	234.7	c	239.0	b	237.7	a	206.0	c	229.4
SF241 x PD412	236.7	c	206.3	d	224.0	b	209.0	c	219.0
SF241 x SD462	241.0	b	230.7	c	238.7	a	210.3	c	230.2
SF241 x PD391	248.7	b	232.0	c	228.3	b	202.7	c	227.9
SF241 x PF128	241.7	b	222.7	c	236.0	a	215.7	b	229.0
SF241 x PD317	245.3	b	207.0	d	238.3	a	210.3	c	225.2
SF241 x PF771	227.3	c	227.0	c	229.7	b	208.3	c	223.1
PD620 x PD412	246.3	b	232.7	b	226.7	b	225.0	a	232.7
PD620 x SD462	234.7	c	239.7	b	231.0	b	213.0	b	229.6
PD620 x PD391	238.7	c	230.0	c	243.0	a	219.0	b	232.7
PD620 x PF128	250.3	b	237.3	b	231.0	b	217.7	b	234.1
PD620 x PD317	240.7	b	231.0	c	228.7	b	226.3	a	231.7
PD620 x PF771	235.7	c	229.0	c	230.7	b	213.3	b	227.2
PD412 x SD462	246.3	b	236.0	b	228.3	b	225.0	a	233.9
PD412 x PD391	246.7	b	232.3	b	221.0	b	215.3	b	228.8
PD412 x PF128	240.3	b	207.7	d	223.7	b	222.3	b	223.5
PD412 x PD317	240.7	b	231.7	c	232.0	b	229.0	a	233.4
PD412 x PF771	233.3	c	239.7	b	227.0	b	213.3	b	228.3
SD462 x PD391	231.7	c	232.7	b	221.3	b	204.3	c	222.5
SD462 x PF128	242.0	b	234.0	b	233.0	a	228.3	a	234.3
SD462 x PD317	244.0	b	237.7	b	242.0	a	220.7	b	236.1
SD462 x PF771	238.7	c	232.7	b	221.3	b	205.3	c	224.5
PD391 x PF128	239.7	b	234.0	b	239.0	a	221.7	b	233.6
PD391 x PD317	250.0	b	239.3	b	232.7	a	230.0	a	238.0
PD391 x PF771	236.7	c	226.7	c	226.7	b	210.7	c	225.2
PF128 x PD317	265.0	a	233.3	b	239.3	a	218.7	b	239.1
PF128 x PF771	243.3	b	237.7	b	231.3	b	215.7	b	232.0
PD317 x PF771	237.3	c	239.3	b	239.0	a	227.3	a	235.7
MÉDIAS	235.3		227.1		226.5		212.4		225.3
MÉDIA GERAL	226.01		218.51		216.64		203.83		216.22
C.V (%)	2.80		3.02		4.25		2.96		3.32
C.V GENÉTICO									11.49
QMRESÍDUO	39.43		42.51		81.21		34.87		49.53
CVg/CVe									3.53

Médias seguidas de uma mesma letra constituem um grupo homogêneo de acordo com o agrupamento de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Quadro 12 – Resultados de altura de inserção de espigas nos quatro ambientes

GENITORES	CAMPO MOURÃO	CASCAVEL	MAUÁ DA SERRA	PALOTINA	MÉDIAS
HD128	98.3 a	76.7 b	73.3 b	78.0 b	81.6
HF001	67.7 c	58.3 c	46.7 d	37.7 d	52.6
HD733	81.7 b	58.7 c	63.3 c	55.0 c	64.7
SF076	88.0 b	83.3 b	83.3 a	69.3 b	81.0
SF241	105.7 a	94.7 a	83.3 a	76.3 b	90.0
PD620	110.0 a	107.3 a	89.0 a	89.7 a	99.0
PD412	90.3 b	78.3 b	75.0 b	70.0 b	78.4
SD462	100.3 a	82.0 b	73.3 b	81.7 a	84.3
PD391	91.7 b	93.0 a	83.3 a	94.3 a	90.6
PF128	85.7 b	89.0 a	61.7 c	69.0 b	76.4
PD317	104.7 a	95.7 a	86.7 a	89.0 a	94.0
PF771	74.0 c	76.7 b	65.0 c	48.7 c	66.1
MÉDIAS	91.5	82.8	73.7	71.6	79.9
HIBRIDOS					
HD128 x HF001	98.7 f	91.0 e	73.3 f	81.0 d	86.0
HD128 x HD733	102.0 f	91.3 e	86.7 e	79.0 d	89.8
HD128 x SF076	116.0 e	133.3 b	117.0 b	105.7 c	118.0
HD128 x SF241	122.7 d	125.0 c	107.0 c	105.7 c	115.1
HD128 x PD620	143.3 b	143.3 a	110.3 c	120.3 a	129.3
HD128 x PD412	135.7 c	122.3 c	110.0 c	112.3 b	120.1
HD128 x SD462	131.3 c	132.7 b	117.3 b	116.7 b	124.5
HD128 x PD391	135.3 c	124.0 c	119.3 b	118.7 a	124.3
HD128 x PF128	134.0 c	134.0 b	125.7 a	115.3 b	127.3
HD128 x PD317	143.7 b	106.0 d	130.7 a	129.0 a	127.4
HD128 x PF771	121.0 d	114.7 c	116.7 b	101.0 c	113.4
HF001 x HD733	76.3 g	93.3 e	63.3 g	62.7 e	73.9
HF001 x SF076	96.7 f	101.3 d	86.7 e	89.7 d	93.6
HF001 x SF241	100.3 f	103.7 d	82.3 e	86.0 d	93.1
HF001 x PD620	104.3 e	104.3 d	95.3 d	82.3 d	96.6
HF001 x PD412	95.3 f	96.3 e	77.7 f	77.7 d	86.8
HF001 x SD462	100.7 f	108.0 d	87.3 e	97.7 c	98.4
HF001 x PD391	104.7 e	110.0 d	93.0 e	81.0 d	97.2
HF001 x PF128	98.0 f	105.7 d	91.3 e	87.7 d	95.7
HF001 x PD317	110.3 e	122.3 c	107.3 c	103.3 c	110.8
HF001 x PF771	94.3 f	104.3 d	97.3 d	86.3 d	95.6
HD733 x SF076	105.3 e	125.3 c	100.0 d	94.0 c	106.2
HD733 x SF241	110.7 e	102.3 d	95.0 d	88.7 d	99.2
HD733 x PD620	132.7 c	125.3 c	113.7 b	118.0 b	122.4
HD733 x PD412	130.0 c	111.3 d	102.7 d	112.7 b	114.2
HD733 x SD462	114.7 e	122.7 c	100.0 d	96.3 c	108.4
HD733 x PD391	123.0 d	114.7 c	106.0 c	99.0 c	110.7
HD733 x PF128	125.3 d	123.0 c	115.3 b	102.0 c	116.4
HD733 x PD317	133.7 c	142.3 a	123.7 b	111.3 b	127.8
HD733 x PF771	103.7 e	113.7 c	111.7 c	98.0 c	106.8
SF076 x SF241	140.0 b	134.0 b	128.3 a	111.0 b	128.3
SF076 x PD620	135.7 c	141.7 a	130.0 a	113.7 b	130.3
SF076 x PD412	117.7 e	121.3 c	110.0 c	105.7 c	113.7

Quadro 12, Cont.

SF076 x SD462	109.7 e	124.7 c	124.3 a	95.0 c	113.4
SF076 x PD391	133.0 c	123.0 c	120.0 b	113.3 b	122.3
SF076 x PF128	138.0 b	141.3 a	132.7 a	115.0 b	131.8
SF076 x PD317	136.7 c	144.7 a	121.7 b	124.7 a	132.0
SF076 x PF771	129.3 c	115.3 c	119.7 b	105.3 c	117.4
SF241 x PD620	135.7 c	135.0 b	129.0 a	106.7 c	126.6
SF241 x PD412	136.3 c	108.0 d	122.7 b	112.3 b	119.8
SF241 x SD462	144.3 b	130.3 b	126.7 a	102.7 c	126.0
SF241 x PD391	143.7 b	132.3 b	122.7 b	108.3 c	126.8
SF241 x PF128	144.0 b	134.0 b	128.3 a	121.3 a	131.9
SF241 x PD317	149.3 b	109.0 d	137.3 a	123.3 a	129.7
SF241 x PF771	130.3 c	119.3 c	127.7 a	107.7 c	121.3
PD620 x PD412	141.3 b	133.3 b	119.3 b	121.7 a	128.9
PD620 x SD462	131.7 c	142.3 a	131.3 a	113.0 b	129.6
PD620 x PD391	137.0 c	128.3 b	127.0 a	111.7 b	126.0
PD620 x PF128	147.0 b	138.7 a	133.3 a	127.0 a	136.5
PD620 x PD317	150.7 b	142.3 a	137.7 a	134.3 a	141.3
PD620 x PF771	131.0 c	130.0 b	115.0 b	115.0 b	122.8
PD412 x SD462	134.0 c	133.0 b	118.0 b	116.7 b	125.4
PD412 x PD391	126.7 d	125.0 c	112.3 c	110.7 b	118.7
PD412 x PF128	136.3 c	106.0 d	114.3 b	117.3 b	118.5
PD412 x PD317	130.3 c	131.0 b	118.3 b	126.7 a	126.6
PD412 x PF771	126.3 d	123.0 c	118.7 b	103.7 c	117.9
SD462 x PD391	131.3 c	132.3 b	103.0 d	101.3 c	117.0
SD462 x PF128	139.7 b	132.3 b	126.3 a	121.7 a	130.0
SD462 x PD317	148.3 b	149.0 a	137.7 a	125.3 a	140.1
SD462 x PF771	129.0 c	125.3 c	118.0 b	99.7 c	118.0
PD391 x PF128	141.7 b	132.0 b	135.0 a	122.7 a	132.9
PD391 x PD317	142.0 b	140.3 a	128.3 a	136.0 a	136.7
PD391 x PF771	130.7 c	117.3 c	121.7 b	105.0 c	118.7
PF128 x PD317	162.3 a	137.7 b	139.3 a	129.7 a	142.3
PF128 x PF771	140.0 b	129.3 b	121.7 b	108.0 c	124.8
PD317 x PF771	137.0 c	141.7 a	128.0 a	122.7 a	132.4
MÉDIAS	126.7	123.2	114.4	107.5	117.9
MÉDIA GERAL	121.28	116.99	108.11	101.96	112.09
C.V (%)	5.77	6.12	7.44	6.48	6.44
C.V GENÉTICO					17.79
QMRESÍDUO	48.91	51.32	64.59	43.68	52.13
CVg/CVe					2.76

Médias seguidas de uma mesma letra constituem um grupo homogêneo de acordo com o agrupamento de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Quadro 13 – Resultados do peso de mil sementes nos quatro ambientes

GENITORES	CAMPO MOURÃO	CASCADEL	MAUÁ DA SERRA	PALOTINA	MÉDIAS
HD128	286.0 a	281.3 b	276.3 c	269.0 a	278.2
HF001	242.0 b	245.7 c	235.3 d	217.3 b	235.1
HD733	217.0 b	218.0 c	212.7 d	226.0 b	218.4
SF076	301.3 a	324.0 a	315.7 b	294.3 a	308.8
SF241	290.3 a	331.7 a	298.7 b	266.7 a	296.9
PD620	272.0 a	298.3 a	306.0 b	208.7 b	271.3
PD412	237.3 b	264.7 b	220.7 d	217.0 b	234.9
SD462	252.7 b	301.0 a	226.3 d	243.3 a	255.8
PD391	230.0 b	279.3 b	267.0 c	212.0 b	247.1
PF128	242.7 b	327.0 a	261.3 c	215.0 b	261.5
PD317	311.7 a	360.0 a	361.7 a	263.3 a	324.2
PF771	237.0 b	286.0 b	262.3 c	187.0 b	243.1
MÉDIAS	260.0	293.1	270.3	235.0	264.6
HIBRIDOS					
HD128 x HF001	324.0 a	340.0 b	319.7 b	322.0 b	326.4
HD128 x HD733	299.3 b	314.0 b	361.7 a	315.3 b	322.6
HD128 x SF076	365.7 a	384.7 a	380.0 a	321.3 b	362.9
HD128 x SF241	336.7 a	354.7 a	378.0 a	332.0 b	350.4
HD128 x PD620	333.7 a	340.7 b	384.0 a	331.0 b	347.4
HD128 x PD412	325.3 a	358.7 a	361.7 a	337.3 a	345.8
HD128 x SD462	326.0 a	358.7 a	365.7 a	300.0 b	337.6
HD128 x PD391	330.7 a	370.3 a	373.3 a	312.3 b	346.7
HD128 x PF128	314.0 b	363.0 a	356.3 a	347.0 a	345.1
HD128 x PD317	330.3 a	376.3 a	402.7 a	336.7 a	361.5
HD128 x PF771	361.7 a	382.0 a	370.3 a	376.7 a	372.7
HF001 x HD733	293.7 c	315.0 b	300.0 b	318.0 b	306.7
HF001 x SF076	351.3 a	346.3 b	330.7 b	322.3 b	337.7
HF001 x SF241	307.7 b	341.7 b	353.7 a	332.3 b	333.9
HF001 x PD620	307.7 b	341.3 b	367.0 a	311.0 b	331.8
HF001 x PD412	303.3 b	319.3 b	318.3 b	310.3 b	312.8
HF001 x SD462	316.7 a	345.7 b	353.0 a	334.0 a	337.4
HF001 x PD391	304.3 b	334.3 b	325.0 b	327.0 b	322.7
HF001 x PF128	329.3 a	348.0 b	356.7 a	327.0 b	340.3
HF001 x PD317	305.0 b	338.3 b	336.0 b	314.7 b	323.5
HF001 x PF771	327.7 a	363.3 a	334.3 b	328.3 b	338.4
HD733 x SF076	340.0 a	364.7 a	354.0 a	365.3 a	356.0
HD733 x SF241	309.0 b	308.0 b	364.7 a	312.3 b	323.5
HD733 x PD620	336.3 a	354.7 a	376.7 a	330.3 b	349.5
HD733 x PD412	320.7 a	324.3 b	342.3 b	333.3 a	330.2
HD733 x SD462	277.7 c	329.3 b	321.7 b	317.7 b	311.6
HD733 x PD391	304.3 b	341.3 b	341.7 b	339.7 a	331.8
HD733 x PF128	319.7 a	339.0 b	362.0 a	329.3 b	337.5
HD733 x PD317	320.7 a	372.3 a	367.7 a	338.3 a	349.8
HD733 x PF771	359.7 a	368.0 a	353.7 a	333.7 a	353.8
SF076 x SF241	350.0 a	357.3 a	352.7 a	352.3 a	353.1
SF076 x PD620	342.3 a	356.0 a	370.3 a	331.7 b	350.1
SF076 x PD412	330.3 a	339.7 b	337.3 b	326.3 b	333.4

Quadro 13, Cont.

SF076 x SD462	315.0 b	369.3 a	331.7 b	342.3 a	339.6
SF076 x PD391	335.0 a	368.3 a	372.3 a	358.3 a	358.5
SF076 x PF128	323.0 a	360.0 a	356.7 a	335.7 a	343.9
SF076 x PD317	325.7 a	395.7 a	345.3 b	363.7 a	357.6
SF076 x PF771	324.7 a	371.0 a	350.0 a	357.0 a	350.7
SF241 x PD620	350.3 a	342.0 b	357.7 a	340.3 a	347.6
SF241 x PD412	300.3 b	339.3 b	330.0 b	341.3 a	327.7
SF241 x SD462	330.7 a	373.3 a	378.0 a	328.0 b	352.5
SF241 x PD391	334.0 a	377.0 a	388.7 a	363.7 a	365.9
SF241 x PF128	312.7 b	381.0 a	362.0 a	364.3 a	355.0
SF241 x PD317	312.7 b	357.3 a	402.3 a	337.3 a	352.4
SF241 x PF771	328.3 a	344.7 b	341.0 b	344.3 a	339.6
PD620 x PD412	276.0 c	349.3 b	336.0 b	330.0 b	322.8
PD620 x SD462	303.7 b	352.3 b	337.3 b	312.0 b	326.3
PD620 x PD391	320.3 a	365.7 a	377.3 a	323.0 b	346.6
PD620 x PF128	323.3 a	371.0 a	362.7 a	329.0 b	346.5
PD620 x PD317	297.3 b	350.3 b	342.0 b	293.0 b	320.7
PD620 x PF771	316.3 a	364.3 a	336.3 b	328.7 b	336.4
PD412 x SD462	278.3 c	315.7 b	311.3 b	324.7 b	307.5
PD412 x PD391	290.3 c	350.3 b	350.0 a	335.0 a	331.4
PD412 x PF128	291.0 c	347.7 b	298.7 b	320.0 b	314.4
PD412 x PD317	285.3 c	338.7 b	323.3 b	304.0 b	312.8
PD412 x PF771	307.0 b	342.7 b	335.0 b	335.0 a	329.9
SD462 x PD391	279.3 c	327.0 b	362.3 a	302.3 b	317.7
SD462 x PF128	283.0 c	324.3 b	339.3 b	294.0 b	310.2
SD462 x PD317	304.0 b	356.0 a	328.3 b	320.7 b	327.3
SD462 x PF771	272.3 c	336.7 b	338.0 b	315.0 b	315.5
PD391 x PF128	311.3 b	347.3 b	360.3 a	341.7 a	340.2
PD391 x PD317	314.7 b	384.0 a	372.3 a	348.3 a	354.8
PD391 x PF771	307.3 b	404.3 a	357.0 a	335.7 a	351.1
PF128 x PD317	297.7 b	354.0 a	340.3 b	324.3 b	329.1
PF128 x PF771	311.0 b	374.7 a	355.7 a	346.7 a	347.0
PD317 x PF771	285.7 c	358.0 a	334.3 b	320.7 b	324.7
MÉDIAS	315.9	352.8	351.3	330.7	337.7
MÉDIA GERAL	307.34	343.61	338.85	315.98	326.44
C.V (%)	6.98	5.58	6.89	4.46	6.07
C.V GENÉTICO					9.81
QMRESÍDUO	459.83	367.17	544.96	198.98	392.74
CVg/CVe					1.61

Médias seguidas de uma mesma letra constituem um grupo homogêneo de acordo com o agrupamento de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Quadro 14 – Resultados do número de fileiras de grãos por espiga nos quatro ambientes

GENITORES	CAMPO MOURÃO	CASCADEL	MAUÁ DA SERRA	PALOTINA	MÉDIAS
HD128	10.7 d	12.0 b	12.7 b	11.3 c	11.7
HF001	12.7 c	14.7 b	12.0 b	10.0 c	12.4
HD733	15.3 b	16.7 a	16.7 a	14.7 b	15.9
SF076	14.0 b	14.0 b	14.0 b	12.0 c	13.5
SF241	15.3 b	16.0 a	14.7 b	14.0 b	15.0
PD620	12.7 c	14.0 b	12.7 b	12.0 c	12.9
PD412	12.7 c	13.3 b	12.7 b	12.7 b	12.9
SD462	18.0 a	17.3 a	18.0 a	16.7 a	17.5
PD391	14.7 b	14.7 b	16.7 a	14.0 b	15.0
PF128	18.0 a	18.0 a	17.3 a	15.3 a	17.2
PD317	13.3 c	14.7 b	14.0 b	13.3 b	13.8
PF771	13.3 c	13.3 b	13.3 b	13.3 b	13.3
MÉDIAS	14.2	14.9	14.6	13.3	14.2
HÍBRIDOS					
HD128 x HF001	13.3 c	12.7 c	12.7 c	12.0 c	12.7
HD128 x HD733	14.0 c	14.7 c	14.0 c	13.3 c	14.0
HD128 x SF076	13.3 c	13.3 c	12.7 c	14.0 c	13.3
HD128 x SF241	14.0 c	16.0 b	14.0 c	16.7 a	15.2
HD128 x PD620	14.7 b	14.0 c	13.3 c	13.3 c	13.8
HD128 x PD412	12.7 c	12.7 c	12.0 c	12.7 c	12.5
HD128 x SD462	14.0 c	16.0 b	16.0 b	14.7 b	15.2
HD128 x PD391	13.3 c	14.7 c	14.0 c	16.0 b	14.5
HD128 x PF128	13.3 c	14.7 c	14.0 c	14.0 c	14.0
HD128 x PD317	13.3 c	14.7 c	12.0 c	14.0 c	13.5
HD128 x PF771	12.7 c	14.0 c	13.3 c	12.7 c	13.2
HF001 x HD733	16.0 b	16.0 b	15.3 b	14.7 b	15.5
HF001 x SF076	14.0 c	15.3 b	14.7 b	14.7 b	14.7
HF001 x SF241	15.3 b	16.0 b	16.7 a	16.0 b	16.0
HF001 x PD620	15.3 b	14.0 c	14.7 b	14.7 b	14.7
HF001 x PD412	14.0 c	13.3 c	12.7 c	12.7 c	13.2
HF001 x SD462	16.7 a	15.3 b	14.7 b	14.0 c	15.2
HF001 x PD391	13.3 c	15.3 b	13.3 c	15.3 b	14.3
HF001 x PF128	16.0 b	16.7 b	13.3 c	15.3 b	15.3
HF001 x PD317	15.3 b	14.7 c	15.3 b	15.3 b	15.2
HF001 x PF771	16.7 a	13.3 c	14.0 c	14.0 c	14.5
HD733 x SF076	15.3 b	16.0 b	16.0 b	14.0 c	15.3
HD733 x SF241	16.0 b	18.0 a	16.7 a	16.0 b	16.7
HD733 x PD620	13.3 c	14.7 c	15.3 b	16.0 b	14.8
HD733 x PD412	14.0 c	14.0 c	14.7 b	15.3 b	14.5
HD733 x SD462	16.7 a	20.0 a	19.3 a	17.3 a	18.3
HD733 x PD391	16.7 a	18.0 a	16.7 a	17.0 a	17.1
HD733 x PF128	16.0 b	17.3 b	17.3 a	14.0 c	16.2
HD733 x PD317	15.3 b	16.0 b	16.7 a	14.7 b	15.7
HD733 x PF771	15.3 b	15.3 b	15.3 b	14.0 c	15.0
SF076 x SF241	16.0 b	16.0 b	14.7 b	15.3 b	15.5
SF076 x PD620	12.7 c	14.0 c	13.3 c	14.0 c	13.5

Quadro 14, Cont.

SF076 x PD412	15.3 b	16.0 b	14.7 b	13.3 c	14.8
SF076 x SD462	15.3 b	16.0 b	16.0 b	14.7 b	15.5
SF076 x PD391	15.3 b	14.7 c	14.7 b	15.3 b	15.0
SF076 x PF128	15.3 b	15.3 b	15.3 b	14.7 b	15.2
SF076 x PD317	14.7 b	14.7 c	14.7 b	14.0 c	14.5
SF076 x PF771	13.3 c	14.0 c	12.0 c	14.0 c	13.3
SF241 x PD620	14.7 b	16.7 b	16.0 b	15.3 b	15.7
SF241 x PD412	15.3 b	15.3 b	16.7 a	14.0 c	15.3
SF241 x SD462	16.7 a	18.0 a	18.0 a	17.3 a	17.5
SF241 x PD391	17.3 a	18.7 a	16.7 a	15.3 b	17.0
SF241 x PF128	19.3 a	18.7 a	17.3 a	15.3 b	17.7
SF241 x PD317	16.0 b	17.3 b	14.7 b	17.3 a	16.3
SF241 x PF771	16.7 a	16.0 b	14.0 c	14.0 c	15.2
PD620 x PD412	14.7 b	14.0 c	14.0 c	13.3 c	14.0
PD620 x SD462	16.7 a	16.0 b	15.3 b	15.3 b	15.8
PD620 x PD391	14.0 c	16.0 b	14.0 c	15.3 b	14.8
PD620 x PF128	16.0 b	15.3 b	14.0 c	16.0 b	15.3
PD620 x PD317	14.7 b	14.0 c	14.0 c	14.7 b	14.4
PD620 x PF771	13.3 c	14.7 c	15.3 b	14.0 c	14.3
PD412 x SD462	16.0 b	16.7 b	15.3 b	16.0 b	16.0
PD412 x PD391	14.7 b	15.3 b	15.3 b	14.0 c	14.8
PD412 x PF128	14.0 c	15.3 b	17.3 a	14.0 c	15.2
PD412 x PD317	14.7 b	15.3 b	14.7 b	16.7 a	15.4
PD412 x PF771	12.7 c	14.0 c	14.7 b	14.0 c	13.9
SD462 x PD391	16.7 a	18.7 a	16.7 a	17.7 a	17.5
SD462 x PF128	18.0 a	18.0 a	18.7 a	18.7 a	18.4
SD462 x PD317	17.3 a	16.7 b	17.3 a	16.7 a	17.0
SD462 x PF771	16.7 a	15.3 b	16.0 b	16.0 b	16.0
PD391 x PF128	17.3 a	18.0 a	17.3 a	16.7 a	17.3
PD391 x PD317	16.7 a	15.3 b	15.3 b	16.7 a	16.0
PD391 x PF771	14.7 b	14.7 c	16.0 b	14.7 b	15.0
PF128 x PD317	17.3 a	18.0 a	16.0 b	16.0 b	16.8
PF128 x PF771	14.7 b	14.0 c	15.3 b	15.3 b	14.8
PD317 x PF771	16.0 b	15.3 b	16.0 b	16.0 b	15.8
MÉDIAS	15.2	15.6	15.1	15.0	15.2
MÉDIA GERAL	15.01	15.48	15.03	14.73	15.07
CV (%)	7.71	7.60	6.57	9.89	8.01
C.V GENÉTICO					9.23
QMRESÍDUO	1.34	1.38	0.98	2.12	1.46
CVg/CVe					1.15

Médias seguidas de uma mesma letra constituem um grupo homogêneo de acordo com o agrupamento de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Quadro 15 – Resultados do número de grãos por fileira nos quatro ambientes

GENITORES	CAMPO MOURÃO	CASCAVEL	MAUÁ DA SERRA	PALOTINA	MÉDIAS
HD128	21.3 c	24.7 b	24.3 b	21.0 c	22.8
HF001	22.7 c	30.7 a	26.3 b	18.0 c	24.4
HD733	27.3 b	30.7 a	31.0 a	29.3 a	29.6
SF076	28.0 b	27.7 b	30.3 a	14.7 d	25.2
SF241	22.7 c	20.7 c	23.0 c	18.7 c	21.3
PD620	31.3 a	30.0 a	33.7 a	29.3 a	31.1
PD412	30.0 a	27.0 b	22.3 c	26.3 b	26.4
SD462	25.7 b	26.0 b	26.7 b	26.7 b	26.3
PD391	21.7 c	24.0 b	22.0 c	20.3 c	22.0
PF128	19.7 c	18.0 c	20.0 c	20.0 c	19.4
PD317	24.3 b	23.3 b	25.3 b	22.7 b	23.9
PF771	29.0 a	26.0 b	23.7 c	24.0 b	25.7
MÉDIAS	25.3	25.7	25.7	22.6	24.8
HÍBRIDOS					
HD128 x HF001	35.0 b	48.0 a	40.3 b	31.3 c	38.7
HD128 x HD733	33.0 b	35.3 c	38.7 c	39.7 a	36.7
HD128 x SF076	39.0 a	39.3 b	43.0 b	36.7 a	39.5
HD128 x SF241	35.3 b	35.7 c	39.7 c	37.7 a	37.1
HD128 x PD620	34.7 b	40.3 b	45.3 a	38.3 a	39.7
HD128 x PD412	39.3 a	38.7 b	42.3 b	39.7 a	40.0
HD128 x SD462	34.0 b	40.0 b	41.0 b	38.3 a	38.3
HD128 x PD391	40.0 a	38.3 b	34.3 d	32.7 c	36.3
HD128 x PF128	31.3 c	35.3 c	35.3 d	36.0 a	34.5
HD128 x PD317	36.0 b	32.7 d	45.3 a	37.0 a	37.8
HD128 x PF771	36.0 b	32.0 d	41.0 b	38.0 a	36.8
HF001 x HD733	38.0 a	40.7 b	34.7 d	33.0 b	36.6
HF001 x SF076	32.0 c	36.3 b	30.7 e	34.7 b	33.4
HF001 x SF241	31.3 c	38.3 b	29.3 e	31.0 c	32.5
HF001 x PD620	34.3 b	45.0 a	39.0 c	37.7 a	39.0
HF001 x PD412	34.7 b	37.3 b	39.0 c	32.7 c	35.9
HF001 x SD462	33.0 b	39.0 b	32.0 e	39.7 a	35.9
HF001 x PD391	36.3 b	39.0 b	32.7 e	36.0 a	36.0
HF001 x PF128	27.0 d	37.3 b	41.3 b	33.7 b	34.8
HF001 x PD317	38.3 a	35.7 c	38.3 c	37.3 a	37.4
HF001 x PF771	36.0 b	39.0 b	36.7 c	35.0 b	36.7
HD733 x SF076	33.3 b	38.7 b	38.3 c	37.3 a	36.9
HD733 x SF241	33.7 b	35.7 c	37.3 c	33.7 b	35.1
HD733 x PD620	40.3 a	40.0 b	40.7 b	35.3 b	39.1
HD733 x PD412	41.3 a	44.3 a	39.3 c	40.3 a	41.3
HD733 x SD462	37.3 a	38.7 b	33.3 d	41.3 a	37.7
HD733 x PD391	31.3 c	33.7 c	31.7 e	32.0 c	32.2
HD733 x PF128	31.3 c	30.7 d	32.7 e	33.7 b	32.1
HD733 x PD317	36.0 b	39.3 b	35.0 d	33.7 b	36.0
HD733 x PF771	36.0 b	37.0 b	37.3 c	35.0 b	36.3
SF076 x SF241	34.3 b	32.7 d	33.3 d	31.7 c	33.0
SF076 x PD620	35.3 b	37.7 b	36.7 c	33.7 b	35.9
SF076 x PD412	31.7 c	33.7 c	35.3 d	35.0 b	33.9

Quadro 15, Cont.

SF076 x SD462	34.0 b	39.7 b	37.7 c	36.0 a	36.9
SF076 x PD391	34.0 b	35.0 c	38.7 c	31.7 c	34.9
SF076 x PF128	30.7 c	35.0 c	34.0 d	33.3 b	33.3
SF076 x PD317	34.0 b	37.3 b	38.3 c	37.3 a	36.7
SF076 x PF771	33.0 b	35.0 c	39.3 c	36.3 a	35.9
SF241 x PD620	36.0 b	34.3 c	37.7 c	37.3 a	36.3
SF241 x PD412	34.7 b	35.0 c	37.7 c	37.0 a	36.1
SF241 x SD462	32.0 c	37.7 b	33.0 d	34.3 b	34.3
SF241 x PD391	31.0 c	29.7 d	30.3 e	32.0 c	30.8
SF241 x PF128	29.0 d	30.3 d	32.0 e	30.3 c	30.4
SF241 x PD317	28.0 d	31.3 d	35.3 d	30.0 c	31.2
SF241 x PF771	33.0 b	34.0 c	32.7 e	32.0 c	32.9
PD620 x PD412	35.3 b	38.0 b	41.3 b	35.3 b	37.5
PD620 x SD462	31.0 c	39.0 b	41.0 b	38.0 a	37.3
PD620 x PD391	37.0 a	35.3 c	38.7 c	34.3 b	36.3
PD620 x PF128	35.3 b	35.7 c	39.7 c	38.3 a	37.3
PD620 x PD317	26.3 d	35.3 c	31.0 e	34.0 b	31.7
PD620 x PF771	38.0 a	38.3 b	39.0 c	35.7 a	37.8
PD412 x SD462	36.7 b	35.7 c	38.0 c	36.7 a	36.8
PD412 x PD391	33.7 b	35.7 c	38.0 c	33.7 b	35.3
PD412 x PF128	35.0 b	32.3 d	33.7 d	32.7 c	33.4
PD412 x PD317	36.7 b	34.7 c	35.3 d	37.3 a	36.0
PD412 x PF771	38.3 a	37.0 b	38.3 c	33.3 b	36.7
SD462 x PD391	34.3 b	33.3 d	34.3 d	36.7 a	34.7
SD462 x PF128	31.7 c	32.3 d	30.7 e	37.0 a	32.9
SD462 x PD317	34.3 b	34.7 c	34.0 d	30.3 c	33.3
SD462 x PF771	34.7 b	33.0 d	39.3 c	38.7 a	36.4
PD391 x PF128	29.7 c	28.3 d	32.3 e	30.0 c	30.1
PD391 x PD317	31.3 c	38.3 b	34.0 d	35.0 b	34.7
PD391 x PF771	32.3 c	35.3 c	36.0 c	33.3 b	34.2
PF128 x PD317	27.0 d	31.7 d	32.7 e	33.3 b	31.2
PF128 x PF771	31.7 c	33.0 d	30.0 e	32.3 c	31.8
PD317 x PF771	31.7 c	37.3 b	36.0 c	35.0 b	35.0
MÉDIAS	34.1	36.3	36.5	35.1	35.5
MÉDIA GERAL	32.71	34.65	34.87	33.18	33.85
C.V (%)	6.43	6.74	6.79	6.76	6.69
C.V GENÉTICO					13.66
QMRESÍDUO	4.42	5.46	5.60	5.04	5.13
CVg/CVe					2.04

Médias seguidas de uma mesma letra constituem um grupo homogêneo de acordo com o agrupamento de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Nos Quadros 10, 11, 12, 13, 14 e 15 estão apresentados também os coeficientes de variação genética (CVg) para os seis caracteres em estudo. Os valores observados de CVg para rendimento de grãos (29.6) (Quadro 10), altura de planta (11.4) (Quadro 11), inserção de espiga (17.8) (Quadro 12), peso de mil sementes (9.8)

(Quadro 13), número de fileiras de grãos por espiga (9.2) (Quadro 14) e número de grãos por fileira (13.7) (Quadro 15) confirmam a variabilidade genética existente entre os tratamentos apresentados, especialmente para o rendimento de grãos, uma vez que esse coeficiente expressa a magnitude da variação genética existente em relação à média do caráter (Resende et al., 1991).

O teste de médias para rendimento de grãos entre os progenitores (Quadro 10) evidenciou a ocorrência de diferentes desempenhos produtivos entre os parentais, com a formação de dois grupos distintos nos ambientes de Campo Mourão e Cascavel, e três grupos em Mauá da Serra e Palotina. Destacaram-se por sua média superior, ultrapassando 4 t/ha, as linhagens PD620, PD412 e PD317. O destaque negativo foi a linhagem HF001, com média geral 1.209 kg/ha. Outro progenitor que se destacou foi SF241, que produziu 6.517 kg/ha em Mauá da Serra (Quadro 10). É importante, porém, ressaltar a grande variação dos progenitores ao longo dos ambientes. De fato, nenhum deles se manteve no primeiro grupo em todos os quatro ambientes. Esse desempenho é compreensível, uma vez que os parentais têm base genética estreita e foram desenvolvidos em apenas um ambiente, sendo avaliados apenas indiretamente, por meio de suas combinações híbridas em ensaios de campo, sem uma avaliação direta *per se* em diferentes locais.

A análise dos resultados obtidos para o rendimento de grãos permitiu observar grande variação entre os híbridos do dialelo, com formação de quatro grupos distintos em cada ambiente testado (Quadro 10). Destacando-se os híbridos SF076xPD620, HD128xPD620, PD620xPD391, PD391xPF128 e HD128xSF241, que se mantiveram no primeiro grupo em todos os ambientes, com média geral superior a 10.500 kg/ha. O híbrido HD128xSF241, em Mauá da Serra, produziu 11.919 kg/ha, sendo o destaque geral dos ensaios (Quadro 10).

O local com maior média de rendimento de grãos foi Mauá da Serra, com média 4.079 kg/ha nos progenitores e 9.851 kg/ha entre os híbridos, tendo uma média geral de 8.963 kg/ha (Quadro 10). O local com menor média para os progenitores foi Palotina, com 2.079 kg/ha. A menor média dos híbridos (8.199 kg/ha) foi verificada em Campo Mourão. Considerando que o número de híbridos do dialelo superou amplamente ao dos progenitores, o efeito do desempenho inferior dos cruzamentos influenciou fortemente a média geral, explicando a inferioridade da média geral de rendimento de grãos em Campo Mourão (7.425 kg/ha) (Quadro 10). Guimarães et al (2007), em esquema de dialelo parcial, obtiveram 36 híbridos os quais apresentaram média de 7.664 kg/ha.

Para altura de planta e inserção de espiga, novamente observou-se também uma grande variação entre os tratamentos (Quadro 11 e 12). Destacaram-se para altura de planta os híbridos HD128xPD620, com média geral de 248 cm, o qual se manteve no primeiro grupo em todos os ambientes, e PF128xPD317, com estatura de 265 cm em Campo Mourão (Quadro 11). Entre os parentais, a linhagem PD620 se manteve no primeiro grupo nos quatro ambientes avaliados, com média geral de 195.9 cm.

Para o caráter inserção de espiga, destaca-se o híbrido PF128xPD317, que em Campo Mourão apresentou uma média de 162 cm (Quadro 12). As espigas das plantas de PD620, no mesmo ambiente, posicionaram-se a 110 cm do nível do solo. Considerando que a altura de plantas e a altura de inserção de espigas foram caracteres positivamente correlacionados com a produtividade, manifestações fenotípicas de maior altura de planta e de espiga poderiam, em princípio, ser consideradas favoráveis como critério de seleção. No entanto, tais características podem ser indesejáveis se estiverem correlacionadas com acamamento de plantas e/ou quebra de colmos. Essa correlação é mais frequente nos cultivos estabelecidos em regiões cujos solos sejam particularmente ricos em matéria orgânica, em lavouras com alta adubação nitrogenada ou ainda em condições desfavoráveis ao enraizamento profundo do milho, tais como irrigação persistente ou compactação de solo (Pinto, 2009). Em tais condições, a busca de ganhos adicionais de produtividade deverá ser complementada por esforços voltados à redução da altura de planta e da inserção de espiga, especialmente porque a seleção de híbridos mais baixos e de menor altura de espiga resultará também na redução de ciclo, além do menor percentual de acamamento e quebra de colmos (Araújo, 1992). A maior altura de planta e maior altura de inserção de espiga no colmo favorecem o aumento da porcentagem de plantas acamadas e quebradas antes da colheita (Argenta et al., 2001).

No Quadro 16 está representada na relação entre altura de inserção de espiga e altura de planta (AE/AP). Quanto mais alta esta relação, mais deslocada a espiga estará em relação ao centro de gravidade da planta, o que pode favorecer a quebra de colmos e o acamamento, pois geralmente nesta situação o diâmetro de colmo é menor e também pelo fato do milho alocar cerca de 50% da fitomassa total nos grãos ao final do ciclo (Sangoi et al., 2002).

Quadro 16 – Resultados da relação entre altura de inserção de espiga e altura de planta (AE/AP)

GENITORES	CM	CA	MS	PL	MÉDIA
HD128	0.56	0.45	0.43	0.45	0.47
HF001	0.50	0.39	0.35	0.30	0.39
HD733	0.49	0.39	0.41	0.39	0.42
SF076	0.51	0.49	0.50	0.48	0.50
SF241	0.62	0.56	0.54	0.55	0.57
PD620	0.55	0.52	0.48	0.47	0.51
PD412	0.49	0.46	0.46	0.43	0.46
SD462	0.53	0.45	0.43	0.48	0.47
PD391	0.51	0.51	0.47	0.54	0.51
PF128	0.51	0.53	0.44	0.50	0.50
PD317	0.59	0.56	0.52	0.52	0.55
PF771	0.42	0.45	0.40	0.33	0.40
HIBRIDOS					
HD128 x HF001	0.47	0.44	0.39	0.43	0.44
HD128 x HD733	0.50	0.48	0.42	0.43	0.46
HD128 x SF076	0.50	0.55	0.48	0.51	0.51
HD128 x SF241	0.53	0.54	0.48	0.49	0.51
HD128 x PD620	0.55	0.57	0.45	0.51	0.52
HD128 x PD412	0.54	0.52	0.46	0.48	0.50
HD128 x SD462	0.54	0.56	0.49	0.50	0.52
HD128 x PD391	0.56	0.54	0.51	0.52	0.53
HD128 x PF128	0.55	0.54	0.54	0.50	0.53
HD128 x PD317	0.61	0.52	0.53	0.55	0.55
HD128 x PF771	0.50	0.51	0.49	0.44	0.49
HF001 x HD733	0.38	0.48	0.31	0.37	0.38
HF001 x SF076	0.46	0.49	0.41	0.47	0.46
HF001 x SF241	0.50	0.53	0.41	0.46	0.48
HF001 x PD620	0.47	0.51	0.45	0.42	0.46
HF001 x PD412	0.46	0.47	0.40	0.40	0.44
HF001 x SD462	0.45	0.48	0.42	0.48	0.46
HF001 x PD391	0.49	0.50	0.45	0.43	0.47
HF001 x PF128	0.47	0.51	0.44	0.45	0.47
HF001 x PD317	0.49	0.54	0.50	0.49	0.51
HF001 x PF771	0.45	0.46	0.44	0.44	0.45
HD733 x SF076	0.46	0.53	0.45	0.46	0.48
HD733 x SF241	0.46	0.49	0.44	0.44	0.46
HD733 x PD620	0.55	0.55	0.49	0.53	0.53
HD733 x PD412	0.52	0.52	0.46	0.51	0.50
HD733 x SD462	0.48	0.53	0.46	0.47	0.49
HD733 x PD391	0.53	0.51	0.47	0.48	0.50
HD733 x PF128	0.54	0.53	0.49	0.46	0.50
HD733 x PD317	0.57	0.60	0.54	0.52	0.56
HD733 x PF771	0.46	0.50	0.48	0.47	0.48
SF076 x SF241	0.59	0.57	0.55	0.53	0.56
SF076 x PD620	0.57	0.59	0.55	0.53	0.56

Quadro 16, Cont.

SF076 x PD412	0.50	0.53	0.59	0.51	0.53
SF076 x SD462	0.45	0.53	0.54	0.45	0.49
SF076 x PD391	0.54	0.53	0.50	0.52	0.53
SF076 x PF128	0.55	0.61	0.57	0.54	0.57
SF076 x PD317	0.56	0.61	0.53	0.57	0.57
SF076 x PF771	0.55	0.49	0.53	0.50	0.52
SF241 x PD620	0.58	0.56	0.54	0.52	0.55
SF241 x PD412	0.58	0.52	0.55	0.54	0.55
SF241 x SD462	0.60	0.56	0.53	0.49	0.55
SF241 x PD391	0.58	0.57	0.54	0.53	0.56
SF241 x PF128	0.60	0.60	0.54	0.56	0.58
SF241 x PD317	0.61	0.53	0.58	0.59	0.58
SF241 x PF771	0.57	0.53	0.56	0.52	0.54
PD620 x PD412	0.57	0.57	0.53	0.54	0.55
PD620 x SD462	0.56	0.59	0.57	0.53	0.56
PD620 x PD391	0.57	0.56	0.52	0.51	0.54
PD620 x PF128	0.59	0.58	0.58	0.58	0.58
PD620 x PD317	0.63	0.62	0.60	0.59	0.61
PD620 x PF771	0.56	0.57	0.50	0.54	0.54
PD412 x SD462	0.54	0.56	0.52	0.52	0.54
PD412 x PD391	0.51	0.54	0.51	0.51	0.52
PD412 x PF128	0.57	0.51	0.51	0.53	0.53
PD412 x PD317	0.54	0.57	0.51	0.55	0.54
PD412 x PF771	0.54	0.51	0.52	0.49	0.52
SD462 x PD391	0.57	0.57	0.47	0.50	0.53
SD462 x PF128	0.58	0.57	0.54	0.53	0.55
SD462 x PD317	0.61	0.63	0.57	0.57	0.59
SD462 x PF771	0.54	0.54	0.53	0.49	0.53
PD391 x PF128	0.59	0.56	0.56	0.55	0.57
PD391 x PD317	0.57	0.59	0.55	0.59	0.57
PD391 x PF771	0.55	0.52	0.54	0.50	0.53
PF128 x PD317	0.61	0.59	0.58	0.59	0.60
PF128 x PF771	0.58	0.54	0.53	0.50	0.54
PD317 x PF771	0.58	0.59	0.54	0.54	0.56

Os híbridos que se destacaram por elevada altura de planta como HD128xPD620 apresentaram relação intermediária variando de 0.45 a 0.57, o mesmo ocorrendo com a linhagem PD620 que apresentou variação de 0.47 a 0.55 (Quadro 16).

Para peso de mil sementes, os resultados demonstraram menor variação entre os tratamentos em relação aos demais caracteres avaliados, com formação de dois a três grupos pelo teste de agrupamentos de médias, tanto entre parentais como entre híbridos (Quadro 13). Entre os progenitores, destacou-se a linhagem

PD317, incluída no primeiro grupo em todos os quatro ambientes, com média geral de 324.2 g/mil sementes.

Entre os híbridos, destacaram-se para peso de mil sementes, SF076xPF771, SF076xPF128, SF076xSF241, SF241xPD391, SF076xPD391, HD733xPF771, HD733xSF076, HD733xPD317, HD128xPF771, HD128xPD317 e HD128xPD412, os quais se mantiveram no primeiro grupo nos quatro ambientes testados (Quadro 13). Observa-se que apenas nove linhagens diferentes foram utilizadas na composição destes 11 híbridos. A presença do parental SF076 em cinco desses 11 cruzamentos permite supor que o referido parental possua alelos favoráveis para o caráter em questão.

Foi observada uma variação entre os diferentes tratamentos com relação a dois outros componentes do rendimento de grãos, o número de fileiras de grãos por espiga e o número de grãos por fileira. No entanto, apesar da grande variabilidade observada, os efeitos da interação entre progenitores e ambientes não foram significativos para o número de fileiras de grãos por espiga (Quadro 9), o que indica que a análise desse atributo pode ser realizada a partir dos dados da média geral. Assim, nessa característica, destacaram-se os parentais SD462 e PF128, com médias 17.5 e 17.2, respectivamente (Quadro 14). Entre os híbridos, destacaram-se HD733xSD462, HD733xPD391, SD462xPD391, SD462xPF128 e PD391xPF128, todos integrantes do primeiro grupo, pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade (Quadro 14). Para o caráter número de grãos por fileira (Quadro 15), destacou-se o parental PD620, que se manteve no primeiro grupo nos quatro ambientes analisados. Entre os híbridos, destacaram-se em Cascavel os cruzamentos HD128xHF001, HF001xPD620 e HD733xPD412, com médias de 48.0, 45.0 e 44.3 grãos por fileira, respectivamente. O híbrido HD733xPD412 também teve bom desempenho em Campo Mourão (Quadro 15). Outros destaques foram creditados aos híbridos HD733xSD462, com média de 41.3 grãos por fileira em Palotina, e HD128xPD620 e HD128xPD620 com médias de 45.3 grãos por fileira em Mauá da Serra (Quadro 15).

No Quadro 16, temos a relação de AE/AP, quanto mais baixa essa relação melhor, pois indica que a espiga está mais deslocada para baixo do centro da planta diminuindo a alavanca e, conseqüentemente, forçando menos a raiz e o colmo (Silva et al., 1999). Podemos destacar entre os progenitores o HF001, com a relação baixa

nos quatro ambientes testados. Entre os híbridos destaca-se o HF001xHD733 com valores baixos nos quatro ambientes.

Visando verificar o grau de associação fenotípica entre os caracteres avaliados, foram calculados os coeficientes de correlação entre os caracteres. Os resultados estão nos Quadros 17, 18 e 19 e apresentam valores dessas correlações. No Quadro 17 está representada a correlação geral sem desdobramento de local, híbridos e progenitores, assim todos os caracteres estudados neste trabalho apresentam correlação significativa com o rendimento de grãos. No Quadro 18 está representada a correlação entre os híbridos do experimento desdobrados por ambiente, aqui existe correlação significativa a 5% de probabilidade de rendimento de grãos com altura de planta, altura de inserção de espiga e peso de mil sementes nos quatro ambientes estudados, no ambiente de Palotina, além dos caracteres citados o número de fileiras de grãos por espiga também apresentou correlação significativa com rendimento de grãos. No Quadro 19 estão apresentadas as correlações dos progenitores estratificados por ambiente, aqui há pouca correlação significativa entre os caracteres estudados. No ambiente de Campo Mourão apenas altura de planta apresenta correlação significativa com rendimento de grãos, e nos ambientes de Cascavel e Mauá da Serra a correlação entre rendimento de grãos com altura de inserção de espiga, em Palotina não há correlação significativa entre os caracteres estudados em relação ao rendimento de grãos.

Quadro 17 – Correlações entre os caracteres rendimento de grãos (RG), altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira de grãos por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral

	RG	AP	AE	PMIL	NF	NGF
RG	1.00	0.81**	0.69**	0.78**	0.29**	0.68**
AP		1.00	0.90**	0.61**	0.23**	0.61**
IE			1.00	0.52**	0.28**	0.39**
PMIL				1.00	0.08	0.56**
NF					1.00	-0.05
NGF						1.00

** e * significativos aos níveis de 1% e 5% de probabilidade pelo teste de t.

Quadro 18 – Correlações entre os caracteres rendimento de grãos (RG) versus altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL),

número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral, contendo apenas os híbridos e estratificados por ambiente

RENDIMENTO DE GRÃOS					
AMBIENTE	AP	AE	PMIL	NF	NGF
CM	0.431 **	0.286 *	0.445 **	-0.113	0.220
CA	0.632 **	0.571 **	0.454 **	0.225	-0.138
MS	0.709 **	0.589 **	0.514 **	0.225	0.171
PL	0.660 **	0.628 **	0.259 *	0.281 *	0.093

** e * significativos aos níveis de 1% e 5% de probabilidade pelo teste de t.

Quadro 19 – Correlações entre os caracteres rendimento de grãos (RG) versus altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral, contendo apenas os progenitores e estratificados por ambiente

RENDIMENTO DE GRÃOS					
AMBIENTE	AP	AE	PMIL	NF	NGF
CM	0.63 *	0.47	0.26	0.26	0.54
CA	0.48	0.66 *	0.43	0.06	-0.13
MS	0.34	0.64 *	0.39	0.13	0.40
PL	0.39	0.38	0.09	0.29	0.47

** e * significativos aos níveis de 1% e 5% de probabilidade pelo teste de t.

4.2 Análise dialélica

Os resultados da análise dialélica baseada no método 2 de Griffing (1956), para o estudo da capacidade combinatória, com desdobramento do quadrado médio de tratamentos, encontram-se no Quadro 20.

Foi constatada uma interação dos tratamentos com os ambientes e também uma interação entre os ambientes e as capacidades combinatórias (Quadro 20), indicando que a relação entre os tratamentos não se manteve constante nos quatro ambientes analisados. As diferenças foram significativas para todas as fontes de variação, indicando que, quando o mérito dos parentais é avaliado com base no desempenho de seus híbridos, a contribuição fenotípica propiciada pelo genótipo de cada parental não se mantém constante ou previsível ao longo dos cruzamentos (Quadro 20). Assim, as combinações híbridas apresentam desempenhos diferentes dos que seriam de se esperar somente pelos efeitos de capacidade geral de combinação.

Quadro 20 – Análise de variância para os caracteres rendimento de grãos (RG), altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), com desdobramentos da soma de quadrados de tratamentos em capacidade combinatória e interações com os locais, pelo método 2 de Griffing (1956)

FV	RENDIMENTO DE GRÃOS		ALTURA DE PLANTA		INSEÇÃO DE ESPIGA		PESO DE MIL SEMENTES		NÚMERO FILEIRAS		NÚMERO G/FILEIRA	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
B/A	8	1329677.12	8	173.14	8	33.18	8	541.78	8	0.85	8	3.69
BLOCOS (B)	2	1210377.99	2	5.99	2	46.93	2	196.17	2	1.62	2	1.26
B x A	6	1369443.50	6	228.85	6	28.60	6	656.98	6	0.60	6	4.49
TRATAMENTOS (T)	77	71041209.58 **	77	7380.55 **	77	4823.66 **	77	12721.94 **	77	24.65 **	77	261.62 **
C.G.C.	11	56304725.47 **	11	9450.98 **	11	14996.84 **	11	16452.50 **	11	141.42 **	11	382.54 **
C.E.C.	66	73497290.26 **	66	7035.48 **	66	3128.14 **	66	12100.17 **	66	5.18 **	66	241.46 **
AMBIENTES (A)	3	151880439.55 **	3	19916.35 **	3	17679.76 **	3	71991.86 **	3	22.16 **	3	266.12 **
T x A	231	2151632.48 **	231	168.66 **	231	143.53 **	231	888.79 **	231	2.27 **	231	20.82 **
CGC x A	33	3812760.81 **	33	348.91 **	33	259.92 **	33	2076.23 **	33	2.89 **	33	39.78 **
CEC x A	198	1874777.76 **	198	138.61 **	198	124.13 **	198	690.88 **	198	2.17 **	198	17.66 **
RESÍDUO COMBINADO	616	665758.22	616	49.47	616	52.13	616	392.74	616	1.46	616	5.13
MÉDIA GERAL		8168.21		216.23		112.09		326.44		15.07		33.85
COMP. QUADRÁTICOS												
C.G.C. (FIXO)		319295.79		55.08		88.03		88.58		0.81		2.15
C.E.C. (FIXO)		5902854.78		569.80		243.30		877.44		-0.05		18.41

A significância das interações observadas (CGC x ambientes e CEC x ambientes) merece bastante atenção.

Normalmente, a significância da interação de capacidade geral de combinação com os ambientes indica que o programa deve enfatizar o emprego de linhagens diferentes, local por local, sempre que possível. Indica também que a variação entre os fenótipos é parcialmente decorrente de genótipos homozigotos, cujo grau de contraste depende do local, isto porque a interação indica que o componente aditivo da variação entre as linhagens interage com o efeito ambiental (Pinto, 2009). Por outro lado, se os resultados sugerem a conveniência de regionalização do programa de melhoramento para o desenvolvimento de um trabalho concreto nos referidos ambientes, é fundamental não esquecer os custos e a laboriosidade da regionalização de um programa de melhoramento. Por isso, haveria uma real necessidade de regionalização somente se fossem constatadas interações de natureza complexa na maior parte do germoplasma explorado pela instituição.

No presente estudo, as interações não se classificam como complexas porque as diferenças não envolveram inversão de tendências. Assim, ainda que os valores difiram de magnitude, a persistência do mesmo sinal, positivo ou negativo, precedendo o valor do estimador de um determinado parâmetro, para um mesmo tratamento ao longo dos ambientes, parece não se contrapor às vantagens de realização de seleção em um único ambiente (Pinto, 2009).

A significância da capacidade geral de combinação indica a presença de variância genética aditiva entre os progenitores para os caracteres em estudo (Quadro 20). Os efeitos de capacidade geral de combinação são muito importantes para os programas de melhoramento de milho, pois os valores de g_i constituem uma das principais ferramentas utilizadas pelos melhoristas (Cruz, 2005). Por outro lado, sempre é bom ressaltar que, no modelo adotado, os resultados das estimativas de capacidade geral de combinação são válidos somente para o grupo de linhagens em estudo, não podendo ser extrapolados para outro material genético. No entanto, tal restrição não reduz a aplicabilidade da pesquisa, dada a condição de elite das linhagens estudadas.

A significância da capacidade específica de combinação evidencia a existência de variância não-aditiva (dominância e epistasia) (Quadro 20). Ela resulta de toda e qualquer interação intra-alélica, de modo que os valores genotípicos são

expressos em função dos efeitos individuais dos alelos e do efeito resultante de suas interações (Cruz, 2005).

Os resultados destas análises então evidenciam a presença de efeitos aditivos e não-aditivos no controle dos caracteres estudados, assim os resultados estão de acordo com os obtidos por Engelsing et al. (2011), Ferreira et al. (2008), Guimarães et al. (2007) e Aguiar et al. (2003).

No Quadro 21 é apresentada a porcentagem de cada estimador de parâmetro em relação à soma de quadrado de tratamentos. Para rendimento de grãos, a capacidade geral de combinação responde por 11,32% da variação. Por sua vez, a capacidade específica de combinação é responsável por 88,68% do valor da soma de quadrado de tratamentos (Quadro 21). Esses resultados indicam que, dentro do dialelo, o rendimento de grãos foi altamente influenciado por ações gênicas não-aditivas. O mesmo padrão de herança foi verificado para altura de planta, peso de mil sementes e número de grãos por fileira. Por outro lado, em relação à altura de inserção de espiga, a capacidade geral respondeu por 44,41% da variação, não havendo grande predominância sobre a capacidade específica. Por último, em relação ao número de fileiras de grãos por espiga (Quadro 21), a capacidade geral de combinação contabilizou 81,97% da variação, o que indica que esta característica é governada predominantemente por ação gênica aditiva, o que facilita a seleção dentro do programa de melhoramento. Paterniani et al (2006) e Derera et al (2008) verificaram que para rendimento de grãos predomina ação de genes aditivos. Carvalho et al (2004) observaram predominância de efeitos aditivos para as características de altura de planta e altura de inserção de espiga.

Quadro 21 – Porcentagem de cada estimador de parâmetro do modelo em relação à soma de quadrados de tratamentos, para cada caráter analisado, rendimento de grão (RG), altura de planta (AP), inserção de espiga (AE), peso de mil sementes (PMIL), número de fileira por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF), em relação à média geral

	RG	AP	AE	PMIL	NFIL	NGFIL
F.V.	SQ	SQ	SQ	SQ	SQ	SQ
TRATAMENTO	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00
CGC%	11.32	18.29	44.41	18.47	81.97	20.89
CEC%	88.68	81.71	55.59	81.53	18.03	79.11

4.2.1. Análise de capacidade geral de combinação

A estimativa de capacidade geral de combinação ocorre pelas diferenças genéticas entre os genitores e do efeito médio de uma substituição alélica, estando associada aos efeitos aditivos, tal que $CGCi = (pi - p) [a + (1 - 2t) d]$ ou $CGCj = (pj - p)[a + (1 - 2t)d]$ (Hallauer e Miranda Filho, 1995).

Os resultados da análise de capacidade geral de combinação para rendimento de grãos, altura de planta, altura de inserção de espiga, peso de mil sementes, número de fileiras por espiga e número de grãos por fileira, nos quatro ambientes, encontram-se nos Quadros 22 e 23.

Para rendimento de grãos, destacou-se a linhagem PD620, com maior estimativa de capacidade geral de combinação nos quatro ambientes, sendo destaque especialmente em Campo Mourão (Quadro 22). A linhagem PD391 teve destaque em Cascavel e Palotina. Em Mauá da Serra, a linhagem SF241 demonstrou excelente desempenho combinatório. Dessa maneira, as linhagens mencionadas manifestam potencial de utilização no programa de melhoramento. O destaque negativo foi a linhagem HF001, pois nos quatro ambientes teve o menor valor de g_i para rendimento de grãos (Quadro 22).

Para altura de planta, destacou-se a linhagem PD620 (Quadro 22), apresentando a maior capacidade geral de combinação em três ambientes (Campo Mourão; Cascavel; Mauá da Serra) e também a melhor média nos quatro ambientes. Em Palotina, porém, a melhor capacidade geral de combinação foi manifestada pela linhagem PD317 (Quadro 22). Os valores negativos mais pronunciados de g_i foram detectados na linhagem HF001, a qual apresentou a menor capacidade geral de combinação para os quatro ambientes. Para altura de inserção de espiga, destacou-se a linhagem PD317, com maior capacidade geral de combinação em Campo Mourão, Mauá da Serra, Palotina e maior média geral nos quatro ambientes (Quadro 22). Em Cascavel, o destaque foi a linhagem PD620. Por outro lado, em termos negativos, a linhagem HF001 mereceu atenção por apresentar a menor capacidade geral de combinação nos quatro ambientes.

Considerando que a altura de planta e a altura de inserção de espigas são caracteres indesejáveis no cultivo atual do milho, a linhagem HF001 teria um bom potencial para utilização nos programas de melhoramentos, como parental capaz de induzir, nos híbridos, uma apreciável redução de altura de inserção de espigas e altura de plantas. Infelizmente, porém, como já comentado acima, seu desempenho combinatório mostrou-se insatisfatório para rendimento de grãos.

Quadro 22 – Estimativas da capacidade geral de combinação (g) por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Rendimento de Grão, Altura de Planta e Inserção de espiga

PROGENITOR	RENDIMENTO DE GRÃOS					ALTURA DE PLANTA					INSERÇÃO DE ESPIGA				
	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA
HD128	173.06	11.78	11.02	-269.85	-18.50	0.83	0.77	4.60	8.04	3.56	0.26	-3.56	-3.21	1.08	-1.36
HF001	-1367.74	-1428.75	-2145.00	-1947.79	-1722.32	-24.41	-16.21	-20.10	-20.38	-20.28	-25.83	-18.86	-25.52	-22.49	-23.17
HD733	88.79	-338.74	415.61	-135.00	7.67	-4.67	-8.25	-4.28	-7.71	-6.23	-11.13	-9.88	-11.48	-10.99	-10.87
SF076	311.42	291.33	91.31	49.42	185.87	0.32	3.59	0.28	-3.93	0.07	-3.04	3.69	3.68	-0.99	0.84
SF241	232.70	201.37	915.46	128.32	369.46	-1.03	-5.15	0.09	-6.95	-3.26	6.58	0.10	4.87	0.05	2.90
PD620	627.76	560.06	857.30	74.23	529.84	7.54	9.52	8.02	8.58	8.42	9.56	11.30	8.17	8.39	9.36
PD412	-150.34	-73.68	-167.73	640.16	62.10	4.86	-2.21	-4.21	4.83	0.82	0.99	-3.84	-2.25	2.28	-0.71
SD462	94.62	200.88	10.01	204.02	127.38	4.92	6.66	2.65	3.71	4.49	2.76	5.41	2.22	1.71	3.02
PD391	131.70	709.88	93.35	910.76	461.42	3.41	4.03	3.94	3.32	3.67	3.99	3.17	3.53	5.05	3.94
PF128	43.31	235.21	65.16	210.04	138.43	3.83	2.00	0.73	1.85	2.10	7.22	5.08	5.80	5.72	5.95
PD317	-235.79	-214.52	-40.80	425.87	-16.31	5.69	1.97	6.42	9.81	5.97	12.65	9.78	12.71	15.62	12.69
PF771	50.51	-154.83	-105.67	-290.18	-125.04	-1.28	3.28	1.88	-1.17	0.68	-4.00	-2.40	1.48	-5.42	-2.58

Quadro 23 – Estimativas da capacidade geral de combinação (g) por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Peso de mil sementes, Número de fileiras por espiga e Número de grãos por fileira

PROGENITOR	PESO DE mil SEMENTES					NÚMERO DE FILEIRAS					NÚMERO DE GRÃOS POR FILEIRA				
	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA
HD128	16.00	2.78	14.35	4.42	9.39	-1.80	-1.41	-1.58	-1.11	-1.47	0.78	1.04	2.97	1.14	1.48
HF001	-2.91	-17.30	-17.15	-9.02	-11.59	-0.28	-0.66	-1.01	-0.92	-0.72	-0.28	3.33	-0.47	-0.95	0.41
HD733	-5.74	-21.45	-9.53	-1.61	-9.58	0.29	0.87	1.09	0.30	0.64	1.49	1.79	0.56	1.59	1.36
SF076	22.16	13.87	7.67	18.36	15.51	-0.48	-0.57	-0.62	-0.68	-0.59	0.15	0.38	0.91	-1.31	0.03
SF241	11.26	5.20	14.37	12.41	10.81	0.91	1.25	0.67	0.64	0.87	-1.54	-2.45	-2.07	-1.93	-2.00
PD620	3.99	1.24	11.02	-9.31	1.73	-0.69	-0.70	-0.78	-0.40	-0.64	1.49	2.03	3.16	1.79	2.12
PD412	-15.21	-15.13	-22.84	-5.47	-14.66	-0.84	-0.91	-0.57	-0.73	-0.76	2.30	0.43	0.68	1.07	1.12
SD462	-14.52	-5.47	-13.28	-9.32	-10.65	1.54	1.43	1.70	1.45	1.53	-0.06	0.33	-0.40	2.07	0.49
PD391	-7.42	4.40	7.80	0.24	1.25	0.30	0.54	0.57	0.75	0.54	-0.78	-1.47	-2.02	-1.67	-1.48
PF128	-6.71	6.94	-2.27	-1.34	-0.85	1.29	1.15	1.07	0.65	1.04	-3.30	-3.75	-2.77	-1.49	-2.83
PD317	0.51	16.72	15.20	1.47	8.48	0.19	0.01	-0.06	0.51	0.17	-1.22	-1.11	-0.53	-0.41	-0.82
PF771	-1.41	8.20	-5.35	-0.85	0.15	-0.42	-1.00	-0.50	-0.45	-0.59	0.96	-0.54	-0.02	0.09	0.12

Para a característica peso de mil grãos, destacou-se a linhagem SF076 (Quadro 23), que apresenta maior capacidade geral de combinação em Campo Mourão e Palotina, bem como a maior média nos quatro ambientes. Em Cascavel e Mauá da Serra, mereceu destaque a linhagem PD317, para capacidade geral de combinação. Negativamente, o destaque foi da linhagem PD412, com menor capacidade geral de combinação em Campo Mourão e Mauá da Serra, bem como menor média geral nos quatro ambientes. Para Cascavel, HD733 teve a menor capacidade geral de combinação, restando à linhagem SD462 a pior classificação em capacidade geral de combinação, referente à Palotina (Quadro 23).

Em relação ao número de fileiras de grãos por espiga, a linhagem SD462 chamou a atenção pelo seu maior valor positivo de g_i , nos quatro ambientes (Quadro 23). No extremo oposto, com sinal negativo, a linhagem HD128 teve a menor capacidade geral de combinação nos quatro ambientes.

Em relação ao número de grãos por fileira, o destaque ficou por conta da linhagem PD620 (Quadro 23), pois teve alta capacidade geral de combinação em Mauá da Serra e maior média geral nos quatro ambientes. Em Campo Mourão, a maior capacidade geral de combinação foi verificada na linhagem PD412. Em Cascavel e em Palotina, as melhores linhagens foram HF001 e SD462, pois apresentaram maiores g_i 's para estes ambientes, respectivamente (Quadro 23). No extremo negativo, a linhagem PF128 apresentou a menor capacidade geral de combinação nos ambientes de Campo Mourão, Cascavel e Mauá da Serra, bem como a menor média nos quatro ambientes. Já em Palotina, a menor capacidade geral de combinação para o número de grãos por fileira ocorreu no caso da linhagem SF241 (Quadro 23).

Linhagens com desempenho consistente em g_i deverão ser especialmente consideradas, no programa de melhoramento.

O raciocínio aplicado para rendimento de grãos pode ser empregado na análise dos valores de g_i referentes aos demais caracteres. Ex: linhagens com valores predominantemente positivos ou negativos de g_i , para rendimento de grãos, frequentemente, repetem o mesmo padrão com respeito ao caráter altura de planta, possivelmente em razão da correlação alta entre ambos os caracteres. Ilustrando esse ponto, PD620, com 4 g_i 's positivos para rendimento de grãos, apresenta também 4 g_i 's positivos para altura de planta. Da mesma forma, PD412, com um alto

valor de g_i para rendimento de grãos em Palotina, apresenta desempenho análogo para altura de plantas, no mesmo local.

Embora a linhagem PD620 apresente valores positivos de rendimento de grãos para capacidade geral de combinação nos quatro ambientes (Quadro 22), alguns combinações híbridas no ambiente de Palotina como PD620xSD462, PD620xPD317 (Quadro 24), com magnitudes negativas consideráveis, fazem com que esta linhagem não tenha desempenho tão significativo quanto nos outros, dessa forma também contribui para a interação capacidade geral de combinação x ambientes presente significância (Quadro 20).

4.2.2. Análise de capacidade específica de combinação

A capacidade específica de combinação é o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação de seus progenitores. Assim, quando a capacidade específica de combinação apresenta valores baixos, essa combinação híbrida se comporta conforme o esperado pela capacidade geral de combinação. Por outro lado, a ocorrência de valores altos de capacidade específica de combinação, sejam positivos ou negativos, indica que o híbrido é melhor ou pior ao esperado com base na CGC de seus pais (Miranda et al, 1998). A análise dialélica permite escolher os híbridos de maior CEC no qual um dos progenitores apresenta a maior CGC (Engelsing et al, 2011).

As estimativas de capacidade específica de combinação evidenciam a importância dos genes com efeitos não-aditivos. A capacidade específica de combinação também representa uma medida de divergência genética dos progenitores em relação à média dos outros progenitores participantes do dialelo. Quando a capacidade específica de combinação for zero ou próxima de zero, a divergência genética do progenitor em relação ao outro progenitor é pequena ou nula, de modo que a heterose neste híbrido será também pequena ou nula (Hallauer e Miranda Filho, 1995).

As capacidades específicas de combinação são funções dos efeitos de dominância e do produto das diferenças de frequências alélicas dos genitores, fazendo com que as mesmas estejam relacionadas aos efeitos de dominância e epistáticos, em que: $CEC = 2d [(p_i - p)(t - t_i)]$ (Hallauer e Miranda Filho, 1995).

Nos Quadros 24 e 25 contém os resultados da capacidade específica de combinação. Como mencionado, anteriormente, a capacidade específica de combinação foi significativa para todas as características avaliadas no experimento, indicando que há híbridos formados a partir do cruzamento de linhagens com melhor desempenho que outros, pelos efeitos não-aditivos envolvidos no controle da característica (Quadro 20). As análises estão separadas por ambiente, pois houve interação entre ambiente e capacidade específica de combinação para as seis características analisadas.

É importante ressaltar que são desejáveis aquelas combinações híbridas com estimativas de CEC mais favoráveis, que envolvam os dois genitores que apresentem efeitos de CGC mais favorável, ou seja, com valor positivo e significativo.

No Quadro 24 consta a capacidade específica de combinação para rendimento de grãos. Foi observada alta capacidade específica de combinação no híbrido HD128xSF241, em Campo Mourão. Ambos os parentais envolvidos neste híbrido apresentaram elevada capacidade geral de combinação para esta característica neste ambiente, indicando assim que essas combinações híbridas são promissoras para rendimento de grãos neste ambiente.

Os híbridos HD733xPF771 e PD391xPF128 também se destacam em Campo Mourão, com alta capacidade específica de combinação para rendimento de grãos. No entanto, os valores de capacidade geral de combinação dos parentais envolvidos nestes híbridos foram relativamente baixos nesse ambiente (Quadro 24), desta forma se demonstra muito interessante para o incremento de rendimento de grãos.

As combinações híbridas HD128xSD462 destacaram-se por sua capacidade específica de combinação para rendimento de grãos em Cascavel e Mauá da Serra (Quadro 24). A linhagem SD462 apresentou alta capacidade geral de combinação em Cascavel, mas em Mauá da Serra sua capacidade geral de combinação foi nula, assim como a capacidade geral de combinação da linhagem HD128 em ambos os ambientes (Quadro 24).

O híbrido PD391xPF128 apresentou capacidade específica de combinação expressiva em Campo Mourão (Quadro 24). Ambos os parentais apresentaram baixa ou nula capacidade geral de combinação nesse ambiente (Quadro 22).

Quadro 24 – Estimativas da capacidade específica de combinação por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Rendimento de Grão, Altura de Planta e Inserção de espiga

HÍBRIDOS	RENDIMENTO DE GRÃOS					ALTURA DE PLANTA					INSERÇÃO DE ESPIGA				
	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA
HD128xHD128	-6299.46	-6356.86	-6198.21	-5240.22	-6023.69	-52.64	-48.35	-53.84	-47.17	-50.50	-23.50	-33.17	-28.40	-26.13	-27.80
HD128xHF001	-607.57	-1564.93	-2953.19	-2019.28	-1786.24	7.30	1.93	-12.44	-4.75	-1.99	2.99	-3.57	-6.09	0.44	-1.56
HD128xHD733	-2503.00	-2901.64	-2687.50	-1836.27	-2482.10	-16.44	-20.03	-9.27	-20.42	-16.54	-8.41	-12.25	-6.73	-13.05	-10.11
HD128xSF076	2094.68	2318.59	1835.00	328.21	1644.12	5.57	20.83	21.18	1.40	12.24	-2.50	16.18	8.41	3.65	6.43
HD128xSF241	2911.70	1804.65	2029.35	2273.62	2254.83	4.52	17.17	1.96	10.42	8.52	-5.42	11.47	-2.78	2.60	1.47
HD128xPD620	1545.63	1689.76	1539.21	2573.70	1837.08	24.64	24.50	16.74	13.29	19.79	12.20	18.57	-2.78	8.86	9.21
HD128xPD412	2036.44	766.70	1944.04	1816.78	1640.99	18.33	16.63	22.66	16.35	18.49	13.17	12.71	7.34	6.98	10.05
HD128xSD462	1751.98	2784.35	2749.30	1538.21	2205.96	10.27	11.76	17.80	17.76	14.40	7.00	13.86	10.18	11.95	10.75
HD128xPD391	529.80	1897.74	1157.66	932.58	1129.44	13.08	6.69	6.81	12.55	9.79	9.77	7.40	10.86	10.60	9.66
HD128xPF128	1276.19	1778.51	1697.45	1205.90	1489.51	15.06	28.72	12.33	17.03	18.28	5.24	15.49	15.00	6.53	10.57
HD128xPD317	1353.19	1740.44	2115.60	1500.27	1677.38	4.50	-15.95	17.04	14.36	4.99	9.51	-17.20	13.08	10.33	3.93
HD128xPF771	2209.89	2399.55	2969.48	2166.72	2436.41	18.47	4.44	12.88	16.34	13.03	3.46	3.67	10.31	3.37	5.20
HF001xHF001	-4171.58	-3756.80	-3290.67	-2840.93	-3514.99	-41.46	-37.40	-42.74	-37.02	-39.66	-1.92	-20.97	-10.38	-19.30	-13.14
HF001xHD733	279.20	934.39	-818.37	816.78	303.00	5.80	1.94	10.03	-6.70	2.77	-8.02	5.05	-7.81	-5.79	-4.14
HF001xSF076	416.17	-305.98	797.63	170.35	269.54	7.41	-1.20	13.48	10.52	7.55	4.29	-0.52	0.43	11.21	3.85
HF001xSF241	449.69	356.88	660.07	-314.54	288.03	-0.84	-1.86	4.66	8.84	2.70	-1.73	5.47	-5.16	6.47	1.26
HF001xPD620	1156.23	1311.79	3227.03	1609.25	1826.07	11.19	-9.13	7.74	6.31	4.03	-0.70	-5.13	4.53	-5.58	-1.72
HF001xPD412	240.03	-1337.77	-421.94	-622.18	-535.46	0.87	2.90	0.96	4.07	2.20	-1.14	2.01	-2.65	-4.06	-1.46
HF001xSD462	1301.97	1032.28	-541.08	1976.55	942.43	15.81	18.03	9.50	14.88	14.56	2.49	4.46	2.49	16.51	6.49
HF001xPD391	1747.69	1406.77	1667.08	530.22	1337.94	7.02	13.36	5.51	-0.42	6.37	5.26	8.70	6.88	-3.53	4.33
HF001xPF128	1423.88	2314.24	1186.98	-404.36	1130.18	1.90	4.99	10.43	9.75	6.77	-4.67	2.49	2.91	2.50	0.81
HF001xPD317	698.78	987.37	1700.43	2275.61	1415.55	18.44	22.73	12.04	16.08	17.32	2.20	14.40	12.00	8.20	9.20
HF001xPF771	1237.08	2378.58	2076.70	1663.46	1838.96	8.01	21.11	23.58	15.46	17.04	2.85	8.57	13.23	12.23	9.22
HD733xHD733	-4156.23	-5077.12	-4240.58	-4332.22	-4451.54	-48.94	-53.32	-52.40	-48.37	-50.76	-17.32	-38.54	-21.85	-24.98	-25.67
HD733xSF076	653.44	1049.91	896.52	1236.26	959.03	7.07	20.85	7.65	10.85	11.60	-1.81	14.50	-0.31	4.02	4.10
HD733xSF241	1879.16	684.28	1289.06	1321.27	1293.44	19.72	2.88	5.54	11.57	9.93	-6.03	-4.92	-6.50	-2.33	-4.94
HD733xPD620	1587.10	139.58	1065.13	552.25	836.02	13.44	9.21	10.91	20.04	13.40	13.00	6.88	8.90	18.63	11.85

Quadro 24, Cont.

	HD733xPD412	585.30	1867.63	595.15	1389.73	1109.45	26.13	7.64	16.54	21.40	17.93	18.86	8.03	8.32	19.45	13.66
	HD733xSD462	1472.94	2803.27	1501.81	1583.36	1840.35	13.07	13.08	4.27	5.51	8.98	1.79	10.18	1.15	3.62	4.18
	HD733xPD391	-555.04	611.36	1238.78	152.03	361.78	8.58	10.41	9.99	8.90	9.47	8.86	4.42	5.84	2.98	5.52
	HD733xPF128	-557.65	1638.83	1478.27	1515.95	1018.85	7.56	21.73	22.20	23.08	18.64	7.93	10.80	12.88	5.30	9.23
	HD733xPD317	2467.45	2472.86	1541.72	37.42	1629.86	8.00	26.77	10.51	8.41	13.42	10.90	25.41	14.36	4.70	13.85
	HD733xPF771	3003.55	853.77	2380.60	1895.67	2033.40	4.97	12.16	16.45	14.09	11.92	-2.45	8.98	13.59	12.44	8.14
	SF076xSF076	-3664.39	-5172.56	-4581.18	-5757.26	-4793.85	-55.33	-57.39	-51.20	-52.64	-54.14	-27.20	-41.07	-32.18	-30.68	-32.78
	SF076xSF241	802.23	443.20	-70.04	990.85	541.56	10.72	16.35	17.99	16.08	15.29	15.18	13.22	11.64	9.98	12.50
	SF076xPD620	1861.97	1077.81	1217.43	2852.43	1752.41	3.45	8.68	11.36	4.55	7.01	7.90	9.72	10.03	4.33	8.00
	SF076xPD412	758.78	692.45	504.35	681.50	659.27	4.14	7.11	-25.01	3.01	-2.69	-1.53	4.46	0.45	2.45	1.46
	SF076xSD462	1538.81	955.30	1610.11	1128.04	1308.07	13.47	5.54	8.72	6.73	8.62	-11.30	-1.39	10.29	-7.68	-2.52
	SF076xPD391	137.53	1181.29	1471.88	387.80	794.63	15.59	4.17	17.84	14.52	13.03	10.77	-0.85	4.68	7.28	5.47
	SF076xPF128	-146.88	917.06	1288.57	2005.73	1016.12	19.87	9.20	16.35	12.59	14.50	12.54	15.54	15.11	8.30	12.87
	SF076xPD317	-825.48	1424.89	-284.88	1341.40	413.98	12.71	12.93	5.96	11.03	10.66	5.81	14.25	-2.80	8.10	6.34
	SF076xPF771	37.53	590.60	-104.20	391.95	228.97	10.67	10.32	6.90	14.00	10.47	15.06	-2.98	6.43	9.74	7.06
55	SF241xSF241	-4265.95	-4858.23	-4277.30	-6511.45	-4978.23	-52.93	-40.22	-63.13	-50.20	-51.62	-28.73	-22.50	-34.55	-25.77	-27.89
	SF241xPD620	987.69	1259.58	389.77	852.64	872.42	2.20	16.11	12.94	0.58	7.96	-1.71	6.60	7.85	-3.71	2.26
	SF241xPD412	-666.80	659.32	1207.50	2365.41	891.36	6.89	-4.86	11.47	7.33	5.21	7.45	-5.25	11.97	8.00	5.54
	SF241xSD462	1337.53	1393.86	1290.85	932.35	1238.65	11.12	10.68	19.31	9.75	12.71	13.68	7.80	11.50	-1.03	7.99
	SF241xPD391	1171.15	1474.95	757.82	2281.71	1421.41	20.34	14.61	7.62	2.54	11.28	11.85	12.04	6.19	1.23	7.83
	SF241xPF128	-85.05	1873.33	697.41	1328.73	953.60	12.92	7.33	18.54	17.01	13.95	8.93	11.83	9.53	13.56	10.96
	SF241xPD317	-990.95	-1714.65	533.56	37.40	-533.66	14.66	-8.33	15.14	3.65	6.28	8.80	-17.87	11.61	5.66	2.05
	SF241xPF771	735.55	1481.06	-230.76	953.45	734.83	3.62	10.36	11.09	12.63	9.42	6.45	4.60	13.24	11.10	8.85
	PD620xPD620	-4776.08	-4870.62	-5228.77	-5889.08	-5191.13	-39.37	-32.56	-45.69	-31.25	-37.22	-30.39	-32.30	-35.46	-29.05	-31.80
	PD620xPD412	-353.07	975.43	1041.46	1275.40	734.80	7.92	6.87	6.24	7.80	7.21	9.48	8.85	5.26	9.06	8.16
	PD620xSD462	547.47	153.27	197.02	-543.37	88.60	-3.75	5.01	3.68	-3.08	0.46	-1.90	8.60	12.80	0.93	5.11
	PD620xPD391	2185.39	1104.26	1802.28	2342.10	1858.51	1.77	-2.07	14.39	3.31	4.35	2.18	-3.16	7.18	-3.71	0.62
	PD620xPF128	1305.78	1551.23	1046.28	452.62	1088.98	12.94	7.26	5.61	3.48	7.32	8.95	5.33	11.22	10.92	9.10
	PD620xPD317	-761.62	-1718.74	-1293.07	-1434.51	-1301.99	1.49	1.00	-2.39	4.12	1.05	7.22	4.23	8.70	8.32	7.12
	PD620xPF771	-510.42	2197.27	225.00	1245.64	789.37	3.45	-2.32	4.16	2.10	1.85	4.17	4.10	-2.77	10.05	3.89

Quadro 24, Cont.

PD412xPD412	-2771.76	-3622.33	-4795.21	-4415.03	-3901.08	-50.40	-42.10	-43.53	-52.14	-47.04	-32.96	-31.01	-28.62	-36.53	-32.28
PD412xSD462	411.98	868.31	1942.75	-238.10	746.23	10.54	13.03	13.21	12.68	12.36	8.97	14.44	9.92	10.75	11.02
PD412xPD391	496.50	798.60	1245.51	1220.67	940.32	12.45	11.96	4.62	3.37	8.10	0.44	8.68	2.90	1.40	3.36
PD412xPF128	126.79	514.78	974.30	140.69	439.14	5.63	-10.61	10.54	11.84	4.35	6.81	-12.23	2.64	7.33	1.14
PD412xPD317	792.29	238.30	-62.55	1286.56	563.65	4.17	13.43	13.14	10.58	10.33	-4.62	8.08	-0.28	6.83	2.50
PD412xPF771	1115.29	1200.91	619.83	-486.39	612.41	3.74	20.11	12.69	5.85	10.60	8.03	12.25	11.35	4.87	9.13
SD462xSD462	-4362.99	-5896.75	-4973.10	-5228.36	-5115.30	-45.83	-51.13	-51.96	-39.51	-47.11	-26.50	-45.81	-39.25	-23.68	-33.81
SD462xPD391	-15.27	805.85	385.67	414.90	397.79	-2.61	3.50	-1.94	-6.52	-1.89	3.27	6.73	-10.86	-7.43	-2.07
SD462xPF128	302.93	-216.28	577.66	2579.13	810.86	7.27	6.83	12.97	18.95	11.50	8.44	4.82	10.18	12.30	8.93
SD462xPD317	14.93	90.35	273.21	727.90	276.60	7.41	10.56	16.28	3.39	9.41	11.61	16.83	14.66	6.00	12.28
SD462xPF771	60.73	1122.95	-41.11	357.75	375.08	9.07	4.25	0.12	-1.03	3.10	8.96	5.30	6.19	1.44	5.47
PD391xPD391	-4983.35	-5940.06	-6188.37	-7049.93	-6040.43	-53.10	-43.87	-46.23	-34.42	-44.41	-37.56	-30.32	-31.88	-17.77	-29.38
PD391xPF128	3167.85	673.01	1689.33	1846.39	1844.14	6.48	9.46	17.69	12.75	11.59	9.21	6.76	17.56	9.96	10.87
PD391xPD317	1520.95	1522.44	841.18	2416.46	1575.26	14.92	14.79	5.69	13.08	12.12	4.08	10.37	3.95	13.36	7.94
PD391xPF771	-419.85	403.85	119.55	1575.01	419.64	8.59	0.88	4.24	4.76	4.62	9.43	-0.46	8.58	3.40	5.24
PF128xPF128	-4264.16	-5851.62	-6162.98	-6375.39	-5663.54	-66.94	-54.82	-77.10	-70.48	-67.34	-50.02	-38.15	-58.00	-44.41	-47.65
PF128xPD317	805.74	160.61	810.67	978.28	688.83	29.50	10.82	15.51	3.25	14.77	21.15	5.85	12.68	6.39	11.52
PF128xPF771	908.74	497.92	879.05	1101.73	846.86	14.77	13.91	12.05	11.23	12.99	15.50	9.63	6.31	5.73	9.29
PD317xPD317	-2845.26	-3331.76	-3657.28	-5428.55	-3815.71	-61.36	-52.15	-61.49	-51.41	-56.60	-41.88	-40.84	-46.83	-44.21	-43.44
PD317xPF771	615.24	1459.65	1138.70	1690.30	1225.97	6.91	15.54	14.06	14.87	12.84	7.08	17.33	5.70	10.53	10.16
PF771xPF771	-4496.66	-7293.05	-5016.42	-6277.65	-5770.94	-46.13	-55.37	-59.10	-55.15	-53.94	-39.28	-35.50	-46.08	-42.44	-40.82

Quadro 25 – Estimativas s_{ij} da capacidade específica de combinação por ambiente, Campo Mourão (CM), Cascavel (CA), Mauá da Serra (MS) e Palotina (PL); para os caracteres Peso de mil sementes, Número de fileiras por espiga e Número de grãos por fileira

HIBRIDOS	PESO mil SEMENTES					NÚMERO DE FILEIRAS					NÚMERO DE GRÃOS POR FILEIRA				
	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA	CM	CA	MS	PL	MÉDIA
HD128xHD128	-53.34	-67.85	-91.26	-55.82	-67.07	-0.71	-0.66	0.82	-1.21	-0.44	-12.98	-12.03	-16.50	-14.47	-14.00
HD128xHF001	3.57	10.93	-16.36	10.62	2.19	0.36	-0.71	0.25	-0.71	-0.20	1.79	8.99	2.94	-2.08	2.91
HD128xHD733	-18.30	-10.93	18.03	-3.49	-3.67	0.50	-0.24	-0.55	-0.62	-0.23	-1.98	-2.18	0.31	3.79	-0.02
HD128xSF076	20.20	24.45	19.13	-17.46	11.58	0.56	-0.20	-0.14	1.06	0.32	5.36	3.23	4.26	3.68	4.13
HD128xSF241	2.10	3.12	10.43	-0.81	3.71	-0.12	0.68	-0.13	2.44	0.72	3.35	2.46	3.93	5.30	3.76
HD128xPD620	6.38	-6.92	19.78	19.91	9.79	2.18	0.63	0.62	0.08	0.88	-0.28	2.58	4.31	2.18	2.20
HD128xPD412	17.18	27.45	31.34	22.37	24.58	0.32	-0.46	-0.89	-0.20	-0.31	3.51	2.59	3.78	4.31	3.55
HD128xSD462	17.18	17.79	25.77	-11.08	12.42	-0.76	0.50	0.84	-0.37	0.05	0.57	3.98	3.56	1.90	2.50
HD128xPD391	14.78	19.53	12.30	-8.33	9.57	-0.21	0.09	-0.03	1.63	0.37	7.29	4.08	-1.52	0.04	2.47
HD128xPF128	-2.63	9.68	5.36	27.94	10.09	-1.20	-0.52	-0.53	-0.27	-0.63	1.10	3.36	0.24	3.16	1.97
HD128xPD317	6.45	13.20	34.29	14.83	17.20	-0.11	0.62	-1.41	-0.14	-0.26	3.72	-1.88	8.00	3.09	3.23
HD128xPF771	39.77	27.42	22.44	57.15	36.70	-0.10	0.93	0.34	-0.48	0.17	1.55	-3.15	3.18	3.59	1.29
HF001xHF001	-59.53	-63.30	-69.26	-80.65	-68.18	-1.76	0.54	-1.03	-2.90	-1.29	-9.45	-10.60	-7.62	-13.29	-10.24
HF001xHD733	-5.00	10.15	-12.17	12.65	1.41	0.98	0.31	0.18	0.59	0.51	4.08	0.94	-0.25	-0.82	0.99
HF001xSF076	24.71	6.13	1.33	-3.03	7.29	-0.26	1.05	1.29	1.57	0.91	-0.58	-2.06	-4.60	3.77	-0.86
HF001xSF241	-7.99	10.20	17.63	12.92	8.19	-0.34	-0.07	2.00	1.54	0.78	0.41	2.78	-3.02	0.69	0.21
HF001xPD620	-0.72	13.76	34.28	13.35	15.17	1.26	-0.12	1.45	1.29	0.97	0.38	4.99	1.45	3.67	2.62
HF001xPD412	14.08	8.13	19.44	8.80	12.61	0.10	-0.61	-0.76	-0.39	-0.42	-0.03	-1.10	3.93	-0.60	0.55
HF001xSD462	26.79	24.87	44.57	36.35	33.15	0.42	-0.95	-1.03	-1.26	-0.71	0.63	0.69	-2.00	5.39	1.18
HF001xPD391	7.29	3.60	-4.50	19.80	6.55	-1.74	-0.06	-1.30	0.74	-0.59	4.65	2.49	0.33	5.44	3.23
HF001xPF128	31.58	14.76	37.26	21.37	26.25	-0.02	0.73	-1.80	0.84	-0.06	-2.13	3.08	9.68	2.95	3.40
HF001xPD317	0.06	-4.72	-0.91	6.27	0.18	0.37	-0.13	1.32	0.97	0.63	7.09	-1.16	4.44	5.48	3.96
HF001xPF771	24.68	28.80	17.94	22.19	23.40	2.38	-0.52	0.47	0.63	0.74	2.61	1.56	2.33	2.68	2.30
HD733xHD733	-78.87	-82.71	-107.09	-86.76	-88.86	-0.29	-0.52	-0.51	-0.63	-0.49	-8.39	-7.53	-4.97	-7.06	-6.99
HD733xSF076	16.24	28.68	17.01	32.57	23.62	0.48	0.22	0.50	-0.35	0.21	-1.05	1.88	1.98	3.84	1.66

Quadro 25, Cont.

59

HD733xSF241	-3.86	-19.36	21.01	-14.48	-4.17	-0.21	0.40	-0.10	0.33	0.11	1.04	1.71	3.95	0.86	1.89
HD733xPD620	30.71	31.30	36.36	25.24	30.90	-1.31	-0.95	-0.05	1.37	-0.23	4.61	1.53	2.12	-1.26	1.75
HD733xPD412	34.31	17.27	35.82	24.40	27.95	-0.46	-1.44	-0.86	0.99	-0.44	4.80	7.44	3.20	4.46	4.98
HD733xSD462	-9.38	12.61	5.66	12.65	5.38	-0.14	2.22	1.47	0.82	1.09	3.16	1.93	-1.72	4.46	1.96
HD733xPD391	10.12	14.75	4.59	25.10	13.64	1.10	1.11	0.01	1.22	0.86	-2.12	-1.27	-1.70	-1.10	-1.55
HD733xPF128	24.81	9.90	34.95	16.27	21.48	-0.59	-0.20	0.11	-1.68	-0.59	0.39	-1.99	0.06	0.41	-0.28
HD733xPD317	18.59	33.43	23.18	22.46	24.41	-0.19	-0.36	0.63	-0.84	-0.19	3.02	3.97	0.11	-0.66	1.61
HD733xPF771	59.50	37.64	29.73	20.18	36.76	0.41	-0.05	-0.33	-0.59	-0.14	0.84	1.10	1.90	0.14	1.00
SF076xSF076	-50.35	-47.34	-38.49	-58.40	-48.65	-0.06	-0.35	0.20	-1.37	-0.39	-5.01	-7.71	-6.37	-15.87	-8.74
SF076xSF241	9.25	-5.38	-8.19	5.55	0.31	0.56	-0.16	-0.39	0.61	0.15	2.98	0.12	-0.40	1.75	1.11
SF076xPD620	8.82	-2.71	12.76	6.67	6.38	-1.14	-0.21	-0.34	0.35	-0.34	0.95	0.64	-2.23	0.03	-0.15
SF076xPD412	16.02	-2.65	13.62	-2.58	6.10	1.60	2.00	0.85	-0.03	1.11	-3.46	-1.76	-1.15	2.06	-1.08
SF076xSD462	0.03	17.30	-1.54	17.27	8.26	-0.78	-0.35	-0.12	-0.80	-0.51	1.20	4.34	2.33	2.05	2.48
SF076xPD391	12.93	6.43	17.99	23.72	15.27	0.46	-0.75	-0.28	0.50	-0.02	1.92	1.44	4.95	1.49	2.45
SF076xPF128	0.22	-4.41	12.45	2.70	2.74	-0.52	-0.76	-0.18	0.00	-0.37	1.14	3.72	1.01	2.91	2.19
SF076xPD317	-4.30	21.51	-16.42	27.89	7.17	-0.03	-0.23	0.34	-0.56	-0.12	2.36	3.38	3.06	5.84	3.66
SF076xPF771	-3.39	5.33	8.83	23.51	8.57	-0.82	0.09	-1.92	0.39	-0.56	-0.82	0.51	3.55	4.34	1.89
SF241xSF241	-39.55	-22.31	-68.89	-74.10	-51.21	-1.53	-1.98	-1.68	-2.01	-1.80	-6.93	-9.04	-7.73	-10.63	-8.58
SF241xPD620	27.72	-8.05	-6.54	21.22	8.59	-0.53	0.68	1.07	0.33	0.39	3.34	0.07	1.74	4.25	2.35
SF241xPD412	-3.08	5.62	-0.38	18.37	5.13	0.21	-0.52	1.56	-0.65	0.15	1.23	2.38	4.22	4.68	3.13
SF241xSD462	26.63	29.96	38.06	8.92	25.89	-0.76	-0.16	0.59	0.48	0.04	0.89	5.17	0.60	0.97	1.91
SF241xPD391	22.83	23.80	27.69	35.07	27.35	1.08	1.43	0.42	-0.82	0.53	0.61	-1.03	-0.48	2.41	0.38
SF241xPF128	0.82	25.25	11.05	37.25	18.59	2.09	0.83	0.52	-0.72	0.68	1.12	1.86	1.98	0.53	1.37
SF241xPD317	-6.40	-8.23	33.88	7.44	6.67	-0.11	0.56	-0.96	1.42	0.23	-1.96	0.21	3.03	-0.84	0.11
SF241xPF771	11.11	-12.31	-6.87	16.76	2.17	1.19	0.28	-1.21	-0.93	-0.17	0.87	2.34	-0.08	0.66	0.95
PD620xSD620	-43.31	-47.78	-54.89	-88.66	-58.66	-0.93	-0.08	-0.78	-1.93	-0.93	-4.39	-8.71	-7.49	-7.47	-7.02
PD620xPD412	-20.11	19.58	8.97	28.80	9.31	1.21	0.13	0.31	-0.31	0.34	-1.20	0.89	2.59	-0.74	0.39
PD620xSD462	6.90	12.93	0.71	14.65	8.79	0.84	-0.21	-0.66	-0.48	-0.13	-3.14	1.99	3.37	0.95	0.79
PD620xPD391	16.40	16.46	19.64	16.10	17.15	-0.62	0.68	-0.83	0.22	-0.14	3.58	0.09	2.69	0.99	1.84

Quadro 25, Cont.

09

PD620xPF128	18.69	19.22	15.10	23.67	19.17	0.39	-0.63	-1.33	1.02	-0.13	4.39	2.77	4.45	4.81	4.11
PD620xPD317	-14.53	-11.26	-23.07	-15.14	-16.00	0.19	-0.79	-0.21	-0.14	-0.24	-6.68	-0.27	-6.50	-0.56	-3.50
PD620xPF771	6.38	11.25	-8.22	22.88	8.07	-0.61	0.93	1.54	0.12	0.49	2.84	2.16	0.99	0.64	1.66
PD412xPD412	-39.61	-48.65	-72.47	-88.05	-62.20	-0.64	-0.36	-1.20	-0.59	-0.70	-7.31	-8.50	-13.93	-9.01	-9.69
PD412xSD462	0.70	-7.31	8.56	23.50	6.36	0.28	0.70	-0.87	0.54	0.16	1.75	0.29	2.85	0.38	1.32
PD412xPD391	5.60	17.43	26.19	24.25	18.37	0.22	0.19	0.27	-0.76	-0.02	-0.53	2.09	4.47	1.12	1.79
PD412xPF128	5.59	12.28	-15.04	10.82	3.41	-1.46	-0.42	1.77	-0.66	-0.19	3.29	0.98	0.93	-0.06	1.28
PD412xPD317	-7.33	-6.50	-7.91	-7.98	-7.43	0.33	0.72	0.29	2.18	0.88	2.91	0.74	0.28	3.46	1.85
PD412xPF771	16.28	6.02	24.34	25.34	17.99	-1.06	0.43	0.73	0.44	0.13	2.33	2.46	2.77	-1.04	1.63
SD462xSD462	-25.60	-31.67	-86.00	-54.05	-49.33	-0.10	-1.05	-0.44	-0.93	-0.63	-6.89	-9.31	-7.37	-10.63	-8.55
SD462xPD391	-6.10	-15.53	28.93	-4.60	0.68	-0.16	1.25	-0.61	0.77	0.31	2.43	-0.21	1.85	3.11	1.80
SD462xPF128	-3.10	-20.78	15.99	-11.33	-4.80	0.16	-0.06	0.90	1.87	0.72	2.34	1.07	-1.00	3.23	1.41
SD462xPD317	10.68	1.15	-12.48	12.57	2.98	0.55	-0.23	0.62	0.01	0.24	2.87	0.83	0.06	-4.54	-0.20
SD462xPF771	-19.11	-9.64	17.77	9.19	-0.45	0.56	-0.61	-0.24	0.27	-0.01	1.09	-1.44	4.85	3.36	1.96
PD391xPD391	-62.50	-73.10	-87.44	-104.45	-81.87	-0.91	-1.86	0.53	-2.23	-1.12	-9.45	-7.71	-8.83	-9.54	-8.88
PD391xPF128	18.10	-7.64	15.92	26.82	13.30	0.70	0.83	0.63	0.57	0.68	1.07	-1.13	2.23	-0.03	0.53
PD391xPD317	14.28	19.28	10.45	30.62	18.66	1.19	-0.73	-0.25	0.71	0.23	0.59	6.23	1.68	3.90	3.10
PD391xPF771	8.79	48.10	15.70	20.34	23.23	-0.20	-0.32	0.90	-0.34	0.01	-0.59	2.66	3.17	1.70	1.73
PF128xPF128	-51.21	-30.48	-73.01	-98.30	-63.25	0.41	0.23	0.13	-0.73	0.01	-6.42	-9.14	-9.32	-10.21	-8.77
PF128xPD317	-3.43	-13.26	-11.49	8.19	-5.00	0.81	1.36	-0.05	0.11	0.56	-1.20	1.91	1.14	2.01	0.97
PF128xPF771	11.78	15.95	24.46	32.91	21.28	-1.19	-1.63	-0.31	0.37	-0.69	1.32	2.64	-2.07	0.51	0.60
PD317xPD317	3.35	-17.04	-7.56	-55.62	-19.22	-2.10	-0.80	-0.93	-2.46	-1.57	-5.98	-9.13	-8.50	-9.66	-8.32
PD317xPF771	-20.74	-10.53	-14.41	4.10	-10.39	1.21	0.81	1.52	1.20	1.18	-0.76	4.30	1.68	2.14	1.84
PF771xPF771	-67.53	-74.01	-65.86	-127.28	-83.67	-0.89	-0.18	-0.74	-0.54	-0.59	-5.63	-7.57	-11.13	-9.36	-8.42

Os híbridos HD128xPF771 e HF001xPD620 obtiveram elevada capacidade específica de combinação em Mauá da Serra (Quadro 24). As linhagens HD128 e PF771 tiveram capacidade geral de combinação nula em Mauá da Serra (Quadro 22). A linhagem PD620 apresentou elevado g_i (Quadro 22). Já a linhagem HF001 apresentou valor negativo de g_i nesse ambiente (Quadro 22).

A capacidade específica de combinação dos híbridos HD128xPD620, SF076xPD620 e SD462xPF128 foi relativamente alta em Palotina (Quadro 24). As linhagens SD462 e PF128 apresentaram alta capacidade geral de combinação, ao contrário das linhagens SF076 e PD620 (Quadro 22). A linhagem HD128 apresentou valor negativo de capacidade geral de combinação (Quadro 22).

Em Cascavel, os híbridos HD733xSD462 e HD733xPD317 apresentaram alta capacidade específica de combinação para rendimento de grãos (Quadro 24). As linhagens PD317 e HD733 apresentaram capacidade geral de combinação negativa e a linhagem SD462 apresentou alta capacidade geral de combinação para aquele ambiente (Quadro 24).

O híbrido HD128xHD733 apresentou capacidade específica de combinação negativa nos quatro ambientes (Quadro 24). Analogamente, PD620xPD317 teve capacidade específica de combinação negativa em Cascavel, Mauá da Serra e Palotina (Quadro 24). Dois híbridos manifestaram capacidade específica de combinação negativa em dois locais: HD128xHF001 (Mauá da Serra e Palotina) e SF241xPD317 (Campo Mourão e Cascavel). Por último, SF076xPD317 teve capacidade específica de combinação negativa em Campo Mourão (Quadro 24). É importante notar que a maioria desses híbridos com capacidade específica de combinação negativa é constituída pelo encontro de linhagens de grupos heteróticos distintos. Da mesma maneira, verificou-se que alguns híbridos com capacidade específica de combinação alta e positiva foram derivados de cruzamentos de linhagens integrantes de um mesmo grupo heterótico. Para a elucidação dessas aparentes contradições, seria interessante um estudo que permitisse a reclassificação dos grupos heteróticos, a ser realizado, por exemplo, com o apoio de marcadores moleculares e de estimativas de distância genética entre as linhagens.

Para o rendimento de grãos, cumpre salientar que a linhagem HD128 participou da composição de quatro híbridos com alta capacidade específica de combinação nos diferentes ambientes (Quadro 24). Isto indica que essa linhagem possui alta concentração de alelos que, na formação do híbrido, manifestam ação

gênica não-aditiva, de modo a controlar o rendimento de grãos. No entanto, dada a grande variação de capacidade específica de combinação e de capacidade geral de combinação, torna-se muito difícil fazer qualquer tipo de relação entre capacidade específica de combinação e capacidade geral de combinação para rendimento de grãos, pois cada híbrido comportou-se de maneira independente da capacidade geral de combinação de seus progenitores.

Para rendimento de grãos, foram encontradas algumas linhagens que, além de se destacarem por seus altos valores de g_i , também produziram combinações híbridas superiores. Foi o caso, por exemplo, das que participaram das combinações SF076xPD620 e SF241xPD391, as quais apresentaram alta estimativa de capacidade geral de combinação (Quadro 22) acompanhada pela capacidade específica de combinação dos referidos híbridos (Quadro 24). Tais linhagens se destacaram ainda no teste de médias (Quadro 10), pois apresentaram alta produtividade e indícios de alta frequência de alelos favoráveis, resultando na possibilidade de exploração satisfatória da heterose.

Os resultados de capacidade específica de combinação para altura de planta e altura de inserção de espiga também se encontram no Quadro 24. Para altura de planta em Campo Mourão, destacaram-se as combinações híbridas HD128xPD620, HD733xPD412 e PF128xPD317 (Quadro 24), com alta capacidade específica de combinação. Quanto aos pais desses híbridos, no mesmo ambiente, três linhagens (PD620, PD412 e PD317) apresentaram alta capacidade geral de combinação (Quadro 22), uma delas (HD128) teve capacidade geral de combinação nula e outra (HD733), uma capacidade geral de combinação negativa (Quadro 22). Ainda em Campo Mourão, os híbridos HD128xHD733, PD620xPD391 e SD462xPD391 apresentaram capacidade específica de combinação negativa (Quadro 22).

Em Cascavel, os híbridos HD128xPD620, HD128xPF128 e HD733xPD412 tiveram alta capacidade específica de combinação para altura de planta (Quadro 22), com valores variáveis de g_i relacionados às linhagens envolvidas (Quadro 22). Os híbridos HD128xPD317, PD620xSD462 e PD412xPF128 apresentaram as mais baixas capacidades específicas de combinação em Cascavel (Quadro 24).

Em Mauá da Serra, os híbridos HD128xPD412, HF001xPF771 e HD733xPF128 foram os que apresentaram maior capacidade específica de combinação para altura de planta (Quadro 24). Já os híbridos HD128xHF001, HD128xHD733 e SF076xPD412 apresentaram valores negativos de capacidade

específica de combinação para altura de planta (Quadro 24). Por último, em Palotina, os híbridos HD733xPD620, HD733xPD412 e HD733xPF128 obtiveram elevada capacidade específica de combinação para altura de planta, ao contrário dos híbridos HD128xHD733, HF001xHD733 e SD462xPD391 (Quadro 24).

Para altura de inserção de espiga (Quadro 24), destacam-se os híbridos DH733xPD412, PF128xPD317 e PF128xPF771, com elevada capacidade específica de combinação em Campo Mourão. Em Cascavel, os híbridos HD128xPD620, HD733xPD317 e PD317xPF771 tiveram destaque por sua elevada capacidade específica de combinação para o caractere altura na inserção de espiga. Em Mauá da Serra, os destaques foram HD128xPF128, SF076xPF128 e PD391xPF128. Em Palotina, os híbridos HF001xSD462, HD733xPD620 e HD733xPD412 destacaram-se por sua capacidade específica de combinação elevada. Em termos negativos, o destaque foi para o híbrido HD128xHD733, com capacidade específica de combinação fortemente negativa nos quatro ambientes (Quadro 24).

No Quadro 25 estão os resultados de capacidade específica de combinação para peso de mil sementes, número de fileiras de grãos por espiga e número de grãos por fileira. Para o peso de mil sementes, destacaram-se os híbridos HD128xPF771 (Campo Mourão e Palotina), HF001xSD462 (Mauá da Serra e Palotina), HF001xPF128 (Mauá da Serra), HD773xPD412 (Campo Mourão), HD733xPD317 (Cascavel), HD733xPF771 (Campo Mourão e Cascavel), SF241xSD462 (Mauá da Serra), SF241xPF128 (Palotina) e PD391xPF771 (Cascavel) (Quadro 25), todos com alta capacidade específica de combinação. Quanto à capacidade específica de combinação negativa, os híbridos HD128xSF076 (Palotina), PD620xPD317 (Mauá da Serra), SD462xPF128 (Cascavel) e PD317xPF771 (Campo Mourão) devem ser destacados (Quadro 25).

Para a características número de fileiras por espiga, os valores extremos de CEC foram detectados nos híbridos, HD128xSF241 (Palotina), HF001xSF241 (Mauá da Serra), HF001xPF771 (Campo Mourão) e HD773xSD462 (Cascavel), todos com elevada capacidade específica de combinação nesses ambientes (Quadro 25). Já os híbridos HD733xPF128 (Palotina), SF076xPF771 (Mauá da Serra), PD412xPF128 (Campo Mourão) e PF128xPF771 (Cascavel) se destacaram por seus valores negativos de capacidade específica nos respectivos ambientes (Quadro 25).

Para a característica número de grãos por fileira, os híbridos HD128xHF001 (Cascavel), HD128xPD391 (Campo Mourão), HF001xPF128 (Mauá da Serra) e

SF076xPD317 (Palotina) (Quadro 25) foram os que apresentaram as maiores estimativas de capacidade específica de combinação nos ambientes nomeados. Por último, tiveram capacidade específica de combinação particularmente negativa os híbridos HD128xPF771 (Cascavel), SF076xPD412 (Campo Mourão), PD620xPD317 (Mauá da Serra) e SD462xPD317 (Palotina) (Quadro 25).

Na análise da capacidade combinatória, é interessante observar que valores positivos de capacidade específica de combinação podem ocorrer em cruzamentos de linhagens com valores relativamente baixos de capacidade geral de combinação, e vice-versa. A situação é ainda mais complicada se houver interação significativa entre as capacidades combinatórias e o ambiente. Na prática, o melhorista deve levar em consideração que o alto rendimento de grãos em híbridos de linhagens pode ser decorrente: 1) do encontro de parentais capazes de produzir gametas favoráveis relativamente semelhantes entre si, caso em que ambos os pais podem ter alta CGC. Nessa situação, é comum que as linhagens tenham grande vigor (baixa depressão endogâmica) e que os híbridos, relativamente homozigotos, manifestem pouca heterose; 2) do encontro de gametas divergentes e complementares entre si, caso em que uma alta capacidade específica de combinação pode responder pelo desempenho favorável do híbrido em questão. Tais considerações serão úteis ao melhorista na avaliação de parentais, de seus híbridos e, obviamente, na escolha das estratégias de melhoramento em seu programa.

5. CONCLUSÕES

- a) as linhagens utilizadas divergem geneticamente entre si nos locos que controlam os caracteres estudados, apresentando resultados promissores para utilização de suas combinações híbridas;
- b) as linhagens apresentaram boa adaptação às diferentes situações ambientais, confirmando os prognósticos prévios de suas respectivas qualidades genéticas;
- c) os híbridos SF076xPD620, HD128xPD620, PD620xPD391, PD391xPF128 e HD128xSF241 apresentaram bom desempenho, participando do grupo dos tratamentos mais produtivos, em todos os quatro ambientes;
- d) as linhagens PD620, PD391 e SF241 se destacaram por seus altos valores de CGC para rendimento de grãos, nos quatro ambientes estudados;
- e) para a capacidade específica de combinação, tiveram destaque as combinações HD128xSF241, HD128xSD462 e HD128xPF771, permitindo inferir que, nos locos que controlam o rendimento de grãos, a linhagem HD128 apresenta alta concentração de genes que, nos híbridos, manifestam efeitos não-aditivos;
- f) a ação gênica não-aditiva foi muito importante para o controle genético do rendimento de grãos.

6. REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A.M.; CARLINI-GARCIA, L.A.; SILVA, A.R.; SANTOS, M.F.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, C.L. Combining ability of inbred lines of maize and stability of their respective single-crosses. **Scientia Agricola**, 60:83-89, 2003.
- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 2. ed. New York: J. Wiley e Sons, 1999. 254p.
- ARAÚJO, P.M. **Variabilidade genética em subpopulações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, 1992. 153p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ARGENTA, G.; SILVA, P.R.F.; SANGOI, L. Arranjo de plantas em milho: análise do estado da arte. **Ciência Rural**, 31:1075-1084, 2001.
- BANZATTO, D.A.; KRONKA, S.N. **Experimentação agrícola**. 4. ed. Jaboticabal: Funep, 2006. 237p.
- BORDALLO, P.N.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JUNIOR, A.T.; GABRIEL, A.P.C. Análise dialéctica de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, 23:123-127, 2005.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2007. 525p.
- BUCKLER, E.S.; STEVENS, N.M. Maize origins, domestication, and selection. In: MOTLEY, T.J.; ZEREGA, N.; CROSS, H. **Darwin's harvest**. New York: Columbia University Press, 2005. p.67-90.
- CARVALHO, A.D.F.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P. Capacidade de combinação de progênies parcialmente endogâmicas obtidas de híbridos comerciais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 3:414-428, 2004.
- CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V.S.; SILVA, S.A. **Condução de população no melhoramento genético de plantas**. Pelotas: Editora Universitária, 2003. 288p.
- CHAVES, L.J. Interação genótipos com ambientes. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C. C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.673-714.
- COCKHERHAN, C.C.; WEIR, B.S. Quadratic analyses of reciprocal crosses. **Biometrics**, 33:187-203, 1977.
- CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.

- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: biometria. Viçosa: UFV, 2006. 382p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, C.S. **Modelos biométricos aplicado ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, C.S. **Modelos biométricos aplicado ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 568p.
- CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análises dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, 12:425-438, 1989.
- DERERA, J.; TONGOONA, P.; PIXLEY, K.V.; VIVEK, B.; LAING, M.D.; RIJ, N.C.V. Gene action controlling Gray leaf spot resistance in Southern African mayzegermoplasm. **Crop Science**, 48:93-98, 2008.
- ENGELSING, M.J.; ROZZETO, D.S.; COIMBRA, J.L.M.; ZANIN, C.G.; GUIDOLIN, A.F. Capacidade de combinação em milho para resistência a *Cercosporazea maydis*. **Revista Ciência Agronômica**, 42:232-241, 2011.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FERREIRA, E.A.; GUIMARÃES, P.S.; SILVA, R.M.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z. Capacidade combinatória de linhagens de milho de germoplasma tropical e temperado e heterose dos híbridos simples. **Revista Biociências**, 1:32-40, 2008.
- GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. **Biometrics**, 22:439-452, 1966.
- GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, 11:419-430, 1988.
- GRIFFING, B.A. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, 9:463-493, 1956.
- GUIMARÃES, P.S. **Desempenho de híbrido simples de milho (*Zeamays L.*) e correlação entre heterose e divergência genética entre as linhagens parentais**. Campinas: 2007. Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 2007. 111p. Dissertação (Mestrado Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia).
- GUIMARÃES, P.S.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; LÜDERS, R.R.; SOUZA, A.P.; LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M. Correlação da heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 42:811-816, 2007.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468p.

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

KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F.; ASSMANN, I.C.; MARCHIORO, V.S.; CRUZ, P.J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em Feijoeiro. **Revista Brasileira de Agrociência**, 7:29-32, 2001.

LEMOS, M.A.; GAMA, E.E.G.; MENEZESI, D.; SANTOS, V.F.; TABOSA, J.N. Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialelo completo. **Horticultura Brasileira**, 20:167-170, 2002.

LOPES, M.A.; LARKINS, B. Endosperm Origin, development, and function. **Plant Cell**, 5:1383-1399, 1993.

MACHADO, J.C. **Estabilidade de produção e da capacidade de combinação em híbridos de milho**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2007. 68p. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

MANGELSDORF, P.C. **Corn, is origem, evolution and Improvement**. Cambridge: Belknap Press, 1974. 262p.

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

MIRANDA, J.E.C.; COSTA, C.P.; CRUZ, C.D. Análise dialélica em pimentão. I: capacidade combinatória. **Revista Brasileira de Genética**, 11:431-440, 1998.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.277-242.

MIRANDA FILHO, J.B.; NASS, L.L. Híbridação no melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.603-627.

OLIVEIRA, A.C.; MORAIS, A.R.; SOUZA JUNIOR, C.L.; GAMA, E.E.G. Análise de Cruzamentos Dialélicos Parciais Repetidos em Vários Ambientes. **Revista Brasileira de Genética**, 10:517-533, 1987.

PAES, M.C.D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**. Sete Lagoas: Embrapa, 2006. 6p. (Comunicado Técnico, n. 75).

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

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento de milho. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p.491-552.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.215-274.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; LÜDERS, R.R.; DUARTE, A.P.; GALLO, P.B.; SAWAZAKI, E. Desempenho de híbridos triplos de milho obtidos de top crosses em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**, 65:597-605, 2006.

PINTO, R.J.B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. 2. ed. Maringá: Eduem, 2009. 351p.

POEHLMAN, J.M. **Breeding field crops**. New York: Henry Holt and Company, 1959. 427p.

PRASANNA, B.M.; VASAL, S.K.; KASSAHUN, B.; SINGH, N.N. Quality protein maize. **Current Science**, 81:1308-1319, 2001.

QUEIRÓZ, M.A. Melhoramento genético no Brasil: realizações e perspectiva. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.1-28.

RAVEN, P.H.; EVERT, R.F.; EICHHORN, S.E. **Biologia vegetal**. 6. ed. Rio de Janeiro: Guanabara-Koogan, 2001. 906p.

RESENDE, D.V.; SOUZA, S.M.; HIGA, A.R.; STEIN, P.P. Estudos da Variação genética e métodos de seleção em teste de progênies de *Acaciamearnsii* no Rio Grande do Sul. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 22/23:45-59, 1991.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M.L.; SILVA, P.R.F.; ARGENTA, G. Bases morfofisiológicas para maior tolerância dos híbridos modernos de milho a altas densidades. **Bragantia**, 61:101-110, 2002.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M.E.A.Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J.C.C.; MIRANDA, G.V. **Tecnologias na produção do milho**. Viçosa: UFV, 2004. p.55-84.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 30:683-685, 1995.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, 30:507-512, 1974.

SILVA, P.R.F.; ARGENTA, G.; REZERA, F. Resposta de híbridos de milho irrigado à densidade de plantas, em três épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 34:585-595, 1999.

SOUZA, L.V.; MIRANDA, G.V.; GALVÃO, J.C.C.; ECKERT, F.R.; MANTOVANI, E.E.; LIMA, R.O.; GUIMARÃES, L.J.M. Genetic control of grain yield and nitrogen use

efficiency in tropical maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 43:1517-1523, 2008.

SOUZA JR., C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: : NASS, L.L; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.159-200.

SOUZA SOBRINHO, F.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, J.C. Divergência genética de alguns híbridos simples em uso no Brasil. In: XXIII CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, Uberlândia, 2000. **Anais...** Uberlândia: SBMS, 2000. p.71.

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

USDA-United States Department of Agriculture. Disponível em: <<http://www.usdabrazil.org.br/home/suppliers-of-us.asp>. 2010>. Acesso em: 03/01/2011.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 278p.