**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

Testadores para a seleção de linhagens de milho-doce

Bruna Mendes de Oliveira

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2016**

Bruna Mendes de Oliveira
Engenheira Agrônomo

Testadores para a seleção de linhagens de milho-doce

Orientador:
Prof. Dr. **ROLAND VENCOVSKY**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2016**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP**

Oliveira, Bruna Mendes de
Testadores para a seleção de linhagens de milho-doce / Bruna Mendes de Oliveira. - -
Piracicaba, 2016.
90 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. *Testcrosses* 2. Variância genética 3. Progresso 4. Correlações 5. Índice de seleção
I. Título

CDD 633.15
O49t

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Aos meus pais, Márcia e João Bosco, com amor
Dedico

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo (ESALQ-USP) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela oportunidade do conhecimento e disponibilidade de estrutura intelectual e física fundamental à realização deste trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos no Brasil e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudos no exterior.

À North Carolina State University (NCSU) pela oportunidade de aprendizado.

Ao orientador e amigo, Prof. Dr. Roland Vencovsky, pelos ensinamentos acadêmicos, profissionais, pessoais e pelo exemplo de humildade. Gostaria também de agradecer pelas brilhantes aulas de biometria, pela agradável convivência diária, pelos incentivos e por acreditar no meu potencial. O Prof. Vencovsky é o melhor exemplo que um aluno pode ter de um grande professor e, além disso, de um grande homem. Tenho muito orgulho por ter sido orientada por esse professor ímpar.

Ao Prof. Dr. Norberto da Silva que nos presenteou e nos desafiou a analisar os dados do programa de melhoramento de milho-doce da Faculdade de Ciências Agrônômicas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), campus de Botucatu-SP.

Aos professores dos departamentos de Genética e de Estatística da ESALQ-USP pelos ensinamentos e contribuições essenciais à minha formação profissional, em especial ao professor José Branco de Miranda Filho. Aos funcionários do departamento de Genética da ESALQ-USP, pela gentileza e eficiência no exercício de suas funções. Agradeço especialmente ao Sr. Antônio, Berdan, Léia e Fernandinho.

Ao Prof. Dr. Major M. Goodman, Wayne Dillard e Dale Dowden por toda gentileza, ensinamentos e acolhida nos Estados Unidos.

Aos meus pais, Márcia e João Bosco, a quem devo tudo que sou, pelos exemplos, sacrifícios, carinho durante toda a minha vida e por me ensinarem que a educação engrandece o ser humano e nunca medirem esforços na minha educação. Às minhas irmãs, Marina e Anna Laura, pelo amor que nos une, pelos bons momentos compartilhados e incentivos constantes. Aos meus avós Pedro, Neném e Vicente, estrelas que moram no céu e iluminam a minha

caminhada. À vó Maria exemplo de trabalho e humildade. Às minhas tias Ana e Neném, e à madrinha Nêga pelo carinho, apoio e por sempre se orgulharem de mim. Ao Fernando, pelo amor, pelos incentivos quando me faltavam forças, por suportar a minha ausência; ao seu lado eu sou uma pessoa melhor. A toda minha família pelas orações e torcida constante.

Aos amigos do laboratório: Bruno Lima, Evandro Tambarussi, Fernando Piotto, Fernando Toledo e Rafael Nalin agradeço carinhosamente a cada um de vocês pelos ótimos momentos compartilhados, levarei para sempre as boas lembranças e o aprendizado que tivemos juntos. Em especial ao amigo Fernando Toledo, agradeço por todos os ensinamentos, desde as aulas iniciais de programação no R até a revisão deste manuscrito; a sua ajuda foi essencial.

À Belisa, à Renatinha e ao Rafael por me fazerem companhia durante a estada nos Estados Unidos. Às minhas amigas de república: Joze, Marina e Carina por terem sido minha família piracicabana. À Camila pela amizade de Viçosa à eternidade. À Carina por ter sido mais que uma amiga, mas uma irmã, pelas horas passadas juntas sonhando “um sonho no caroço do abacate”. Aos amigos da pós-graduação, aos amigos que passaram e aos que deixarei em Piracicaba.

Ao término desta jornada, não poderia deixar de agradecer a Deus, fonte suprema de sabedoria. Obrigada por me abençoar todos os dias, por ter colocado pessoas tão especiais na minha vida e ter proporcionado todas as condições para eu chegar até aqui. Muito obrigada!

“Se enxerguei mais longe foi por estar de pé sobre os ombros de gigantes”
Isaac Newton

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT	13
LISTA DE FIGURAS	15
LISTA DE TABELAS	17
1 INTRODUÇÃO.....	21
2 DESENVOLVIMENTO.....	23
2.1 Revisão Bibliográfica	23
2.1.1 A cultura do milho-doce no Brasil e no mundo	23
2.1.2 Utilização de <i>testcrosses</i> no melhoramento do milho-doce	28
2.1.3 Utilização de correlações e índices de seleção no melhoramento do milho-doce.....	33
2.2 Material e Métodos	36
2.2.1 Obtenção e avaliação dos <i>testcrosses</i>	36
2.2.2 Análises estatístico-genéticas	39
2.2.3 Índice de seleção.....	46
2.3 Resultados e Discussão.....	47
2.3.1 Análises estatístico-genéticas	48
2.3.2 Índice de seleção.....	64
3 CONSIDERAÇÕES FINAIS	67
REFERÊNCIAS	69
ANEXOS.....	75

RESUMO

Testadores para a seleção de linhagens de milho-doce

O milho-doce é um tipo especial de milho, de alto valor nutricional que acumula polissacarídeos solúveis de caráter adocicado no endosperma. O consumo deste vegetal está crescendo no Brasil. Sendo esse um dos maiores países produtores de milho do mundo, há também um enorme potencial de produção de milho-doce. Atualmente, existem 53 cultivares de milho-doce registradas no país, mas apenas uma predomina nas lavouras desta cultura. Nota-se uma demanda por novas cultivares de milho-doce adaptadas às condições tropicais, com altas produtividades e excelente qualidade dos grãos. Há também uma escassez de informações sobre a avaliação e obtenção de cultivares de milho-doce. Os objetivos deste trabalho compreenderam: (i) verificação da viabilidade da utilização de um testador com elevado nível de endogamia e mais selecionado, em relação aos testadores com menores níveis de endogamia e menos selecionados, para obtenção de *testcrosses*; (ii) verificação do progresso realizado nas médias dos *testcrosses*; (iii) estimação das correlações entre a produtividade de espigas e os componentes de produção; (iv) aplicação de um índice de seleção para caracterizar e selecionar os melhores *testcrosses* e (v) verificação da variância genética disponível após a seleção e autofecundação. Foram avaliadas duas populações de milho-doce, em que uma é testadora da outra. Os três tipos de testadores utilizados foram obtidos a partir de uma mistura de linhagens selecionadas da geração anterior, sendo assim eles possuíam duas etapas de seleção e três níveis de endogamia. Visando a seleção de linhagens, 176 *testcrosses* foram avaliados em duas épocas de plantio, em delineamento casualizado em blocos com três repetições. Foram avaliados os caracteres dias para florescimento masculino(FM), altura das plantas(AP), número de espigas comerciais(EC), produtividade das espigas comerciais(PE), comprimento das espigas(CE), diâmetro das espigas(DE) e enchimento de ponta(EP). Foram observadas diferenças significativas entre as médias dos *testcrosses* nas análises de variância individuais e conjuntas. As interações entre *testcrosses* e testadores, nas análises individuais, não apresentaram diferenças significativas, indicando que não houve mudança no ordenamento dos *testcrosses* quando se utilizaram diferentes testadores. Para a mesma interação, nas análises conjuntas foram estimadas as correlações de Spearman, que se mostraram, na grande maioria, significativas, ou seja, foi detectada correlação entre o ranqueamento dos *testcrosses*. Para todos os caracteres avaliados, os *testcrosses* exibiram médias iguais ou superiores à melhor testemunha. Não houve evidências claras da diminuição da variância genética dos *testcrosses* quando foram utilizados testadores mais endogâmicos e mais selecionados. O testador com endogamia equivalente à das linhagens testadas e mais selecionado mostrou-se tão eficiente quanto os testadores com endogamia menor e menos selecionado. Foram observados valores consideráveis para os progressos realizados nas médias dos *testcrosses*, na maioria superiores a 1%, quando a seleção se deu nos testadores e nas linhagens, destacando que a utilização de testadores selecionados maximiza as médias dos *testcrosses*. Observaram-se correlações genéticas positivas ($r_G \geq 0,556$) entre a produtividade de espigas comerciais e os caracteres EC, CE, DE e EP. O índice utilizado classificou os *testcrosses* em relação a todos os caracteres avaliados simultaneamente e permitiu a seleção dos melhores.

Palavras-chave: *Testcrosses*; Variância genética; Progresso; Correlações; Índice de seleção

ABSTRACT

Testers for selection of sweet corn inbred lines

Sweet corn is a special type of corn, with high nutritional value, which accumulates soluble polysaccharides in the endosperm, so it is sweeter than other types of corn. The consumption of sweet corn is increasing in Brazil. Being one of the major producers of corn in the world, there is also an enormous potential for the production of sweet corn. Currently, there are 53 sweet corn varieties registered in the country, but only one prevails in crops of this species. There is a demand for new varieties adapted to tropical conditions with high grain yield and superior grain quality. Additionally, there is not enough information about evaluation and development of sweet corn varieties for the Brazilian conditions. The goals of this project were: (i) to verify the feasibility of using a tester with high level of inbreeding and more selected in relation to testers with lower levels of inbreeding and less selected to obtain testcrosses; (ii) to verify the improvement of the testcross means; (iii) to estimate correlations between ear yield and production components; (iv) to apply a selection index to rank and select the best testcrosses and (v) to verify the genetic variance available after selection and selfing in the testcrosses. Two populations, where one was the tester of the other, were evaluated. In each cycle of selection testers were obtained from a mixture of selected inbred lines of the previous generation, leading to two levels of selection and three levels of inbreeding. For selection of inbred lines, 176 testcrosses were evaluated in two seasons, in randomized completed blocks with three replications. The traits days to male flowering (FM), plant height (AP), number of commercial ears (EC), ear yield (PE), ear length (CE), ear diameter (DE) and tip fill (EP) were evaluated. There were significant differences between testcross in the individual and the combined analysis of variance. Interactions between testcrosses and testers, from the individual analysis, in general, were not significant, indicating no change in the ranking of testcrosses when using different testers. For this interaction, from the joint analysis, Spearman's rank correlations were estimated and showed significance in most cases. For all variables, the testcross means were either equal to or greater than the best control. The level of selection underlying the constitution of a tester did not affect the genetic variance among testcrosses. The tester stemming from more selected inbred lines was as good as testers derived from less selected lines. There was progress in the testcross means, generally higher than 1%; the use of selected testers maximized testcross means. Positive genetic correlations ($r_G \geq 0.556$) were detected between ear yield and EC, CE, DE and EP traits. The selection index ranked the testcrosses for all traits evaluated simultaneously and allowed selecting the superior ones.

Keywords: Testcrosses; Genetic variance; Progress; Correlations; Selection index

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação esquemática da obtenção das linhagens das populações “A” e “B”	37
Figura 2 - Representação dos quatro tipos de experimentos para obtenção dos <i>testcrosses</i>	38
Figura 3 - Representação dos tamanhos efetivos populacionais ao longo das quatro gerações das quais foram selecionados as linhagens e os testadores que originaram os <i>testcrosses</i>	61

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 - Esquema da análise de variância individual com as esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação, a orientação do teste F e as decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*, experimentos 3 (AxB) e 4 (BxA) 40
- Tabela 2 - Esquema da análise de variância conjunta com as esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação, a orientação do teste F e as decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*, experimentos 3 (AxB) e 4 (BxA) 42
- Tabela 3 - Correlações de Spearman entre os *testcrosses* e o respectivo p-valor, na média das duas épocas de plantio, dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012..... 51
- Tabela 4 - Ganhos esperados com a seleção nos experimentos 1 e 2. $GS_{1,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 1, $GS_{1,\bar{1}2}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 1, $GS_{1,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época 1, $GS_{2,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época 2, $GS_{2,\bar{1}2}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 2, $GS_{2,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 2, dos caracteres florescimento masculino (FM), produtividade das espigas comerciais (PE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP). Os valores entre parênteses representam o ganho percentual em relação à média inicial do caráter. São Manuel, SP, Brasil, 2012 53
- Tabela 5 - Ganhos esperados com a seleção nos experimentos do tipo 3 e 4. $GS_{1,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 1, $GS_{1,\bar{1}2}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 1, $GS_{1,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época 1, $GS_{2,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época

2, $GS_{2,\overline{12}}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 2, $GS_{2,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 2, para os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE) e enchimento de ponta (EP). Os valores entre parênteses representam o ganho percentual em relação à média inicial do caráter. São Manuel, SP, Brasil, 2012.....54

Tabela 6 - Correlações de Spearman entre as duas épocas de plantio e o respectivo p-valor, para os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 201255

Tabela 7 - Média dos *testcrosses* oriundos do testador 1 ($\overline{F}_{T_1}$), do testador 2 ($\overline{F}_{T_2}$) e do testador 3 ($\overline{F}_{T_3}$); p-valor da fonte de variação testadores da anova conjunta; média do melhor *testcross* oriundo do testador 1 ($F_{T_1}^+$), do testador 2 ($F_{T_2}^+$) e do testador 3 ($F_{T_3}^+$); melhor média nas testemunhas (C^+), média de todas as testemunhas ($\overline{C}$) e da testemunha Tropical Plus®. Médias seguidas pela mesma letra não diferem da testemunha Tropical Plus® (Teste de Dunnett, 5% de probabilidade), considerando as duas épocas de plantio, dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012.....56

Tabela 8 - Número de *testcrosses* com média igual ou melhor que a melhor testemunha (Tropical Plus®), segundo o teste de Dunnett, a 5% de probabilidade, considerando as duas épocas de plantio, em relação aos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012 57

- Tabela 9 - Estimativas das variâncias genéticas dos *testcrosses* ($\hat{\sigma}_{F/Tn}^2$) dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 201258
- Tabela 10 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 3 (AxB), São Manuel, SP, Brasil, 2012..... 59
- Tabela 11 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 4 (BxA), São Manuel, SP, Brasil, 2012..... 60
- Tabela 12 - Estimativas dos progressos realizados do lado feminino, na média das duas épocas de plantio, nos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012..... 62
- Tabela 13 - Estimativas dos progressos realizados do lado masculino, na média das duas épocas de plantio, nos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012 63
- Tabela 14 - Médias dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE),

comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), nos cruzamentos recíprocos entre as populações “A” e “B”. São Manuel, SP, Brasil, 201263

Tabela 15 - Médias dos *testcrosses* e ganho esperado no caráter j , na seleção de cinco *testcrosses* praticada com base no índice ($R_{j(i)}$) nos caracteres número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 3(AxB), São Manuel, SP, Brasil, 2012.....64

Tabela 16 - Médias dos *testcrosses* e ganho esperado no caráter j , na seleção de cinco *testcrosses* praticada com base no índice ($R_{j(i)}$) nos caracteres número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 4(BxA), São Manuel, SP, Brasil, 2012.....65

1 INTRODUÇÃO

O milho-doce (*Zea mays* L.) é um tipo de milho utilizado especificamente para o consumo humano. A principal característica que diferencia o milho-doce dos demais tipos de milho é a presença de alelos que aumentam o acúmulo de açúcares solúveis no endosperma, conferindo o caráter doce (TRACY, 2001).

O milho-doce possui uma ampla versatilidade de uso, o que agrega valor ao produto. Além de ser comercializado em conserva, ele pode ser congelado, consumido *in natura*, colhido antes da polinização e usado como minimilho e ainda a palhada da cultura pode ser utilizada para ensilagem. O milho-doce é considerado uma hortaliça em virtude do seu tempo de permanência no campo, em torno de 90 dias no verão e 100 dias no inverno (TSUNECHIRO et al., 2008) e por ser colhido com um alto teor de umidade (KAUKIS; DAVIS, 1986). Em razão de ser uma hortaliça, as lavouras devem estar situadas o mais próximo possível das indústrias de processamento ou do mercado consumidor do milho *in natura*.

O Brasil, como um grande produtor de milho comum, apresenta grande potencial para a produção de milho-doce. Entretanto, um dos fatores que contribuem para que o consumo dessa hortaliça no país não seja muito expressivo é a pequena quantidade de genótipos adaptados para condições tropicais, bem como o reduzido número de cultivares disponíveis para comercialização. Atualmente o híbrido com maior importância comercial disponível no mercado brasileiro é o ‘Tropical Plus®’ desenvolvido pela Syngenta.

Embora não se disponha de informações recentes sobre a produção de milho-doce no Brasil, sabe-se que sua produção vem crescendo. Visando suprir a carência de cultivares, as empresas de melhoramento genético estão trabalhando na obtenção de cultivares de milho-doce que atendam às características exigidas pelo mercado, tanto para consumo *in natura* quanto para a indústria que processa o produto, e adaptadas às condições brasileiras. Ressalta-se também, o aumento de estabelecimentos que comercializam o milho-doce *in natura* e seus derivados. Devido ao aumento do consumo desta hortaliça, alguns agricultores estão iniciando ou expandindo suas áreas de produção de milho-doce (TSUNECHIRO et al., 2008).

No melhoramento de milho-doce, assim como no milho comum, além da obtenção de linhagens com desempenho *per se* satisfatório para a produção comercial de híbridos, os melhoristas devem preocupar-se com a avaliação dessas linhagens em combinações híbridas (HALLAUER et al., 1988). No esquema dos cruzamentos *topcrosses*, todas as linhagens

(genótipos) de um determinado conjunto (fixo ou aleatório) são cruzadas com um mesmo testador e o seu valor genético é determinado com base em contrastes de médias quantitativas. Atualmente, o esquema *topcross* é amplamente utilizado em programas de melhoramento (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001).

A escolha do testador é outro desafio para o melhorista. O objetivo é encontrar um testador que forneça a melhor discriminação entre os genótipos de acordo com os propósitos da seleção (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). O melhor testador deve ser de fácil utilização, classificar corretamente as linhagens e ainda maximizar os ganhos genéticos (HALLAUER, 1975). Existem dúvidas em relação à utilização de testadores elite ou de linhagens menos selecionadas; testadores com elevados níveis de endogamia ou menos endogâmicos; se o cruzamento *topcross* deve ser realizado durante as primeiras gerações de autofecundação ou quando as linhagens estiverem próximas da homozigotidade.

Diante da crescente demanda por cultivares de milho-doce que reúnam as características requeridas pelos agricultores, indústrias e consumidores, e também da busca constante por um testador ideal para ser utilizado nos esquemas *topcrosses* dos programas de melhoramento faz-se necessária a reunião de informações a respeito da utilização de testadores, da obtenção de cultivares de milho-doce e também de estudos genéticos dos caracteres envolvidos na produção. Diante disso, o presente estudo teve como objetivos: (i) verificar a viabilidade da utilização de um testador com elevado nível de seleção e de endogamia, em relação aos testadores de gerações anteriores, para obtenção de *testcrosses*; ii) verificar qual o progresso realizado nas médias dos *testcrosses*; iii) estimar as correlações entre a produtividade de espigas e os componentes de produção; iv) aplicar um índice de seleção para caracterizar e selecionar os melhores *testcrosses*; e v) verificar o efeito da endogamia e da seleção na variância genética disponível para a seleção.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 A cultura do milho-doce no Brasil e no mundo

O milho-doce, considerado como hortaliça, é um tipo especial de milho, de alto valor nutricional (OLIVEIRA JR; PEREIRA; BRESSAN-SMITH, 2006). Não se trata de uma raça de milho ou uma subespécie dentro da espécie *Zea mays* (L.). O que o diferencia dos demais milhos é a presença de um ou mais alelos que limitam a biossíntese de amido, causando o acúmulo de açúcares e de polissacarídeos solúveis em água que conferem o caráter adocicado ao endosperma (TRACY, 2001).

A origem do milho-doce é baseada em duas hipóteses: uma delas acredita que esse teve origem no período pré-colombiano, nas Américas Central e do Sul (HENDRY, 1930); a outra considera que a origem do milho-doce é relativamente recente, a partir de uma mutação no milho comum que gerou o alelo *sugary1* (*su1*). A primeira hipótese acredita que o milho-doce é derivado de duas raças pré-colombianas: a *Chullpi*, encontrada principalmente no Peru, Chile e Argentina e a *Maiz Dulce*, encontrada no México; acredita-se que essas duas raças estão relacionadas (TRACY, 2001). Conforme Erwin (1951), a segunda hipótese é mais consistente devido à ausência de registros arqueológicos de milho-doce na era pré-colombiana; a observação de mutantes *su1* em lavouras de milho comum e a ausência de registros escritos sobre o milho-doce, nos Estados Unidos, antes do século XIX.

Vários são os alelos mutantes conhecidos em milho que afetam o desenvolvimento do endosperma (COE; NEUFFER; HOISINGTON, 1988). A maioria dos mutantes usados em milho-doce aumenta o conteúdo de açúcares e de polissacarídeos solúveis e diminuem o de amido. Apenas oito desses são usados comercialmente, são eles: *shrunk* (*sh2*), localizado no cromossomo 3; *sugary1* (*su1*) e *brittle2* (*bt2*), ambos no cromossomo 4; *sugary enhancer1* (*se1*), no cromossomo 2; *brittle1* (*bt1*) e *amylose-extender1* (*ae1*), no cromossomo 5; *dull1* (*du1*), no cromossomo 1 e o *waxy1* (*wx1*), no cromossomo 9 (TRACY, 2001). Os híbridos de milho-doce podem conter esses alelos em combinações simples, duplas ou triplas.

Esses alelos são separados em dois grupos de acordo com as alterações que eles provocam na composição do endosperma (BOYER; SHANNON, 1983). O grupo dos super doce inclui os alelos *bt1*, *bt2* e *sh2* que conferem alto acúmulo de sacarose e baixo teor de amido. Devido à essas características, as cultivares devem conter apenas um tipo de alelo do

grupo super doce (TRACY, 2001). Os alelos *ae1*, *du1*, *se1*, *su1*, *wx1* pertencem ao grupo doce e são responsáveis por endospermas com menores teores de açúcares, quando comparados com o grupo super doce e maiores teores de polissacarídeos solúveis em água (SCHULTZ; JUVIK, 2004). Os alelos pertencentes ao grupo doce não devem ser utilizados isoladamente; recomenda-se a utilização em combinações duplas ou triplas.

Existem diversas possibilidades de combinação desses alelos nas cultivares comerciais de milho-doce, de acordo com os interesses dos melhoristas. Atualmente, o mais utilizado é o *sh2* (SOLOMON; MARTIN; ZEPPA, 2012) tanto para o consumo fresco quanto para o consumo processado.

As cultivares com o alelo mutante *su1* contém cerca de duas vezes mais açúcar, principalmente a sacarose, em relação ao milho comum e de oito a dez vezes mais polissacarídeos solúveis em água. O mutante *sh2* tem o dobro de açúcares em relação ao *su1* e quase não contém polissacarídeos solúveis em água (STORCK; LOVATO, 1991). Esses alelos são capazes de bloquear a conversão dos açúcares em amido, no endosperma, gerando um maior acúmulo de sacarose, glicose, frutose e de polissacarídeos solúveis em água, principalmente o fitoglicogênio. Sendo esse último altamente ramificado e acumulado em quantidades significativas no endosperma do milho-doce (SOUSA; PAES; TEIXEIRA, 2012).

Esses alelos além de conferirem o caráter doce ao endosperma também afetam todos os estádios de crescimento e desenvolvimento das plantas, provocando mudanças na aparência das plantas e das espigas, na viabilidade das sementes e nas características da espiga como: sabor, textura e espessura do pericarpo (TRACY, 2001).

A doçura e o aroma são componentes do sabor do milho-doce. Sendo que a doçura faz com que o consumidor facilmente reporte-se que ele está consumindo o milho-doce. O aroma do milho-doce, principalmente aquele que é liberado durante o cozimento, também é um componente do sabor. Ao todo foram identificados sete componentes responsáveis pelo aroma característico do milho cozido, sendo o dimetil sulfeto o principal deles. Muitos desses componentes são considerados repulsivos em seu estado puro, mas em combinação produzem esse aroma característico. Durante o melhoramento do milho-doce recomenda-se a realização de análises sensoriais para caracterização e seleção do sabor dos grãos dos genótipos avaliados. (FLORA; WILEY, 1974).

A textura do milho-doce é determinada pela resistência do pericarpo à mastigação e é negativamente correlacionada com a espessura do pericarpo; à medida que o pericarpo se torna menos espesso ele se torna também mais macio (ITO; BREWBAKER, 1981). Esse é considerado um fator primário na determinação da qualidade do milho-doce. Todas as

cultivares de milho-doce apresentam um espessamento do pericarpo ao longo da maturação, porém a taxa de espessamento depende da cultivar. Algumas cultivares possuem pericarpo mais tenro que outras (SCAPIM, 1994).

A fina espessura do pericarpo é uma característica das sementes de milho-doce (TRACY, 2001). Ito e Brewbaker (1991) compararam 85 raças de milho e observaram que a espessura do pericarpo do milho-doce variou de 35µm a 55µm enquanto em milho comum a espessura variou de 36µm a 124µm. Devido à espessura mais fina, a semente do milho-doce fica mais suscetível ao ataque de patógenos, aos danos mecânicos, e, possivelmente, aos danos térmicos durante a secagem (ARAUJO; CORREA; SILVA, 2001). Ao longo dos anos a seleção realizada nos genótipos de milho-doce diminuiu a espessura do pericarpo, no entanto, houve um aumento no tamanho das células de aleurona. Isso indica que a espessura da aleurona compensa, em parte, o fino pericarpo, formando uma camada protetora (TRACY, W. F., CHANDRAVADANA, P., GALINAT, 1978).

O endosperma do milho-doce pode ser amarelo, branco ou bicolor (25% dos grãos na espiga brancos e 75% amarelos). As cultivares melhoradas, geralmente, não possuem pigmentação no pericarpo e na camada de aleurona. O consumidor associa a coloração do grão de milho-doce ao seu grau de maturidade. A cor amarela mais clara é preferida pelo consumidor e está associada aos grãos novos e macios. Já a cor amarela mais escura, tendendo para alaranjada, é associada aos grãos duros, inapropriados para o consumo (BARBIERI, 2010; TRACY, 2001).

As cultivares do tipo super doce são as mais plantadas em todo o mundo, contudo elas apresentam baixa germinação e reduzido estande de plantas quando comparadas com cultivares de milho comum, principalmente em regiões com solos frios (ADETIMIRIN, 2008). As causas para esses problemas são fatores genéticos e condições ambientais durante a produção das sementes e o plantio. O peso das sementes *sh2* equivale de 33 a 50% do peso das sementes *su1* e esse peso está diretamente correlacionado com a porcentagem de germinação. A redução no peso das sementes é devido à redução do teor de amido no endosperma do milho-doce (SCHMIDT; TRACY, 1988; STYER; CANTLIFFE, 1983).

No Brasil, as empresas produtoras de sementes realizam a colheita no período do outono e inverno para evitar as altas precipitações e temperaturas. No entanto, a semeadura e a demanda por sementes se dá ao longo de todo o ano, visando atender a indústria que processa o milho-doce em todos os meses do ano (COIMBRA et al., 2009). Consequentemente, a obtenção de cultivares com boas taxas de germinação é crucial para o sucesso da lavoura de milho-doce.

Em razão de o milho-doce ser classificado como uma hortaliça e em alguns casos ser consumido na própria espiga, vários caracteres, que possuem uma importância relativamente pequena em milho comum, passam a ter um lugar de destaque. Esses caracteres são o número de fileiras de grãos; a disposição das fileiras na espiga; o enchimento de ponta; a largura e o comprimento do grão; o tamanho e o formato da espiga (TRACY, 2001). No Brasil, a espiga do milho-doce, para ter boa aceitação, deve ser cilíndrica, com tamanho em torno de 20 cm, possuir 16 ou mais fileiras de grãos, sendo essas retilíneas, os grãos devem ser profundos e o pericarpo deve ter acima de 45µm de espessura (PEREIRA FILHO; CRUZ; GAMA, 2002).

Recomenda-se realizar a colheita do milho-doce quando os grãos estejam com 70 a 80% de umidade, estágio conhecido como R3 ou de grão leitoso. Esse período inicia-se cerca de 20 a 28 dias após o florescimento. Normalmente nas cultivares de milho-doce os grãos têm um endurecimento relativamente lento, possibilitando um período de colheita mais longo (OLIVEIRA JR; PEREIRA; BRESSAN-SMITH, 2006). Se o milho-doce permite ao agricultor maior flexibilidade na decisão de quando iniciar a colheita, por outro lado, a espiga, após a colheita, deve ser utilizada o mais rápido possível. O conteúdo de açúcar muda rapidamente nas primeiras horas após a colheita. Essa diminuição no teor de açúcar se dá tanto pela respiração celular quanto pela transformação desses açúcares em amido, um processo que é diretamente proporcional à temperatura (PARENTONI; GAMA, 1992).

Após a colheita, a palhada da lavoura de milho-doce pode ser utilizada para fazer silagem destinada à alimentação dos animais. O resíduo da indústria de processamento, ou seja, as palhas, os sabugos e algumas espigas também podem ser utilizadas para ensilagem. A silagem proveniente desse material tem um menor teor de proteínas quando comparada à silagem de milho comum (LAUER, 1995). No entanto, essa é uma boa alternativa para aumentar a renda do produtor de milho-doce.

O milho-doce pode ser consumido *in natura*, na forma de espigas frescas, ou processado na forma de grãos enlatados, grãos congelados e conservas de minimilho (colhido antes da polinização). A indústria requer cultivares que sejam uniformes quanto à maturação, tamanho e formato das espigas (KWIATKOWSKI; CLEMENTE, 2007) e que apresentem rendimento acima de 30%, ou seja, para cada 100 kg de espigas empalhadas, o rendimento deverá ser de 30 kg de grãos processados (PEREIRA FILHO; CRUZ; GAMA, 2002). Em relação ao mercado consumidor de milho-doce *in natura*, os caracteres mais exigidos são a coloração amarelo claro brilhante e o pericarpo fino (TRACY, 2001).

O milho-doce é uma das hortaliças mais populares nos Estados Unidos e no Canadá, sendo esses os maiores produtores mundiais. O consumo dessa hortaliça vem crescendo em

várias partes do mundo. Também se destacam como produtores de milho-doce para o consumo processado o Japão, a Europa Meridional, a Tailândia, a Austrália, a Nova Zelândia e países da América do Sul. Para o consumo fresco sobressaem-se o Japão, Taiwan e a Coreia (TRACY, 2001). Os Estados Unidos cultivaram cerca de 252 mil ha de milho-doce em 2007, sendo que 60% dessas lavouras produziram milho-doce para abastecer as indústrias e 40% para o consumo *in natura* (UNITED STATES DEPARTAMENT OF AGRICULTURAL, 2007).

O Brasil cultiva 36 mil ha de milho-doce, onde quase 100% da produção é destinada à indústria (BARBIERI et al., 2005). Existe uma carência de informações quantitativas precisas no que tange à cultura do milho-doce, uma vez que o mercado para o consumo *in natura* no país é abastecido por milho comum colhido no estágio de milho verde, ou seja, quando os grãos das espigas possuem de 70 a 80% de teor de água. Segundo dados do Censo Agropecuário de 2006 (IBGE, 2006) o Brasil produz 268 mil toneladas de milho verde por ano, porém a agência não informa se foram consideradas apenas variedades de milho-doce ou milho comum no estágio verde.

No sistema de produção do milho-doce, geralmente, acontece uma integração entre os agricultores e as indústrias de processamento. Aproximadamente 90% da produção de milho-doce no Brasil encontra-se no estado de Goiás. Essa região possui condições climáticas que favorecem o cultivo da hortaliça durante o ano todo, permitindo com isso a instalação de indústrias para o processamento do produto. Com a produção distribuída ao longo de todo o ano, as indústrias possuem estruturas menores quando comparadas às estruturas das indústrias de regiões de clima temperado, que recebem um grande volume de matéria-prima em um curto período de tempo (BARBIERI, 2010).

As produtividades do milho-doce, destinado à indústria, estão em torno de 13 toneladas por hectare (BARBIERI, 2010) e 35000 espigas por hectare; o que ainda é bastante inferior às produtividades observadas nos Estados Unidos, que estão em torno de 18 toneladas por hectare (USDA, 2007). Além disso, a qualidade do milho-doce brasileiro é inferior à do milho-doce produzido nos Estados Unidos, principalmente por possuir um sabor menos adocicado.

Atualmente, existem 53 cultivares de milho-doce registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) (RNC - Registro Nacional de Cultivares, 2015). Entretanto, apenas uma cultivar predomina nas lavouras de milho-doce: a ‘Tropical Plus®’ da empresa Syngenta. Acredita-se que o pouco conhecimento por parte dos consumidores e dos agricultores a respeito do milho-doce e a

pequena disponibilidade de cultivares, sejam as causas do cultivo restrito.

O melhoramento genético do milho-doce pode ser dividido em duas formas de ação: *i*) introduzir o caráter doce (monogênico recessivo) em um material de endosperma normal e já utilizado comercialmente; ou *ii*) utilizar o germoplasma doce na rotina de um programa de melhoramento. A maioria dos programas de melhoramento de milho-doce adotam a segunda conduta, ou seja, usam o germoplasma de milho-doce como a base do programa (PARENTONI; GAMA, 1992).

A formação das populações-base de onde serão obtidas as cultivares é uma importante etapa em um programa de melhoramento. Em milho, as populações são separadas em grupos heteróticos distintos para permitir a exploração da heterose de forma eficiente. Neste sentido, as populações-base são formadas dentro de cada grupo heterótico e quando as linhagens derivadas de um grupo heterótico são cruzadas com linhagens de outro grupo heterótico para se produzir híbridos ou *testcrosses*, consegue-se explorar maiores níveis de heterose (BERNARDO, 2010; SOUZA JUNIOR, 2001). O milho-doce não possui grupos heteróticos bem definidos quando comparado ao milho comum. Neste caso, para a escolha dos testadores, deve-se levar em consideração a expectativa em relação ao novo híbrido e a alta capacidade geral de combinação.

Durante a condução das populações segregantes no melhoramento de milho-doce, a seleção para os caracteres como o sabor, textura, maciez, formato da espiga, número de fileiras de grãos, cor e formato dos grãos pode ser feita durante as gerações de autofecundação devido aos altos valores de herdabilidade e à natureza aditiva da base genética desses caracteres. Por outro lado, vários caracteres, incluindo os relacionados à produtividade, são fortemente afetados pela heterose, devendo, por isso, ser avaliados por meio de cruzamentos *topcrosses* (TRACY, 2001).

A maior dificuldade encontrada pelos melhoristas de milho não é a obtenção de linhagens com desempenho *per se* satisfatório para a produção comercial de híbridos, mas sim a avaliação dessas linhagens em combinações híbridas (HALLAUER; RUSSEL; LAMKEY, 1988). Por meio dos cruzamentos dialélicos o melhorista obtém informações a respeito da capacidade combinatória das linhagens genitoras e o desempenho de seus híbridos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Contudo a praticidade dos dialelos é reduzida quando se deseja avaliar um grande número de linhagens. Assim sendo, os melhoristas devem avaliar a capacidade de combinação relativa das linhagens, ou seja, utilizando um ou poucos testadores.

2.1.2 Utilização de *testcrosses* no melhoramento do milho-doce

A possibilidade de utilização de cultivares híbridas de milho foi descrita por Shull (1908, 1909, 1910). Com base em resultados experimentais, ele estabeleceu os princípios fundamentais para o desenvolvimento de híbridos a partir de linhagens endogâmicas obtidas por meio de autofecundações (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001). Todavia, o baixo vigor das linhagens e a produção de quantidades reduzidas de sementes híbridas, onerava o custo de produção, dificultando a utilização de híbridos simples (HALLAUER, 1990). Mais tarde, Jones (1918) sugeriu a utilização de híbridos duplos a partir de híbridos simples, eliminando assim, o problema de produção da semente híbrida. Por volta de 1930, foram desenvolvidos os primeiros híbridos duplos, que eram mais produtivos e passaram a ser utilizados pelos agricultores (HALLAUER, 1990). Atualmente, os mais modernos programas de melhoramento ainda utilizam os princípios básicos do desenvolvimento dos híbridos.

Como a utilização final das linhagens é em combinações híbridas, torna-se necessária a avaliação do desempenho dessas linhagens em cruzamentos (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001). Inicialmente, as linhagens elite eram avaliadas em todas as combinações possíveis visando a identificação dos híbridos mais promissores. No entanto, tornou-se inviável a utilização desse procedimento devido à grande dimensão dos programas de melhoramento, surgindo assim, alternativas para facilitar os testes de avaliação do valor genético das linhagens (HALLAUER, 1990). Juntamente com o desenvolvimento dos híbridos, foram desenvolvidas metodologias para a avaliação do valor genético de linhagens ou genótipos, sendo o cruzamento *topcross* uma dessas (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001).

Davis (1927) propôs a utilização de cruzamentos *topcrosses*, um tipo de teste de progênie, para avaliar a capacidade de combinação de linhagens em um programa de melhoramento de milho. Em 1932, Jenkins e Brunson (1932) relataram a ampla utilização de cruzamentos *topcrosses* em programas de melhoramento. O esquema *topcross* no melhoramento do milho tem como objetivos a avaliação da capacidade de combinação de linhagens em um programa visando a obtenção de híbridos ou avaliação do valor genético dos genótipos ou linhagens para a melhoria da população (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Esse esquema difundiu-se rapidamente e atualmente é utilizado como um processo padrão em programas de melhoramento (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001).

De acordo com o esquema *topcross*, todas as linhagens ou genótipos de um determinado conjunto, seja esse fixo ou aleatório, são cruzados com um mesmo testador e o seu valor genético é determinado com base em contrastes de médias de caracteres quantitativos (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001). Quando se realiza um cruzamento

topcross, o genótipo resultante desse cruzamento é conhecido como *testcross*. No cruzamento *topcross* as linhagens ou genótipos não são comparados em seus próprios valores genotípicos, ou seja, em seus desempenhos *per se*, mas sim na performance quando cruzado, em um *testcross*. Logo, a média do *testcross* é uma função das frequências alélicas do material que está sendo cruzado, assim como das frequências alélicas do testador. Em outras palavras, testadores diferentes para um mesmo material levam a diferentes médias dos *testcrosses* (BERNARDO, 2010).

A escolha do testador é outro desafio para o melhorista. Neste sentido, alguns aspectos devem ser considerados: a base genética do testador (ampla ou estreita); o grau de parentesco com o material avaliado (aparentado ou não); valor genético intrínseco (padrão elevado ou inferior) (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001). O objetivo é encontrar um testador que forneça a melhor discriminação entre os genótipos de acordo com os propósitos da seleção (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Conforme Hull (1945) o melhor testador é aquele com maior frequência de alelos recessivos, pois conduz a uma maior variância entre os híbridos, ou seja, com melhor poder de discriminação entre os genótipos, por outro lado, conduz também a uma menor média. Rawlings e Thompson (1962) definiram como testador mais eficiente o que classifica corretamente o desempenho relativo das linhagens e discrimina eficientemente as linhagens que estão sendo testadas. Segundo Hallauer (1975) o melhor testador deve ser de fácil utilização, classificar corretamente as linhagens e ainda maximizar os ganhos genéticos.

Para auxiliar na discriminação entre os genótipos é preciso estimar a variância entre os *testcrosses*. Deste modo, para um único loco e para um testador específico, a variância entre os *testcrosses* é estimada por $\hat{\sigma}_t^2 = (1/2)p(1-p)(1+F)[a + (1-2t)d]^2$, sendo: p e F a frequência do alelo favorável e o coeficiente de endogamia na população base; t a frequência do alelo favorável no testador; a os desvios do homozigoto em relação à média; d os desvios do heterozigoto em relação à média (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Ao referir-se à variância genética entre *testcrosses*, é importante ressaltar que se trata de uma amostra aleatória representativa de uma população de referência (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001).

A variância genética do testador com frequência alélica $t=0$ será sempre crescente com a dominância permitindo, assim, discriminar os *testcrosses* avaliados. A variância genética é constante quando a frequência alélica for $t=0,5$; logo, o testador não influencia na discriminação dos *testcrosses*. Para a frequência alélica $t=1$, a variância genética é

$\hat{\sigma}_t^2 = 0$, em casos de dominância completa, e $\hat{\sigma}_t^2 = 1$ quando os níveis de dominância são 0 ou 2 (RAWLINGS; THOMPSON, 1962).

A variância genética entre *testcrosses* considerando vários locos é estimada por $\hat{\sigma}_t^2 = (1/2)(1+F)\sum_{i,j} p_i p_j (\alpha_{it})^2$, sendo p_i a frequência do i -ésimo alelo favorável na população; p_j a frequência do j -ésimo alelo favorável na população; α_{it} o efeito médio de substituição alélica no testador e F é o coeficiente de endogamia da população base (SMITH, 1986).

Bernardo (2010), considerando vários locos simultaneamente, comparou dois testadores, sendo esses oriundos de grupos heteróticos que se complementavam, no entanto, um testador era considerado elite e o outro possuía todos os alelos desfavoráveis fixados. Ambos originaram *testcrosses* com a mesma variância, porém os *testcrosses* do testador elite apresentaram maior média. Sendo assim, o autor recomenda a utilização de testadores elites para maximizar a média e a variância dos *testcrosses*.

Comstock (1964) analisou as mudanças nas frequências dos alelos favoráveis na população (Δp) depois da seleção entre *testcrosses*. Neste esquema, foram consideradas as médias dos *testcrosses* como unidade de seleção e sementes S_1 , obtidas por autofecundação da planta-mãe, como unidade de recombinação. Mostrou-se que Δp será proporcional ao efeito médio de substituição alélica na população base $\alpha_1 = a + (1-2p)d$, se a própria população for usada como testador ou Δp será proporcional a $\alpha_2 = a + (1-2t)d = \alpha_1 + 2(p-t)d$ se o testador não for relacionado à população base. O uso de um testador não relacionado terá vantagem quando a frequência alélica no testador for menor do que na população. A importância de um loco está relacionada à sua contribuição para o fenótipo, ou seja, um loco importante é aquele em que uma pequena alteração na frequência alélica resulta em uma mudança expressiva no fenótipo base (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001).

A alteração nas frequências alélicas como resultado da seleção entre *testcrosses* influencia diretamente o ganho por seleção (SOUZA JÚNIOR; GORGULHO, 2001). Allisson e Curnow (1966) estudaram esses efeitos na seleção e desenvolveram estimadores apropriados para expressar o ganho por seleção entre *testcrosses*: $GS = k / 2\sigma_{\bar{T}} [\sigma_A^2 - 4p(1-p)\alpha_1(t-p)d]$, sendo k a intensidade de genótipos selecionados; $\sigma_{\bar{T}}$ o desvio padrão fenotípico entre médias de *testcrosses*; σ_A^2 a variância genética aditiva na população base; p e t as frequências dos alelos favoráveis na população base e no testador, respectivamente; e α_1 o efeito médio de substituição alélica na população base. Os autores concluíram que para qualquer caso de grau

médio de dominância o melhor testador é o homozigoto recessivo. No entanto, a probabilidade de encontrar um genótipo homozigoto para todos os locos é ínfima. Sendo assim, os melhoristas devem buscar uma linhagem homozigótica recessiva ao menos para os locos mais importantes ou uma cultivar com baixa frequência alélica para os locos mais importantes (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Na maioria dos programas de melhoramento de milho-doce, os testadores são linhagens elite. Uma vez que muitos caracteres importantes para o milho-doce são recessivos, um testador recessivo para esses caracteres irá discriminar os genótipos das linhagens e ao mesmo tempo resultará em um híbrido aceitável comercialmente (TRACY, 2001).

A escolha do testador continua sendo um desafio para o melhoramento de plantas e os estudos não devem considerar apenas um gene isoladamente, pois a maioria dos genes agem juntos controlando os caracteres quantitativos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Em um programa de melhoramento de milho, o cruzamento *topcross* pode ser realizado durante as primeiras gerações de autofecundação ou quando as linhagens estão próximas da homozigotidade. A eficiência do *topcross* em gerações precoces tem sido discutida, Richey (1945) concluiu que a utilização da performance de progênie autofecundadas ou cruzadas, em gerações iniciais, para a seleção não tem nenhuma garantia na eficiência. Por outro lado, Jenkins (1935) concluiu que a capacidade de combinação de uma linhagem determinada nas primeiras gerações de autofecundação não muda consideravelmente com o aumento da endogamia. Bernardo (1991) acrescentou a essa discussão estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre *testcrosses* de gerações iniciais e avançadas de endogamia. A correlação genética entre *testcrosses* nas gerações n e n' , sendo $n' > n$, aumenta à medida que diminui a diferença entre os seus coeficientes de endogamia ($F_{n'} - F_n$). A efetividade dos *testcrosses* em gerações precoces é limitada, principalmente por fatores não genéticos; tanto as correlações genéticas quanto as fenotípicas são menores quando as estimativas de herdabilidade também são menores. Para caracteres com baixa herdabilidade, uma ou duas gerações de autofecundação antes do *topcross* é indicada para aumentar a probabilidade de retenção de linhagens com bom desempenho até a completa homozigose (BERNARDO, 1991).

Os melhores *testcrosses* de um programa de melhoramento poderão ser incluídos nos ensaios de avaliação regionais e ser lançados comercialmente como híbridos. As estimativas das correlações entre os caracteres e a utilização de um índice de seleção podem auxiliar o

melhorista na seleção dos melhores *testcrosses* que reúnam características desejáveis para vários caracteres simultaneamente.

2.1.3 Utilização de correlações e índices de seleção no melhoramento do milho-doce

O estudo da natureza e da magnitude das relações existentes entre os caracteres, ou seja, das correlações, é de extrema importância para o melhoramento, pois se almeja melhorar o material genético não para caracteres isolados, mas para um conjunto deles, simultaneamente. Para isso, é importante saber como o melhoramento de um caráter pode causar alterações em outro (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

A correlação fenotípica pode ser mensurada diretamente a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos na população. Essa correlação tem causas genéticas e ambientais, mas só as genéticas são herdáveis, podendo, então, ser utilizadas para direcionar os programas de melhoramento. Logo, em estudos genéticos é indispensável distinguir e quantificar as correlações genéticas e ambientais entre os caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A causa principal da correlação genética é a pleiotropia. A falta de equilíbrio de ligação é uma causa transitória, sobretudo em populações derivadas de cruzamentos entre linhagens divergentes (FALCONER; MACKAY, 1996). Quando dois caracteres possuem estimativas de correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. Deve-se ficar atento para não provocar mudanças indesejáveis em alguns caracteres, quando um caráter estiver correlacionado positivamente com alguns e negativamente com outros (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A seleção indireta será eficiente se a herdabilidade do caráter secundário for maior que a herdabilidade do caráter primário, e a correlação genética entre eles for considerável (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Ilker (2011) estimou correlações entre vários caracteres do milho-doce com o objetivo de identificar aqueles que pudessem auxiliar no desenvolvimento de novas cultivares de milho-doce. Entre os caracteres avaliados, o peso de espigas frescas pode ser utilizado como critério de seleção devido aos seus efeitos diretos altamente positivos no rendimento de grãos frescos. Outras estimativas de correlações visando a seleção indireta de caracteres no milho-doce também foram obtidas por Saleh et al. (2002), Kashiani et al. (2010) e Khazaei et al.

(2010). Esses estudos pretenderam, principalmente, determinar a existência de correlações estatisticamente significativas entre os caracteres da espiga e a produtividade de grãos. O número de fileiras de grãos na espiga e o comprimento da espiga devem ser selecionados para se obter um maior rendimento de grãos frescos.

Os índices de seleção são obtidos como combinações lineares das medidas de vários caracteres, permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, podem atribuir diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo melhorista (FALCONER; MACKAY, 1996). Os índices constituem-se num caráter adicional, determinado pela combinação ótima desses caracteres, e permitem efetuar, com eficiência, a seleção simultânea de múltiplos caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A teoria do índice de seleção foi originalmente proposta por Smith (1936) em plantas e posteriormente por Hazel e Lush (1942) em animais. O índice proposto ficou conhecido como índice de Smith (1936) e Hazel (1943), ou índice ótimo, e considera as variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas entre os caracteres, assim como um peso econômico para cada caráter. Nesse índice é estabelecida uma combinação linear entre os caracteres de importância econômica, na qual os coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e um agregado genotípico. Esse agregado é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados pelos respectivos pesos econômicos.

No entanto, várias críticas foram atribuídas ao índice de Smith e Hazel devido principalmente aos erros associados à estimação das matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas (BERNARDO, 2010). O índice base (WILLIAMS, 1962) foi sugerido como uma alternativa para evitar a interferência desses erros associados às matrizes de variâncias e covariâncias. Desse modo, o índice base é uma combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Apesar disso, ainda persistem os problemas associados à dificuldade da atribuição dos pesos econômicos pelos melhoristas.

Elston (1963) propôs o índice multiplicativo que não necessita de pesos econômicos. Esse índice livre de pesos requer uma especificação do limite mínimo aceitável do desempenho de cada caráter. Os limites mínimos aceitáveis são análogos aos níveis independentes de eliminação (BERNARDO, 2010). Em razão de esse índice considerar apenas observações fenotípicas e desconsiderar o relacionamento entre os caracteres, a seleção baseada nele pode não ser eficiente (WRICKE; WEBER, 1986).

Ao contrário de especificar o limite mínimo aceitável, o melhorista pode especificar a resposta desejável com a seleção, para cada caráter. O índice com base nos ganhos desejados (PESEK; BAKER, 1969) é estabelecido por uma combinação linear envolvendo a matriz de variâncias e covariâncias genotípicas entre os caracteres e vetor de ganhos desejados para cada caráter. Nesse índice os pesos econômicos são substituídos pelos ganhos desejados. Assim, a importância que o melhorista atribui aos caracteres se traduz por meio da intensidade de seleção aplicada.

Recentemente, Cerón-Rojas et al. (2006) desenvolveram um índice baseado na teoria de Smith (1936) e Hazel (1943), no qual as estimativas do primeiro autovetor da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas dos caracteres são utilizadas como pesos no índice, ou seja, o autovetor determina a proporção que cada caráter contribui para o índice, e o primeiro autovalor é utilizado para estimar a resposta pela seleção. Esse índice apresenta como vantagens o fato de não utilizar a matriz de variâncias e covariâncias genéticas e não depender da atribuição de pesos econômicos (CERON-ROJAS et al., 2006).

Cerón-Rojas et al. (2008) aperfeiçoaram o índice proposto em 2006. Uma vez que esse último possui duas limitações principais: o autovetor utilizado tem um caráter de peso econômico e não permite a restrição no número de caracteres. Deste modo, foi proposto um índice restritivo, baseado nas estimativas de autovetores e autovalores, que não requer pesos econômicos e pode ser aplicado quando todos ou alguns caracteres necessitam ser melhorados simultaneamente; os índices tradicionais só melhoram vários caracteres simultaneamente se houver a atribuição de pesos (CERON-ROJAS et al., 2008).

A aplicabilidade dos índices de seleção tem sido demonstrada para diversas culturas. Vários autores estudaram a aplicação de diversos índices na cultura do milho (CROSBIE; MOCK; SMITH, 1980; GARCIA; SOUZA JUNIOR, 1999; SUWANTARADON et al., 1975).

Smith, Hallauer e Russel (1981) analisaram a eficiência de dois índices de seleção em sete populações de seleção recorrente em milho. Foram aplicados o índice base (WILLIAMS, 1962), no qual foi determinado o mesmo valor de peso econômico para todos os caracteres, e o índice de Smith (1936) e Hazel (1943), no qual foram utilizadas as estimativas de herdabilidade como pesos. O uso da herdabilidade como peso foi recomendada, pois essa é uma estimativa fácil de ser obtida e é um ótimo peso quando os caracteres não são correlacionados; caso os caracteres sejam correlacionados haverá uma pequena perda na eficiência do método.

Asghar e Mehdi (2010) compararam a eficiência do índice de Smith (1936) e Hazel

(1943), do índice base (1962) e do índice com base nos ganhos desejados (1969) em uma população de polinização aberta de milho-doce. O índice base foi o mais eficiente para melhorar os caracteres de qualidade da espiga e a produtividade de grãos.

Diante da grande disponibilidade de índices de seleção, cabe ao melhorista escolher qual índice utilizar, observando os seus objetivos, a natureza dos dados em estudo e as características do índice. Acredita-se que a seleção baseada no índice permite a obtenção de resultados satisfatórios na seleção simultânea de caracteres.

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Obtenção e avaliação dos *testcrosses*

O material analisado neste estudo é proveniente do programa de melhoramento de milho-doce da Faculdade de Ciências Agronômicas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Botucatu-SP, coordenado pelo Prof. Dr. Norberto da Silva.

Os experimentos foram conduzidos na fazenda experimental da UNESP, em São Manuel-SP, situada a 750 m de altitude, latitude 22°44’50” S e longitude 48°34’00” W, em duas épocas de plantio: de março a junho de 2012 e de setembro a dezembro do mesmo ano, no delineamento casualizado em blocos com três repetições. As parcelas constituíram-se de uma linha com 25 plantas e 5 m de comprimento, e espaçamento entre linhas de 0,90 m. Os tratamentos culturais foram adotados conforme o recomendado para a cultura do milho-doce na região.

Foram avaliados 176 *testcrosses* divididos em quatro tipos experimentos, o experimento 1 continha os *testcrosses* numerados de 1 ao 22, o experimento 2 os *testcrosses* de 23 ao 44, o experimento 3 os *testcrosses* de 45 ao 110 e o experimento 4 os *testcrosses* de 111 ao 176. Esses *testcrosses* foram provenientes do cruzamento entre duas populações, que aqui foram nomeadas como populações “A” e “B”, no qual uma foi testadora da outra. Nos experimentos do tipo 1 e 3, as linhagens da população “A” foram receptoras de pólen e as linhagens da população “B” foram doadoras de pólen, ou seja, foram os testadores. Nos experimentos do tipo 2 e 4, ocorreu o contrário, as linhagens da população “B” foram receptoras de pólen e as linhagens da população “A” foram doadoras de pólen, ou seja, foram os testadores.

As duas populações de milho-doce, “A” e “B”, contém o alelo *shrunk2* (*sh2*) no cromossomo 3. Ambas são provenientes de dois híbridos simples experimentais com

germoplasma de origem asiática. Cada um desses híbridos simples foi plantado isoladamente, por três gerações sob acasalamentos ao acaso, originando assim, as populações “A” e “B”. Essas populações têm como características vantajosas o porte baixo das plantas, o florescimento precoce, a resistência ao acamamento e a doenças, espigas cilíndricas, grãos amarelos, pericarpo fino e se prestam para o consumo *in natura* e enlatado.

Em cada uma dessas populações originais foi retirada uma amostra aleatória dando origem a sementes denominadas de S_0 . Essas foram semeadas e posteriormente as plantas foram autofecundadas dando origem a sementes S_1 . Na geração S_1 foi realizada uma seleção visual, após a colheita, de 11 espigas conforme os caracteres: tamanho e diâmetro da espiga, uniformidade, granação, tamanho e cor dos grãos, ou seja, espigas que se encaixavam no padrão comercial para milho-doce. As sementes das espigas S_1 selecionadas foram plantadas em linhas e autofecundadas, originando sementes S_2 . Após a colheita foram selecionadas duas espigas de cada linha, totalizando 22 espigas S_2 . Os critérios para a seleção das espigas S_2 foram os mesmos utilizados para a seleção das espigas S_1 . Cada espiga selecionada durante esse processo deu origem a uma linhagem (Figura 1).

Figura 1 - Representação esquemática da obtenção das linhagens das populações “A” e “B”

A obtenção dos *testcrosses* oriundos da população “A” se deu a partir dos cruzamentos entre as 11 linhagens S_1 selecionadas da população “A” com a população “B” na geração S_0 , e as mesmas 11 linhagens selecionadas também cruzadas com uma mistura equitativa das 11 linhagens S_1 selecionadas da população “B”, totalizando 22 *testcrosses* do experimento denominado “1”. O mesmo procedimento foi realizado para as 11 linhagens S_1 selecionadas da população “B”, porém essas foram cruzadas com a população “A” na geração S_0 e com uma mistura equitativa das 11 linhagens S_1 selecionadas da população “A”, totalizando 22 *testcrosses* do experimento denominado “2” (Figura 2).

Mais *testcrosses* foram obtidos a partir do cruzamento das 22 linhagens S_2 selecionadas da população “A” com a população “B” na geração S_0 , também com uma mistura equitativa das 11 linhagens S_1 selecionadas da população “B” e com uma mistura equitativa das 22 linhagens S_2 selecionadas da população “B”, totalizando 66 *testcrosses* do experimento denominado “3”. O mesmo procedimento foi realizado para a obtenção do experimento “4”, onde as 22 linhagens S_2 selecionadas da população “B” foram cruzadas com a população “A” na geração S_0 , também com uma mistura equitativa das 11 linhagens S_1 selecionadas da população “A” e com uma mistura equitativa das 22 linhagens S_2 selecionadas da população “A”, totalizando 66 *testcrosses* do experimento denominado “4” (Figura 2).

Experimento 1 (AxB): <i>Testcrosses</i> 1 ao 22 <div> $\left[\begin{array}{l} 11 \text{ linhagens } S_1A \times S_0B \\ 11 \text{ linhagens } S_1A \times S_1B \end{array} \right.$ </div>	Experimento 2 (BxA): <i>Testcrosses</i> 23 ao 44 <div> $\left[\begin{array}{l} 11 \text{ linhagens } S_1B \times S_0A \\ 11 \text{ linhagens } S_1B \times S_1A \end{array} \right.$ </div>
Experimento 3 (AxB): <i>Testcrosses</i> 45 ao 110 <div> $\left[\begin{array}{l} 22 \text{ linhagens } S_2A \times S_0B \\ 22 \text{ linhagens } S_2A \times S_1B \\ 22 \text{ linhagens } S_2A \times S_2B \end{array} \right.$ </div>	Experimento 4 (BxA): <i>Testcrosses</i> 111 ao 176 <div> $\left[\begin{array}{l} 22 \text{ linhagens } S_2B \times S_0A \\ 22 \text{ linhagens } S_2B \times S_1A \\ 22 \text{ linhagens } S_2B \times S_2A \end{array} \right.$ </div>

Figura 2 – Representação dos quatros tipos de experimentos para obtenção dos *testcrosses*

Em todos os experimentos foram utilizadas as mesmas testemunhas, sendo elas: o híbrido comercial ‘Tropical Plus[®]’ (Syngenta); ‘AF-428[®]’ (Sakata Seed Sudamérica); as populações parentais S_0A e S_0B e o híbrido interpopulacional $S_0A \times S_0B$. Então, os experimentos “1” e “2” possuíam 27 tratamentos, sendo 22 *testcrosses* e cinco testemunhas e os experimentos “3” e “4” possuíam 71 tratamentos, sendo 66 *testcrosses* e cinco testemunhas.

Foram avaliados os seguintes caracteres:

i) Florescimento masculino (FM) – número de dias para a antese masculina, considerando ao menos 50% das plantas da parcela com anteras visíveis;

- ii) Altura da planta (AP) – altura da planta medida em 10 plantas por parcela a partir do nível do solo até a inserção da folha bandeira, em centímetros;
- iii) Número de espigas comerciais (EC) – dado obtido contando o número de espigas, na parcela, que atendem ao padrão comercial do milho-doce;
- iv) Produtividade das espigas comerciais (PE) – obtida pela soma da massa das espigas com padrão comercial, sem palha, em kg.parcela⁻¹;
- v) Comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE) – comprimento médio de cinco espigas com padrão comercial, em centímetros;
- vi) Diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) – diâmetro médio de cinco espigas, mensurado no meio da espiga, em centímetros;
- vii) Enchimento de ponta (EP) – obtido pela razão entre o comprimento da espiga com grãos e o comprimento total da espiga, apenas para as espigas comerciais, em porcentagem.

2.2.2 Análises estatístico-genéticas

Os três pressupostos para a realização da análise de variância foram testados. A aditividade dos efeitos do modelo foi verificada pelo teste F sugerido por *Tukey*, que estima uma soma de quadrados da não aditividade no caso de blocos casualizados (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012). A normalidade da distribuição dos efeitos residuais foi verificada com a estimação da estatística *W* de *Shapiro-Wilk* (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1996). Por último, foi averiguada a homogeneidade das variâncias residuais com a estimação da estatística *K* de *Bartlett* (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1996).

O caráter EP sofreu uma transformação de acordo com Box-Cox para atender aos pressupostos da análise de variância e apenas possibilitar a realização do teste F (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1996). As demais estimativas envolvendo esse caráter foram realizadas com os dados originais.

Os dados foram submetidos às análises de variância individuais, por tipo de experimento, segundo o modelo matemático, eq. (1):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + r_j + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

em que:

Y_{ij} : é a observação do tratamento i na repetição j ;

μ : é a média geral do experimento;

g_i : é o efeito fixo do i -ésimo tratamento, sendo $i = 1, \dots, 27$ para os experimentos do tipo 1 e

2, e $i = 1, \dots, 71$ para os experimentos do tipo 3 e 4;

r_j : é o efeito aleatório da j -ésima repetição, sendo $j = 1, 2, 3$;

ε_{ij} : é o erro experimental associado à observação Y_{ij} , com $\varepsilon_{ij} \cap N(0, \sigma_\varepsilon^2)$.

Análises complementares foram realizadas com a decomposição da fonte de variação tratamentos em seus respectivos efeitos, segundo o modelo matemático, eq. (2):

$$g_i = t_k + c_l + d_m + f_n + (ft)_{nk} \quad (2)$$

em que:

g_i : é o efeito fixo do i -ésimo tratamento, sendo $i = 1, \dots, 27$ para os experimentos do tipo 1 e

2, e $i = 1, \dots, 71$ para os experimentos do tipo 3 e 4 ;

t_k : é o efeito fixo do k -ésimo testador, sendo $k = 1, 2$ para os experimentos do tipo 1 e 2, e $k =$

1,2,3 para os experimentos do tipo 3 e 4;

c_l : é o efeito fixo da l -ésima testemunha, sendo $l = 1, \dots, 5$;

d_m : é o efeito fixo do contraste entre a média dos *testcrosses* e a média das testemunhas;

f_n : é o efeito aleatório do n -ésimo *testcross*, sendo $n = 1, \dots, 11$ para os experimentos do tipo 1

e 2, e $n = 1, \dots, 22$ para os experimentos do tipo 3 e 4;

$(ft)_{nk}$: é o efeito aleatório da interação entre o *testcross* n e o testador k .

Tabela 1 - Esquema da análise de variância individual com as esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação, a orientação do teste F e as decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*, experimentos 3 (AxB) e 4 (BxA)

FV	GL	QM	E(QM)	F
Repetições	$j - 1$	Q_1	$\sigma_\varepsilon^2 + g\sigma_R^2$	Q_1/Q_{11}
Tratamentos	$i - 1$	Q_2	$\sigma_\varepsilon^2 + rV_G$	Q_2/Q_{11}
Testadores (T)	$k - 1$	Q_3	$\sigma_\varepsilon^2 + r(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2 + rfV_T$	Q_3/Q_7
Testemunhas (C)	$\ell - 1$	Q_4	$\sigma_\varepsilon^2 + rV_c$	Q_4/Q_{11}
Grupos (F vs C) (D)	1	Q_5	-	-
<i>Testcrosses</i> (F)	$n - 1$	Q_6	$\sigma_\varepsilon^2 + rt\sigma_F^2$	Q_6/Q_{11}
F x T	$(n - 1)(k - 1)$	Q_7	$\sigma_\varepsilon^2 + r(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2$	Q_7/Q_{11}
<i>Testcrosses</i> /T ₁	$(n - 1)1$	(Q ₈)	$\sigma_\varepsilon^2 + r\sigma_{F/T_1}^2$	(Q ₈ /Q ₁₁)
<i>Testcrosses</i> /T ₂	$(n - 1)1$	(Q ₉)	$\sigma_\varepsilon^2 + r\sigma_{F/T_2}^2$	(Q ₉ /Q ₁₁)
<i>Testcrosses</i> /T ₃	$(n - 1)1$	(Q ₁₀)	$\sigma_\varepsilon^2 + r\sigma_{F/T_3}^2$	(Q ₁₀ /Q ₁₁)
Resíduo	$(j - 1)(i - 1)$	Q_{11}	σ_ε^2	-

Posteriormente, foram realizadas as análises de variância conjuntas por tipo de experimento, reunindo as duas épocas de plantio, segundo o modelo matemático a seguir, eq. (3):

$$Y_{ijp} = \mu + g_i + a_p + r_{j/p} + (ga)_{ip} + \varepsilon_{ijp} \quad (3)$$

em que:

Y_{ijp} : é a observação do tratamento i , na época de semeadura p , na repetição j ;

μ : é a média geral do experimento;

g_i : é o efeito fixo do i -ésimo tratamento, sendo $i = 1, \dots, 27$ para os experimentos do tipo 1 e 2, e $i = 1, \dots, 71$ para os experimentos do tipo 3 e 4 ;

a_p : é o efeito fixo do p -ésimo épocas de semeadura, sendo $p = 1, 2$;

$r_{j/p}$: é o efeito aleatório da j -ésima repetição dentro do p -ésimo ambiente, sendo $j = 1, 2, 3$;

$(ga)_{ip}$: é o efeito aleatório da interação entre o tratamento i e o ambiente p ;

ε_{ijp} : é o erro experimental associado à observação Y_{ijp} , com $\varepsilon_{ijp} \cap N(0, \sigma_\varepsilon^2)$.

Análises complementares foram realizadas decompondo a fonte de variação tratamentos em seus respectivos efeitos, segundo o modelo matemático, eq. (4):

$$g_i = t_k + c_l + d_m + f_n + (ft)_{nk} + (ta)_{kp} + (ca)_{lp} + (da)_{mp} + (fa)_{np} + (fta)_{nkp} \quad (4)$$

em que:

g_i : é o efeito fixo do i -ésimo tratamento, sendo $i = 1, \dots, 27$ para os experimentos do tipo 1 e 2, e $i = 1, \dots, 71$ para os experimentos do tipo 3 e 4 ;

t_k : é o efeito fixo do k -ésimo testador, sendo $k = 1, 2$ para os experimentos do tipo 1 e 2, e $k = 1, 2, 3$ para os experimentos do tipo 3 e 4;

c_l : é o efeito fixo da l -ésima testemunha, sendo $l = 1, \dots, 5$;

d_m : é o efeito fixo do contraste entre a média dos *testcrosses* e a média das testemunhas;

f_n : é o efeito aleatório do n -ésimo *testcross*, sendo $n = 1, \dots, 11$ para os experimentos do tipo 1 e 2, e $n = 1, \dots, 22$ para os experimentos do tipo 3 e 4;

$(ft)_{nk}$: é o efeito aleatório da interação entre o *testcross* n e o testador k ;

$(ta)_{kp}$: é o efeito fixo da interação entre o testador k e a época de semeadura p ;

$(ca)_{lp}$: é o efeito fixo da interação entre a testemunha l e a época de semeadura p ;

$(da)_{mp}$: é o efeito fixo da interação entre o grupo e a época de semeadura p ;

$(fa)_{np}$: é o efeito aleatório da interação entre o *testcross* n e a época de semeadura p ;

$(fta)_{nkp}$: é o efeito aleatório da interação entre o *testcross* n , o testador k e a época de semeadura p .

Tabela 2 – Esquema da análise de variância conjunta com as esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação, a orientação do teste F e as decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*, experimentos 3 (AxB) e 4 (BxA)

FV	GL	QM	E(QM)	F
Repetições/Épocas	$(j-1)p$	Q_1	$\sigma_\varepsilon^2 + g\sigma_{R/A}^2$	Q_1/Q_{21}
Épocas (A)	$(p-1)$	Q_2	$\sigma_\varepsilon^2 + g\sigma_{R/A}^2 + rgV_A$	Q_2/Q_1
Tratamentos (G)	$(i-1)$	Q_3	$\sigma_\varepsilon^2 + raV_G$	Q_3/Q_{21}
Testadores (T)	$(k-1)$	Q_5	$\sigma_\varepsilon^2 + ra(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2 + rafV_T$	Q_5/Q_9
Testemunhas (C)	$(\ell-1)$	Q_6	$\sigma_\varepsilon^2 + raV_c$	Q_6/Q_{21}
Grupos (F vs C) (D)	1	Q_7	-	-
<i>Testcrosses</i> (F)	$(n-1)$	Q_8	$\sigma_\varepsilon^2 + rat\sigma_F^2$	Q_8/Q_{21}
F x T	$(n-1)(k-1)$	Q_9	$\sigma_\varepsilon^2 + ra(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2$	Q_9/Q_{21}
<i>Testcrosses</i> /T ₁	$(n-1)1$	(Q ₁₀)	$\sigma_\varepsilon^2 + ra\sigma_{F/T_1}^2$	(Q ₁₀ /Q ₂₁)
<i>Testcrosses</i> /T ₂	$(n-1)1$	(Q ₁₁)	$\sigma_\varepsilon^2 + ra\sigma_{F/T_2}^2$	(Q ₁₁ /Q ₂₁)
<i>Testcrosses</i> /T ₃	$(n-1)1$	(Q ₁₂)	$\sigma_\varepsilon^2 + ra\sigma_{F/T_3}^2$	(Q ₁₂ /Q ₂₁)
G x A	$(i-1)(p-1)$	Q_4	$\sigma_\varepsilon^2 + rV_{GA}$	Q_4/Q_{21}
T x A	$(k-1)(p-1)$	Q_{13}	$\sigma_\varepsilon^2 + r[a/(a-1)][t/(t-1)]\sigma_{F \times T \times A}^2 + rfV_{T \times A}$	Q_{13}/Q_{17}
C x A	$(\ell-1)(p-1)$	Q_{14}	$\sigma_\varepsilon^2 + rV_{C \times A}$	Q_{14}/Q_{21}
D x A	$1(p-1)$	Q_{15}	-	-
F x A	$(n-1)(p-1)$	Q_{16}	$\sigma_\varepsilon^2 + rt[a/(a-1)]\sigma_{F \times A}^2$	Q_{16}/Q_{21}
F x T x A	$(n-1)(k-1)(p-1)$	Q_{17}	$\sigma_\varepsilon^2 + r[a/(a-1)][t/(t-1)]\sigma_{F \times T \times A}^2$	Q_{17}/Q_{21}
<i>Testcrosses</i> /T ₁ x A	$(n-1)1(p-1)$	(Q ₁₈)	$\sigma_\varepsilon^2 + ra\sigma_{F/T_1}^2$	(Q ₁₈ /Q ₂₁)
<i>Testcrosses</i> /T ₂ x A	$(n-1)1(p-1)$	(Q ₁₉)	$\sigma_\varepsilon^2 + ra\sigma_{F/T_2}^2$	(Q ₁₉ /Q ₂₁)
<i>Testcrosses</i> /T ₃ x A	$(n-1)1(p-1)$	(Q ₂₀)	$\sigma_\varepsilon^2 + ra\sigma_{F/T_3}^2$	(Q ₂₀ /Q ₂₁)
Resíduo	$(j-1)(p-1)^2(i-1)^2$	Q_{21}	σ_ε^2	-

As fontes de variação *testcrosses* (F) e interação *testcrosses* x testadores (F x T) foram decompostas nos efeitos aninhados de *testcrosses*/testador _{n} com $n = 1, 2, 3$, dependendo do tipo

de experimento, e das interações desses com a época de plantio. Dessa forma, o modelo foi decomposto incorporando os efeitos de interesse no estudo do desempenho dos *testcrosses*, resultando nos esquemas das análises de variância individuais apresentadas na tabela 1 (experimentos 3 e 4) e no anexo A (experimentos 1 e 2) e das análises de variância conjuntas apresentadas na tabela 2 (experimento 3 e 4) e no anexo B (experimentos 1 e 2).

Com o propósito de verificar a precisão experimental foram estimados o coeficiente de variação experimental (CV_e) e a acurácia seletiva (Ac) para cada caráter avaliado. A acurácia refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos (RESENDE; DUARTE, 2007).

As estimativas de herdabilidade (h^2_m) foram obtidas a partir das médias dos *testcrosses*. Esse parâmetro tem uma importante função preditiva nos estudos genéticos, pois expressa o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético, sendo utilizado para estimar o ganho esperado com base na seleção pelo índice proposto e na investigação das interações entre *testcrosses* e épocas de plantio ($F/T_n \times A$) por meio dos ganhos de seleção diretos e indiretos. Também foram estimados os coeficientes de variação genético (CV_g) para conhecer o potencial genético dos *testcrosses*.

A fim de verificar o ordenamento das médias dos *testcrosses* oriundos de diferentes testadores, foi estimada a correlação de postos de Spearman entre os pares de testadores dentro de um mesmo tipo de experimento (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1996).

Como os experimentos foram conduzidos em duas épocas de plantio, pode existir a presença de interação significativa entre os tratamentos e as épocas de plantio. Essa interação pode modificar o desempenho dos tratamentos nas diferentes épocas de plantio, principalmente em relação aos testadores e aos *testcrosses*. Sendo assim, as interações entre *testcrosses* e épocas de plantio ($F/T_n \times A$) foram investigadas por meio dos ganhos de seleção diretos e indiretos, quando a seleção é feita com base em uma época e a resposta esperada com a seleção é na mesma época, quando a seleção é feita com base em uma época e a resposta esperada com a seleção é na outra época e quando a seleção é feita com base na média das duas épocas. Também para investigar a interação entre *testcrosses* e épocas de plantio foram estimadas as correlações de Spearman entre as duas épocas de plantio.

Com o intuito de explorar as diferenças entre as médias dos *testcrosses*, foi realizado o teste de Dunnett para todos os caracteres e todos os tipos de experimentos. Nesse procedimento as médias dos *testcrosses* foram comparadas com as médias da testemunha ‘Tropical Plus®’; as comparações foram feitas com essa testemunha por ela ser a cultivar de

milho-doce mais plantada no país, sendo considerada pelos melhoristas um padrão para a cultura.

A partir dos valores fenotípicos mensurados buscou-se separar a parte devida aos efeitos genotípicos, para que pudessem ser estabelecidas comparações entre os tratamentos, principalmente os *testcrosses*, baseadas na superioridade genética. O estudo dos componentes da variância permite obter o estimador da variância genotípica. Sendo assim, os componentes da variância foram estimados pelo método dos momentos ou método da análise de variância, que permite igualar os quadrados médios da análise às suas respectivas esperanças matemáticas para obtenção das estimativas dos componentes (BARBIN, 1993).

Como este estudo contempla quatro tipos de experimentos, para tornar possível a comparação das variâncias entre os experimentos, foi utilizado uma estimativa do resíduo reunido entre os quatros tipos de experimentos na estimação dos componentes da variância. O resíduo reunido é a média ponderada pelos respectivos graus de liberdade dos quadrados médios residuais. Essa estimativa só foi possível devido à homogeneidade das variâncias residuais comprovada pelo teste de *Bartlett*.

A fonte de variação “*testcross/testador_n*”, das análises de variância individuais e conjuntas, mereceu uma atenção especial, pois essa fornece informações do comportamento dos *testcrosses* quando se utilizam testadores com diferentes níveis de endogamia e seleção. Quando o teste F, das análises de variância individuais e conjuntas, para essa fonte de variação foi significativo, ou seja, existia variabilidade entre as médias dos *testcrosses* foram estimados os intervalos de confiança para os componentes da variância de “*testcross/testador_n*” (σ_{F/T_n}^2) de acordo com Barbin (1993). Assumindo que distribuição da diferença entre dois quadrados médios é aproximada de χ^2 (SEARLE, 1971), utilizou-se a expressão de Satterthwaite para obter o grau de liberdade (n_t) associado a σ_{F/T_n}^2 , eq. (5):

$$n_t = \frac{(QMTestcrosses/T_n - QM\text{ Re s\acute{i}duo Reunido})^2}{\frac{(QMTestcrosses/T_n)^2}{gl(Testcrosses/T_n)} + \frac{(QM\text{ Re s\acute{i}duo Reunido})^2}{gl(\text{Re s\acute{i}duo Reunido})}} \quad (5)$$

O estimador do intervalo de confiança para (σ_{F/T_n}^2) foi obtido por, eq. (6):

$$\frac{n_t \hat{\sigma}_{F/T_n}^2}{\chi_{n_t;0,975}^2} \leq \sigma_{F/T_n}^2 \leq \frac{n_t \hat{\sigma}_{F/T_n}^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \quad (6)$$

A seleção praticada neste estudo, durante a formação das populações que originaram os *testcrosses*, foi baseada em caracteres da espiga, como o diâmetro e o comprimento. A

mensuração das correlações entre esses caracteres da espiga e a produtividade, ratifica se a seleção foi eficiente ou não na seleção dos materiais mais produtivos e pode auxiliar futuras tomadas de decisão quando essas envolverem seleção entre genótipos de milho-doce. Sendo assim, foram estimadas as correlações fenotípicas (r_F), genotípicas (r_G) e ambientais (r_E), conforme Cruz, Regazzi e Carneiro (2012).

Nota-se que neste experimento houve seleções a partir de duas populações de tamanho infinito. Essas seleções diminuíram o tamanho das populações para 11 linhagens e posteriormente para 22 linhagens. Porém o material ainda apresenta variabilidade. Visando mensurar qual a representatividade genética dessas linhagens selecionadas em relação à geração anterior, foram estimados os tamanhos efetivos populacionais (N_e) (VENCOVSKY; CROSSA, 2003), eq. (7), conforme a disponibilidade de dados:

$$N_e = 2n / \left\{ \left(\frac{(1+s)^2 n(1-u)}{2P} + \frac{(1-s)[n(1-v)(3+s)-1]}{2M} + \frac{1-s^2}{2} \right) (1+f) + (1-f) \right\} \quad (7)$$

em que:

N : número de indivíduos na população de referência;

n : número de indivíduos provenientes da geração de descendentes para a qual o N_e está sendo estimado;

s : taxa de autofecundação;

P : número de genitoras amostradas que geraram os n indivíduos;

M : número de genitores doadores de pólen;

f : coeficiente de endogamia das genitoras;

u : P / N , fração do número de genitoras;

v : M / N , fração do número de genitores.

Foram estimados os progressos realizados com base nas médias dos *testcrosses* quando houve a seleção de 22 linhagens a partir de 11 linhagens. Este experimento envolveu a seleção recíproca de duas populações, sendo que ora uma é genitora feminina e a outra é testadora, ou seja, doadora de pólen, ora esses papéis foram invertidos. Logo, foi possível a estimação de dois progressos: um do lado feminino e outro do lado masculino.

Para a estimação do progresso do lado feminino, considerou-se o mesmo testador e foram comparados o desempenho dos *testcrosses* do experimento 3 (AxB), em relação aos *testcrosses* do experimento 1 (AxB) e o desempenho dos *testcrosses* do experimento 4 (BxA) em relação aos *testcrosses* do experimento 2 (BxA). Uma vez que o material do experimento 3 foi selecionado a partir do experimento 1 e o material do experimento 4 foi selecionado a

partir do experimento 2. Para a estimação do progresso do lado masculino, levando em consideração o mesmo tipo de experimento, foram comparados os desempenhos dos *testcrosses* quando houve a mudança do testador.

2.2.3 Índice de seleção

Com o propósito de verificar a variabilidade existente entre os *testcrosses*, a magnitude das médias dos *testcrosses* e classificar os *testcrosses* em relação a vários caracteres simultaneamente, foi utilizado o índice de seleção baseado em estimativas de autovetores e autovalores proposto por Cerón-Rojas et al. (2008). Para a utilização do índice foram considerados somente os caracteres EC, PE, CE, DE e EP.

O índice proposto por Cerón-Rojas et al. (2008) consiste em uma combinação linear de vários caracteres escolhidos pelo melhorista, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o valor genético (*breeding value*), similar ao proposto no índice de Smith (1936) e Hazel (1943). No entanto esse índice não requer o vetor de pesos econômicos, uma grande vantagem em relação ao índice de Smith (1936) e Hazel (1943). O índice foi obtido pela equação, eq. (8):

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + b_3x_3 + b_4x_4 + b_5x_5 = \sum_{i=1}^5 b_i x_i = \beta' X \quad (8)$$

em que:

β' : o vetor de dimensão 5x1 dos coeficientes de ponderação do índice, a serem estimados;

X : a matriz de dimensão 5x5 de médias fenotípicas dos caracteres.

Dessa maximização, obtém-se, eq. (9):

$$\hat{\beta} = (P^{-1}G)\lambda \quad (9)$$

em que:

$\hat{\beta}$: é o primeiro autovetor da matriz $P^{-1}G$, de dimensão 5x1;

P^{-1} : é a matriz inversa de variâncias e covariâncias fenotípicas, de dimensão 5x5;

G : é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas, de dimensão 5x5;

λ : é o primeiro autovalor da matriz $P^{-1}G$.

De acordo com Rencher e Schaafje (2008), para qualquer matriz quadrada A , um escalar λ e um vetor não nulo x podem ser encontrados, de tal forma que, eq. (10):

$$Ax = \lambda x \quad (10)$$

em que:

λ : é um autovalor de A ;

x : é um autovetor de A .

Para encontrar λ e x utiliza-se a equação, eq. (11):

$$(A - \lambda I)x = 0 \quad (11)$$

As matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas foram estimadas a partir das matrizes de correlação fenotípicas (RENCER; SCHAALJE, 2008), eq. (12):

$$P = D \cdot \Sigma \cdot D \quad (12)$$

em que:

P : é a matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

D : é uma matriz diagonal, dada por: $D = [diag(P)]^{1/2} = diag(\hat{\sigma}_1, \hat{\sigma}_2, \dots, \hat{\sigma}_i)$;

Σ : é a matriz de correlações fenotípicas.

O mesmo procedimento foi utilizado para a obtenção da matriz de variâncias e covariâncias genéticas, substituindo-se a matriz P , pela matriz G , de variâncias e covariâncias genéticas e as correlações fenotípicas e genéticas.

Os valores utilizados, dos coeficientes de ponderação do índice ($\hat{\beta}$), foram sempre positivos, mesmo quando as estimativas desses foram negativas, pois o interesse com a seleção a partir do índice era de aumentar as estimativas dos caracteres em questão, ou seja, aumentar os ganhos desejados. Esse procedimento é recomendado por Cerón-Rojas et al. (2006) e Cerón-Rojas et al. (2008).

Uma vez estabelecido o índice, o grande interesse é avaliar o ganho de seleção esperado em cada caráter avaliado (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O ganho esperado para o caráter j , quando a seleção é praticada com base no índice, foi obtido pela equação, eq. (13):

$$R_{j(i)} = DS_{j(i)} h_j^2 \quad (13)$$

em que:

$DS_{j(i)}$: é o diferencial de seleção indireto;

h_j^2 : coeficiente de herdabilidade do caráter j em questão.

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2015).

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Análises estatístico-genéticas

Todas as variáveis atenderam aos pressupostos para a realização das análises de variância: aditividade dos efeitos do modelo, normalidade na distribuição dos efeitos residuais e homogeneidade das variâncias residuais (dados não apresentados). Exceto o EP que não apresentou normalidade na distribuição dos efeitos residuais. Conforme Steel, Torrie e Dickey (1996) a normalidade dos efeitos residuais é necessária para a realização de testes de significância e não é necessária na estimação dos componentes de variância. Sendo assim, apenas para possibilitar a realização do teste F das análises de variância, o caráter EP sofreu uma transformação de Box-Cox, com $\hat{\lambda} = 2$.

Na experimentação, a qualidade de um ensaio é um fator que indica a confiabilidade dos resultados obtidos. Por meio do coeficiente de variação experimental (CV_e) é possível mensurar a precisão do experimento. Nas análises de variância individuais, os valores de CV_e obtidos para os caracteres FM, AP, CE, DE e EP variaram de 2,3% a 14,5% e estão dentro dos valores reportados na literatura (BORDALLO et al., 2005; OLIVEIRA JR; PEREIRA; BRESSAN-SMITH, 2006), indicando uma boa precisão experimental. No entanto, para os caracteres EC e PE foram obtidos altos valores de CV_e , variando de 19,7% a 44,8%. Podem ter ocorrido pequenas variações nas unidades experimentais, involuntariamente, durante a execução dos experimentos, que causaram heterogeneidade entre as parcelas e culminaram em altas estimativas dos CV_e (Anexos C-J).

A acurácia seletiva (Ac) é outra forma de verificar a qualidade do ajuste de um modelo com aplicação em genética e melhoramento. Segundo Resende e Duarte (2007), esse parâmetro é superior ao coeficiente de variação experimental por não sofrer influência da média. Conforme os mesmos autores, estimativas maiores que 70% indicam boa precisão experimental. Nas análises de variância individuais, a maioria dos caracteres, nas duas épocas de plantio, apresentou estimativas de Ac superiores a 70%. Contudo, alguns caracteres apresentaram estimativas de Ac entre 51% e 66% apontando moderada precisão (Anexos C-J). Nas análises de variância conjuntas, os valores de Ac obtidos para todos os caracteres foram maiores que 70%, logo, pode-se considerar precisão satisfatória para esses caracteres. Com exceção do caráter EC, no experimento do tipo 1, com Ac de 63 % apresentou precisão moderada (Anexos K-N). Os valores de Ac corroboram as estimativas encontradas na literatura para milho comum (CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2011; SANTOS et al., 2014).

As estimativas de herdabilidade (h^2_m), no sentido amplo, em nível de médias de

testcrosses, para todos os caracteres, assemelham-se as estimativas relatadas na literatura (Anexos de C-N) (RODRIGUES et al., 2011; SANTOS et al., 2014). No entanto, é importante enfatizar que a herdabilidade não é apenas uma propriedade do caráter, mas também da população que está sendo avaliada (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Para o milho comum, nas condições brasileiras, alguns autores consideram valores do coeficiente de variação genético (CV_g) acima de 7% como um bom indicador do potencial genético do material em estudo para fins de melhoramento (RODRIGUES et al., 2011). Isso difere do observado neste experimento, onde para maioria dos caracteres, os *testcrosses* mostraram estimativas de CV_g inferiores a 7%. Vale ressaltar que esse parâmetro está representando a variabilidade remanescente nos *testcrosses*, uma vez que houve duas seleções durante as etapas de obtenção das linhagens que foram utilizadas na obtenção dos *testcrosses*. Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) também observaram a diminuição das estimativas de CV_g ao longo dos ciclos de seleção recorrente.

Nas análises de variância individuais e conjuntas, a fonte de variação testadores (T), de maneira geral, não apresentou diferenças significativas (p-valor > 0,05) (Anexos C-N). Indicando não haver diferença entre as médias dos testadores.

Foram observadas diferenças significativas entre as médias dos *testcrosses* (F) (p-valor $\leq 0,05$), nas análises de variância individuais, nos quatro tipos de experimentos, para a maioria dos caracteres (Anexos C-J). Foram observadas diferenças altamente significativas entre as médias dos *testcrosses* (p-valor $\leq 0,01$), nas análises de variância conjuntas, com exceção do caráter EC no experimento 1 (p-valor = 0,101) (Anexo K-N). Isso pode ser tomado como um indicativo de variabilidade entre as médias dos *testcrosses*.

Nas análises de variância individuais, as interações entre *testcrosses* e testadores (F x T), de maneira geral, não apresentaram diferenças significativas (p-valor > 0,05), ou seja, não houve mudança no ordenamento dos *testcrosses* quando se utilizaram diferentes testadores (Anexos C-J). No entanto, nas análises de variância conjuntas, várias interações de *testcrosses* e testadores (F x T) mostraram-se significativas (p-valor $\leq 0,05$) (Anexos K-N). O efeito desses resultados, no ordenamento dos *testcrosses*, foi avaliado pela estimação da correlação de Spearman e será discutido posteriormente (Tabela 3).

A fonte de variação épocas de plantio (A) foi significativa (p $\leq 0,05$) para a maior parte dos caracteres, demonstrando que houve diferença entre as duas épocas de plantio avaliadas. Apesar desta significância, o desempenho dos testadores não foi influenciado pelas épocas de plantio. O que pode ser verificado pela não significância (p-valor > 0,05) das

interações entre testadores e épocas (T x A). Apenas para o caráter EP, no experimento 4, foi observada significância para T x A (p-valor = 0,002) (Anexos K-N).

A maioria das interações entre *testcrosses* e épocas de plantio (*Testcrosses*/T_n x A) foram não significativas (p-valor > 0,05) (Anexos K-N). Para alguns caracteres que apresentaram significância nessa fonte de variação foram estimados os ganhos de seleção diretos e indiretos, que serão apresentados e discutidos posteriormente (Tabelas 4 e 5), a fim de elucidar a influência das épocas de plantio no desempenho dos *testcrosses*. Com o mesmo propósito foram estimadas correlações de Spearman entre as épocas de plantio que serão apresentadas na Tabela 6.

As interações significativas observadas entre *testcrosses* e testadores (F x T), nas análises de variância conjuntas, evidenciam que os *testcrosses* se comportam de maneira diferente quando se utilizam diferentes testadores. De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), a interação ocorre quando há respostas diferenciais dos genótipos em relação à variação do ambiente, neste caso, a mudança do testador. A existência da interação está associada a dois fatores. O primeiro, denominado simples, é devido à diferença de variabilidade entre *testcrosses* nos testadores, e o segundo, denominado complexo, é provocado pela falta de correlação entre os *testcrosses*. Na correlação de Spearman, as observações, para cada variável e para cada testador, são ranqueadas e é estimada uma correspondência entre os ranqueamentos. A significância do valor obtido é verificada por meio da estatística *t* que tem a distribuição de *t* de Student (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1996).

Nos experimentos do tipo 1 e 2, a maioria das correlações mostrou-se não significativa, ou seja, não foi detectada correlação entre os dois testadores utilizados (Tabela 3). Logo, a interação entre *testcrosses* e testadores pode ser classificada como complexa. Houve *testcrosses* com desempenho superior em um testador, mas não no outro.

Em contrapartida, nos experimentos do tipo 3 e 4, quase a totalidade das correlações mostrou-se significativa, ratificando a existência de correlação entre o ranqueamento das médias dos *testcrosses* nos três testadores utilizados (Tabela 3). Sendo assim, a interação entre *testcrosses* e testadores pode ser classificada como simples, pois os *testcrosses* com bom desempenho em um testador, também foram superiores nos demais testadores. Portanto, mesmo utilizando testadores diferentes, o desempenho dos *testcrosses* não se alterou de modo pronunciado. Dessa maneira, houve indicação da possibilidade de utilização de testadores mais selecionados e mais endogâmicos na obtenção de *testcrosses*.

Tabela 3 – Correlações de Spearman entre os *testcrosses* e o respectivo p-valor, na média das duas épocas de plantio, dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	Experimento 1 (AxB)		Experimento 2 (BxA)	
	$\hat{r}_{T_1T_2}^1$	p-valor	$\hat{r}_{T_1T_2}$	p-valor
FM	0,558	0,074	0,509	0,110
AP	0,727	0,015	0,809	0,004
EC	0,127	0,714	0,336	0,313
PE	0,236	0,486	0,582	0,066
CE	0,424	0,194	0,591	0,061
PE	0,264	0,435	-0,091	0,797
EP	0,127	0,714	0,327	0,327

Caracteres	Experimento 3 (AxB)						Experimento 4 (BxA)					
	$\hat{r}_{T_1T_2}$	p-valor	$\hat{r}_{T_1T_3}^2$	p-valor	$\hat{r}_{T_2T_3}^3$	p-valor	$\hat{r}_{T_1T_2}$	p-valor	$\hat{r}_{T_1T_3}$	p-valor	$\hat{r}_{T_2T_3}$	p-valor
FM	0,564	0,006	0,515	0,014	0,649	0,001	0,762	<0,000	0,837	<0,000	0,890	<0,000
AP	0,750	<0,000	0,567	0,007	0,425	0,049	0,459	0,031	0,521	0,012	0,359	0,101
EC	0,614	0,002	0,503	0,017	0,489	0,021	0,273	0,218	0,450	0,035	0,381	0,081
PE	0,455	0,034	0,392	0,071	0,407	0,061	0,278	0,209	0,319	0,148	0,191	0,391
CE	0,701	<0,000	0,720	<0,000	0,522	0,013	0,586	0,004	0,685	<0,000	0,694	<0,000
PE	0,486	0,021	0,302	0,171	0,160	0,477	0,251	0,259	0,351	0,110	0,348	0,112
EP	0,457	0,033	0,356	0,104	0,348	0,112	0,241	0,278	0,413	0,057	0,388	0,075

^{1, 2, 3} correlação entre as médias dos *testcrosses* oriundos do testador 1 com as médias dos *testcrosses* oriundos do testador 2, testador 1 e 3, testador 2 e 3, respectivamente.

As interações significativas observadas de *testcrosses* e épocas de plantio (F/T_n x A), nas análises de variância conjuntas, levantaram a possibilidade de que os *testcrosses* podem se comportar de maneira diferente nas duas épocas de plantio. A avaliação dessas interações é de grande importância para o melhoramento, pois há possibilidade de o melhor *testcross* em uma época não o ser em outra. Esse fato influencia o ganho de seleção e dificulta futuras recomendações de cultivares com ampla adaptabilidade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Para investigar como essas interações influenciaram o desempenho dos *testcrosses* em função das épocas de plantio, foram estimados os ganhos de seleção diretos e indiretos (Tabelas 4 e 5). Nos quatro tipos de experimentos os ganhos esperados foram razoáveis, em

torno de 1%. Vencovsky et al. (1980) estimaram o progresso genético, para produtividade de grãos em milho, durante vinte anos e chegaram a valores médios de progresso realizado em torno de 2%. Os ganhos esperados indiretos foram sempre menores que os diretos e no mesmo sentido, ou seja, de aumentar ou diminuir o caráter. A eficiência indireta da seleção, estimada pela razão entre os ganhos indiretos e os diretos, na maioria dos casos foi superior a 70%. Essa razão é um indicativo da eficiência de uma época de plantio em identificar os *testcrosses* superiores na outra época (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Uma vez constatada essa eficiência, conclui-se que o desempenho dos *testcrosses* foi semelhante em ambas as épocas de plantio.

Ainda com o propósito de investigar as significâncias das interações de *testcrosses* e épocas de plantio ($F/T_n \times A$), foram estimadas correlações de Spearman entre as épocas de plantio (Tabela 6). Nos experimentos do tipo 3 e 4, quase a totalidade das correlações mostrou-se significativa, constatando a existência de correlação entre o ranqueamento das médias dos *testcrosses* nas duas épocas de plantio. Sendo assim, a interação de *testcrosses* e épocas de plantio pode ser classificada como simples.

Devido à não significância dos efeitos da interação de testadores e épocas de plantio ($T \times A$) e à pouca relevância da interação envolvendo *testcrosses* e épocas de plantio ($F/T_n \times A$), a partir deste ponto serão apresentados e discutidos apenas os resultados das análises conjuntas, ou seja, reunindo as épocas.

Tabela 4 – Ganhos esperados com a seleção nos experimentos 1 e 2. $GS_{1,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 1, $GS_{1,\bar{1}\bar{2}}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 1, $GS_{1,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época 1, $GS_{2,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época 2, $GS_{2,\bar{1}\bar{2}}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 2, $GS_{2,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 2, dos caracteres florescimento masculino (FM), produtividade das espigas comerciais (PE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP). Os valores entre parênteses representam o ganho percentual em relação à média inicial do caráter. São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caráter	$GS_{1,1}$		$GS_{1,\bar{1}\bar{2}}$		$GS_{1,2}$		$GS_{2,2}$		$GS_{2,\bar{1}\bar{2}}$		$GS_{2,1}$	
	T ₁	T ₂	T ₁	T ₂	T ₁	T ₂	T ₁	T ₂	T ₁	T ₂	T ₁	T ₂
Experimento 1 (AxB)												
FM (dias)	-0,83 (1,21)	-0,70 (1,00)	-0,67 (0,98)	-0,09 (0,13)	-0,52 (0,76)	-0,11 (0,16)	-0,57 (0,79)	-0,77 (1,07)	-0,24 (0,33)	-0,92 (1,28)	-0,24 (0,33)	-0,22 (0,31)
DE (cm)	0,03 (0,59)	0,02 (0,34)	0,01 (0,20)	0,01 (0,20)	0,01 (0,20)	0,02 (0,34)	0,08 (1,77)	0,07 (1,53)	0,07 (1,53)	0,06 (1,24)	0,02 (0,40)	0,03 (0,67)
EP (%)	0,73 (0,82)	0,65 (0,75)	0,56 (0,64)	0,51 (0,58)	0,23 (0,26)	0,51 (0,58)	1,16 (1,39)	1,18 (1,40)	0,98 (1,18)	1,18 (1,40)	0,71 (0,86)	0,38 (0,46)
Experimento 2 (BxA)												
FM (dias)	-0,79 (1,10)	-0,60 (0,84)	-0,61 (0,85)	-0,43 (0,61)	-0,39 (0,55)	-0,38 (0,53)	-1,48 (2,06)	-1,08 (1,51)	-1,08 (1,51)	-0,86 (1,20)	-0,42 (0,59)	-0,68 (0,95)
PE (kg/parcela)	0,45 (22,68)	0,32 (16,86)	0,45 (22,68)	0,36 (18,55)	0,15 (7,83)	0,04 (2,11)	0,01 (0,44)	0,02 (0,78)	0,01 (0,30)	0,01 (0,52)	0,01 (0,30)	0,01 (0,28)
EP (%)	1,50 (1,75)	1,77 (2,07)	0,82 (0,96)	0,98 (1,14)	0,26 (0,31)	0,17 (0,20)	1,93 (2,26)	2,43 (2,85)	1,26 (1,47)	1,56 (1,83)	0,94 (1,10)	0,56 (0,66)

Tabela 5 – Ganhos esperados com a seleção nos experimentos do tipo 3 e 4. $GS_{1,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 1, $GS_{1,\bar{1}\bar{2}}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 1, $GS_{1,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época 1, $GS_{2,2}$ ganhos com a seleção na época 2 e resposta na época 2, $GS_{2,\bar{1}\bar{2}}$ ganhos com a seleção na média das épocas e resposta na época 2, $GS_{2,1}$ ganhos com a seleção na época 1 e resposta na época 2, para os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE) e enchimento de ponta (EP). Os valores entre parênteses representam o ganho percentual em relação à média inicial do caráter. São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caráter	$GS_{1,1}$			$GS_{1,\bar{1}\bar{2}}$			$GS_{1,2}$			$GS_{2,2}$			$GS_{2,\bar{1}\bar{2}}$			$GS_{2,1}$		
	T ₁	T ₂	T ₃	T ₁	T ₂	T ₃	T ₁	T ₂	T ₃	T ₁	T ₂	T ₃	T ₁	T ₂	T ₃	T ₁	T ₂	T ₃
Experimento 3 (AxB)																		
FM (dias)	-0,85 (1,24)	-1,13 (1,63)	-1,13 (1,63)	-0,80 (1,15)	-1,01 (1,46)	-1,01 (1,46)	-0,64 (0,93)	-0,99 (1,43)	-0,99 (1,43)	-1,93 (2,65)	-1,38 (1,91)	-1,38 (1,91)	-1,22 (1,67)	-1,31 (1,82)	-1,31 (1,82)	-0,29 (0,40)	-0,93 (1,28)	-0,93 (1,28)
EP (%)	1,05 (1,18)	1,52 (1,70)	1,19 (1,32)	0,44 (0,49)	0,82 (0,92)	0,93 (1,04)	0,07 (0,08)	0,44 (0,49)	0,72 (0,80)	2,10 (2,50)	2,01 (2,36)	2,46 (2,92)	0,08 (0,09)	1,92 (2,25)	2,08 (2,46)	0,20 (0,23)	0,85 (0,99)	0,46 (0,54)
Experimento 4 (BxA)																		
FM (dias)	-1,41 (1,99)	-1,36 (1,93)	-2,10 (2,97)	-1,12 (1,58)	-0,70 (0,98)	-0,96 (1,36)	-0,73 (1,03)	-0,52 (0,74)	-0,33 (0,47)	-1,70 (2,37)	-1,17 (1,62)	-1,37 (1,92)	-1,62 (2,26)	-1,27 (1,76)	-1,45 (2,03)	-1,03 (1,43)	-0,84 (1,16)	-0,67 (0,93)
AP (m)	-0,07 (3,77)	-0,09 (4,78)	-0,05 (2,68)	-0,06 (3,57)	-0,07 (3,89)	-0,05 (2,54)	-0,02 (1,35)	-0,04 (2,25)	-0,01 (0,68)	-0,03 (1,89)	-0,08 (5,53)	-0,03 (1,84)	-0,03 (1,73)	-0,08 (4,55)	-0,02 (1,21)	-0,01 (0,08)	-0,05 (2,91)	-0,01 (0,68)
EC (nº espigas/ parcela)	1,04 (6,16)	0,89 (5,45)	1,25 (7,36)	0,78 (4,61)	0,86 (5,27)	0,73 (4,26)	0,49 (2,87)	0,76 (4,68)	0,29 (1,69)	1,50 (16,2)	2,44 (26,09)	1,92 (15,99)	1,13 (12,16)	2,41 (25,83)	1,23 (10,26)	0,05 (0,55)	0,59 (6,30)	0,34 (2,80)
CE (cm)	0,31 (1,99)	0,34 (2,14)	0,42 (2,67)	0,23 (1,48)	0,45 (2,85)	0,39 (2,48)	0,16 (0,99)	0,12 (0,79)	0,06 (0,35)	0,43 (2,55)	0,50 (2,99)	0,42 (2,47)	0,35 (2,05)	0,35 (2,10)	0,33 (1,94)	0,16 (0,94)	0,03 (0,15)	0,17 (0,98)
EP (%)	1,14 (1,32)	0,56 (0,64)	0,89 (0,99)	0,97 (1,12)	0,46 (0,52)	0,46 (0,52)	0,07 (0,08)	0,26 (0,30)	0,28 (0,32)	2,33 (2,85)	2,19 (2,66)	2,22 (2,67)	2,03 (2,49)	2,06 (2,51)	1,71 (2,05)	0,04 (0,05)	0,59 (0,72)	0,73 (0,87)

Tabela 6 – Correlações de Spearman entre as duas épocas de plantio e o respectivo p-valor, para os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	T ₁		T ₂		Caracteres	T ₁		T ₂		T ₃	
	$\hat{r}_{A_1A_2}$	¹ p-valor	$\hat{r}_{A_1A_2}$	p-valor		$\hat{r}_{A_1A_2}$	p-valor	$\hat{r}_{A_1A_2}$	p-valor	$\hat{r}_{A_1A_2}$	p-valor
Experimento 1 (AxB)					Experimento 3 (AxB)						
FM	0,430	0,037	0,436	0,042	FM	0,609	0,003	0,738	<0,000	0,721	<0,000
DE	0,202	0,552	0,074	0,828	EP	0,498	0,020	0,568	0,017	0,421	0,032
EP	0,218	0,521	0,255	0,451	Experimento 4 (BxA)						
Experimento 2 (BxA)					FM	0,591	0,004	0,483	0,023	0,434	0,044
FM	0,257	0,445	0,578	0,043	AP	0,879	<0,000	0,468	0,028	0,500	0,121
PE	0,564	0,047	0,418	0,026	EC	0,536	0,009	0,520	0,013	0,664	0,031
EP	0,291	0,386	0,245	0,468	CE	0,401	0,049	0,489	0,032	0,568	0,019
					EP	0,620	0,001	0,558	0,016	0,477	0,025

¹ correlação entre as duas épocas de plantio das médias dos *testcrosses* oriundos do mesmo testador

Para todos os caracteres avaliados, os *testcrosses* exibiram médias iguais ou superiores à melhor testemunha utilizada (Tropical Plus®), de acordo com o teste de Dunnett, a 5% de probabilidade (Tabela 7). Para os caracteres FM e AP considerou-se que médias menores seriam melhores. Por outro lado, para os caracteres EC, PE, CE, DE e EP admitiu-se como vantajoso quando os *testcrosses* tivessem médias maiores que a da melhor testemunha. A utilização de testadores elite é recomendada para maximizar as médias dos *testcrosses* (BERNARDO, 2010), como foram utilizados testadores selecionados, foi possível obter *testcrosses* com médias iguais ou superiores ao material comercial mais plantado no país. Outra vantagem da utilização de testadores selecionados é que, além de discriminar os genótipos, esses podem resultar em materiais aceitáveis comercialmente (TRACY, 2001).

Tabela 7 – Média dos *testcrosses* oriundos do testador 1 ($\bar{F}_{T_1}$), do testador 2 ($\bar{F}_{T_2}$) e do testador 3 ($\bar{F}_{T_3}$); p-valor da fonte de variação testadores da anova conjunta; média do melhor *testcross* oriundo do testador 1 ($F_{T_1}^+$), do testador 2 ($F_{T_2}^+$) e do testador 3 ($F_{T_3}^+$); melhor média nas testemunhas (C^+), média de todas as testemunhas ($\bar{C}$) e da testemunha Tropical Plus®. Médias seguidas pela mesma letra não diferem da testemunha Tropical Plus® (Teste de Dunnett, 5% de probabilidade), considerando as duas épocas de plantio, para os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Sem pânha (B2) e crescimento de pânha (B1); São Manuel, SP, Brasil, 2012															
Caracteres		$\bar{F}_{T_1}$	$\bar{F}_{T_2}$	p-valor	$F_{T_1}^+$		$F_{T_2}^+$		C^+		$\bar{C}$	Tropical Plus®			
Experimento 1 (AxB)	FM (dias)	70,56	70,91	0,38	68,17	a	69,00	a	69,50	a	71,90	69,50			
	AP (m)	1,78	1,76	0,37	1,57		1,66		1,64		1,83	1,85			
	EC (esp/parcela)	12,15	12,77	0,46	14,63	a	15,63	a	18,27	a	12,94	18,27			
	PE (kg/parcela)	1,94	2,09	0,23	2,48	a	2,65	a	3,17	a	2,20	3,17			
	CE (cm)	15,67	15,86	0,51	16,70	a	16,82	a	18,92	a	16,51	17,62			
	DE (cm)	4,68	4,80	<0,00	4,82	a	4,92	a	4,77	a	4,62	4,77			
	EP (%)	86,06	85,72	0,74	88,87	a	89,86	a	91,91	a	86,86	88,34			
Experimento 2 (BxA)	FM (dias)	71,38	71,47	0,85	69,00	a	69,50	a	70,50	a	72,67	71,00			
	AP (m)	1,77	1,76	0,92	1,67	a	1,66	a	1,64	a	1,79	1,80			
	EC (esp/parcela)	12,66	12,19	0,62	15,90	a	17,67	a	20,75	a	15,39	20,75			
	PE (kg/parcela)	2,02	1,98	0,72	2,46		2,66	a	3,24	a	2,22	3,24			
	CE (cm)	16,53	16,33	0,31	17,20	a	17,72	a	19,10	a	17,12	18,27			
	DE (cm)	4,77	4,80	0,57	4,91	a	4,97		4,81	a	4,63	4,62			
	EP (%)	85,48	85,55	0,93	87,73	a	88,86	a	92,16	a	88,38	89,86			
Caracteres		$\bar{F}_{T_1}$	$\bar{F}_{T_2}$	$\bar{F}_{T_3}$	p-valor	$F_{T_1}^+$		$F_{T_2}^+$		$F_{T_3}^+$		C^+	$\bar{C}$	Tropical Plus®	
Experimento 3 (AxB)	FM (dias)	70,98	70,83	71,64	0,06	68,50	a	68,50	a	68,00	a	69,50	a	71,43	69,50
	AP (m)	1,75	1,74	1,77	0,22	1,58	a	1,54		1,58	a	1,58	a	1,81	1,77
	EC (esp/parcela)	13,79	13,46	14,08	0,58	18,13	1	17,90	a	18,37	a	19,83	a	14,43	19,83
	PE (kg/parcela)	2,31	2,37	2,47	0,31	3,00	a	3,34	a	2,98	a	3,22	a	2,33	3,22
	CE (cm)	16,46	16,34	16,50	0,56	17,70	a	17,77	a	18,52	a	20,27		17,24	17,23
	DE (cm)	4,78	4,84	4,85	0,13	4,97	a	5,17		5,07	a	4,73	a	4,63	4,70
	EP (%)	86,52	87,34	87,14	0,49	90,40	a	91,90	a	91,61	a	91,28	a	89,33	91,28
Experimento 4 (BxA)	FM (dias)	71,22	71,41	71,10	0,44	68,00	a	68,50	a	68,00	a	70,00	a	71,27	71,00
	AP (m)	1,74	1,73	1,77	0,03	1,60	a	1,46		1,67	a	1,64	a	1,80	1,73
	EC (esp/parcela)	6,09	6,02	6,25	0,04	6,90	a	6,77	a	6,95	a	7,39	a	6,29	6,71
	PE (kg/parcela)	13,09	12,93	14,56	0,01	16,81	a	18,03	a	18,52	a	17,00	a	11,34	13,57
	CE (cm)	2,26	2,23	2,45	0,03	2,88	a	2,82	a	3,05	a	2,80	a	1,95	2,58
	DE (cm)	16,38	16,21	16,46	0,08	17,60	a	17,28	a	17,82	a	20,05		16,75	17,35
	EP (%)	4,81	4,88	4,88	0,01	5,00	a	5,02	a	5,14		4,79	a	4,65	4,73

Quase a totalidade dos *testcrosses*, em todos os tipos de experimento, foram iguais ou superiores à testemunha Tropical Plus® (Tabela 8). Isso ressalta a eficiência da seleção recíproca realizada nos testadores e nas linhagens, e da complementariedade entre as populações “A” e “B”. Essa eficiência é evidenciada principalmente pelos caracteres EC, PE e CE comparando os dados dos experimentos 3 e 4 com os experimentos 1 e 2. Convém ressaltar que a média de um *testcross* é função das frequências alélicas do material que foi cruzado, ou seja, das linhagens e dos testadores (BERNARDO, 2010). O melhorista pode selecionar, a partir deste material, bons genótipos com potencial para serem testados e lançados comercialmente.

Tabela 8 – Número de *testcrosses* com média igual ou melhor que a melhor testemunha (Tropical Plus®), segundo o teste de Dunnett, a 5% de probabilidade, considerando as duas épocas de plantio, em relação aos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	Experimento 1 (AxB)			Experimento 2 (BxA)			Experimento 3 (AxB)				Experimento 4 (BxA)			
	T ₁	T ₂	Média ¹	T ₁	T ₂	Média ¹	T ₁	T ₂	T ₃	Média ²	T ₁	T ₂	T ₃	Média ²
FM	11	11	11	11	11	11	20	20	18	17	22	22	22	22
AP	11	11	11	11	11	11	22	22	21	21	22	22	22	22
EC	7	9	6	4	2	1	14	13	15	9	22	22	22	22
PE	2	4	1	0	1	0	16	15	18	11	22	22	22	22
CE	5	9	5	7	2	1	22	22	22	22	21	18	20	17
DE	11	11	11	11	11	11	22	22	22	22	22	22	22	22
EP	11	11	11	10	9	9	20	20	21	19	21	22	21	20

^{1,2} considerando a média dos dois e três testadores, respectivamente.

As variâncias genéticas estimadas neste estudo representam variâncias remanescentes, após duas etapas de seleção durante a obtenção das linhagens e dos testadores. Entre as gerações 1-2 (testador 1 e 2) e 2-3 (testador 2 e 3) não houve evidências claras da diminuição da variância genética entre *testcrosses* quando foram utilizados testadores mais endogâmicos e mais selecionados (Tabela 9). Um testador ideal deve ser capaz de maximizar as diferenças entre os genótipos cruzados e para que isso ocorra deve-se maximizar a variância de *testcrosses* (RAWLINGS; THOMPSON, 1962). Nesse caso, não se constatando grandes diferenças entre as variâncias dos *testcrosses* originados de diferentes testadores, inclusive com sobreposições dos intervalos de confiança das estimativas de variâncias, acredita-se que, levando em consideração as variâncias de *testcrosses*, os testadores utilizados têm o mesmo potencial de discriminação das linhagens.

Tabela 9 – Estimativas das variâncias genéticas dos *testcrosses* ($\hat{\sigma}_{F/T_n}^2$) dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	Experimento 1 (AxB)				Experimento 3 (AxB)				Experimento 2 (BxA)				Experimento 4 (BxA)			
	$\hat{\sigma}_{F/T_1}^2$		$\hat{\sigma}_{F/T_2}^2$		$\hat{\sigma}_{F/T_1}^2$		$\hat{\sigma}_{F/T_2}^2$		$\hat{\sigma}_{F/T_3}^2$		$\hat{\sigma}_{F/T_1}^2$		$\hat{\sigma}_{F/T_2}^2$		$\hat{\sigma}_{F/T_3}^2$	
FM	0,950	* ¹	0,734	*	1,744	**	2,595	**	3,444	**	2,155	**	1,053	*	2,769	**
	0,263	32,199	0,171	6,998	0,833	5,676	1,324	7,200	1,817	8,861	0,808	14,908	0,308	24,827	1,425	7,532
	100 ²		77 ³		100		149		198		100		49		100	82
AP	0,006	**	0,002	**	0,005	**	0,007	**	0,008	**	0,020	ns	0,037	ns	0,003	**
	0,002	0,041	0,000	0,333	0,002	0,016	0,003	0,019	0,004	0,022	-	-	-	-	0,001	0,014
	100		34		100		137		176		100		185		100	278
EC	0,953	ns	2,024	ns	4,877	**	6,410	**	3,901	**	3,785	**	4,657	**	3,178	**
	-	-	-	-	2,232	17,744	3,109	20,051	1,680	16,879	1,140	74,922	1,529	57,687	1,278	17,124
	100		212		100		131		80		100		123		100	176
PE	0,063	*	0,058	*	0,404	**	0,486	**	0,719	**	0,081	**	0,042	**	0,075	*
	0,014	11,127	0,012	22,766	0,048	0,440	0,098	0,572	0,031	0,448	0,022	3,079	0,006	71,870	0,029	0,456
	100		92		100		121		178		100		52		100	102
CE	-0,318	ns	0,718	**	0,239	ns	0,322	*	0,555	**	0,155	*	0,260	**	0,189	**
	-	-	0,274	4,664	-	-	0,134	1,539	0,267	1,781	0,024	36,490	0,067	15,643	0,062	2,303
	100		226		100		135		232		100		168		100	142
DE	0,005	ns	0,005	ns	0,007	ns	0,017	**	0,012	*	0,004	ns	0,004	ns	0,010	**
	-	-	-	-	-	-	0,008	0,058	0,005	0,053	-	-	-	-	0,004	0,055
	100		98		100		234		162		100		100		100	14
EP	2,539	ns	4,650	ns	3,031	**	9,712	**	5,388	**	0,881	ns	1,794	**	7,739	**
	-	-	-	-	0,940	50,618	4,655	31,326	2,205	27,380	-	-	0,845	7,468	3,527	28,490
	100		183		100		320		178		100		204		100	28

¹ significância da fonte de variação *Testcrosses*/T_n das análises de variância conjuntas.

² considerando que a variância do *testcross* quando oriundo do testador 1 seja igual a 100%.

³ variância do *testcross*, em porcentagem, em relação ao *testcross* oriundo do testador 1.

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

Houve uma oscilação nas estimativas das variâncias, ora aumentando ora diminuindo. Isso pode ser justificado por erros dessas estimativas, pois a amostragem foi pequena (11 e 22 linhagens); além disso os caracteres EC e PE apresentaram CV_e alto, o que acarreta menor precisão das estimativas.

Em relação às correlações entre os caracteres (Tabelas 10 e 11) observou-se que elas variaram amplamente. Quanto às correlações genéticas (r_G) e fenotípicas (r_F) foi verificado uma tendência de similaridade na magnitude e sinal e também na significância nos experimentos 3 e 4 para o testador 3. Observou-se ainda uma tendência de os coeficientes r_G serem, em valores absolutos, superiores aos coeficientes r_F . Todas as correlações envolvendo o caráter FM no experimento 3 e a maioria das correlações envolvendo esse caráter no experimento 4 foram negativas, ou seja, o relacionamento entre os caracteres é inversamente proporcional o aumento no FM provoca a diminuição nos demais caracteres e vice-versa. As correlações envolvendo PE possuem uma interpretação prática direta. Observou-se que quanto

Tabela 10 – Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 3 (AxB), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	FM	AP	EC	PE	CE	DE	EP
FM		-0,394 ¹	-0,460	-0,495	-0,183	-0,490	-0,370
		-0,356 ²	-0,491	-0,536	-0,117	-0,674	-0,498
		-0,529 ³	-0,478	-0,499	-0,353	-0,179	-0,010
AP	0,067 ⁴		0,510	0,437	0,328	0,310	0,734
	0,100		0,586	0,426	0,133	0,423	1,000
	0,011		0,415	0,468	0,357	0,153	0,187
EC	0,030	0,015		0,919	0,495	0,320	0,538
	0,020	0,004		1,000	0,813	0,676	0,838
	0,023	0,053		0,788	0,215	-0,054	0,121
PE	0,019	0,040	<0,000		0,589	0,496	0,555
	0,010	0,046	<0,000		0,863	0,824	0,853
	0,017	0,027	<0,000		0,349	0,155	0,147
CE	0,581	0,133	0,018	0,004		0,111	0,587
	0,610	0,140	<0,000	<0,000		0,321	1,000
	0,104	0,100	0,661	0,108		0,497	0,116
DE	0,020	0,158	0,144	0,018	0,629		0,432
	0,001	0,047	0,001	<0,000	0,142		0,636
	0,569	0,504	0,808	0,503	0,018		0,150
EP	0,087	<0,000	0,010	0,007	0,004	0,043	
	0,018	1,000	0,325	<0,000	1,000	0,002	
	0,964	0,591	0,597	0,521	0,614	0,513	

^{1,2,3} diagonal superior direita refere-se aos coeficientes r_F , r_G e r_E , respectivamente.

⁴ diagonal inferior esquerda refere-se a significância da estimativa.

maior o EC, o CE, o DE e o EP, maior será a produtividade $r_G(\text{PE}, \text{EC}) = 0,556$ e $1,000$; $r_G(\text{PE}, \text{CE}) = 1,000$ e $0,863$; $r_G(\text{PE}, \text{DE}) = 0,633$ e $0,824$ e $r_G(\text{PE}, \text{EP}) = 0,998$ e $0,853$; respectivamente para os experimentos 3 e 4, todas essas estimativas foram altamente significativas ($p\text{-valor} \leq 0,01$).

Tabela 11 – Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 4 (BxA), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	FM	AP	EC	PE	CE	DE	EP
FM		0,252 ¹	-0,193	-0,087	0,400	-0,173	-0,123
		0,762 ²	-0,348	-0,123	0,461	-0,201	-0,143
		-0,180 ³	0,024	-0,064	0,214	-0,104	-0,098
AP	0,257 ⁴		0,215	0,100	0,239	0,207	0,295
	<0,000		0,279	0,592	0,315	0,595	1,000
	0,572		0,207	-0,088	0,242	-0,030	-0,168
EC	0,608	0,661		0,666	0,319	-0,042	0,416
	0,109	0,207		0,556	0,221	-0,326	0,586
	0,912	0,607		0,736	0,483	0,275	0,270
PE	0,700	0,661	0,001		0,648	0,193	0,253
	0,593	0,004	0,007		1,000	0,633	0,998
	0,775	0,699	<0,000		0,327	0,533	0,382
CE	0,063	0,239	0,144	0,001		-0,113	-0,098
	0,030	0,150	0,325	1,000		-0,281	-0,124
	0,658	0,279	0,022	0,134		0,240	-0,059
DE	0,552	0,642	0,847	0,606	0,621		0,308
	0,628	0,004	0,135	0,013	0,202		0,556
	0,651	0,890	0,213	0,010	0,283		-0,045
EP	0,593	0,180	0,052	0,255	0,667	0,160	
	0,534	1,000	0,004	0,002	0,588	0,007	
	0,667	0,539	0,223	0,076	0,789	0,836	

^{1,2,3} diagonal superior direita refere-se aos coeficientes r_F , r_G e r_E , respectivamente.

⁴ diagonal inferior esquerda refere-se a significância da estimativa.

Neste estudo, o melhorista fez uma seleção visual considerando os caracteres comprimento e diâmetro da espiga, uniformidade, granação e tamanho e cor dos grãos. A seleção para esses caracteres pode ser feita durante as gerações de autofecundação devido aos altos valores de herdabilidade e à natureza aditiva da base genética dos caracteres (TRACY, 2001). Segundo Barbieri (2010), o peso dos grãos de milho-doce é um caráter de difícil mensuração e para a melhoria deste caráter é necessária a seleção indireta por meio de seus componentes de produção. Observando as correlações estimadas e as médias dos *testcrosses* apresentadas na tabela 7, o melhorista obteve sucesso na seleção praticada. Sendo assim, o

EC, o CE, DE e o EP podem ser utilizados como caracteres auxiliares durante a seleção para o incremento da produtividade de espigas.

Este experimento envolveu quatro gerações com diferentes coeficientes de endogamia e duas etapas de seleção na obtenção dos genótipos que posteriormente deram origem aos *testcrosses*. Houve dois gargalos, um entre as gerações 1 e 2 e outro entre as gerações 2 e 3, nos quais o melhorista fez uma seleção e reduziu drasticamente o número de linhagens que representavam a geração anterior. Para mensurar qual a representatividade genética dessas linhagens selecionadas em relação à geração anterior, foram mensurados dois tamanhos efetivos populacionais (N_{e1} e N_{e2}) (Figura 3).

Para a estimação do parâmetro N_{e1} considerou-se: o número de descendentes $n=11$; a taxa de autofecundação $s=1$; o número de genitoras amostradas $P=11$; o coeficiente de endogamia das genitoras $f=0$; a fração do número de genitoras e genitores $u=v=0$, respectivamente; o número de indivíduos na população de referência N e o número de genitores doadores de pólen M suficientemente grandes. Resultou, assim, que $N_{e1}=7,3$, pela equação (7).

Para a estimação de N_{e2} considerou-se: o número de descendentes $n=22$; a taxa de autofecundação $s=1$; o número de genitoras amostradas $P=22$; o coeficiente de endogamia das genitoras $f=0,5$; a fração do número de genitoras e genitores $u=v=1$, respectivamente; o número de indivíduos na população de referência $N=22$ e o número de genitores doadores de pólen $M=22$. Resultou, assim, que $N_{e2}=88$, pela equação (7). O controle gamético feminino na segunda seleção e o nível mais elevado de endogamia permitiram o aumento do tamanho efetivo populacional e a manutenção da variabilidade genética.

Figura 3 – Representação dos tamanhos efetivos populacionais ao longo das quatro gerações das quais foram selecionados as linhagens e testadores que originaram os *testcrosses*

O tamanho efetivo populacional total estimado foi de $N_{eT} = 6,7$. Rawlings (1970) considera que o tamanho efetivo populacional não é um grande problema em programas de melhoramento se as estimativas estiverem entre 30 e 45. Ainda que a estimativa de N_{eT} tenha sido muito menor que o recomendado, as médias dos *testcrosses*, para todos os caracteres, evidenciaram que existem genótipos adequados ao melhoramento. Isso permite acreditar que a população inicial tinha médias boas e muita variabilidade genética.

A mudança nas frequências alélicas de uma geração para outra é função da deriva e da seleção (FALCONER; MACKAY, 1996). Como estes experimentos não forneceram informações a respeito das gerações zero e um, não foi possível estimar e separar os efeitos da seleção e da deriva nas alterações das variâncias genéticas nas gerações 0-1 e 1-2 (Figura 3). Mesmo assim, é possível afirmar que até a geração dois o efeito da deriva deve ter sido pronunciado devido ao baixo valor de N_{e1} . Nas gerações 2-3 houve aumento substancial do respectivo valor de N_{e2} , o que reduz o efeito da deriva. De fato, não houve indicação clara de redução da variação genética na geração três em relação à geração dois e na geração dois em relação à geração um (Tabela 9).

Foram observados valores consideráveis para os progressos realizados nas médias dos *testcrosses*, quando a seleção se deu nos testadores (lado masculino) e nas linhagens (lado feminino) (Tabelas 12 e 13). A utilização de testadores selecionados é vantajosa, pois maximiza a média dos *testcrosses* (BERNARDO, 2010).

Tabelas 12 – Estimativas dos progressos realizados do lado feminino, na média das duas épocas de plantio, nos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	T ₁			T ₂			T ₁			T ₂		
	Exp (AxB)	Exp 3 (AxB)	Progresso (%)	Exp 1 (AxB)	Exp 3 (AxB)	Progresso (%)	Exp 2 (BxA)	Exp 4 (BxA)	Progresso (%)	Exp 2 (BxA)	Exp 4 (BxA)	Progresso (%)
FM	70,56	70,98	0,6	70,91	70,83	-0,1	71,38	71,22	-0,2	71,47	71,41	-0,1
AP	1,78	1,75	-1,5	1,76	1,74	-0,9	1,77	1,74	-1,4	1,76	1,73	-2,1
EC	12,15	13,79	13,5	12,77	13,46	5,3	12,66	13,09	3,4	12,19	12,93	6,0
PE	1,94	2,31	19,1	2,09	2,37	13,2	2,02	2,26	12,3	1,98	2,23	12,6
CE	15,67	16,46	5,1	15,86	16,34	3,0	16,53	16,38	-0,9	16,33	16,21	-0,7
DE	4,68	4,78	2,2	4,80	4,84	1,0	4,77	4,81	0,7	4,80	4,88	1,8
EP	86,06	86,52	0,5	85,72	87,34	1,9	85,48	84,05	-1,7	85,55	84,97	-0,7

A possibilidade de existência de efeito recíproco entre os cruzamentos das populações “A” e “B” foi verificada quando se compararam as médias do testador 2 nos experimentos 1 e

Tabelas 13 – Estimativas dos progressos realizados do lado masculino, na média das duas épocas de plantio, nos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	Experimento 1 (AxB)			Experimento 3 (AxB)			
	T ₁	T ₂	Progresso(%)	T ₁	T ₂	T ₃	Progresso(%)
FM	70,56	70,91	0,5	70,98	70,83	71,64	0,9
AP	1,78	1,76	-1,2	1,75	1,74	1,77	1,1
EC	12,15	12,77	5,1	13,79	13,46	14,08	2,1
PE	1,94	2,09	7,9	2,31	2,37	2,47	6,8
CE	15,67	15,86	1,2	16,46	16,34	16,50	0,2
DE	4,68	4,80	2,4	4,78	4,84	4,85	1,3
EP	86,06	85,72	-0,4	86,52	87,34	87,14	0,7

Caracteres	Experimento 2 (BxA)			Experimento 4 (BxA)			
	T ₁	T ₂	Progresso(%)	T ₁	T ₂	T ₃	Progresso(%)
FM	71,38	71,47	0,1	71,22	71,41	71,10	-0,2
AP	1,77	1,76	-0,1	1,74	1,73	1,77	1,8
EC	12,66	12,19	-3,7	13,09	12,93	14,56	11,2
PE	2,02	1,98	-1,9	2,26	2,23	2,45	8,3
CE	16,53	16,33	-1,2	16,38	16,21	16,46	0,5
DE	4,77	4,80	0,6	4,81	4,88	4,88	1,6
EP	85,48	85,55	0,1	84,05	84,97	86,42	2,8

2, e do testador 3 nos experimentos 3 e 4 (Tabela 14). Observou-se que não houve grandes diferenças entre as médias dos caracteres quando a população “A” foi utilizada como genitora feminina e a “B” como genitora masculina e o contrário. Isso indica que ambas as populações podem ser utilizadas como doadoras ou receptoras de pólen, não interferindo no desempenho dos *testcrosses*.

Tabelas 14 – Médias dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), nos cruzamentos recíprocos entre as populações “A” e “B”. São Manuel, SP, Brasil, 2012

Caracteres	Experimento 1	Experimento 2	Experimento 3	Experimento 4
	Pop “A”: feminino	Pop “B”: feminino	Pop “A”: feminino	Pop “B”: feminino
	Pop “B”: masculino	Pop “A”: masculino	Pop “B”: masculino	Pop “A”: masculino
FM	70,91	71,47	71,64	71,10
AP	1,76	1,76	1,77	1,77
EC	12,77	12,19	14,08	14,56
PE	2,09	1,98	2,47	2,45
CE	15,86	16,33	16,50	16,46
DE	4,80	4,80	4,85	4,88
EP	85,72	85,55	87,14	86,42

2.3.2 Índice de seleção

A aplicação do índice de Cerón-Rojas et al. (2008) permitiu classificar os *testcrosses* simultaneamente em relação aos caracteres EC, PE, CE, DE e EP (Tabelas 15 e 16). Foi realizada a seleção de cinco *testcrosses* em um total de 22, ou seja, foram selecionados 23% do total, apenas para os *testcrosses* oriundos do testador 3, pois as análises anteriormente apresentadas não mostraram diferenças no desempenho dos *testcrosses* quando foram utilizados testadores diferentes. Os ganhos esperados com a seleção pelo índice foram satisfatórios para todos os caracteres. Os caracteres CE, DE e EP apresentaram os menores ganhos, o que pode ser justificado por esses também apresentarem baixas estimativas para o coeficiente CV_g (Anexos M e N). O índice de Cerón-Rojas et al. (2008) não requer atribuição de pesos econômicos, mostrou ser de fácil aplicação e produziu resultados consideráveis em

Tabela 15 – Médias dos *testcrosses* e ganho esperado no caráter j , na seleção de cinco *testcrosses* praticada com base no índice ($R_{j(i)}$) nos caracteres número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 3 (AxB), São Manuel, SP, Brasil, 2012

Testcrosses	Médias					Ordenamento
	EC (espigas/parcela)	PE (kg/parcela)	CE (cm)	DE (cm)	EP (%)	Cerón-Rojas et al. (2008)
102	18,37	2,98	16,75	5,06	91,61	1
95	15,22	2,94	18,52	4,97	87,40	2
98	18,37	2,85	17,03	4,80	89,98	3
105	16,37	2,82	17,05	5,00	90,07	4
93	16,48	2,83	16,98	4,92	87,40	5
106	15,35	2,73	16,72	4,95	90,31	6
107	15,38	2,78	16,85	4,85	89,41	7
99	14,52	2,71	17,23	4,87	87,33	8
101	15,52	2,64	16,09	4,78	88,60	9
94	15,17	2,36	17,40	4,66	90,63	10
110	13,97	2,57	16,71	4,88	87,10	11
89	14,68	2,26	16,73	4,83	89,24	12
96	15,85	2,64	15,48	4,74	84,95	13
91	14,83	2,48	16,32	4,77	85,06	14
109	13,93	2,60	15,58	4,83	85,60	15
90	11,33	2,37	16,12	4,98	86,95	16
97	10,65	2,14	17,37	4,81	89,13	17
100	10,28	2,09	16,02	5,07	84,59	18
104	11,25	1,97	14,99	4,92	86,80	19
108	11,28	1,97	16,88	4,60	83,29	20
103	11,00	1,80	14,72	4,85	78,34	21
92	9,92	1,71	15,45	4,50	83,38	22
Média	14,08	2,47	16,50	4,85	87,14	
$R_{j(i)}$ (%)	12,53	5,24	2,78	1,03	1,53	

relação aos ganhos esperados com a seleção, podendo, então, ser recomendado para a utilização em programas de melhoramento do milho-doce.

Tabela 16 – Médias dos *testcrosses* e ganho esperado no caráter *j*, na seleção de cinco *testcrosses* praticada com base no índice ($R_{j(i)}$) nos caracteres número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), para os 22 *testcrosses* oriundos do testador 3, experimento 4 (BxA), São Manuel, SP, Brasil, 2012

<i>Testcross</i>	Médias					Ordenamento
	EC (esp/parcela)	PE (kg/parcela)	CE (cm)	DE (cm)	EP (%)	Cerón-Rojas et al. (2008)
159	18,52	3,02	17,72	4,94	86,96	1
165	14,97	3,05	17,82	4,83	86,54	2
169	14,75	2,88	17,12	5,04	86,78	3
170	18,17	2,49	17,07	4,82	89,83	4
173	16,78	2,71	16,37	4,91	89,95	5
158	16,32	2,83	16,55	4,87	86,60	6
167	13,37	2,52	16,45	4,98	90,30	7
155	16,43	2,81	16,50	4,93	83,91	8
163	14,02	2,47	16,23	5,10	88,13	9
172	11,88	2,39	17,31	4,86	87,87	10
174	15,32	2,45	16,20	4,83	87,68	11
161	15,85	2,55	16,38	4,79	85,70	12
160	16,38	2,43	16,30	4,80	86,51	13
156	15,08	2,38	16,22	4,88	85,04	14
157	13,47	2,41	16,42	4,89	84,79	15
162	14,08	2,11	15,52	4,87	90,65	16
176	12,70	2,36	15,38	5,14	86,51	17
164	14,62	2,04	15,45	4,74	90,60	18
168	12,89	2,21	16,16	4,94	84,36	19
175	10,92	1,73	16,17	5,01	83,11	20
166	10,92	2,13	16,58	4,65	79,98	21
171	12,82	1,95	16,32	4,66	79,45	22
Média	14,56	2,45	16,46	4,88	86,42	
$R_{j(i)}$ (%)	5,81	5,24	2,74	0,27	0,88	

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O milho é o cereal de maior volume de produção no mundo, com aproximadamente 960 milhões de toneladas. Estados Unidos, China, Brasil e Argentina são os maiores produtores, representando 70% da produção mundial. Dentro deste cenário, o Brasil, com uma área cultivada com milho de 15,22 milhões de hectares e produção de 83 milhões de toneladas (CONAB, 2016), é hoje um país estratégico, pois é o terceiro maior produtor e o segundo maior exportador mundial de milho. É inquestionável a importância que a cultura do milho exerce na economia brasileira.

Uma vez que o Brasil destaca-se como produtor de milho, o milho-doce surge como uma alternativa para aumentar os rendimentos do agricultor e auxiliar no desafio de alimentar a população mundial, com uma expectativa de crescimento nas próximas décadas.

Do ponto de vista científico e de difusão de tecnologia, faltam investimentos na cultura do milho-doce. Atualmente, o Ministério da Agricultura tem 53 cultivares registradas de milho-doce, um número considerado pequeno. Na safra de 2014/2015, das 478 cultivares disponíveis no mercado de sementes, apenas 17 apresentavam aptidão para a produção de milho verde, não sendo seu uso, entretanto, exclusivo para esse fim (CRUZ; PEREIRA FILHO; SIMAO, 2014). A recomendação de cultivares destinadas à produção de grãos para a produção de milho verde é um problema e pode ocasionar muita desuniformidade no produto. Isso mostra que o agricultor ainda necessita de muitas informações a respeito de cultivares apropriadas para esse segmento de mercado cada vez mais promissor e exigente.

Este estudo foi desenvolvido diante da escassez de informações sobre a avaliação e obtenção de cultivares de milho-doce. Quanto à utilização de testadores com elevado nível de seleção e endogamia, em relação aos testadores de gerações anteriores, para a obtenção de *testcrosses*, não houve evidências de que o testador mais selecionado e mais endogâmico tenha sido inferior aos demais no que tange à discriminação e a maximização das médias dos *testcrosses*. Além disso, o testador que se encontra na mesma geração de endogamia das linhagens mostrou-se vantajoso na sua utilização, uma vez que as sementes de milho-doce apresentam problemas de perda de vigor e germinação ao longo do tempo.

Os progressos obtidos nas médias dos *testcrosses* comprovaram a eficiência das seleções realizadas nas linhagens e nos testadores. A utilização de testadores mais selecionados mostrou-se vantajosa, pois além de discriminar os *testcrosses*, esses testadores originaram mais genótipos com padrão aceitável comercialmente.

Dado que o milho-doce é uma hortaliça, os caracteres relacionados à qualidade da

espiga, além da produtividade, são de grande importância, pois sofrem uma seleção visual do consumidor durante a compra do produto. As altas estimativas de correlações entre o comprimento, diâmetro e enchimento de ponta das espigas com a produtividade, garantem ao melhorista que ao selecionar pelos caracteres da espiga, haverá a seleção dos genótipos mais produtivos, satisfazendo o agricultor com altas produtividades e o consumidor com espigas que atendam ao padrão comercial.

O índice de Cerón-Rojas et al. (2008) mostrou-se eficiente na caracterização e seleção dos melhores *testcrosses*. Os *testcrosses* avaliados neste estudo mostraram potencial para continuar o processo de seleção visando a obtenção de híbridos comerciais superiores, no médio ou curto prazo.

Entre as gerações 1-2 e 2-3 não houve evidências claras da diminuição da variância genética entre *testcrosses* quando foram utilizados testadores mais endogâmicos e mais selecionados. Esses testadores foram capazes de discriminar e maximizar as médias dos *testcrosses* e mostraram-se de fácil utilização. Nas condições desta pesquisa, recomenda-se a utilização de testador com grau mais elevado de endogamia e de seleção na obtenção dos *testcrosses*.

REFERÊNCIAS

- ADETIMIRIN, V. O. Stand establishment and early field vigour variation in a tropicalised shrunken-2 maize population. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 108, p. 143–149, 2008.
- ALLISON, J. C. S.; CURNOW, R. N. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 541–544, 1966.
- ARAUJO, E. F.; CORREA, P. C.; SILVA, R. F. Comparação de modelos matemáticos para descrição das curvas de desdorção de sementes de milho-doce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, p. 991–995, 2001.
- ASGHAR, M. J.; MEHDI, S. S. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. **Pakistan Journal of Botany**, Karachi, v. 42, p. 775–789, 2010.
- BARBIERI, V. H. B.; LUZ, J. M. Q.; BRITO, C. H.; DUARTE, J. M.; GOMES, L. S.; SANTANA, D. G. Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamentos e populações de plantas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, p. 826–830, 2005.
- BARBIERI, V. H. B. **Mapeamento de QTL em testcrosses de milho doce com diferentes testadores e ambientes**. 2010. 129 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.
- BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações**. 2. ed. Piracicaba: FEALQ, 1993. 120 p.
- BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, p. 17–21, 1991.
- _____. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010. 260 p.
- BORDALLO, P. D. N.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JUNIOR, A. T.; GABRIEL, A. P. C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agrônômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, p. 123–127, 2005.
- BOYER, C. D.; SHANNON, J. C. The use of endosperm genes for sweet corn improvement. In: JANICK, J. (Ed.). **Plant Breeding Reviews**. Westport: Avi Publications, 1983. p. 139–161.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J. P. Planejamento experimental em milho. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, p. 1009–1016, 2011.
- CERON-ROJAS, J. J.; CROSSA, J.; CASTELLANOS, J. S.; GONZALEZ, F. C.; VARELA, A. S. A selection index method based on eigenanalysis. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 1711–1721, 2006.
- CERON-ROJAS, J. J.; CASTELLANOS, J. S.; GONZALEZ, F. C.; VARELA, A. S.; CROSSA, J. A restricted selection index method based on eigenanalysis. **Journal of Agricultural Biological and Environmental Statistics**, Alexandria, v. 13, n. 4, p. 440–457, 2008.
- COE, E. H.; NEUFFER, M. G.; HOISINGTON, D. A. The genetics of corn. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY, J. W. (Ed.). **Corn and corn improvement**. 3rd ed. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 81–258.

- COIMBRA, R. A.; MARTINS, C. C.; TOMAZ, C. A. NAKAGAWA, J. Testes de vigor utilizados na avaliação da qualidade fisiológica de lotes de sementes de milho-doce (sh2). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, p. 2402–2408, 2009.
- COMSTOCK, R. E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH, 1964, Chicago. **Proceedings...** Chicago: ASTA, 1964. p. 87–94.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira - grãos**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_02_04_11_21_34_boletim_graos_fevereiro_2016_ok.pdf>. Acesso em: 11 fev. 2016.
- CROSBIE, T. M.; MOCK, J. J.; SMITH, O. S. Comparison of gains predicted by several selection methods for cold tolerance traits of two maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 20, p. 649–655, 1980.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; SIMAO, E. P. **478 Cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2014/2015**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2014. 37 p.
- DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. In: ANNUAL REPORT PUERTO RICO AGRICULTURAL EXPERIMENTAL STATION, 1964, Puerto Rico. **Proceedings...** Puerto Rico: ASTA 1927. p. 14–15.
- ELSTON, R. C. A weight free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, Washington v. 19, p. 85–97, 1963.
- ERWIN, A. T. Sweet corn - mutant or historic species? **Economic Botany**, Bronx, v. 5, p. 302–306, 1951.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman Scientific and Technical, 1996. 464 p.
- FLORA, L. F.; WILEY, R. C. Sweet corn aroma, chemical components and relative importance in the overall flavor response. **Journal of Food Science**, Chicago, v. 39, p. 770–773, 1974.
- GARCIA, A. A. F.; SOUZA JUNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v. 58, p. 253–267, 1999.
- HALLAUER, A. R. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH, 1975, Chicago. **Proceedings...** Chicago: ASTA, 1975. p.150-165.
- _____. Methods used in developing maize inbreds. **Maydica**, Bergamo, v. 35, p. 1–16, 1990.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 3rd ed. Ames: Iowa State University Press, 2010. 664 p.
- HALLAUER, A. R.; RUSSEL, W. A.; LAMKEY, K. R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY, J. W. (Ed.). **Corn and corn improvement**. 3rd ed. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 453–464.
- HAZEL, L. N. The genetics basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, p. 476–490, 1943.

HAZEL, L. N.; LUSH, J. L. The efficiency of three methods of selection. **Journal of Heredity**, Washington, v. 33, p. 393–399, 1942.

HENDRY, G. W. Archaeological evidence concerning the origin of sweet maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 22, p. 508–514, 1930.

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 37, p. 134–145, 1945.

IBGE. **Censo agropecuário 2006**. Disponível em:

<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/agropecuaria/censoagro/agri_familiar_2006>. Acesso em: 17 nov. 2015.

ILKER, E. Correlation and path coefficient analyses in sweet corn. **Turkish Journal of Field Crops**, Konak, v. 16, p. 105–107, 2011.

ITO, G. M.; BREWBAKER, J. L. Genetic advance through mass selection for tenderness in sweet corn. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 106, p. 496–499, 1981.

_____. Genetic analysis of pericarp thickness in progenies of eight corn hybrids. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 116, p. 1072–1077, 1991.

JENKINS, M. T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State College Journal of Science**, Ames, v. 3, p. 429–450, 1935.

JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 24, p. 523–530, 1932.

JONES, D. F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 4, p. 246–250, 1918.

KASHIANI, P.; SALEH, G.; ABDULLAH, N. A. P.; ABDULLAH, S. N. Variation and genetic studies on selected sweet corn inbred lines. **Asian Journal of Crop Science**, Karachi, v. 2, p. 78–84, 2010.

KAUKIS, K.; DAVIS, D. W. Sweet corn breeding. In: BASSETT, M. J. (Ed.). **Breeding vegetable crops**. Connecticut: The Avi Publishing Company, 1986. p. 477–512.

KHAZAEI, F.; ALIKHANI, M. A.; YARI, L.; KHANDAN, A. Study the correlation, regression and path coefficient analysis in sweet corn (*Zea mays* var. *saccharata*) under different levels of plant density and nitrogen rate. **Journal of Agricultural and Biological Science**, Islamabad, v. 5, p. 14–19, 2010.

KWIATKOWSKI, A.; CLEMENTE, E. Características do milho doce (*Zea mays* L.) para industrialização. **Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial**, Ponta Grossa, v. 1, p. 93–103, 2007.

LAUER, J. Corn germoplasm for silage uses. **Field Crops**, Madison, v. 28, p. 5–4, 1995.

OLIVEIRA JUNIOR, L. F. G.; PEREIRA, M. G.; BRESSAN-SMITH, R. Caracterização e avaliação agrônômica de híbridos e linhagens de milho doce (su1). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, p. 283–288, 2006.

PARENTONI, S. N.; GAMA, E. E. G. Colheita. In: PAIVA, E.; MAGALHAES, P. C.;

- OLIVEIRA, A. C.; PURCINO, A. A. C.; MONTEIRO, J. A.; RAMALHO, J. H.; MAGNAVACA, R. (Ed.). **A Cultura do Milho Doce**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 1992. p. 31–32.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; GAMA, E. E. G. Cultivares de milho para o consumo verde. In: PEREIRA FILHO, I. A. (Ed.). **O cultivo do milho verde**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2002. p. 17–30.
- PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal Plant Science**, Ottawa, v. 49, p. 803–804, 1969.
- R Development Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna, Áustria, 2015.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. 3. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 328 p.
- RAWLINGS, J. O. Present status of research on long and short term recurrent selection in finite populations-choice of population size. **Proceedings of Second Meeting Work Group Quantitative Genetics IUFRO**, Raleigh, v. 22, p. 1–15, 1970.
- RAWLINGS, J. O.; THOMPSON, D. L. Performance level as criterion for the choice of maize testers. **Crop Science**, Madison, v. 2, p. 217–220, 1962.
- RENCHE, A. C.; SCHAALE, G. B. **Linear models in statistics**. 2nd ed. Hoboken: John Wiley & Sons, 2008. 688 p.
- RESENDE, M. D. V. DE; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 182–194, 2007.
- RICHEY, F. D. Isolating better foundation inbreds for use in corn hybrids. **Genetics**, Austin, v. 30, p. 455–471, 1945.
- REGISTRO NACIONAL DE CULTIVARES. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>. Acesso em: 17 nov. 2015.
- RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, p. 278–286, 2011.
- SALEH, G. B.; ALAWI, S. A. S.; PANJAITAN, K. Performance, correlation and heritability studies on selected sweet corn synthetic populations.pdf. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, Karachi, v. 5, p. 251–254, 2002.
- SANTOS, P. H. A. D.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. S.; CUNHA, K. S.; ENTRINGER, G. C.; VETTORAZZI, J. C. F. Agronomic performance of super-sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 14, p. 8–14, 2014.
- SCAPIM, C. A. **Cruzamentos dialélicos entre sete variedades de milho doce (Zea mays L.) e correlações entre caracteres agrônômicos**. 1994. 96 p. Dissertação (Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1994.
- SCHMIDT, D. H.; TRACY, W. F. Endosperm type, inbred background, and leakage of seed

electrolytes during imbibition in sweet corn. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 113, p. 269–272, 1988.

SCHULTZ, J. A.; JUVIK, J. A. Current models for starch synthesis and the sugary enhancer1 (se1) mutation in *Zea mays*. **Plant Physiology and Biochemistry**, Paris, v. 42, p. 457–464, 2004.

SEARLE, S. R. **Linear Models**. New York: John Wiley, 1971. 560 p.

SHULL, G. H. The composition of a field of maize. **American Breeders Association Report**, Washington, v. 4, p. 296–301, 1908.

_____. A pure line method of corn breeding. **American Breeders Association Report**, Washington, v. 5, p. 51–59, 1909.

_____. Hybridization methods in corn breeding. **American Breeders Association Report**, Washington, v. 6, p. 63–72, 1910.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v. 7, p. 240–250, 1936.

SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 540–543, 1986.

SMITH, O. S.; HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A. Use of index selection in recurrent selection programs in maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, p. 611–618, 1981.

SOLOMON, K. F.; MARTIN, I.; ZEPPA, A. Genetic effects and genetic relationships among shrunken (sh2) sweet corn lines and F1 hybrids. **Euphytica**, Wageningen, v. 185, p. 385–394, 2012.

SOUSA, S. M.; PAES, M. C. D.; TEIXEIRA, F. F. **Milho doce: origem de mutações naturais**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2012. 41 p.

SOUZA JUNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, T. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159–199.

SOUZA JUNIOR, C. L.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, T. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 649–671.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and Procedures of Statistics: A Biometrical Approach**. 3rd ed. New York: McGraw-Hill, 1996. 672 p.

STORCK, L.; LOVATO, C. Milho doce. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 21, p. 283–292, 1991.

STYER, R. C.; CANTLIFFE, D. J. Relationship between environment during seed developments and seed vigor of two endosperm mutants of corn (*Zea mays*). **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 108, p. 717–, 1983.

SUWANTARADON, K.; EBERHART, S. A.; MOCK, J. J.; OWENS, J. C.; GUTHRIE, W. D. Index selection for several agronomic traits in the BSSS2 maize population. **Crop Science**, Madison, v. 15, p. 827–833, 1975.

TRACY, W. F. Sweet corn. In: HALLAUER, A. R. (Ed.). **Specialty corn**. 2nd ed. Boca

Raton: CRC Press , 2001. p. 155–198.

TRACY, W. F., CHANDRAVADANA, P., GALINAT, W. . More on pericarp and aleurone thickness in maize and its relatives. **Maize Genetics Cooperation News Letter**, Minneapolis, v. 52, p. 60–62, 1978.

TSUNECHIRO, A.; VASCONCELLOS, C. A.; MORETTI, C. L.; KARAM, D.; OLIVEIRA, E.; GAMA, E. E. G.; FERNANDES, F. T.; DURAES, F. O. M; HENZ, G. P.; PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, I.; DUARTE, J. O.; WAQUIL, M. J.; VIANA, P. A.; MAGALHAES, P. C.; ALBUQUERQUE, P. E. P. **Milho-verde**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2008. 61 p.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **National Agricultural Statistics Service. U.S. Sweet Corn Statistics**. Disponível em: <<http://usda.mannlib.cornell.edu/MannUsda/viewDocumentInfo.do?do>>. Acesso em: 12 nov. 2015.

VENCOVSKY, R.; MORAES, A. R.; GARCIA, J. C.; TEIXEIRA, N. M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. **Anais do Congresso Nacional de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 14, p. 300–307, 1980.

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

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of representativeness used in genetic resources conservation and plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 1912–1921, 2003.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, Washington, v. 18, p. 375–393, 1962.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: De Gruyter, 1986. 406 p.

ANEXOS

ANEXO A - Esquema da análise de variância individual com as esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação, a orientação do teste F e as decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*, experimentos 1 e 2

FV	GL	QM	E(QM)	F
Repetições	$j - 1$	Q_1	$\sigma_\varepsilon^2 + g\sigma_R^2$	Q_1/Q_{10}
Tratamentos	$i - 1$	Q_2	$\sigma_\varepsilon^2 + rV_G$	Q_2/Q_{10}
Testadores (T)	$k - 1$	Q_3	$\sigma_\varepsilon^2 + r(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2 + rfV_T$	Q_3/Q_7
Testemunhas (C)	$\ell - 1$	Q_4	$\sigma_\varepsilon^2 + rV_c$	Q_4/Q_{10}
Grupos (F vs C) (D)	1	Q_5	-	-
<i>Testcrosses</i> (F)	$n - 1$	Q_6	$\sigma_\varepsilon^2 + rt\sigma_F^2$	Q_6/Q_{10}
F x T	$(n - 1)(k - 1)$	Q_7	$\sigma_\varepsilon^2 + r(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2$	Q_7/Q_{10}
<i>Testcrosses</i> /T ₁	$(n - 1)1$	(Q ₈)	$\sigma_\varepsilon^2 + r\sigma_{F/T_1}^2$	(Q ₈ /Q ₁₀)
<i>Testcrosses</i> /T ₂	$(n - 1)1$	(Q ₉)	$\sigma_\varepsilon^2 + r\sigma_{F/T_2}^2$	(Q ₉ /Q ₁₀)
Resíduo	$(j - 1)(i - 1)$	Q_{10}	σ_ε^2	-

ANEXO B - Esquema da análise de variância conjunta com as esperanças do quadrado médio para cada fonte de variação, a orientação do teste F e as decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*, experimentos 1 e 2

FV	GL	QM	E(QM)	F
Repetições/Épocas	$(j-1)p$	Q ₁	$\sigma_{\varepsilon}^2 + g\sigma_{R/A}^2$	Q ₁ /Q ₁₉
Épocas (A)	$p-1$	Q ₂	$\sigma_{\varepsilon}^2 + g\sigma_{R/A}^2 + rgV_A$	Q ₂ /Q ₁
Tratamentos (G)	$i-1$	Q ₃	$\sigma_{\varepsilon}^2 + raV_G$	Q ₃ /Q ₁₉
Testadores (T)	$k-1$	Q ₅	$\sigma_{\varepsilon}^2 + ra(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2 + rafV_T$	Q ₅ /Q ₉
Testemunhas (C)	$\ell-1$	Q ₆	$\sigma_{\varepsilon}^2 + raV_c$	Q ₆ /Q ₁₉
Grupos (F vs C) (D)	1	Q ₇	-	-
<i>Testcrosses</i> (F)	$n-1$	Q ₈	$\sigma_{\varepsilon}^2 + rat\sigma_F^2$	Q ₈ /Q ₁₉
F x T	$(n-1)(k-1)$	Q ₉	$\sigma_{\varepsilon}^2 + ra(t/(t-1))\sigma_{F \times T}^2$	Q ₉ /Q ₁₉
<i>Testcrosses</i> /T ₁	$(n-1)1$	(Q ₁₀)	$\sigma_{\varepsilon}^2 + ra\sigma_{F/T_1}^2$	(Q ₁₀ /Q ₁₉)
<i>Testcrosses</i> /T ₂	$(n-1)1$	(Q ₁₁)	$\sigma_{\varepsilon}^2 + ra\sigma_{F/T_2}^2$	(Q ₁₁ /Q ₁₉)
G x A	$(i-1)(p-1)$	Q ₄	$\sigma_{\varepsilon}^2 + rV_{GA}$	Q ₄ /Q ₁₉
T x A	$(k-1)(p-1)$	Q ₁₂	$\sigma_{\varepsilon}^2 + r[a/(a-1)][t/(t-1)]\sigma_{F \times T \times A}^2 + rfV_{T \times A}$	Q ₁₂ /Q ₁₆
C x A	$(\ell-1)(p-1)$	Q ₁₃	$\sigma_{\varepsilon}^2 + rV_{CA}$	Q ₁₃ /Q ₁₉
D x A	1 (p-1)	Q ₁₄	-	-
F x A	$(n-1)(p-1)$	Q ₁₅	$\sigma_{\varepsilon}^2 + rt[a/(a-1)]\sigma_{F \times A}^2$	Q ₁₅ /Q ₁₉
F x T x A	$(n-1)(k-1)(p-1)$	Q ₁₆	$\sigma_{\varepsilon}^2 + r[a/(a-1)][t/(t-1)]\sigma_{F \times T \times A}^2$	Q ₁₆ /Q ₁₉
<i>Testcrosses</i> /T ₁ x A	$(n-1)1(p-1)$	(Q ₁₇)	$\sigma_{\varepsilon}^2 + ra\sigma_{F/T_1}^2$	(Q ₁₇ /Q ₁₉)
<i>Testcrosses</i> /T ₂ x A	$(n-1)1(p-1)$	(Q ₁₈)	$\sigma_{\varepsilon}^2 + ra\sigma_{F/T_2}^2$	(Q ₁₈ /Q ₁₉)
Resíduo	$(j-1)(p-1)^2(i-1)^2$	Q ₁₉	σ_{ε}^2	-

ANEXO C - Análise de variância individual, experimento 1 (AxB), época 1 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	0,753	0,740	0,093	< 0,000	40,670	0,054	4,804	< 0,000	7,064	0,001	0,042	0,234	0,002	0,436
Tratamentos	26	9,887	0,217	0,038	< 0,000	27,020	0,014	1,550	< 0,000	2,813	<0,000	0,052	0,028	0,002	0,411
Testadores (T)	1	21,879	< 0,000	0,001	0,711	1,121	0,802	0,046	0,750	0,230	0,603	0,012	0,510	0,004	0,158
Testemunhas (C)	4	24,900	< 0,000	0,132	< 0,000	64,749	< 0,000	5,099	0,000	9,896	<0,000	0,045	0,183	0,002	0,372
Grupos (F vs C) (D)	1	25,641	-	0,128	-	82,375	-	1,424	-	5,104	-	0,328	-	0,003	-
<i>Testcrosses</i> (F)	10	8,415	0,002	0,025	0,426	0,007	0,184	1,143	0,015	2,182	0,013	0,040	0,196	0,003	0,142
F x T	10	2,579	0,428	0,007	0,171	16,859	0,266	0,700	0,150	0,640	0,663	0,044	0,141	0,001	0,934
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(10)	7,139	0,006	0,026	< 0,000	15,470	0,328	1,064	0,023	1,328	0,139	0,063	0,029	0,002	0,533
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(10)	3,855	0,148	0,006	0,239	20,520	0,146	0,779	0,101	1,494	0,089	0,021	0,677	0,002	0,396
Resíduo	52	2,484		0,005		13,150		0,453		0,840		0,028		0,002	
CV_e (%)		2,3		3,8		22,3		26,9		5,9		3,5		4,9	
CV_g (%) <i>testcrosses</i>		1,4		3,3		6,2		13,9		3,2		1,0		1,6	
h^2_m (%) <i>testcrosses</i>		70		81		31		60		61		30		38	
Acurácia (%)		84		90		56		78		78		55		62	
Média		69 dias		1,80 m		15,98 ^a	35505 ^b	2,44 ^c	5414 ^d	15,39 cm		4,77 cm		88 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO D - Análise de variância individual, experimento 1 (AxB), época 2 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	7,444	0,294	0,007	0,571	24,390	0,230	0,037	0,809	3,094	0,235	0,032	0,580	0,005	0,123
Tratamentos	26	11,393	0,023	0,028	0,008	25,412	0,082	0,313	0,037	5,501	0,001	0,142	0,003	0,007	<0,000
Testadores (T)	1	3,409	0,607	0,018	0,390	37,370	0,185	1,059	0,017	1,179	0,455	0,672	0,001	0,000	0,816
Testemunhas (C)	4	14,100	0,064	0,034	0,039	63,340	0,007	0,409	0,067	13,700	<0,000	0,125	0,088	0,003	0,177
Grupos (F vs C) (D)	1	9,504	-	0,010	-	0,350	-	0,095	-	9,194	-	0,063	-	0,024	-
<i>Testcrosses</i> (F)	10	10,582	0,088	0,032	0,013	18,580	0,345	0,235	0,232	4,477	0,036	0,134	0,025	0,011	<0,000
F x T	10	12,109	0,058	0,023	0,080	18,390	0,352	0,300	0,102	3,310	0,135	0,112	0,063	0,004	0,065
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(10)	6,218	0,420	0,025	0,049	12,640	0,645	0,221	0,273	1,586	0,662	0,134	0,027	0,005	0,013
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(10)	16,473	0,008	0,030	0,021	24,330	0,164	0,314	0,085	6,200	0,005	0,113	0,061	0,010	<0,000
Resíduo	52	5,944		0,013		16,140		0,175		2,076		0,058		0,002	
CV_e (%)		3,4		6,4		44,8		25,9		8,8		5,1		7,1	
CV_g (%) <i>testcrosses</i>		1,2		3,3		7,1		6,3		3,9		2,4		2,4	
h^2_m (%) <i>testcrosses</i>		44		61		32		26		54		57		40	
Acurácia (%)		66		78		57		51		73		75		64	
Média		72 dias		1,73 m		8,95 ^a	19879 ^b	1,59 ^c	3540 ^d	16,14 cm		4,71 cm		84 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO E - Análise de variância individual, experimento 2 (BxA), época 1 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	2,679	0,445	0,011	0,278	25,060	0,189	0,334	0,299	1,710	0,106	0,031	0,419	0,003	0,407
Tratamentos	26	7,810	0,004	0,034	0,000	41,742	0,001	1,669	<0,000	2,292	<0,000	0,049	0,147	0,005	0,102
Testadores (T)	1	0,545	0,787	0,002	0,358	0,720	0,818	0,042	0,697	1,200	0,205	0,001	0,845	0,001	0,566
Testemunhas (C)	4	11,500	0,013	0,111	<0,000	100,180	<0,000	4,926	<0,000	4,565	<0,000	0,048	0,256	0,007	0,085
Grupos (F vs C) (D)	1	15,365	-	0,039	-	154,350	-	2,694	0,003	4,973	0,012	0,184	0,026	0,001	0,684
<i>Testcrosses</i> (F)	10	7,036	0,036	0,038	<0,000	40,040	0,009	1,799	<0,000	2,691	0,001	0,063	0,087	0,005	0,117
F x T	10	7,079	0,034	0,002	0,996	12,920	0,551	0,295	0,387	0,825	0,358	0,028	0,633	0,004	0,228
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(10)	10,285	0,003	0,021	0,016	35,200	0,019	1,335	<0,000	1,774	0,018	0,028	0,637	0,005	0,166
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(10)	3,830	0,328	0,019	0,028	17,770	0,301	0,760	0,008	1,742	0,021	0,063	0,086	0,005	0,163
Resíduo	52	3,256		0,008		14,570		0,271		0,729		0,035		0,003	
CV_e (%)		2,5		5,5		26,1		25,5		5,5		4,1		5,5	
CV_g (%) <i>testcrosses</i>		1,1		4,0		14,7		25,1		3,73		1,5		3,1	
h^2_m (%) <i>testcrosses</i>		54		78		64		85		73		44		66	
Acurácia (%)		73		88		80		92		85		66		81	
Média		71 dias		1,73 m		13,99 ^a	31078 ^b	1,95 ^c	4337 ^d	15,33 cm		4,66 cm		86 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO F - Análise de variância individual, experimento 2 (BxA), época 2 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	5,333	0,439	0,045	0,107	0,180	0,987	0,142	0,188	2,962	0,098	0,046	0,310	0,004	0,194
Tratamentos	26	14,153	0,007	0,016	0,893	33,081	0,003	0,129	0,086	3,094	0,002	0,086	0,006	0,006	0,005
Testadores (T)	1	0,000	1,000	0,002	0,675	8,800	0,576	0,010	0,731	0,316	0,612	0,063	0,205	0,006	0,053
Testemunhas (C)	4	15,000	0,066	0,017	0,466	41,010	0,025	0,294	0,012	9,512	0,000	0,142	0,010	0,000	0,993
Grupos (F vs C) (D)	1	22,727	-	0,0002	-	68,760	-	0,002	-	6,925	-	0,431	-	0,014	-
<i>Testcrosses</i> (F)	10	18,627	0,006	0,021	0,386	35,450	0,012	0,091	0,373	2,613	0,037	0,065	0,106	0,007	0,007
F x T	10	9,900	0,147	0,012	0,771	26,390	0,058	0,124	0,164	0,901	0,683	0,053	0,217	0,004	0,121
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(10)	17,564	0,008	0,006	0,970	27,680	0,047	0,068	0,604	1,112	0,527	0,082	0,038	0,005	0,036
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(10)	10,964	0,101	0,027	0,204	34,170	0,015	0,147	0,087	2,402	0,056	0,036	0,499	0,006	0,024
Resíduo	52	6,372		0,019		13,510		0,082		1,217		0,038		0,002	
CV_e (%)		3,5		7,7		32,5		14,1		6,2		4,0		4,3	
CV_g (%) <i>testcrosses</i>		2,0		1,0		17,6		1,8		2,8		1,4		3,1	
h^2_m (%) <i>testcrosses</i>		66		39		62		34		53		41		75	
Acurácia (%)		81		62		79		58		73		64		86	
Média		72 dias		1,80 m		10,87 ^a	24149 ^b	2,04 ^c	4537 ^d	17,53 cm		4,91 cm		85 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO G - Análise de variância individual, experimento 3 (AxB), época 1 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	5,653	0,212	0,004	0,593	75,690	0,004	3,598	0,004	3,076	0,013	0,000	0,998	0,004	0,147
Tratamentos	70	11,463	<0,000	0,030	<0,000	23,736	0,002	1,347	0,000	2,364	<0,000	0,055	0,001	0,004	<0,000
Testadores (T)	2	15,490	0,054	0,018	0,059	7,890	0,608	0,415	0,517	0,297	0,651	0,081	0,066	0,012	0,002
Testemunhas (C)	4	22,267	<0,000	0,122	<0,000	50,050	0,006	3,637	<0,000	9,247	<0,000	0,034	0,325	0,003	0,126
Grupos (F vs C) (D)	1	2,486	-	0,079	-	8,420	-	0,217	-	19,276	-	0,391	-	0,011	-
<i>Testcrosses</i> (F)	21	22,466	<0,000	0,060	<0,000	37,070	<0,000	2,352	<0,000	4,017	<0,000	0,095	<0,000	0,004	0,002
F x T	42	4,956	0,089	0,006	0,794	15,680	0,233	0,697	0,314	0,577	0,747	0,027	0,596	0,003	0,005
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(21)	8,491	0,002	0,020	<0,000	26,710	0,009	1,226	0,011	1,491	0,004	0,057	0,012	0,004	0,004
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	9,698	<0,000	0,029	<0,000	24,170	0,022	1,557	0,001	2,206	<0,000	0,046	0,063	0,004	0,002
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	14,188	<0,000	0,023	<0,000	17,560	0,169	0,963	0,073	1,474	0,005	0,046	0,065	0,003	0,096
Resíduo	140	3,610		0,007		13,250		0,625		0,691		0,029		0,002	
CV_e (%)		2,7		4,7		19,7		25,9		5,2		3,6		4,5	
CV_g (%) <i>testcrosses</i>		2,1		4,2		8,8		14,4		3,8		1,8		2,2	
h^2_m (%) <i>testcrosses</i>		84		88		64		73		83		69		67	
Acurácia (%)		92		94		80		86		91		83		82	
Média		69 dias		1,81 m		18,44 ^a	40966 ^b	3,05 ^c	6777 ^d	15,86 cm		4,82 cm		89 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO H - Análise de variância individual, experimento 3 (AxB), época 2 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	2,425	0,625	0,038	0,143	0,540	0,968	0,168	0,446	1,640	0,594	0,091	0,385	0,0002	0,930
Tratamentos	70	13,874	<0,000	0,045	<0,000	45,317	<0,000	0,565	<0,000	4,243	0,069	0,130	0,056	0,005	0,001
Testadores (T)	2	14,991	0,087	0,018	0,500	7,100	0,710	0,491	0,097	1,902	0,547	0,075	0,456	0,011	0,015
Testemunhas (C)	4	18,000	0,009	0,097	0,001	114,880	<0,000	1,342	<0,000	12,639	0,004	0,048	0,733	0,002	0,442
Grupos (F vs C) (D)	1	0,285	-	0,016	-	4,820	-	0,698	0,069	2,401	0,384	0,746	0,006	0,020	0,004
<i>Testcrosses</i> (F)	21	29,802	<0,000	0,079	<0,000	87,110	<0,000	0,696	<0,000	6,622	0,006	0,187	0,011	0,004	0,050
F x T	42	5,789	0,299	0,025	0,116	20,580	0,182	0,426	0,001	2,410	0,838	0,098	0,425	0,004	0,006
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(21)	13,692	<0,000	0,031	0,052	38,990	0,002	0,411	0,010	3,154	0,462	0,069	0,796	0,008	0,000
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	13,361	0,001	0,040	0,006	50,430	0,0001	0,772	<0,000	3,435	0,362	0,193	0,008	0,002	0,756
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	14,156	<0,000	0,059	<0,000	38,860	0,002	0,366	0,028	4,875	0,070	0,120	0,202	0,003	0,416
Resíduo	140	5,138		0,019		16,640		0,207		3,140		0,094		0,002	
CV_e (%)		3,1		8,1		44,8		27,0		10,5		6,4		6,1	
CV_g (%) <i>testcrosses</i>		2,3		4,8		31,1		13,7		3,7		2,1		3,4	
h^2_m (%) <i>testcrosses</i>		83		76		81		70		53		49		73	
Acurácia (%)		91		87		90		84		73		70		85	
Média		73 dias		1,69 m		8,99 ^a	19972 ^b	1,70 ^c	3767 ^d	17,03 cm		4,83 cm		85 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO I - Análise de variância individual, experimento 4 (BxA), época 1 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	1,427	0,727	0,013	0,246	283,50	<0,000	12,116	<0,000	0,804	0,859	0,003	0,911	0,002	0,306
Tratamentos	70	10,113	<0,000	0,030	0,000	26,701	0,003	1,3688	0,002	8,560	0,008	0,066	<0,000	0,005	<0,000
Testadores (T)	2	0,369	0,935	0,028	0,104	9,880	0,617	0,992	0,276	5,157	0,379	0,149	0,007	0,019	<0,000
Testemunhas (C)	4	2,767	0,650	0,089	<0,000	30,820	0,099	2,751	0,008	13,521	0,041	0,054	0,121	0,005	0,028
Grupos (F vs C) (D)	1	2,534	-	0,013	-	216,310	-	7,109	-	2,517	-	0,900	-	0,048	-
<i>Testcrosses</i> (F)	21	22,016	<0,000	0,056	<0,000	31,500	0,008	1,895	0,001	11,801	0,003	0,074	0,001	0,004	0,011
F x T	42	5,506	0,187	0,012	0,125	20,200	0,129	0,855	0,307	6,774	0,143	0,039	0,103	0,003	0,002
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(21)	11,530	0,001	0,028	<0,000	27,840	0,024	1,331	0,031	1,760	0,002	0,047	0,055	0,003	0,036
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	9,363	0,006	0,037	<0,000	20,950	0,153	1,138	0,089	2,281	<0,000	0,049	0,041	0,002	0,154
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	12,136	<0,000	0,015	0,057	23,050	0,091	1,138	0,090	1,698	0,002	0,056	0,014	0,005	<0,000
Resíduo	140	4,475		0,009		15,490		0,763		5,274		0,029		0,002	
CV _e (%)		3,0		5,3		23,8		32,6		14,5		3,6		6,3	
CV _g (%) <i>testcrosses</i>		2,0		4,0		8,0		13,0		5,4		1,5		1,6	
h ² _m (%) <i>testcrosses</i>		80		84		51		60		55		60		37	
Acurácia (%)		89		92		71		77		74		78		61	
Média		71 dias		1,80 m		16,78 ^a	37293 ^b	2,72 ^c	6050 ^d	15,72 cm		4,77 cm		88 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO J - Análise de variância individual, experimento 4 (BxA), época 2 e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições	2	7,740	0,179	0,082	0,005	30,610	0,148	0,232	0,238	0,359	0,741	0,026	0,591	0,006	0,091
Tratamentos	70	14,227	<0,000	0,033	<0,000	40,957	<0,000	0,270	0,005	2,781	<0,000	0,085	0,003	0,005	0,001
Testadores (T)	2	4,580	0,435	0,074	0,057	158,770	0,004	0,964	0,003	2,028	0,186	0,163	0,039	0,006	0,083
Testemunhas (C)	4	15,900	0,008	0,060	0,004	69,610	0,002	0,692	0,003	11,803	<0,000	0,075	0,198	0,006	0,066
Grupos (F vs C) (D)	1	1,990	-	0,098	-	2,850	-	0,006	-	15,655	-	0,376	-	0,017	-
<i>Testcrosses</i> (F)	21	33,090	<0,000	0,037	0,001	59,170	<0,000	0,269	0,040	4,098	<0,000	0,128	0,001	0,008	0,000
F x T	42	5,390	0,205	0,024	0,020	24,420	0,033	0,204	0,146	0,992	0,752	0,054	0,332	0,003	0,352
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(21)	15,253	<0,000	0,026	0,034	25,810	0,050	0,211	0,171	1,853	0,070	0,112	0,003	0,004	0,028
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	14,728	<0,000	0,048	<0,000	48,690	<0,000	0,323	0,009	2,501	0,006	0,054	0,369	0,004	0,080
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(21)	13,879	<0,000	0,012	0,747	33,900	0,005	0,142	0,604	1,721	0,109	0,071	0,111	0,005	0,005
Resíduo	140	4,450		0,015		15,810		0,160		1,192		0,049		0,002	
CV_e (%)		2,9		7,2		38,8		20,0		6,4		4,5		6,2	
CV_g (%) <i>testcrosses</i>		2,5		3,0		21,5		5,8		3,3		1,9		3,2	
h^2_m (%) <i>testcrosses</i>		87		59		73		41		71		62		70	
Acurácia (%)		93		77		86		64		84		78		84	
Média		72 dias		1,69 m		10,22 ^a	22709 ^b	1,90 ^c	4226 ^d	16,99 cm		4,95 cm		83 %	

^a número de espigas/parcela

^b número de espigas/ha

^c kg/parcela

^d kg/ha

ANEXO K - Análise de variância conjunta, experimento 1 (AxB) e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições/Épocas	4	4,100	0,426	0,050	<0,000	32,530	0,072	2,421	<0,000	5,079	0,011	0,037	0,495	0,003	0,197
Épocas (A)	1	379,650	0,001	0,296	0,072	2131,550	0,001	32,149	0,022	25,531	0,088	0,051	0,304	0,035	0,029
Tratamentos (G)	26	14,320	<0,000	0,054	<0,000	40,060	<0,000	1,214	<0,000	5,897	<0,000	0,111	<0,000	0,005	0,001
Testadores (T)	1	4,008	0,382	0,014	0,371	12,772	0,464	0,774	0,233	1,226	0,508	0,433	<0,000	0,003	0,329
Testemunhas (C)	4	36,300	<0,000	0,142	<0,000	145,620	<0,000	3,809	<0,000	16,787	<0,000	0,137	0,017	0,002	0,463
Grupos (F vs C) (D)	1	33,185	-	0,106	-	11,433	-	1,015	-	14,565	-	0,338	-	0,021	-
<i>Testcrosses</i> (F)	10	13,780	0,001	0,054	<0,000	24,280	0,101	0,961	0,002	4,167	0,004	0,129	0,002	0,007	0,001
F x T	10	5,208	0,277	0,017	0,039	23,663	0,113	0,537	0,086	2,780	0,053	0,028	0,768	0,003	0,103
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(10)	10,140	0,013	0,047	<0,000	20,760	0,184	0,764	0,012	1,263	0,570	0,079	0,066	0,003	0,140
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(10)	8,850	0,031	0,024	0,004	27,190	0,060	0,735	0,015	5,684	<0,000	0,078	0,068	0,007	0,001
G x A	26	6,960	0,040	0,011	0,164	12,370	0,682	0,649	0,005	2,418	0,040	0,083	0,011	0,004	0,003
T x A	1	21,280	0,137	0,005	0,513	25,710	0,139	0,331	0,400	0,183	0,693	0,251	0,164	0,001	0,387
C x A	4	2,700	0,776	0,024	0,005	7,550	0,876	1,611	<0,000	6,363	<0,000	0,039	0,540	0,004	0,066
D x A	1	1,960	-	0,033	-	4,030	-	0,217	-	0,636	-	0,050	-	0,006	-
F x A	10	5,220	0,276	0,004	0,921	13,420	0,522	0,417	0,223	2,491	0,090	0,045	0,408	0,008	<0,000
F x T x A	10	9,480	0,020	0,012	0,173	11,590	0,638	0,463	0,156	1,170	0,630	0,128	0,003	0,002	0,556
<i>Testcrosses</i> /T ₁ x A	(10)	3,215	0,664	0,004	0,880	7,350	0,886	0,521	0,098	1,651	0,349	0,118	0,005	0,004	0,037
<i>Testcrosses</i> /T ₂ x A	(10)	11,482	0,005	0,012	0,201	17,660	0,297	0,358	0,335	2,010	0,203	0,055	0,253	0,005	0,009
Resíduo	104	4,210		0,009		14,660		0,312		1,464		0,043		0,002	
CV _e (%)		2,9		5,2		30,4		27,2		7,6		4,4		6,0	
CV _g (%) <i>testcrosses</i>		1,3		3,5		7,2		11,6		3,0		1,8		1,9	
h ² _m (%) <i>testcrosses</i>		69		84		40		67		65		66		54	
Acurácia (%)		83		92		63		82		81		82		73	
Média		71 dias		1,77 m		12,46 ^a	27692 ^b	2,01 ^c	4477 ^d	15,76 cm		4,74 cm		86 %	

^a número de espigas/parcela; ^b número de espigas/ha; ^c kg/parcela; ^d kg/ha

ANEXO L - Análise de variância conjunta, experimento 2 (BxA) e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições/Épocas	4	4,006	0,508	0,028	0,096	12,620	0,468	0,238	0,257	2,336	0,055	0,038	0,387	0,003	0,290
Épocas (A)	1	8,914	0,210	0,158	0,076	451,000	0,004	0,000001	0,995	199,201	0,001	2,430	0,001	0,008	0,213
Tratamentos (G)	26	15,704	<0,000	0,031	0,002	58,890	<0,000	1,196	<0,000	4,506	<0,000	0,101	<0,000	0,006	0,003
Testadores (T)	1	0,273	0,855	0,0001	0,919	7,280	0,615	0,046	0,715	1,226	0,308	0,433	0,565	0,0004	0,675
Testemunhas (C)	4	22,250	0,002	0,108	<0,000	125,460	<0,000	3,663	<0,000	12,905	<0,000	0,151	0,004	0,011	0,006
Grupos (F vs C) (D)	1	37,733	-	0,017	-	214,567	-	1,271	-	14,565	-	0,338	-	0,010	-
<i>Testcrosses</i> (F)	10	20,040	<0,000	0,031	0,019	52,080	<0,000	1,169	<0,000	3,926	<0,000	0,071	0,049	0,008	0,004
F x T	10	8,089	0,095	0,005	0,968	28,654	0,036	0,343	0,047	2,780	0,217	0,028	0,057	0,002	0,544
<i>Testcrosses</i> /T ₁	(10)	17,370	<0,000	0,011	0,629	37,750	0,006	0,872	<0,000	2,302	0,015	0,070	0,053	0,007	0,014
<i>Testcrosses</i> /T ₂	(10)	10,761	0,021	0,025	0,069	42,980	0,002	0,640	<0,000	2,932	0,002	0,070	0,053	0,004	0,225
G x A	26	6,260	0,177	0,018	0,155	15,940	0,318	0,601	<0,000	0,880	0,601	0,035	0,533	0,004	0,055
T x A	1	0,273	0,861	0,004	0,527	2,240	0,648	0,006	0,789	0,142	0,562	0,041	0,063	0,0005	0,772
C x A	4	4,250	0,552	0,020	0,156	15,724	0,355	1,557	<0,000	1,172	0,297	0,040	0,384	0,002	0,671
D x A	1	0,359	-	0,022	-	8,540	-	1,425	-	0,081	-	0,026	-	0,005	-
F x A	10	5,623	0,321	0,028	0,038	23,410	0,098	0,721	<0,000	1,378	0,183	0,057	0,133	0,004	0,137
F x T x A	10	8,889	0,061	0,009	0,751	10,660	0,667	0,076	0,928	0,419	0,929	0,012	0,974	0,006	0,030
<i>Testcrosses</i> /T ₁ x A	(10)	10,479	0,025	0,016	0,324	25,121	0,072	0,531	0,002	0,585	0,810	0,039	0,391	0,003	0,302
<i>Testcrosses</i> /T ₂ x A	(10)	4,033	0,593	0,021	0,140	8,951	0,779	0,267	0,147	1,212	0,271	0,029	0,631	0,007	0,013
Resíduo	104	4,814		0,014		14,040		0,177		0,973		0,037		0,003	
CV _e (%)		3,1		6,6		28,9		20,6		5,9		4,0		4,2	
CV _g (%) <i>testcrosses</i>		1,6		2,1		14,3		14,4		3,1		1,1		2,1	
h ² _m (%) <i>testcrosses</i>		76		56		73		85		75		48		68	
Acurácia (%)		87		75		85		92		87		70		82	
Média		71 dias		1,76 m		12,43 ^a	27613 ^b	2,00 ^c	4437 ^d	16,43 cm		4,78 cm		86 %	

^a número de espigas/parcela; ^b número de espigas/ha; ^c kg/parcela; ^d kg/ha

ANEXO M - Análise de variância conjunta, experimento 3 (AxB), e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições/Épocas	4	4,040	0,450	0,021	0,182	38,100	0,039	1,883	0,002	2,358	0,293	0,045	0,566	0,002	0,480
Épocas (A)	1	1223,7	<0,000	1,683	0,001	9302,9	<0,000	198,82	0,001	131,60	0,002	0,001	0,901	0,022	0,027
Tratamentos (G)	70	20,720	<0,000	0,060	<0,000	51,400	<0,000	1,338	<0,000	4,619	0,000	0,132	<0,000	0,005	<0,000
Testadores (T)	2	23,719	0,057	0,030	0,218	12,651	0,578	0,832	0,311	0,827	0,562	0,161	0,132	0,022	0,006
Testemunhas (C)	4	32,880	<0,000	0,201	<0,000	153,09	<0,000	4,323	<0,000	19,233	<0,000	0,069	0,346	0,002	0,455
Grupos (F vs C) (D)	1	2,299	-	0,083	-	11,179	-	0,090	-	17,878	-	1,108	-	0,031	-
Testcrosses (F)	21	43,760	<0,000	0,117	<0,000	90,170	<0,000	2,046	<0,000	7,950	<0,000	0,200	<0,000	0,006	<0,000
F x T	42	8,179	0,002	0,019	0,036	23,035	0,022	0,708	0,007	1,431	0,865	0,079	0,120	0,004	0,001
Testcrosses/T ₁	(21)	14,900	<0,000	0,041	<0,000	44,310	<0,000	1,037	<0,000	2,809	0,083	0,091	0,083	0,008	<0,000
Testcrosses/T ₂	(21)	20,010	<0,000	0,052	<0,000	53,500	<0,000	1,567	<0,000	3,307	0,025	0,149	0,001	0,004	0,031
Testcrosses/T ₃	(21)	25,110	<0,000	0,063	<0,000	38,450	<0,000	0,858	0,005	4,704	<0,000	0,118	0,010	0,002	0,301
G x A	70	4,620	0,369	0,015	0,248	17,700	0,173	0,574	0,040	1,988	0,388	0,053	0,767	0,003	0,025
T x A	2	7,360	0,064	0,004	0,683	0,200	0,983	0,042	0,901	1,227	0,444	0,002	0,960	0,000	0,909
C x A	4	7,383	0,032	0,017	0,176	11,840	0,728	0,657	0,057	2,653	0,118	0,013	0,996	0,004	0,026
D x A	1	0,610	-	0,012	-	0,200	-	0,825	-	3,943	-	0,028	-	0,001	-
F x A	21	7,940	0,017	0,022	0,037	31,000	0,004	0,947	0,002	2,765	0,092	0,081	0,161	0,002	0,332
F x T x A	42	2,650	0,974	0,012	0,668	12,500	0,747	0,400	0,555	1,505	0,816	0,047	0,860	0,004	0,011
Testcrosses/T ₁ x A	(21)	7,280	0,036	0,010	0,791	20,850	0,118	0,591	0,112	1,715	0,586	0,035	0,938	0,004	0,012
Testcrosses/T ₂ x A	(21)	2,735	0,899	0,017	0,179	19,800	0,156	0,708	0,032	2,383	0,205	0,089	0,093	0,003	0,259
Testcrosses/T ₃ x A	(21)	3,240	0,789	0,019	0,110	16,290	0,356	0,446	0,387	1,678	0,612	0,048	0,732	0,003	0,166
Resíduo	280	4,370		0,013		14,900		0,419		1,898		0,061		0,002	
CV _e (%)		2,9		6,5		27,9		27,2		8,4		5,1		5,3	
CV _g (%) testcrosses		2,1		4,3		14,8		12,6		3,5		1,8		2,6	
h ² _m (%) testcrosses		90		89		83		80		76		69		81	
Acurácia (%)		95		94		91		89		87		83		83	
Média		71 dias		1,75 m		13,78 ^a	30611 ^b	2,38 ^c	5289 ^d	16,43 cm		4,83 cm		87 %	

^a número de espigas/parcela; ^b número de espigas/ha; ^c kg/parcela; ^d kg/ha

ANEXO N - Análise de variância conjunta, experimento 4 (BxA), e decomposições complementares ao estudo do desempenho dos *testcrosses*. Coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação genético (CV_g) para os *testcrosses*, herdabilidade na base de médias dos *testcrosses* (h^2_m), acurácia seletiva e média dos caracteres florescimento masculino (FM), altura da planta (AP), número de espigas comerciais (EC), produtividade das espigas comerciais (PE), comprimento médio das espigas comerciais sem palha (CE), diâmetro médio das espigas comerciais sem palha (DE) e enchimento de ponta (EP), São Manuel, SP, Brasil, 2012

FV	GL	FM		AP		EC		PE		CE		DE		EP	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Repetições/Épocas	4	4,582	0,393	0,047	0,004	157,10	<0,000	6,174	<0,000	2,513	0,036	0,014	0,832	0,004	0,108
Épocas (A)	1	109,521	0,008	1,241	0,007	4169,8	0,007	63,167	0,033	194,95	0,001	3,388	<0,000	0,371	0,001
Tratamentos (G)	70	18,037	<0,000	0,044	<0,000	42,800	<0,000	0,990	<0,000	3,948	<0,000	0,107	<0,000	0,004	<0,000
Testadores (T)	2	3,235	0,438	0,074	0,030	105,73	0,011	1,894	0,030	2,255	0,077	0,264	0,010	0,004	0,294
Testemunhas (C)	4	14,880	0,012	0,142	<0,000	89,600	<0,000	2,861	<0,000	25,017	<0,000	0,120	0,017	0,002	0,530
Grupos (F vs C) (D)	1	0,016	-	0,092	-	135,47	-	3,777	-	4,426	-	1,215	-	0,004	-
Testcrosses (F)	21	49,170	<0,000	0,066	<0,000	62,510	<0,000	1,315	<0,000	6,165	<0,000	0,141	<0,000	0,007	<0,000
F x T	42	3,904	0,692	0,021	0,005	23,131	0,036	0,535	0,248	0,873	0,642	0,056	0,050	0,003	0,080
Testcrosses/T ₁	(21)	21,054	<0,000	0,029	<0,000	34,110	0,002	0,839	0,018	2,509	<0,000	0,105	<0,000	0,004	0,020
Testcrosses/T ₂	(21)	18,043	<0,000	0,060	<0,000	48,530	<0,000	0,847	0,016	2,990	<0,000	0,056	0,107	0,003	0,060
Testcrosses/T ₃	(21)	17,883	<0,000	0,018	0,081	26,380	0,032	0,701	0,072	2,417	<0,000	0,092	0,001	0,005	<0,000
G x A	70	6,302	0,027	0,019	0,006	24,900	0,005	0,649	0,031	1,352	0,030	0,044	0,255	0,005	<0,000
T x A	2	1,715	0,783	0,028	0,156	61,900	0,057	0,062	0,887	0,372	0,726	0,035	0,413	0,022	0,002
C x A	4	3,783	0,659	0,008	0,856	10,831	0,840	0,581	0,206	0,307	0,998	0,009	0,997	0,009	<0,000
D x A	1	4,507	-	0,020	-	84,500	-	3,369	-	12,280	-	0,057	-	0,062	-
F x A	21	5,934	0,154	0,027	0,002	28,300	0,018	0,845	0,017	1,487	0,063	0,062	0,052	0,005	0,002
F x T x A	42	6,987	0,019	0,015	0,134	21,400	0,076	0,520	0,290	1,160	0,194	0,040	0,453	0,003	0,021
Testcrosses/T ₁ x A	(21)	5,729	0,184	0,025	0,005	20,680	0,160	0,720	0,060	1,042	0,369	0,054	0,132	0,004	0,030
Testcrosses/T ₂ x A	(21)	6,048	0,139	0,025	0,005	20,290	0,176	0,603	0,173	1,774	0,015	0,048	0,219	0,003	0,156
Testcrosses/T ₃ x A	(21)	8,131	0,016	0,008	0,843	30,380	0,009	0,569	0,227	1,003	0,416	0,037	0,547	0,005	0,001
Resíduo	280	4,461		0,012		15,700		0,464		0,965		0,039		0,002	
CV _e (%)		3,0		6,2		29,5		29,7		6,0		4,1		6,2	
CV _g (%) testcrosses		2,2		3,1		11,9		9,4		3,3		1,5		2,0	
h ² _m (%) testcrosses		91		82		75		65		84		72		64	
Acurácia (%)		95		90		87		80		92		85		80	
Média		71 dias		1,75 m		13,52 ^a	30050 ^b	2,31 ^c	5142 ^d	16,35 cm		4,86 cm		85 %	

^a número de espigas/parcela; ^b número de espigas/ha; ^c kg/parcela; ^d kg/ha