VALOR GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE MILHO ADAPTADAS PARA A REGIÃO SUDOESTE DE GOIÁS

FERNANDO ENRIQUE NINAMANGO CÁRDENAS

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. **JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO**

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de
São Paulo, para obtenção do título de Doutor
em Agronomia, Área de Concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

Fevereiro - 2005

Errata

Fernando Enrique Ninamango Cárdenas. Valor genético de populações de milho adaptadas para a região sudoeste de Goiás.

p.	item	linha	Onde se lê	Leia-se
26	2.4	14	$N_{\text{compostos}} = 2^n \cdot (n-1)$	$N_{\text{compostos}} = 2^n \cdot (n+1)$
39	3.2.5	15	J-1	K(J-1)
39	3.2.5	15	I-1	K(I-1)
43	3.3.1	14	10^{-2}	10^{+2}
59	3.3.3.2	5	Figura 2. Médias observadas, médias das progênies selecionadas e médias esperadas após recombinação das populações ...	Figura 2. Médias observadas, médias das progênies selecionadas (progênies mais produtivas) e médias esperadas após recombinação das populações ...
62	3.3.3.3	6	Figura 3 - Médias observadas, médias das progênies selecionadas e médias esperadas após recombinação das populações ...	Figura 3 - Médias observadas, médias das progênies selecionadas (progênies mais produtivas) e médias esperadas após recombinação das populações ...
73	4.2.5	10	g/parcela	kg/parcela
73	4.2.5	11	grãos	espigas
77	4.2.7	16	$(v_i - v_j)$	$(v_i + v_j)$
79	4.2.7	19		

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Ninamango Cárdenas, Fernando Enrique

Valor genético de populações de milho adaptadas para a região sudoeste de Goiás /
Fernando Enrique Ninamango Cárdenas. - - Piracicaba, 2005.
169 p.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2005.
Bibliografia.

1. Cercosporiose 2. Cruzamento dialélico 3. Melhoramento genético vegetal
4. Milho 5. Parâmetro genético 6. Resistência genética vegetal 7. Variação genética de
plantas I. Título

CDD 633.15

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

Ao meu pai Vicente, minhas irmãs, Nancy e Roxana por serem meu estímulo constante e em especial a minha mãe Luz (*in memoriam*) por todo o exemplo de amor, dedicação, luta e coragem.

Hoy es un nuevo día, doy gracias a Dios por tener vida, por sentir y dar amor, por tener fé y esperanza para que pueda dar un poco de mi para los que necesitan. Gracias.

Luz Cárdenas

DEDICO

À Maria, por ser a Graça da minha vida,
por nossa história e conquistas.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me dado a coragem suficiente para continuar quando minhas forças estavam me traindo, por cuidar de mim, mesmo não merecendo, por estar ao meu lado nos momentos que mais precisei, por ser fiel e amigo, mesmo que às vezes não o retribua.

Ao terminar este período de gostaria agradecer às seguintes pessoas que influenciaram determinantemente na minha formação e não poderia de deixar aqui constado meus eternos agradecimentos a: José Roberto Moro, Pedro Furlani, Urubatan Palhares Kink, Paulo César Tavares de Melo, Edilson Paiva, Cláudia Teixeira Guimarães, Sidney Neto Parentoni, José Branco de Miranda Filho, Linda Pollak e Penny Meyerholz.

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP) pela oportunidade da realização do curso.

Aos professores do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pelos ensinamentos e experiência transmitidas.

Ao Conselho Nacional Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

Ao amigo Carlos Raupp e equipe pelo estímulo e voto de confiança depositados nas minhas iniciativas.

À Iowa State University, pela oportunidade de treinamento no Programa de Melhoramento de Cereais.

À amiga Eliana Patrícia Gorgulho pelo seu companheirismo e valiosas contribuições transmitidas.

Aos meus amigos do laboratório de milho, Antônio Serrano e Marcos Cella, por terem me dado o privilégio da sua amizade e auxílio na instalação e condução dos ensaios de campo.

A todos os funcionários do Departamento de Genética, por ter facilitado inestimavelmente minha passagem por esta Universidade, em especial para Carlos Macedônio, Neusa Sarto Rocha, Maidia Thomaziello, Cândida Vanderléia de Oliveira, Antônio de Pádua Gorga, Valdir Próspero, Claudio Segatelli e Aparecido da Silva.

Aos funcionários do Campo Experimental por não terem medido esforços, dedicação, e disponibilidade física nas tarefas de campo.

Aos meus amigos Ebert Obando Flor, Vanderlei da Silva Santos, Ana Lúcia Bonna Delneri, Eulália Soler Sobreira Hoogerheide, Raimundo Vieira da Cunha, Salete Aparecida Gaziola, Fábria Botelho, Francisco Farias e Sandra Mathioni.

À Waldo Romero e Regina Canto, pelo estímulo e incentivo constantes.

SUMÁRIO

Página

RESUMO.....	ix
SUMMARY.....	xi
1 INTRODUÇÃO.....	1
1.1 Objetivos Gerais.....	3
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	5
2.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e progressos esperados com a seleção em populações de milho.....	5
2.2 Cruzamentos dialélicos.....	7
2.2.1 Cruzamentos dialélicos entre variedades e heterose.....	12
2.3 Sobre a macha cinzenta da folha ou cercosporiose no milho.....	16
2.3.1 Herança da resistência à cercosporiose.....	19
2.3.2 Melhoramento para resistência à cercosporiose e outras doenças...	23
2.4 Síntese de compostos.....	26
3 VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE MILHO (<i>Zea mays</i> L.) - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS.....	28
Resumo.....	28
Summary.....	29
3.1 Introdução.....	30
3.2 Material e Métodos.....	33
3.2.2 Obtenção de progênies de meios irmãos.....	34

3.2.3 Execução experimental.....	34
3.2.4 Caracteres avaliados.....	36
3.2.5 Análises de variância e estimativas de parâmetros genéticos.....	38
3.3 Resultados e Discussão.....	41
3.3.1 Análises de variância.....	41
3.3.2 Análise dos valores médios das populações em estudo.....	45
3.3.3 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e progressos esperados com a seleção.....	50
3.3.3.1 Peso de espigas.....	51
3.3.3.2 Altura de plantas.....	56
3.3.3.3 Altura de espigas.....	58
3.4 Conclusões.....	64
4 CRUZAMENTOS DIALÉLICOS E SÍNTESE DE COMPOSTOS DE MILHO COM ÊNFASE NA PRODUTIVIDADE E RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE.....	66
Resumo.....	66
Summary.....	67
4.1 Introdução.....	69
4.2 Material e Métodos.....	70
4.2.1 Material.....	70
4.2.2 Obtenção dos cruzamentos dialélicos.....	71
4.2.3 Testemunhas.....	71
4.2.4 Execução experimental.....	72
4.2.5 Caracteres avaliados.....	72
4.2.6 Análises de variância.....	75
4.2.7 Análises dos ensaios de cruzamentos dialélicos e estimativas de parâmetros.....	77
4.2.8 Predição de médias de compostos.....	81

4.3 Resultados e Discussão.....	83
4.3.1 Médias das populações e cruzamentos intervarietais.....	84
4.3.1.1 Peso de espigas (PE).....	84
4.3.1.2 Altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE).....	85
4.3.1.3 Número de espigas por planta (NEP).....	87
4.3.1.4 Porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE).....	87
4.3.1.5 Resistência à <i>Cercospora zeae-maydis</i> (CERC).....	88
4.3.2 Análises de variância preliminares (individual e conjunta).....	89
4.3.3 Análises de variância dos cruzamentos dialélicos.....	91
4.3.4 Estimativas de parâmetros do modelo de Gardner & Eberhart	
4.3.4.1 Estimativas dos efeitos de variedades (v_i) e heterose de variedades (h_i).....	95
4.3.4.2 Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}).....	98
4.3.4.3 Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação.....	99
4.3.5 Predição de médias de compostos.....	101
4.4 Conclusões.....	105
5 CONCLUSÕES GERAIS.....	107
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	149

VALOR GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE MILHO ADAPTADAS PARA A REGIÃO SUDOESTE DE GOIÁS

Autor: FERNANDO ENRIQUE NINAMANGO CÁRDENAS

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

O presente estudo analisa o potencial genético de populações desenvolvidas para as condições de cultivo da região Sudoeste de Goiás. Para este fim foram utilizadas duas estratégias de pesquisa.

Na estratégia I, o objetivo do trabalho foi caracterizar as populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, através de estimativas de parâmetros genéticos. Foi utilizado um total de 950 famílias de meios irmãos, as quais foram avaliadas em 19 experimentos, em Rio Verde (GO), sob condições de alta incidência de *Cercospora zeae-maydis*. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. Foram avaliados os caracteres: PE - peso de espigas, AP - altura de planta, AE - altura da espiga, NEP - número de espigas por planta e PRE - posição relativa da espiga. As médias para peso de espigas (t/ha) para as sete populações avaliadas foram: GO-D = 9,57, GO-F = 9,78, GN-03 = 9,46, GN-04 = 10,02, GO-G = 9,0, GO-L = 8,99, GO-S = 10,13. As estimativas da variância genética aditiva em foram consideradas muito altas para todas as características e todas as populações, variando de 487,24 (GO-G) a 1296,46 (g/planta)² (GN-04) para peso de espigas, de 577,66 (GO-S) a

1390,59 (cm²) (GN-03) para altura de planta e de 430,51 (GO-L) a 1083,78 (cm²) (GN-03) para altura de espiga. Os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de famílias variaram de 0,52 (GO-G) a 0,79 (GN-04 e GO-S) para peso de espigas, de 0,73 (GO-G) a 0,89 (GN-03) para altura de planta e de 0,71 (GO-L) a 0,89 (GN-03) para altura de espiga.

Na estratégia II, o trabalho teve como objetivo avaliar o potencial genético de 14 populações F₂ de híbridos de milho, em esquema de cruzamento dialélico. As avaliações experimentais foram realizadas em três locais: Piracicaba, SP (Experimento 1), Anhembi, SP (Experimento 2) e Rio Verde, GO (Experimento 3), usando o delineamento em blocos casualizados com 4 repetições. Além dos caracteres já mencionados (PE, AP, AE, NEP e PRE) foram incluídos %AC - porcentagem de plantas acamadas, %QUE - porcentagem de plantas quebradas, %AC+QUE - porcentagem de plantas acamadas e quebradas e CER - resistência a *Cercospora zaeae-maydis*. As populações HG14 (Experimento 1), HG10 (Experimento 2) e HG5 (Experimento 3) apresentaram os maiores valores para os efeitos de populações para PE, possuindo elevado potencial para serem usadas em programas de seleção recorrente intrapopulacional. Os efeitos significativos de heterose para PE e alguns caracteres vegetativos, revelam a existência de divergências genéticas entre populações. Os maiores efeitos de heterose específica (s_{ij}) para PE foram observados nos híbridos HG7xHG10 (Experimento 1), HG5xHG8 (Experimento 2) e HG9xHG14 (Experimento 3), sugerindo uma forte divergência genética entre pares específicos de populações parentais. Estas populações são opções interessantes de exploração de padrões heteróticos para emprego em programas de seleção recorrente interpopulacional. As análises de variância para CERC indicam que efeitos aditivos foram a fonte de variação mais importante no controle genético da resistência. Foram selecionadas populações dentro de cada ambiente para síntese de novos compostos de tamanho $k=4$.

GENETIC VALUE OF MAIZE POPULATIONS ADAPATED AT SOUTH-WESTERN OF GOIAS, BRAZIL

Author: FERNANDO ENRIQUEN NINAMANGO CÁRDENAS

Adviser: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

This study was undertaken to determine the genetic potential of maize populations adapted at south-western of Goiás. Thus, were used two research strategies.

In strategy I, the objective of this work was to characterize the populations GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, through estimates of genetic parameters. Thus, half-sib families were obtained from each population, totalizing 950 families, which were evaluated in 19 experiments, in Rio Verde (GO), under the condition of high incidence of *Cercospora zeae-maydis*. The families were evaluated using a randomized complete block design with three replications. The following traits were analyzed: PE - ear yield, AP - plant height, AE - ear height, NEP - number of ears/plant and PRE - ear placement. Populations means for ear yield (t/ha) were: GO-D = 9.57, GO-F = 9.78, GN-03 = 9.46, GN-04 = 10.02, GO-G = 9.0, GO-L = 8.99, GO-S = 10.13. The additive genetic variances were considered very high for all traits and populations in the range of 487.24 (GO-G) to 1296.46 (g/plant)² (GN-04) for ear yield, 577.66 (GO-S) to 1390.59 (cm²) (GN-03) for

plant height and 430.51 (GO-L) a 1083.78 (cm²) (GN-03) for ear height. Estimates of the coefficient of heritability on progeny mean basis were in the range of 0.52 (GO-G) to 0.79 (GN-04 e GO-S) for ear yield, 0.73 (GO-G) to 0.89 (GN-03) for plant height and 0.71 (GO-L) to 0.89 (GN-03) for ear height.

In strategy II, the objective of this study was to evaluate the genetic potential of fourteen F₂ maize populations following the diallel mating scheme. Experimental evaluations were carried out in three locations: Piracicaba (SP), Anhembi (SP) and Rio Verde (GO) using randomized complete-block design with four replications. Besides the traits already mentioned (PE, AP, AE, NEP and PRE), four additional traits were included: %AC - root lodging, %QUE - stalk lodging, %AC+QUE - root and stalk lodging and CER - resistance to *Cercospora zeae-maydis*. Populations HG14 (Experiment 1), HG10 (Experiment 2) and HG5 (Experiment 3) showed the higher values for the effects of populations for PE, resulting in a high potential to be used in intrapopulational recurrent selection programs. Significant heterosis effects were observed for ear yield (PE) and some vegetative traits, indicating the existence of genetic divergence among populations. The highest specific heterosis effects (s_{ij}) were observed in the crosses HG7xHG10 (Piracicaba, SP), HG5xHG8 (Anhembi, SP) and HG9xHG14 (Rio Verde, GO), suggesting strong genetic divergence between specific pairs of parental populations. These populations are interesting options for exploitation of heterotic patterns in interpopulational recurrent selection programs. The analysis of variance for CERC indicated the additive effects as the most important source of variation in the control of genetic resistance. The best populations were selected within environment to synthesis of new composites.

1 INTRODUÇÃO

A produção e o consumo de milho no mundo tem aumentado continuamente nas últimas décadas. Um dos pilares fundamentais deste sucesso na cadeia produtiva do milho são sem dúvida os diversos trabalhos de melhoramento genético que vêm sendo conduzidos em diversas instituições de pesquisa, públicas e privadas, resultando em ganhos significativos na produção.

No decorrer destas últimas décadas, ganhos significativos com a seleção têm sido verificados no milho, seja pela obtenção de populações melhoradas ou pela síntese de híbridos de alta performance produtiva. No entanto, diversos estudos relatam o estreitamento da base genética desta espécie (Darrah & Zuber, 1986, Smith et al., 1992, Kraja et al., 2000), como consequência natural dos trabalhos de melhoramento, assim como, pela reduzida exploração da variabilidade genética existente na espécie.

Uma análise mais cuidadosa do germoplasma que está sendo utilizado pelos diversos programas de melhoramento, traz à tona um aspecto ainda mais crítico quanto à redução da exploração da variabilidade genética no milho. A diminuição ou mesmo a ausência de programas ativos de melhoramento de populações em instituições privadas, como fonte de obtenção de linhagens superiores, devido principalmente ao baixo potencial de produção e à presença de caracteres indesejáveis em algumas populações, forçam a opção por populações de menor variabilidade ou base genética estreita (Hallauer, 1990 e Troyer, 1994). As populações F_2 de híbridos comerciais, por exemplo, são usadas como fonte de linhagens devido ao fato de que os híbridos comerciais são germoplasmas amplamente avaliados, os quais já

possuem diferentes caracteres de interesse como resultado de longos processos de seleção, tornando estas populações mais atrativas quando comparadas a populações de polinização aberta.

No entanto, estes tipos de práticas, principalmente motivadas pela pressão para o rápido desenvolvimento de híbridos comerciais, mesmo com a intenção de preservar caracteres de interesse, desfavorece a exploração da vasta variabilidade presente no germoplasma de milho, diminuindo a probabilidade de encontrar combinações favoráveis que permitam sintetizar híbridos de excelente performance.

Por outro lado, os trabalhos de melhoramento de populações realizados em instituições públicas de pesquisa, possuem um número reduzido de populações nas suas coleções de trabalho, devido principalmente a limitações logísticas e financeiras. Por sua vez, os programas de melhoramento de populações conduzidos nas universidades são principalmente acadêmicos e na maioria das vezes não ultrapassam as barreiras físicas das instituições.

Assim, apesar dos aumentos significativos na produção, fruto dos intensos trabalhos de melhoramento, torna-se importante e estratégico a exploração e descoberta de novas fontes de germoplasma de milho adaptadas a condições tropicais, de tal forma que permita explorar eficientemente a variabilidade da espécie, não comprometendo os futuros progressos com a seleção.

Com a incorporação de novas áreas ao processo produtivo e exploração de diversas condições agroecológicas tem se verificado a necessidade do desenvolvimento contínuo de germoplasma melhorado. O incremento da área destinada ao que se conhece hoje como milho de segunda época ou “milho safrinha”, usualmente plantado nos meses de fevereiro a março, após a colheita da safra de verão, aliado ao uso contínuo do solo, seja em cultivo convencional ou em plantio direto, possibilitou o aumento da

incidência de doenças foliares no milho e, conseqüentemente, o aparecimento de surtos epidêmicos com conseqüências drásticas na produção.

Uma das doenças que nestes três últimos anos tem merecido especial atenção é a cercosporiose, também denominada mancha cinzenta da folha causada pelo fungo *Cercospora zeae-maydis*. A incidência desta doença tem se mostrado um fator limitante para a produção do milho, sendo, portanto, necessários, e urgente estudos de identificação de germoplasma adaptado às condições do Sudoeste de Goiás, com boa performance produtiva e satisfatório nível de resistência a esta doença.

Neste sentido, o Programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" da Universidade de São Paulo, vem selecionando e sintetizando populações adaptadas para a região Sudoeste de Goiás, através da exploração da variabilidade do germoplasma existente no Brasil, aliado a métodos de seleção recorrente, visando obter populações para uso *per se* ou como fonte potencial de linhagens superiores, úteis para o desenvolvimento de híbridos.

Assim, o presente estudo analisa o potencial genético de populações desenvolvidas para as condições de cultivo da região Sudoeste de Goiás. Para este fim são utilizadas duas estratégias de pesquisa: 1) Avaliação da variabilidade genética de 7 populações de ampla base genética, as quais foram sintetizadas a partir de germoplasma avaliado na região Sudoeste de Goiás, onde atualmente encontra-se o maior foco de incidência de *Cercospora zeae-maydis*; 2) Avaliação de 14 populações F₂ em cruzamento dialélico, visando determinar sua potencial inclusão como fonte de germoplasma em programas de melhoramento para a região Sudoeste de Goiás.

1.1 Objetivos Gerais

Desta forma, os objetivos deste trabalho são:

a) Conhecer o potencial genético de sete populações de milho, adaptadas à região Sudoeste de Goiás (Dentado, Flint, GN-03, GN-04, Grossa, Longa e Suwan), desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” / USP, através da obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, visando seu futuro uso em programas de melhoramento local;

b) Avaliar o potencial genético de 14 populações F_2 de milho (resultantes da recombinação de híbridos comerciais plantados na região Sudoeste de Goiás, em condição de safrinha), através do estudo da heterose e seus componentes em cruzamento dialélico, visando sintetizar compostos de populações de boa performance agronômica e elevado padrão de resistência à cercosporiose.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e progressos esperados com a seleção em populações de milho

Uma extensiva revisão de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos foi realizada por Ramalho (1977) em 30 populações brasileiras, mostrando a grande variação das estimativas da variância genética aditiva, obtendo valores variando de 41,0 a 758 (g/planta)², obtidos em estudos realizados nas populações Caicang e Piramex original, respectivamente.

Diversos estudos mostram a existência de uma grande variação nas estimativas da variância genética aditiva em diversos estudos envolvendo progênies de meios irmãos. A partir das análises agrupadas, Santos & Miranda Filho (1992) apresentaram estimativas da variância genética aditiva para peso de espigas obtidas em três populações de milho. Estas estimativas foram de $100,48 \pm 16,75$ (g/planta)² na população ESALQ-PB1, $186,16 \pm 17,23$ (g/planta)² na população Cravo x ESALQ-PB1 e $283,02 \pm 19,98$ (g/planta)² na população Entrelaçado x ESALQ-PB1.

Estimativas maiores foram encontradas na população BR 5028 – São Francisco, cujas estimativas da variância genética aditiva, obtidas no ciclo original e ciclo I variaram de 405,0 a 625,1 (g/planta)², enquanto que no ciclo II foram mais baixas devido à ação de estresses ambientais, acusando um progresso genético médio de 10,6% com três ciclos de seleção entre e dentro

de famílias de meios-irmãos (Carvalho et al., 1994).

Pacheco et al. (1998) avaliando 196 progênies das populações de milho pipoca CMS-42 e CMS-43 reportaram valores para a $\hat{\sigma}_A^2$ de 180,97 e 486,85 (g/planta)² para estas duas populações, com ganhos esperados com a seleção em torno de 3%.

Nass & Miranda Filho (1999) mostraram estimativas da variância genética aditiva para peso de espigas de 502,1, 584,0, 675,8 e 761,7 (g/planta)² para as populações GN-01, GN-02, GN-03, GN-04, respectivamente. Estas estimativas, em especial das populações GN-03 e GN-04 mostram e confirmam o potencial genético das populações avaliadas no presente estudo.

Avaliando o potencial genético de cinco populações, sintetizadas a partir do cruzamento de três diferentes amostras da raça de milho Cravo e duas amostras da raça Entrelaçado com a população base ESALQ-PB1, Miranda Filho & Nass (2001) verificaram estimativas da variância genética aditiva variando de 214,25±77,8 a 771,00±118,0 (g/planta)² no ciclo I e de 300,0±17 a 533,8±27 (g/planta)² para o ciclo II de seleção recorrente.

Os estudos realizados por Carvalho et al. (2002), evidenciaram o potencial da população CMS 35 em responder à seleção para aumento da produtividade. As magnitudes dos parâmetros genéticos estimados possibilitam a obtenção futura de progressos para aumento de produtividade de espigas, com a continuidade do programa de melhoramento, possibilitando a obtenção de uma variedade melhor adaptada às condições de Sergipe.

Carvalho et al. (2003) observaram variações na estimativa da variância genética aditiva de 303,04 a 481,02 (g/planta)² nos três ciclos de seleção realizados na população CPATC-3 em avaliações realizadas em dois municípios do estado de Sergipe, com coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênies variando de 40,0 a 48,1% e ganho médio com a seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos de 13,6% para produtividade de grãos.

As magnitudes das estimativas de variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais reportadas em diversos estudos para peso de espigas têm mostrado oscilações entre locais e ciclos, conforme reportado por Ferrão et al. (1995a) que encontraram estimativas variando de 501,4 a 1002,7 (g/planta)² na população de milho EEL₂. Os valores dessas variâncias nas análises conjuntas foram inferiores aos das análises individuais, sendo de 58,0 e 292,7 (g/planta)² no primeiro e segundo ciclo respectivamente.

Assim, em alguns estudos, verifica-se a tendência de diminuição da variabilidade do ciclo original para os ciclos subseqüentes de seleção (Webel & Lonquist, 1967, Santos & Naspolini Filho, 1986, Carvalho et al., 2000b). Segundo Webel & Lonquist (1967) esta queda na variabilidade possivelmente seja resultante da máxima utilização da variabilidade livre no ciclo original e que corresponde à segregação entre blocos poligênicos. Esta variabilidade genética potencial presente dentro dos blocos poligênicos vai sendo liberada gradativamente pela permuta genética, no decorrer dos ciclos de seleção. Assim, visando minimizar a drástica redução da variância genética aditiva, no início do processo de seleção, Paterniani (1968), sugere a utilização de um maior número de famílias.

Por outro lado, segundo Carvalho et al (2000a) as estimativas da variância entre progênies de meios irmãos não mostraram queda de variabilidade no decorrer dos ciclos de seleção, quando realizados em um só local, detectando-se no entanto, uma redução acentuada quando a seleção foi realizada na média de dois e três locais.

2.2 Cruzamentos dialélicos

A escolha adequada da metodologia a ser usada no melhoramento deve estar embasada no conhecimento da herança dos caracteres quantitativos

de importância agrônômica. Um dos métodos genético-estatísticos, utilizados para determinar os tipos de ação gênica que controlam os caracteres quantitativos, é o uso dos cruzamentos dialélicos (Griffing, 1956). Tal método permite um melhor conhecimento das relações genéticas entre os parentais envolvidos em cruzamentos, podendo ser útil na identificação de cruzamentos promissores (Allard, 1956; Miranda Filho & Vencovsky, 1984).

A denominação dialelo tem sido utilizada para expressar um conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos, resultante do acasalamento entre p genitores, podendo incluir ou não os parentais e os híbridos recíprocos, assim como outras gerações relacionadas, tais como F_2 , retrocruzamentos, etc. (Cruz & Regazzi, 1997).

As metodologias de análise dialélica têm por finalidade analisar o delineamento genético fornecendo estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres.

Entre as metodologias mais comumente utilizadas citam-se a proposta por Griffing (1956), pela qual são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de combinação; a metodologia proposta por Gardner & Eberhart (1966), na qual são avaliados os efeitos de variedades e heterose varietal; e a proposta por Hayman (1954), que dá informações sobre o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos genitores utilizados e do limite de seleção.

De maneira geral, têm sido utilizados vários tipos de dialelos: dialelos balanceados, parciais, circulantes, incompletos e desbalanceados. Os dialelos balanceados são aqueles que incluem os híbridos F_1 entre todos os pares de combinações dos genitores, podendo adicionalmente incluir os genitores, seus híbridos recíprocos e, em alguns casos, outras gerações relacionadas, como F_2 , retrocruzamentos, etc. Os dialelos parciais envolvem dois grupos de genitores e seus respectivos cruzamentos, porém com número menor de cruzamentos do

que os requeridos no dialelo balanceado, considerando apenas parte dos cruzamentos possíveis entre p parentais. No caso dos dialelos circulantes, os genitores são representados, no delineamento, por um mesmo número de cruzamentos, porém inferior a $p-1$, como ocorre nos dialelos balanceados. Por sua vez, os dialelos incompletos, são aqueles que os genitores são representados por um número variável de cruzamentos, como consequência de falhas de cruzamentos ou de perdas de tratamentos durante a condução dos ensaios. Já os dialelos desbalanceados são aqueles em que todas as combinações híbridas e também as demais gerações estão representadas, porém em frequência variável, em virtude do número desigual de repetições por tratamento.

Sprague & Tatum (1942) utilizaram os cruzamentos dialélicos para definir os termos capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), relacionando o primeiro com efeitos gênicos aditivos e o segundo com efeitos gênicos não aditivos (dominantes e epistáticos). Esses autores definiram capacidade geral de combinação como sendo o comportamento médio de um genitor em combinações híbridas. A capacidade específica de combinação foi definida para aqueles casos em que certas combinações híbridas são relativamente melhores ou piores do que o esperado com base no comportamento médio dos genitores envolvidos. Assim, a CEC é interpretada como um efeito na expressão do híbrido que é adicional aos efeitos da CGC dos pais e pode melhorar ou piorar a expressão do híbrido em relação ao efeito esperado com base somente nas CGC.

Nos diversos esquemas de cruzamento dialélico, que foram propostos após o trabalho de Sprague & Tatum (1942), os efeitos de CGC e CEC são estimados como desvios em torno da média geral.

Griffing (1956) apresentou uma metodologia onde são estimados os efeitos e as somas de quadrados da capacidade geral e específica de combinação em genótipos parentais, em dois modelos: I – fixo e II - aleatório.

Esta metodologia pode ser classificada em quatro métodos experimentais: 1) incluindo as p^2 combinações: genitores, híbridos F_1 e recíprocos; 2) incluindo as $p(p+1)/2$ combinações, faltando os híbridos F_1 recíprocos; 3) incluindo $p(p-1)$ combinações, faltando os genitores e 4) incluindo $p(p-1)/2$ combinações, faltando os genitores e os híbridos F_1 recíprocos. Esta metodologia tem sido bastante usada na avaliação de conjuntos de linhagens endogâmicas. No entanto, com a necessidade de avaliar populações de polinização livre, houve a necessidade do uso de outra metodologia para análise dialélica em populações.

Em todos os métodos envolvendo modelos fixos, a análise de variância é utilizada para teste de hipótese e as estimativas podem ser obtidas para capacidade geral e específica de combinação, as quais são as únicas que possuem significado genético no modelo estatístico. Entretanto, nos modelos aleatórios pode-se estimar os componentes de variância e a ênfase nos testes de hipótese é menor (Hallauer & Miranda Filho, 1995).

Gardner & Eberhart (1966) propuseram uma metodologia de análise dialélica incluindo p populações ou variedades e os $p(p-1)/2$ híbridos F_1 , caracterizada por fornecer informações detalhadas a respeito do potencial *per se* desses progenitores e da heterose manifestada em seus híbridos. Esta metodologia fornece informações genéticas úteis ao melhorista a partir de médias de populações, e não a partir de variâncias (Vencovsky, 1970), podendo usar qualquer conjunto fixo de materiais (variedades, compostos, famílias, etc.) que devem estar em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Gardner & Eberhart (1966) , propuseram três métodos. O método I, fornece informações mais detalhadas dos efeitos genéticos, onde são testados os efeitos aditivos, de dominância e de heterose. A utilização deste método somente é possível quando se têm as gerações de autofecundação dos parentais e seus possíveis híbridos. No método II, onde estão incluídos apenas o grupo de variedades e seus híbridos, são avaliados os efeitos de variedades e os efeitos de heterose. A heterose total, tanto no método I assim como no

método II, é dividida em heterose média, heterose de variedades e heterose específica. Por sua vez, o método III avalia apenas os cruzamentos entre um determinado grupo de variedades. Este método tem características semelhantes ao método 4 de Griffing (1956), pois estima os efeitos da capacidade geral e específica de combinação.

Estes métodos de avaliação são muito úteis e eficientes, fornecendo informações importantes e, portanto, tem sido muito empregados. No entanto, com a utilização de um número elevado de parentais, dificuldades de ordem experimental e logística têm se apresentado, tornando em muitos casos inviável a utilização de cruzamentos dialélicos balanceados. Assim, surgiram diversos esquemas para solucionar este inconveniente. Os cruzamentos dialélicos parciais, onde apenas uma parte dos cruzamentos possíveis são realizados, tornando, assim, possível a avaliação de um maior número de parentais.

Miranda Filho & Geraldi (1984) apresentaram uma metodologia de cruzamentos dialélicos parciais na qual são empregados dois grupos fixos de variedades e seus cruzamentos, podendo ainda serem estimados os efeitos da capacidade combinatória entre variedades (Geraldi & Miranda Filho, 1988).

Uma outra metodologia que tem sido empregada é conhecida como cruzamento dialélico parcial circulante (Kempthorne & Curnow, 1961). Neste método, são avaliados p genitores, representados em s combinações híbridas. Este delineamento apresenta certa perda de informações devido à ausência de alguns cruzamentos no dialelo, tornando as estimativas um tanto questionáveis para a avaliação da capacidade combinatória quando o número s de combinações é relativamente pequeno (Cruz & Regazzi, 1997).

Utilizando genótipos de duas populações distintas, Miranda Filho & Vencovsky (1999) apresentaram a metodologia de cruzamento dialélico parcial circulante ao nível interpopulacional. Nessa metodologia são utilizados p genótipos de cada uma das duas populações, sendo realizados ps cruzamentos (em s combinações híbridas).

Cruz & Regazzi (1997) relatam outros métodos propostos para análise de cruzamentos dialélicos, como os dialelos desbalanceados onde todas as combinações estão representadas, mas em frequência variável, devido a diferentes repetições por tratamento e os dialélicos incompletos, nos quais os genitores são representados por um número variável de cruzamentos.

2.2.1 Cruzamentos dialélicos entre variedades e heterose

O método de Gardner & Eberhart (1966) e suas variações (Miranda Filho, 1995, Miranda Filho & Chaves, 1996, Chaves & Miranda Filho, 1997) são aplicados a conjuntos fixos de variedades, sendo mais apropriados para o estudo do valor genético dos genitores e seu potencial heterótico em cruzamentos (Miranda Filho & Gorgulho, 2001).

Um estudo detalhado sobre aspectos teóricos e aplicados a cruzamentos dialélicos de variedades foi realizado por Vencovsky (1970). Hallauer & Miranda Filho (1995) também abordam de maneira abrangente este assunto.

Diversos estudos têm sido realizados visando avaliar o potencial heterótico de populações de milho (Moll et al., 1962; Lopes et al., 1985; Crossa et al., 1987; Mungoma et al., 1988; Misevic, 1989; Echandi & Hallauer, 1996; Sfakianakis et al., 1996; Spaner et al., 1996; Aguirre et al., 1997; Salazar et al., 1997; Revilla & Tracy, 1997; San Vicente et al., 1998; Silva & Miranda Filho, 2003; Soengas et al, 2004).

Vasal et al. (1992) avaliando o potencial genético de 7 populações em 17 ambientes temperados e 5 ambientes subtropicais, identificaram populações com boa performance em ambos ambientes. A média de produção nos ambientes temperados (4,35 t/ha) foi comparável à obtida em condições subtropicais (4,59 t/ha). O cruzamento da população 48 com o Pool 27 alcançou

a maior média (5,42 t/ha), com uma heterose relativa ao pai superior de 9,9%. A máxima heterose relativa ao pai superior foi observada no cruzamento da população 46 com o Pool 30 (13%). Nos ambientes temperados, as maiores produções foram observadas quando a população 48 foi cruzada com as populações 46 e com os Pools 27, 28, e 30. Os efeitos da capacidade geral de combinação para produção foram significativos em todos os ambientes avaliados enquanto que os efeitos da capacidade específica de combinação foram significativos apenas nos ambientes temperados.

Estudos visando determinar o potencial genético através de cruzamentos dialélicos envolvendo 15 populações de milho superprecoce foram realizados por Gama et al. (1995). A análise de variância conjunta para produção de grãos, dias para o florescimento masculino e altura de planta mostrou alta significância ($P < 0,01$) para tratamentos, parental, heterose, heterose parental, heterose específica e interação de primeira ordem com o ambiente. A média para peso de grãos variou de 3,2 a 5,2 t/ha para as populações e de 3,0 a 6,0 t/ha para os cruzamentos. Estes resultados, segundo esses autores, sugerem que estas populações *per se* ou compostos sintetizados podem ser usadas em programas de melhoramento.

Através do cruzamento em esquema dialélico entre quatro populações espanholas e cinco populações provenientes do Corn Belt americano, Ordás (1991) determinou o padrão heterótico destas populações, identificando a existência de três grupos heteróticos. A partir destes resultados, o autor sintetizou 2 compostos, com populações parentais que exibiram boa performance *per se* e alto potencial heterótico em cruzamentos.

Visando elevar o padrão heterótico de populações de milho doce através do cruzamento em esquema dialélico com populações de milho normal, Revilla et al. (2000) avaliando as características peso de grãos (PG), umidade dos grãos (UG), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de grãos por fileira (NGF) identificaram cruzamentos promissores. Neste estudo, foram

detectadas diferenças significativas nos efeitos de heterose e heterose media para todos os caracteres avaliados exceto UG. Foram detectadas diferenças significativas para o efeito de heterose de variedades e heterose específica para PG, AP e NGF. Segundo estes autores, os melhores cruzamentos, após recombinação, podem ser utilizados em programas de seleção recorrente intrapopulacional para performance agrônômica e teor de açúcar nos grãos, antes de iniciar um programa de seleção recorrente interpopulacional.

A introgressão de germoplasma exótico pode aumentar a expressão da heterose em populações de milho. Mickelson et al. (2001) visando avaliar o potencial heterótico de nove populações de milho temperadas e sub tropicais (BSSS(R), BS26, Salisbury white, Southern cross, NPPEs, CIMMYT 34, CIMMYT 42, CIMMYT 44 e CIMMYT 47) em cruzamento dialélico, identificaram populações com boa performance *per se* para peso de grãos, destacando-se a população 44 com média igual a 8,42 t/ha. As estimativas da heterose relativa ao pai superior foram baixas a moderadas e influenciados pelo ambiente. A população BSSS(R) mostrou a melhor capacidade geral de combinação com estimativa do efeito de variedade para peso de grãos igual a 1,34 t/ha. O cruzamento das populações CIMMYT 34 e BSSS(R) foi a melhor combinação heterótica (9,28 t/ha). As populações BSSS (R), NPPEs, 44 e 42 tiveram ampla adaptação a diferentes ambientes, indicando seu potencial de adaptação a novas áreas geográficas.

Santos et al. (2001) identificaram acessos elite originados do Programa Latino Americano de Milho (LAMP) que poderiam contribuir para melhorar o padrão heterótico de populações de milho brasileiras. Setenta e dois acessos elites do LAMP foram cruzados com os testadores BR 105 (padrão heterótico flint) e BR 106 (padrão heterótico dentado). A análise combinada mostrou diferença significativa entre tratamentos para o caráter peso de espigas sendo também significativa a interação tratamentosxlocais. Com a variedade BR 105, a heterose em relação ao pai superior variou de -28% a 26% e os

acessos SE032 e PE001 foram selecionados para melhoramento. Com a variedade BR 106, a heterose em relação ao pai superior variou de -35% a 17% e os acessos PE011 e Pasco14 foram selecionados para posteriores trabalhos de melhoramento. Segundo estes autores, os acessos selecionados podem ser melhorados através de esquemas de seleção recorrente para produção e características agrônômicas assim como podem ser explorados, dentro e entre os grupos heteróticos, para produzir combinações híbridas ou para serem usados como variedades melhoradas de milho.

A seleção recorrente melhora a performance *per se* e em cruzamentos de populações. Doerksen et al. (2003) examinaram o efeito da seleção recorrente na estrutura genética de 12 populações de milho. Estes autores observaram o aumento dos efeitos não aditivos e a diminuição dos efeitos aditivos com o decorrer dos ciclos de seleção. Para o caráter peso de grãos verificaram mudanças substanciais na capacidade geral de combinação como consequência dos ciclos de seleção. Os efeitos da capacidade geral de combinação no ciclo C_0 foram causados principalmente pelos efeitos *per se* das populações, enquanto que no ciclo C_A foram causados predominantemente pelos efeitos da heterose de variedades.

Soengas et al. (2003) visando identificar o padrão heterótico de populações de milho de polinização aberta, do tipo flint adaptados a condições temperadas, realizaram cruzamentos de 10 populações em esquema dialélico. Estes autores identificaram cruzamentos com expressiva manifestação de heterose para produção de grãos. Com base nesses resultados, as populações selecionadas podem ser incluídas em programas de seleção recorrente recíproca, visando aumentar a expressão da heterose entre populações e melhorar a performance de seus híbridos.

2.3 Sobre a mancha cinzenta da folha ou cercosporiose no milho

A mancha por cercospora, também, denominada mancha cinzenta da folha (*Gray Leaf Spot*) causada pelo fungo *Cercospora zeae-maydis*, foi primeiramente descrita no estado americano de Illinois (Tehon & Daniels, 1925). Nesse país, ocorre principalmente nas áreas da Pensilvânia a Carolina do Sul, no oeste de Missouri e Iowa e no leste da costa do Atlântico (Roane et al., 1974; Hawk et al., 1985; Smith et al., 1988). Também foi encontrada em áreas do estado de Maryland com incidência média de 35% em cultivo convencional e 69% em campos de cultivo mínimo (Smith & Grybauskas, 1984). A doença também tem sido reportada no México, América Central e Sul, Trinidad (Latterell & Rossi, 1983), África do Sul (Ward et al., 1997; Dunkle & Levy, 2000) e China (Ward et al., 1999). Atualmente, a cercosporiose é reconhecida como uma das principais doenças que limitam a produtividade do milho no mundo (Ward & Nowell, 1998).

Atribui-se a sua dispersão à sobrevivência do patógeno em restos da cultura não incorporados, seja através de práticas de cultivo mínimo, plantio direto ou em plantios convencionais com contínuo cultivo do milho (Shurtleff, 1980).

A penetração do patógeno através dos estômatos, o crescimento vegetativo e a produção de novos conídios a partir do estroma precisa de um ciclo de 14 a 28 dias em condições de campo ou casa de vegetação, sob condições favoráveis (Beckman & Payne, 1982; Ward et al., 1999).

Diversos fatores afetam a severidade da doença. Fatores ambientais, culturais e dados de resistência à cercosporiose foram analisados através de análises de regressão múltipla usando o método de *stepwise* na escolha de variáveis que significativamente contribuíram na severidade da doença. Resistência genética, resíduos de milho sobre os campos de cultivo, data de plantio e o parâmetro denominado valor do tempo de duração (VTD), que

representa o número de horas de temperatura favorável para o aparecimento da doença ($22 \leq T \leq 30$ °C) e a umidade relativa ($\geq 95\%$) foram os fatores mais importantes na expressão da severidade. Estes resultados podem servir como base para o desenvolvimento de um modelo de previsão da severidade desta doença (Bathia & Munkvold, 2002).

Estudos de epidemiologia da cercosporiose em milho, baseados em diferenças nos componentes de infecção entre um híbrido suscetível e um híbrido moderadamente resistente, mostraram que a área debaixo da curva do progresso da doença, a taxa de infecção aparente (relação entre a severidade da doença e tempo em dias após inoculação), o número de lesões e a capacidade de esporulação foram menores no híbrido moderadamente resistente quando comparado ao híbrido suscetível. O período latente (número de dias da inoculação até 50% das amostras com esporulação) também foi maior no híbrido moderadamente resistente. Estes aspectos conjuntamente com os padrões de precipitação, permitem postular que a precipitação e a esporulação durante ciclos de infecção precoce possuem um efeito significativo no desenvolvimento da cercosporiose. Estratégias de manejo visando o decréscimo dos níveis de inóculo durante ciclos de infecção precoce são sugeridos como um efetivo médio de reduzir a severidade desta doença (Ringer & Grybauskas, 1995).

Os sintomas desta doença nas folhas são lesões cloróticas ou necróticas, de 5 a 70 mm de comprimento por 2 a 4 mm de largura, com coloração palha ou cinza, opacas, limitadas pelas nervuras secundárias e com extremidades em geral retangulares (Ward et al., 1999). Esses sintomas aparecem próximo ao florescimento, nas folhas inferiores, e alcançam as folhas superiores em cerca de uma semana, sob condições favoráveis (Latterell & Rossi, 1983). O aumento no número de lesões resulta na coalescência de lesões, podendo ocorrer a morte da folha, deterioração do colmo e a elevação na incidência do acamamento prejudicando a colheita mecanizada.

A cercosporiose parece ser de distribuição restrita a áreas que possuem longos períodos de alta umidade que favorecem a infecção e o desenvolvimento de lesões pelo fungo (Beckman & Payne, 1982; Donahue et al., 1991). A ocorrência de dias nublados, com alta umidade relativa, presença de orvalho por longos períodos e cerração também favorecem o aparecimento da doença (Rupe et al., 1982; Fernandes e Oliveira, 2000).

A distribuição e a severidade da doença pode variar de período para período mas é mais freqüentemente associada com práticas de cultivo mínimo e em áreas com cultivo contínuo de milho (Rupe et al., 1982; Anderson et al., 1995; Beckman & Payne, 1982; Payne et al., 1987; Stromberg & Donahue, 1986). Essas condições contribuem para a elevação do nível de inóculo e, conseqüentemente, infecções precoces com aparecimento de sintomas na metade do ciclo da cultura (Payne & Waldron, 1983; Nazareno et al., 1993).

O fungo presente em restos de cultura, produz conídios, infectando primeiramente as folhas inferiores (Beckman & Payne, 1982), disseminados pelo vento e respingos de chuva (Fernandes & Oliveira, 2000). Seguidamente, condições favoráveis à doença favorecem o desenvolvimento de novas lesões, produzindo conídios que servem de inóculo para infecções secundárias em folhas superiores (Beckman & Payne, 1982). Estudos de reprodução de *Cercospora zae-maydis* mostraram que este fungo possui também um microciclo de produção e germinação de esporos como mecanismo de sobrevivência quando as condições para o crescimento micelial são desfavoráveis (Lapaire & Dunkle, 2003).

Estudos da eficiência e virulência do patógeno realizados por Bair & Ayers (1986) demonstraram a existência de variabilidade na agressividade na coleção de isolados de *Cercospora zae-maydis*, provenientes de regiões do leste dos Estados Unidos, sugerindo a utilização de vários isolados em trabalhos de melhoramento para resistência. No entanto, não foi encontrada alguma evidência de especificidade ou raças deste patógeno.

A resistência horizontal parece ser a alternativa mais viável para o melhoramento do nível de resistência à cercosporiose em cultivares de milho, garantindo, assim, a estabilidade da resistência ao patógeno. Resultados semelhantes foram encontrados por Carson et al. (2002). Segundo estes autores, o uso de isolados altamente agressivos em ambientes favoráveis para o desenvolvimento do patógeno é uma medida a ser considerada, visando reduzir a interação genótipo x ambiente e maximizar os ganhos de seleção para resistência à cercosporiose. A agressividade do fungo, tipos I (grandemente distribuída nos Estados Unidos) e II (distribuído apenas no oeste dos Estados Unidos) é uma característica reproduzível, de fácil identificação e expressa até em locais menos favoráveis para o desenvolvimento da doença.

A *Cercospora zeae-maydis*, assim como outras espécies do mesmo gênero produzem uma fitotoxina chamada cercosporin, que tem sido relatado como um fator de virulência (Gwinn et al., 1987). Esta fitotoxina em presença da luz produz espécies ativas de oxigênio que danificam a membrana celular da planta (Daub & Ehrenshaft, 2000).

2.3.1 Herança da resistência à cercosporiose

Estudos de herança genética de características qualitativas, apresentando a típica distribuição discreta, são relativamente fáceis de serem realizados. Entretanto, quando o alvo de estudos são características de distribuição contínua, é freqüente a utilização de modelos de genética quantitativa, os quais assumem um grande número de locos de efeitos aproximadamente iguais e pequenos.

Informações detalhadas sobre o tipo de herança são necessárias para um eficiente programa de melhoramento para resistência. Assim, vários estudos têm sido realizados visando conhecer a herança da resistência à

cercosporiose em milho sob condições naturais e artificiais de infecção. Estes estudos incluem o uso de análises dialélicas, análises de médias de gerações e mais recentemente através do mapeamento de *Quantitative Trait Loci* ou QTLs (Manh, 1977; Thompson et al., 1987; Huff et al., 1988; Elwinger et al., 1990; Ulrich et al., 1990; Donahue et al., 1991).

Manh (1977), utilizando análises de médias de gerações, concluiu que a herança da resistência à cercosporiose é de natureza quantitativa, controlada por poucos genes. Quanto ao tipo de ação gênica, os efeitos aditivos explicaram 82 a 96% do total de variabilidade entre gerações e a estimativa da herdabilidade, no sentido restrito, foi de 31%.

Estudos posteriores conduzidos por Bergquist et al. (1985) mostraram também a importância dos efeitos aditivos no controle da herança da resistência à cercosporiose e a possibilidade da avaliação de linhagens *per se* como um procedimento eficiente na seleção de genótipos resistentes.

Segundo Thompson et al. (1987) a resistência à cercosporiose em genótipos de milho não é muito complexa, sendo condicionada principalmente por efeitos aditivos, podendo ser avaliada eficientemente através do comportamento *per se* das linhagens e transferida por meio de retrocruzamentos e técnicas de seleção. No entanto, Elwinger et al. (1990) menciona que a dominância também deve ser incluída no modelo para explicar a herança da resistência à cercosporiose.

Com o propósito de estudar o modo da herança da resistência à cercosporiose em um grupo de linhagens de milho cruzadas em esquema dialélico, Huff et al. (1988) usando a variável área debaixo da curva do progresso da doença, verificaram que a capacidade geral de combinação (CGC) foi 18 vezes maior que a capacidade específica de combinação (CEC), indicando que para este conjunto de linhagens, o tipo de ação gênica mais importante foi a aditiva no controle da resistência à cercosporiose. A concordância entre as médias da CGC e as médias do comportamento das

linhagens *per se* foram apropriadas, sendo possível a seleção durante o processo de desenvolvimento das linhagens. Cruzamentos entre linhagens resistentes poderiam então ser avaliados para resistência à cercosporiose, produção e outros caracteres agronômicos.

A herança da resistência a este patógeno também foi estudada por Donahue et al. (1991) através do cruzamento de 14 linhas elites em esquema dialélico. Os resultados mostraram que a resistência é uma característica altamente herdável e não muito complexa, controlada por efeitos gênicos aditivos. Processos de seleção em linhas avançadas podem ser suficientes para identificar resistência a *Cercospora zeae-maydis* em programas de melhoramento.

Análises de segregação da característica lesões cloróticas (LC), causadas como resposta à infecção de *Cercospora zeae-maydis* em famílias F_{2:3} e F_{3:4} derivadas do cruzamento entre as linhagens NC250A e B73, resistente e suscetível a cercospora, respectivamente, sugeriram a presença de um fator maior na herança da resistência a esta característica, descartando a possibilidade de herança monogênica. Estas lesões cloróticas, como resposta do hospedeiro ao patógeno, causam, a redução do tamanho da lesão, diminuição do progresso da doença e inibição da esporulação do fungo (Freppon et al., 1996). Híbridos resultantes do cruzamento de linhagens que mostraram lesões cloróticas como resposta ao ataque do patógeno com a linhagem B73 (isenta de lesões cloróticas) se caracterizam pela presença de LC, indicando que a resposta pode ser controlada por interações alélicas dominantes (Freppon et al., 1994).

Por outra parte, estudos têm mostrado também que a resistência é dependente da idade da planta. Maior quantidade de estômatos de tecidos de plantas velhas foram penetrados pelo fungo, sugerindo que este tipo de mecanismo de resistência é diferente da resistência varietal observada no campo (Gwinn et al., 1987).

Assim, a maioria de estudos da resistência à cercosporiose tem indicado que a herança é condicionada principalmente por efeitos aditivos, com poucos estudos reportando dominância. Análises de médias de gerações têm indicado que o modelo aditivo-dominante é satisfatório na explicação da genética da resistência. No entanto, os resultados de análises individuais por anos, locais e incidência da doença, indicaram que a expressão da resistência é ambientalmente dependente (Coates & White, 1998).

Com o advento de técnicas de biologia molecular, disponibilidade de marcadores de DNA e da bioinformática, em íntima associação com poderosos métodos estatísticos, estudos de mapeamento de QTLs (*Quantitative trait loci*) ou locos que controlam características quantitativas foram realizados para identificar regiões no genoma do milho associadas a diversas características de interesse e doenças como a cercosporiose, assim como para inferir sua contribuição no total da variação fenotípica e o tipo de ação gênica envolvida.

A existência de desequilíbrio de ligação, decorrente da redução da frequência de recombinação entre genes ligados, fundamenta as análises de mapeamento de genes. Assim, são os desvios em relação às proporções esperadas pela segregação independente de alelos de locos diferentes que permitem a detecção e o mapeamento de QTLs (Coelho, 2000).

Diversos estudos de mapeamento de QTLs para resistência à cercosporiose têm sido realizados (Bubeck et al., 1993, Saghai Maroof et al., 1996, Lehmensiek et al., 2001, Gordon et al., 2003), onde foram detectados efeitos de dominância e principalmente aditivos na maioria dos QTLs identificados. Saghai Maroof et al. (1996) identificaram 3 QTLs consistentes localizados nos cromossomos 1, 4 e 8, com grandes efeitos na resistência à cercosporiose, cada um deles explicando 35,0 a 56,0%, 8,8 a 14,3% e 7,7 a 11,0% da variação fenotípica para esta característica. O efeito conjunto dos QTLs identificados explicou 44,60 e 68,0% da variação fenotípica nas gerações F_2 e F_3 , respectivamente.

Atualmente, mesmo com os avanços da genômica, do conhecimento de seqüências e funções de genes, estes estudos mostram sua ação limitada na seleção para características quantitativas. Segundo Bernardo (2001) informações de genes são mais úteis na seleção quando poucos loco (por exemplo, dez) controlam a característica. Com muitos loco (≥ 50), estimativas de mínimos quadrados do efeito de genes tornam-se imprecisas. A presença de interações epistáticas tornam a seleção ainda mais difícil.

2.3.2 Melhoramento para resistência à cercosporiose e outras doenças

A cercosporiose é uma das principais doenças foliares destrutivas do milho no mundo, provocando significativa redução na produção (Ward et al., 1999). Diminuição na produção em mais de 20% foram reportados por Hilty et al. (1979) e Ayers et al. (1984). Resultados semelhantes foram obtidos por Stromberg & Donahue (1986), que atribuíram esta diminuição na produção de grãos à redução da área fotossintética e morte prematura das plantas infectadas. Perda de produção de grãos, acamamento e morte de plantas também têm sido relatados por Dodd (1980), inclusive, perdas próximas a 90% da produção, devido à severa deterioração das folhas e acamamento foram registrados (Lattrell & Rossi, 1983).

O desenvolvimento de cultivares de milho resistentes parece ser a solução mais prática e a medida de controle mais eficiente para esta doença (Thompson et al., 1987; Ulrich et al., 1990; Saghai Maroof et al., 1996; Fernandes & Oliveira, 2000). Melhoramento de populações, tanto para caracteres agronômicos como para resistência a doenças, têm contribuído muito para o desenvolvimento de materiais genéticos promissores (Hallauer & Miranda Filho, 1995; Paterniani & Miranda Filho, 1987).

Baseados principalmente em características como incidência da doença, severidade, tipo de lesão e maturidade, genótipos resistentes ou tolerantes têm sido reportados (Roane & Genter, 1976; Ayers et al, 1984; Ulrich et al. 1990; Saghai & Maroof et al., 1993; Coates & White, 1994), mas poucos podem ser considerados como altamente resistentes, embora diversas linhagens (Johnson & Ayers, 1988a; Everett et al., 1994) e populações (Johnson & Ayers, 1988b) com resistência a cercosporiose estejam registradas e divulgadas.

Diversos estudos visando incorporar ou aumentar a frequência de alelos de resistência à cercosporiose foram descritos. Graham et al. (1993) conduziram estudos para verificar se a seleção recorrente para produção alterou o nível de resistência à cercosporiose no Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS). A distribuição da incidência em linhas S1 derivadas do BSSS ciclo 0 e BSSS ciclo 11 foram muito similares, indicando que a seleção não alterou os níveis de resistência à cercosporiose. Embora a BSSS seja considerada suscetível, os autores identificaram linhas S1 com caracteres agrônômicos desejáveis e níveis de resistência intermediária, as quais poderão ser usadas para iniciar um programa de seleção recorrente.

Existem poucos estudos mostrando o progresso genético através da seleção recorrente para resistência a doenças em populações tropicais e subtropicais. Trabalhos de melhoramento de populações visando resistência a *Exserohilum turcicum* (Pass) Leonard & Suggs e *Puccinia sorghi* Schw, usando famílias de irmãos germanos e S1 em ciclos de seleção recorrente, têm conseguido ótimos resultados, elevando o nível de resistência das populações sem mudanças na maturidade ou redução do potencial produtivo (Ceballos et al., 1991), mostrando a alta eficiência do método de melhoramento empregado.

Melhoristas e fitopatologistas geralmente realizam seleção específica sobre determinada doença. A seleção para resistência a várias doenças simultaneamente tem se mostrado promissora, elevando a níveis aceitáveis a

resistência a diferentes doenças. Resultados da resposta a seleção de 6 ciclos de melhoramento para resistência a múltiplas doenças foliares causadas por *Cercospora zeae-maydis*, *Exserohilum turcicum*, *Bipolaris maydis*, *Bipolaris zeicola*, *Colletotrichum graminicola*, *Kabatiella zeae* de dois sintéticos (RSSSC e RBS10) selecionados através de seleção recorrente recíproca para produtividade e seleção massal para resistência a múltiplas doenças, mostraram a eficiência da seleção simultânea, sendo reduzida a severidade destas doenças de 29% a 34% nos sintéticos RSSSC e RBS10, respectivamente. Avaliações individuais para estas doenças mostraram similar eficiência (Lambert & White, 1997).

Vários estudos têm demonstrado que métodos de seleção recorrente são efetivos para melhorar a resistência a doenças em milho (Jinahyon & Russell, 1969). Visando aumentar a frequência de genes favoráveis para resistência a doenças foliares, Lambert & White (1997), usando métodos de seleção recorrente e massal, verificaram que a seleção para resistência a múltiplas doenças foi eficiente. No caso da cercosporiose, estes autores verificaram reduções de 21% na severidade da doença do ciclo C0 ao C6 no sintético RSSSC e de 16% para o sintético RBS10.

Resultados obtidos por Ajala et al. (2003) mostraram que através da avaliação de famílias S₁, de seis populações, infectadas artificialmente com esporos de míldio (*Peronosclerospora sorghi*) e em ambientes livres do patógeno, em ciclos de seleção recorrente, é possível elevar o nível de resistência a este patógeno. Populações em diferentes ciclos de seleção foram avaliadas, mostrando que 3 a 4 ciclos de seleção foram adequados para reduzir significativamente os níveis de infecção e incrementar a produção. A infecção do míldio diminuiu de 58 a 100%, enquanto que a produção de grãos aumentou de 10 a 98% em 2 a 4 ciclos de seleção quando comparado com a população original C0.

Métodos combinados de seleção têm-se mostrado eficientes no aumento da resistência a doenças foliares e provavelmente têm contribuído para o aumento da produção de grãos. Populações selecionadas com este procedimento podem ser fontes valiosas de linhagens resistentes a doenças (Lambert & White, 1997).

2.4 Síntese de compostos

A existência de germoplasma de milho com grande variabilidade genética e grande variação de ambientes de cultivo tornam-se condições para a exploração, descoberta e síntese de novas populações para condições específicas.

Os compostos são populações resultantes do inter cruzamento de duas ou mais populações de polinização aberta, selecionadas com base no seu potencial genético.

O número de possíveis compostos, $N_{\text{compostos}} = 2^n - (n - 1)$, para n populações genitoras, aumenta rapidamente com o aumento dos genitores. Assim, a avaliação e síntese de todos os possíveis compostos torna-se inviável, sendo necessários procedimentos de predição de médias. Estes procedimentos possuem a condição básica que os genitores estejam em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Vencovsky & Barriga, 1992). Considerando o grande número de possíveis compostos de serem obtidos, Miranda Filho & Chaves (1991) sugeriram um índice como critério de seleção entre variedades para síntese de novas populações.

Diversos estudos têm mostrado o potencial de populações para síntese de compostos com boa performance agrônômica baseados no estudo da capacidade de combinação e da expressão da heterose em cruzamentos. Nass & Miranda Filho (1999) identificaram quatro compostos de tamanho 5 ($k =$

5) com produções (t/ha) de 9,43, 8,78, 8,29 e 7,98, respectivamente. Estimativas do coeficiente de herdabilidade com base em média de progênies variaram de 0,51 a 0,643 para produção, 0,749 a 0,806 para altura de planta e 0,691 a 0,786 para altura de espiga. Segundo estes autores, estes resultados evidenciaram boa performance agronômica dos compostos e alta variabilidade genética, ambas características desejadas, indicando que estes compostos podem ser usados como populações base em programas de seleção recorrente.

3 VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.) - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

Resumo

O objetivo deste trabalho foi caracterizar as populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, através de estimativas de parâmetros genéticos. Foi utilizado um total de 950 famílias de meios irmãos, as quais foram avaliadas em 19 experimentos, em Rio Verde (GO), sob condições de alta incidência de *Cercospora zeae-maydis*. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. Foram avaliados os caracteres: PE - peso de espigas, AP - altura de planta, AE - altura da espiga, NEP - número de espigas por planta e PRE - posição relativa da espiga. Para os caracteres PE, AP e AE foram estimados: variância genética entre progênies, variância genética aditiva, variância fenotípica entre médias de progênies, coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de famílias, coeficiente de variação genético, índice de variação genética e ganho genético com a seleção entre progênies de meios irmãos.

As médias para peso de espigas (t/ha) para as sete populações avaliadas foram: GO-D = 9,57, GO-F = 9,78, GN-03 = 9,46, GN-04 = 10,02, GO-G = 9,0, GO-L = 8,99, GO-S = 10,13. As estimativas da variância genética aditiva foram consideradas muito altas para todas as características e todas as populações, variando de 487,24 (GO-G) a 1296,46 [(g/planta)²] (GN-04) para peso de espigas, de 577,66 (GO-S) a 1390,59 (cm²) (GN-03) para altura de planta e de 430,51 (GO-L) a 1083,78 (cm²) (GN-03) para altura de espiga.

Os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de famílias variaram de 0,52 (GO-G) a 0,79 (GN-04 e GO-S) para peso de espigas, de 0,73 (GO-G) a 0,89 (GN-03) para altura de planta e de 0,71 (GO-L) a 0,89 (GN-03) para altura de espiga. As magnitudes dos parâmetros genéticos estimados, os altos valores de herdabilidade e dos coeficientes de variação genética, associadas às altas médias de produção, são indicadores evidentes do grande potencial genético destas populações e tornam-se apropriadas para serem usadas como populações base em programas de seleção recorrente, com especial destaque para a população GN-04.

Summary

The objective of this work was to characterize the populations GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, through estimates of genetic parameters. Thus, half-sib families were obtained from each population, totalizing 950 families, which were evaluated in 19 experiments, in Rio Verde (GO), under the condition of high incidence of *Cercospora zeae-maydis*. The families were evaluated using a randomized complete block design with three replications. The following traits were analyzed: PE - ear yield, AP - plant height, AE - ear height, NEP - number of ears/plant and PRE - ear placement. For PE, AP and AE estimates were obtained for genetic variance among progenies, additive genetic variance, phenotypic variance at family mean level, coefficient of heritability based on family means, coefficient of variation, index of variation and expected selection progress with half-sib family selection. Populations means for ear yield (t/ha) were: GO-D = 9.57, GO-F = 9.78, GN-03 = 9.46, GN-04 = 10.02, GO-G = 9.0, GO-L = 8.99, GO-S = 10.13. The additive genetic variances were considered very high for all traits and populations in the range of

487.24 (GO-G) to 1296.46 (g/plant)² (GN-04) for ear yield, 577.66 (GO-S) to 1390.59 (cm²) (GN-03) for plant height and 430.51 (GO-L) a 1083.78 (cm²) (GN-03) for ear height. Estimates of the coefficient of heritability on progeny mean basis were in the range of 0.52 (GO-G) to 0.79 (GN-04 e GO-S) for ear yield, 0.73 (GO-G) to 0.89 (GN-03) for plant height and 0.71 (GO-L) to 0.89 (GN-03) for ear height. The magnitude of genetic parameters, high heritability coefficients estimatives and coefficients of genetic variation associated to high averages of ear yield corroborate the high genetic potential of these populations to be used as base populations in recurrent selection programs, with special consideration to GN-04.

3.1 Introdução

No Brasil, o desequilíbrio entre a oferta e a demanda, com conseqüências sociais, e a elevação do nível tecnológico na cadeia produtiva do milho tem estimulado esforços de melhoramento deste cereal que envolve programas governamentais, instituições de pesquisa nacionais e internacionais e companhias privadas. Um dos fatores que mais tem influenciado o sucesso dos programas de melhoramento de milho no país é a disponibilidade de germoplasma capaz de sustentar o desenvolvimento de híbridos tropicais de alta performance, sendo este suficiente para oferecer aos programas públicos e privados a variabilidade necessária para os processos de seleção.

Estratégias baseadas no aumento da produtividade e incorporação de novas áreas ao processo produtivo, dependem, dentre outros fatores, do desenvolvimento contínuo de germoplasma melhorado, utilizado na produção de variedades e híbridos de alta produtividade, elevado padrão de resistência a doenças e adaptados a diferentes sistemas de cultivo e regiões ecológicas.

Com o aumento da área destinada ao que se conhece hoje como milho de segunda época ou “milho safrinha”, usualmente plantado nos meses de fevereiro a março, após a colheita da safra de verão, aliado ao uso contínuo do solo, seja em cultivo convencional ou em plantio direto, possibilitou o aumento da incidência de doenças foliares no milho em áreas de monocultura e, conseqüentemente, o aparecimento de surtos epidêmicos com conseqüências drásticas na produção.

Uma destas doenças que nestes três últimos anos tem merecido especial atenção é a cercosporiose, também denominada mancha cinzenta da folha causada pelo fungo *Cercospora zeae-maydis* (Tehon & Daniels, 1925). Esta doença que era considerada de importância secundária tem se destacado entre as principais na cultura do milho, devido ao aumento significativo em sua incidência e severidade. Tem sido observada inicialmente no Sudoeste de Goiás (Montividiu, Rio Verde, Mineiros, Jataí) e na região da Alta Mogiana, em São Paulo (Fernandes & Oliveira, 2000). Atualmente, a cercosporiose é reconhecida como uma das principais doenças que limitam a produtividade do milho no mundo (Ward & Nowell, 1998; Ward et al., 1999; Carson et al., 2002).

Assim, a busca e exploração de materiais adaptados, propõe desafios constantes na seleção e síntese de novas populações com boa performance agronômica adaptadas a ambientes específicos e com resistência e/ou tolerância a fatores bióticos e abióticos.

Diversos estudos têm mostrado o potencial de populações (Paterniani, 1967, Ramalho, 1977, Santos & Naspolini Filho, 1986, Santos & Miranda filho, 1992, Carvalho et al., 1994, Ferrão et al. 1995a, Pacheco et al., 1998, Gama et al., 1999, Nass & Miranda Filho, 1999, Carvalho et al., 2000a, Miranda Filho & Nass, 2001, Carvalho et al., 2002, Carvalho et al., 2003) e sua possível utilização na síntese de compostos com boa performance agronômica (Hallauer & Miranda Filho, 1995). Nass & Miranda Filho (1999) identificaram 4 compostos de tamanho 5 ($k = 5$) com produções (t/ha) de 9,43, 8,78, 8,29 e

7,98, respectivamente. Estimativas do coeficiente de herdabilidade com base em média de progênie variaram de 0,51 a 0,643 para produção, 0,749 a 0,806 para altura de planta e 0,691 a 0,786 para altura de espiga. Estimativas da variância aditiva variaram de 502 a 762 (g/pl)² para produção, 340 a 445 (cm²) para altura de planta e 218 a 275 (cm²) para altura de espiga. Segundo estes autores, estes resultados evidenciaram boa performance agrônômica dos compostos e alta variabilidade genética, ambas características desejadas, indicando que estes compostos podem ser usados como populações base em programas de seleção recorrente.

Assim, o sucesso em um programa de melhoramento depende fundamentalmente da variabilidade genética e da capacidade de exploração desta variabilidade nas populações escolhidas (Goodman, 1965). Estudos de estimação de parâmetros genéticos constituem-se em indicadores da magnitude dessa variabilidade. Estas estimativas dos componentes da variância genética são obtidas através de delineamentos genéticos apropriados, que permitem estudar a variância genética em seus componentes, aditivo, dominante e epistático. Esta quantidade da variância genética explorada depende do tipo de progênie utilizada, constituindo-se em informações importantes para os programas de melhoramento (Bernardo, 2002).

Neste sentido, o Programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo, vem selecionando e sintetizando populações adaptadas para a região Sudoeste de Goiás, através da exploração da variabilidade do germoplasma existente no Brasil, aliado a métodos de seleção recorrente, visando aumentar a frequência de alelos favoráveis, mantendo a máxima variação genética e elevando a performance média, resultando em populações que poderão se constituir em fonte potencial de linhagens superiores úteis para o desenvolvimento de híbridos ou para uso *per se*.

Assim, o presente estudo visa caracterizar, através de estimativas de parâmetros genéticos, sete populações de milho submetidas a ciclos de seleção recorrente que foram sintetizadas para o cultivo na região Sudoeste de Goiás, em condições de alta incidência de *Cercospora zeae-maydis*, visando conhecer o potencial genético destas populações para seu futuro uso em programas de melhoramento local.

3.2 Material e Métodos

3.2.1 Material

No presente estudo foram usadas sete populações de ampla base genética, desenvolvidas para as condições de cultivo da região Sudoeste de Goiás (GO), denominadas: Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S).

As populações GO-D, GO-F, GO-G e GO-L foram desenvolvidas através de seleção fenotípica de 52 espigas de polinização aberta provenientes de campos experimentais instalados em Rio Verde (GO). De cada uma das 52 espigas, uma amostra de 10 sementes foi tomada, misturando-as de acordo com o tipo de endosperma: dentado (D) e flint (F), representada por 27 e 25 espigas, respectivamente. Uma segunda amostragem foi feita de acordo com o comprimento e diâmetro da espiga: espiga longa (L) e espiga grossa (G), representada por 20 e 17 espigas, respectivamente. Estas 4 amostras foram recombinadas individualmente através da coleta de pólen e polinização manual, obtendo-se entre 100 e 200 espigas em cada lote (Silva, 2001; Silva & Miranda Filho, 2003).

Os compostos GN-03 (CMS 14C, CMS 28, CMS 39, BR 105, Nitrodent) e GN-04 (CMS 50, BR 106, Cunha, Sintético elite, Saracura) de tamanho $k=5$ foram sintetizados em 1993/94, através da semeadura de

amostras de aproximadamente 1000 sementes de cada população parental em lotes isolados individualmente para cada composto e submetidas a dois ciclos de recombinação (Nass & Miranda Filho, 1999).

A população GO-S, é proveniente do Caribe, submetida a processos de melhoramento e adaptação na Tailândia e no México pelo Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, introduzida no Brasil pela Embrapa em 1976 e submetida a ciclos de seleção e adaptação às condições do Sudoeste de Goiás.

3.2.2 Obtenção das progênes de meios irmãos

Em janeiro de 2002 foram conduzidos 7 lotes isolados das populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, em Rio Verde (GO) visando a obtenção de progênes de meios irmãos. Em agosto do mesmo ano, as progênes foram colhidas e no laboratório procedeu-se à seleção das melhores espigas, que produziram quantidade suficiente de semente para formação dos ensaios em Rio Verde (GO). Assim, foram selecionadas 110, 100, 160, 100, 130, 150 e 200 famílias de meios-irmãos, respectivamente de cada população para sua avaliação, totalizando 950 famílias de meios-irmãos que se constituíram no material experimental deste trabalho.

3.2.3 Execução experimental

Os experimentos foram instalados em outubro de 2002 na Fazenda Rio Doce em Rio Verde (GO) (latitude: 17°47'53" S, longitude: 50°55'41" O), com altitude estimada acima de 1000 metros em relação ao nível do mar, região considerada chapada de altitude.

Para avaliação das progênes, foram constituídos experimentos com aproximadamente 50 progênes para cada população (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação dos 19 experimentos conduzidos e de seus respectivos números de progênes avaliadas por experimento das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Longa (GO-L), Grossa (GO-G) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Populações	Identificação dos experimentos	Número de. progênes por experimento
GO-D	1	50
GO-D	2	60
Total	2	110
GO-F	3	50
GO-F	4	50
Total	2	100
GN-03	5	50
GN-03	6	50
GN-03	7	60
Total	3	160
GN-04	8	50
GN-04	9	50
Total	2	100
GO-G	10	50
GO-G	11	50
GO-G	12	30
Total	3	130
GO-L	13	50
GO-L	14	50
GO-L	15	50
Total	3	150
GO-S	16	50
GO-S	17	50
GO-S	18	50
GO-S	19	50
Total	4	200

O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. As parcelas foram constituídas por linhas de 4,0 m de comprimento, no espaçamento de 0,9 m entre linhas e 0,2 m entre plantas, conforme recomendado por Chaves & Miranda Filho (1992). Na semeadura das parcelas foram utilizadas 30 sementes por parcela, com duas e uma semente por cova, de forma alternada. Após, aproximadamente, 30 dias da germinação, foi realizado um desbaste nas parcelas para um estande ideal de 20 plantas por fileira. Foi utilizada como testemunha o híbrido simples comercial AGN3050 (Agromen) intercalado a cada 10 fileiras.

A adubação e os tratos culturais foram realizados de acordo com recomendações específicas para o cultivo na região de Rio Verde (GO).

3.2.4 Caracteres avaliados

Os caracteres avaliados encontram-se descritos a seguir:

- Número de espigas por parcela (NE): número total de espigas por parcela;
- Estande observado de plantas (ST): avaliado uma semana antes da colheita através da contagem de número de plantas por parcela;
- Número de espigas por planta (NE/P): razão NE/ST;
- Peso de espigas despalhadas por parcela (PE): foram tomados os pesos de espigas despalhadas para cada parcela em g/parcela;
- Altura de plantas (AP) e de espigas (AE): foram medidas em amostras de 5 plantas competitivas da parcela, escolhidas ao acaso, onde a AP foi medida em centímetros da superfície do solo até a inserção da última folha (folha bandeira) e a AE à distância do solo até a inserção da espiga mais alta em relação à superfície.
- Posição relativa da espiga na planta (PRE): razão AE/AP.

Foram realizadas correções para o carácter PE para o estande ideal de 20 plantas para todos os ensaios realizados através da metodologia de correção por covariância modificada por Miranda Filho, J.B. (Vencovsky & Barriga, 1992). Esta correção foi realizada devido a variações no estande, sendo estas variações tidas como aleatórias e principalmente causadas por fatores ambientais.

As correções foram efetuadas ao nível de total de parcelas, pela seguinte expressão:

$$PEC = PE - b.(ST - ST_i)$$

onde:

PEC = peso de espigas corrigido;

PE = peso de espigas;

b = coeficiente de regressão linear do peso de espigas, em relação às variações de estande;

ST = estande observado;

ST_i = estande ideal.

O coeficiente de regressão linear foi obtido através das análises de variância e covariância para o estande observado (ST) e o peso de espigas (PE), respeitando-se a estrutura do delineamento em blocos casualizados, seguindo a relação $b = SP_{xy}/SQ_x$, onde SP_{xy} corresponde à soma de produtos residual da análise de covariância: estande observado x produção de espigas e SQ_x , à soma de quadrados residual da análise de variância do estande.

Para simplificar a nomenclatura do carácter peso de espiga corrigido (PEC), será usada apenas, daqui em diante, a denominação peso de espigas (PE), entendendo-se que este carácter já foi previamente corrigido.

A partir do PE foi estimada a produtividade em toneladas por hectare, obtendo-se PE (t/ha) para um estande efetivo de 55.555 plantas/ha.

É conveniente mencionar que durante a obtenção e avaliação das progênies foi constatada a incidência da mancha foliar de cercospora nas áreas onde o experimento foi instalado, portanto é de se esperar que populações com maior frequência de alelos de resistência a esta doença conservem sua performance agrônômica mesmo em condições de incidência deste patógeno, sendo portanto praticada uma seleção indireta para resistência a esta doença e adequada à seleção das melhores progênies de cada população.

3.2.5 Análises de variância e estimativas de parâmetros genéticos

Com base nas avaliações realizadas em Rio Verde (GO), foram realizadas análises dos experimentos em blocos casualizados individual e em seguida a análise agrupada para os caracteres peso de espigas (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE) e número de espigas por planta (NE/P).

O modelo estatístico empregado foi:

$Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + e_{ij}$, onde:

Y_{ij} = observação relativa à progênie i no bloco j ;

μ = média geral das progênies no experimento;

p_i = efeito da progênie i ($i = 1, 2, \dots, I$), aleatório; $E(p_i) = 0$; $E(p_i^2) = \sigma_p^2$;

b_j = efeito de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), aleatório; $E(b_j) = 0$; $E(b_j^2) = \sigma_b^2$;

e_{ij} = erro experimental associado à progênie i no bloco j , sendo $e_{ij} \cap N(0, \sigma_e^2)$.

As Tabelas 2 e 3, a seguir, apresentam o esquema da análise de variância individual e agrupada, respectivamente para os caracteres avaliados.

O caráter peso de espigas foi analisado ao nível de totais de parcela enquanto que os caracteres, AP, AE, PRE e NEP foram analisados ao nível de médias de parcelas.

Tabela 2. Esquema de análise de variância individual para avaliação de progênies em blocos casualizados

Fontes de variação	G.L.	Q.M.	F	E(QM)
Blocos	J-1	Q_1	Q_1/Q_3	
Progênies	I-1	Q_2	Q_2/Q_3	$\sigma_e^2 + J\sigma_p^2$
Erro	$(J-1)(I-1)$	Q_3	-	σ_e^2

Tabela 3. Esquema de análise de variância agrupada dos experimentos

Fontes de variação	G.L.	Q.M.	F
Experimentos	K-1	Q_3	Q_3+Q_4/Q_1+Q_2
Blocos/Experimentos	J-1	Q_1	-
Progênies/Experimentos	I-1	Q_2	Q_2/Q_4
Erro	$(J-1)(I-1)$	Q_4	-

A partir das análises de variância foram obtidas as estimativas dos seguintes parâmetros:

$\hat{\sigma}_p^2 = (Q_2 - Q_4)/J$: estimativa da variância genética entre progênies ao nível de total de parcelas;

$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$: estimativa da variância genética aditiva ao nível de totais de parcela;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J}$: estimativa da variância fenotípica entre médias de progênie;

$\hat{h}_m^2 = (Q_2 - Q_4) / Q_2$: estimativa da herdabilidade ao nível de médias de famílias;

$CVe (\%) = \left(\frac{\sqrt{Q_4}}{m_o} \right) \cdot 100$: coeficiente de variação experimental;

$CVg (\%) = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{m_o} \right) \cdot 100$: coeficiente de variação genético;

$\hat{b} = CVg / CVe$: índice de variação genética;

onde:

m_o = média da população original;

J = número de repetições.

Os mesmos parâmetros também foram estimados para os caracteres altura de planta, altura de espiga, posição relativa da espiga e número de espigas por planta, levando em consideração que os parâmetros agora se encontram ao nível de médias de parcelas.

Os erros associados às estimativas dos parâmetros foram calculados somente para $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{\sigma}_A^2$, conforme sugerido por Vencovsky & Barriga (1992):

$s(\hat{\sigma}_p^2) = \sqrt{VAR(\hat{\sigma}_p^2)}$: erro associado à estimativa da variância genética entre progênie;

onde:

$$VAR(\hat{\sigma}_p^2) \cong \frac{2}{J^2} \left(\frac{Q_2^2}{gl_1 + 2} + \frac{Q_4^2}{gl_2 + 2} \right)$$

Q_2 e Q_4 : quadrados médios entre progênies e do erro, respectivamente;

gl_1 e gl_2 : graus de liberdade de progênies e do erro, respectivamente;

$s(\hat{\sigma}_A^2) = 4 \cdot s(\hat{\sigma}_p^2)$: erro associado à estimativa da $\hat{\sigma}_A^2$.

As estimativas dos ganhos genéticos com a seleção de progênies superiores dentro de cada população foram obtidos para os caracteres peso de espigas (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE) e número de espigas por planta (NE/P) e expresso em porcentagem da média da população, conforme Vencovsky & Barriga (1992), descrita a seguir:

$$G_s = \frac{i(1/4)\hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J}}}$$

onde:

G_s = estimativa do ganho genético com a seleção entre progênies de meios irmãos, em ambos os sexos;

i = diferencial de seleção padronizado para uma seleção de 10% de progênies de meios irmãos ($i = 1,76$).

3.3 Resultados e Discussão

3.3.1 Análises de variância

A Tabela 4 apresenta o resumo das análises de variância (individual e agrupada), contendo os quadrados médios de progênies, erro e coeficiente de

Tabela 4. Resumo das análises de variância, contendo os quadrados médios de progênes, erro e coeficiente de variação experimental para as variáveis peso de espigas (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de espigas por planta (NEP) e posição relativa da espiga (PRE) das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Pop.	Exp.	PE (g/planta)			AP (cm)			AE (cm)			NEP			PRE		
		Prog.	Erro	CV%	Prog.	Erro	CV%	Prog.	Erro	CV%	Prog.	Erro	CV%	Prog.	Erro	CV%
GO-D	1	1105,2	604,8	14,5	285,7	102,8	4,1	405,0	63,1	5,4	6,1 ^{ns}	4,0	19,9	0,6	0,2	6,9
	2	1438,6	364,2	10,9	1251,5	99,5	4,3	590,1	102,5	7,1	6,3	3,0	16,3	0,5	0,1	4,9
GO-F	Agru.	1287,3	473,4	12,6	813,3	100,9	4,2	506,2	84,6	6,4	6,2	3,0	18,0	0,6	0,1	5,9
	3	807,6	258,6	9,3	1065,6	142,1	4,8	715,1	87,3	6,4	2,6 ^{ns}	2,0	13,5	0,4	0,1	4,7
GN-03	4	519,4	138,8	6,6	1303,3	145,7	4,9	1021,8	109,5	7,3	1,0 ^{ns}	1,0	8,2	0,4	0,1	4,5
	Agru.	663,5	198,7	8,0	1184,4	143,9	4,9	868,4	98,4	6,8	1,8 ^{ns}	1,0	11,2	0,4	0,1	4,6
GN-04	5	793,9	388,8	11,5	1226,4	108,2	4,4	904,0	95,7	7,3	1,3 ^{ns}	1,0	10,9	0,3	0,1	5,9
	6	751,8	263,8	9,5	1273,7	110,9	4,4	928,6	101,4	7,3	1,4	1,0	9,1	0,3	0,1	5,7
GO-G	7	972,4	253,6	9,4	1053,1	172,1	5,7	911,7	107,1	7,9	1,3 ^{ns}	2,0	15,2	0,4	0,1	5,6
	Agru.	847,9	299,0	10,2	1176,0	133,1	4,9	914,6	101,7	7,5	1,3 ^{ns}	2,0	12,3	0,3	0,1	5,7
GO-L	8	1312,7	297,3	9,5	1028,6	188,9	5,7	672,4	158,6	9,2	1,8	1,0	8,5	0,4	0,2	7,0
	9	1122,5	193,2	7,8	797,6	158,4	5,3	636,9	127,3	7,9	1,7 ^{ns}	2,0	11,8	0,3	0,1	6,1
GO-S	Agru.	1217,6	245,3	8,7	913,1	173,7	5,5	654,6	142,9	8,5	1,8	1,0	10,3	0,4	0,1	6,6
	10	686,1	341,9	12,3	1053,5	153,3	5,4	1022,9	145,5	9,3	0,9 ^{ns}	1,0	11,2	0,5	0,1	6,4
GO-L	11	776,4	292,7	9,7	786,7	237,1	6,6	887,8	169,3	9,8	2,7	1,0	10,8	0,6	0,1	6,4
	12	601,7 ^{ns}	400,3	12,7	641,5	337,3	7,5	777,7	193,4	9,7	1,6 ^{ns}	1,0	10,5	0,4	0,2	8,0
GO-S	Agru.	701,7	336,2	11,3	856,5	227,6	6,5	914,8	165,6	9,6	1,8 ^{ns}	1,0	10,9	0,5	0,2	6,8
	13	855,1	287,0	10,9	902,8	223,6	6,2	453,7	123,2	7,8	1,6 ^{ns}	2,0	12,6	0,3	0,1	6,6
GO-S	14	624,8	226,3	9,1	531,2	163,7	5,1	406,7	145,1	8,1	1,5	1,0	9,7	0,2	0,1	6,4
	15	712,8	164,8	7,8	639,0	161,3	5,2	501,2	124,7	7,8	1,6 ^{ns}	1,0	11,2	0,2 ^{ns}	0,2	7,0
GO-S	Agru.	730,9	226,1	9,3	691,0	182,8	5,5	453,9	130,9	7,9	1,6 ^{ns}	1,0	11,2	0,2	0,2	6,7
	16	730,9	226,1	9,3	691,0	182,8	5,5	453,9	130,9	7,9	1,6 ^{ns}	1,0	11,2	0,2	0,2	6,7

Tabela 4. Resumo das análises de variância, contendo os quadrados médios de progênies, erro e coeficiente de variação experimental para as variáveis peso de espigas (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de espigas por planta (NEP) e posição relativa da espiga (PRE) das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Pop.	Exp.	PE (g/planta)			AP (cm)			AE (cm)			NEP			PRE		
		Prog.	Erro	CV%	Prog.	Erro	CV%	Prog.	Erro	CV%	Prog.*	Erro*	CV%	Prog.*	Erro*	CV%
GO-S	16	896,5 ^{**}	111,0	5,8	652,5 ^{**}	127,8	5,2	414,4 ^{**}	92,5	7,6	1,3	1,0	8,9	0,3	0,2	6,9
	17	663,2 ^{**}	203,7	7,5	862,5 ^{**}	177,3	5,9	582,7 ^{**}	152,8	9,1	1,5 ^{ns}	1,0	11,43	0,3 ^{**}	0,2	6,5
	18	1010,9 ^{**}	228,2	8,4	296,8 ^{**}	112,6	4,7	434,7 ^{**}	118,1	8,1	1,2 ^{ns}	1,0	12,03	0,4 ^{**}	0,1	6,4
	19	1001,1 ^{**}	191,8	7,9	410,6 ^{**}	71,7	3,9	361,6 ^{**}	48,4	5,4	1,5 ^{ns}	1,0	11,88	0,2 ^{**}	0,1	4,7
Agru.		892,9 ^{**}	183,7	7,4	555,6 ^{**}	122,4	5,0	448,4 ^{**}	102,9	7,7	1,4 ^{ns}	1,0	11,10	0,3 ^{**}	0,1	6,2

^{**} p < 0,01; ^{ns} não significativo. Pop. = Populações; Exp. = Experimentos; Prog. = Progênies; Agru. = Análise agrupada; * = quadrados médios multiplicados por 10²

variação experimental (CV%) para as variáveis peso de espigas (PE, em g/planta), altura de planta (AP, em cm.), altura de espiga (AE, em cm.), número de espigas por planta (NEP) e posição relativa da espiga (PRE) das populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, avaliadas no plantio de verão 2003/2004 em Rio Verde, GO.

Para o caráter peso de espigas (PE), observou-se que houve diferenças significativas entre progênies, pelo teste F a 1% de probabilidade ($P<0,01$), em todos os experimentos conduzidos, exceto no experimento 12, onde não foram detectadas diferenças significativas entre as progênies avaliadas. As análises agrupadas, realizadas em cada população, mostraram diferenças significativas ($P<0,01$) em todas as populações avaliadas, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre as famílias. O coeficiente de variação experimental (CV%) para PE (g/planta) nas análises agrupadas variou de 7,43% a 12,62%, indicando boa precisão experimental.

Para as características altura de planta (AP) e altura da espiga (AE), diferenças altamente significativas ($P<0,01$) foram detectadas nas análises individuais e agrupada nas diversas populações avaliadas. O coeficiente de variação (CV%) obtido nas análises agrupadas variou de 4,17% a 6,47% para AP e de 6,39% a 9,61% para AE.

Para a característica número de espigas por planta (NEP), apenas os experimentos 2, 8 e 11 mostraram diferenças significativas pelo teste F ao nível de 1% de probabilidade ($P<0,01$), enquanto que os experimentos 6, 14 e 16 apenas foram significativos a 5% de probabilidade ($P<0,05$). Não foram detectadas diferenças significativas nos demais experimentos e nas análises agrupadas das progênies pertencentes às populações GO-F, GN-03, GO-G, GO-L e GO-S. O coeficiente de variação (CV%) obtido nas análises agrupadas para NEP variou de 10,25% a 18,01%.

Por sua vez, todos os experimentos mostraram diferenças altamente significativas para a característica posição relativa da espiga (PRE) exceto no

experimento 15, onde não foram detectadas diferenças significativas entre as 50 progênies avaliadas da população GO-L. O coeficiente de variação (CV%) obtido nas análises agrupadas para PRE variou de 4,58% a 6,81%.

Estes resultados indicam que significativas diferenças genéticas ocorreram entre progênies em todas as populações estudadas. Os coeficientes de variação obtidos nos diversos experimentos para cada característica indicam uma boa precisão experimental na avaliação das progênies nos diversos experimentos conduzidos, assim como fornecem robustez às diversas estimativas daí inferidas. Os coeficientes de variação (CV%) foram apropriados para todas as características avaliadas e inferiores aos relatados por Santos & Miranda Filho (1992) e Miranda Filho & Nass (2001) para peso de espigas, que obtiveram CV% variando de 11,5 a 16,4% e de 15,5 a 21,2%, respectivamente. A magnitude dos coeficientes de variação para AP e AE foram semelhantes aos obtidos por Miranda Filho & Nass (2001). Esta precisão alcançada nos ensaios de avaliação é desejável, pois facilita a seleção e, conseqüentemente, maiores serão os progressos obtidos com a seleção.

3.3.2 Análise dos valores médios das populações em estudo

Na Tabela 5 estão apresentadas as médias observadas das progênies de meios irmãos (m_o) e do híbrido usado como testemunha (m_t), assim como a média observada expressa em porcentagem com relação à média do híbrido usado como testemunha ($m_o\%$) dos 19 experimentos conduzidos e das análises agrupadas realizadas em cada população estudada.

As médias para peso de espigas (PE, em g/planta) foram de 172,4, 176,2, 170,3, 180,3, 162,0, 161,9 e 183,0 para as populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, respectivamente (equivalente a 9,57, 9,78, 9,46, 10,02, 9,00, 8,99 e 10,13 t/ha, respectivamente). As populações GO-

D, GO-F, GN-03, GN-04 e GO-L mostraram excelente potencial produtivo, sendo superiores à média da testemunha (103,0%, 108,6%, 110,1%, 111,8%, 105,1%, respectivamente). As populações, GO-G e GO-S mostraram um desempenho ligeiramente inferior quando comparado ao da testemunha 95,5% e 95,8%, respectivamente (Tabela 5).

A população GO-S foi a que apresentou a maior média para PE (182,5 g/planta). Contudo, foi uma das duas populações que obteve desempenho ligeiramente inferior em relação à testemunha (95,8%). Por sua vez, a população GN-04 apresentou valores elevados para PE (180,3 g/planta) apresentando um excelente desempenho em relação à testemunha (111,8%) (Tabela 5).

As médias para altura de plantas (AP) para as populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S foram de 240,8, 246,8, 236,0, 240,0, 233,3, 245,0 e 222,8 cm, respectivamente. Estas médias sempre foram maiores que a média apresentada pelo híbrido comercial usado como testemunha nos ensaios (Tabela 5).

Situação semelhante foi observada para altura de espiga (AE). As médias das populações, GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S (144,0 cm, 144,9 cm, 134,4 cm, 140,2 cm, 134,0 cm, 144,4 cm e 131,4 cm, respectivamente) foram superiores à média do híbrido usado como testemunha (23,4%, 30,6%, 17,7%, 26,0%, 18,0%, 27,8% e 12,6%, respectivamente) (Tabela 5).

Quanto ao número de espigas por planta (NEP), esta característica permaneceu praticamente constante nos experimentos conduzidos. Em todas as populações este número ficou em torno de uma espiga por planta, não diferindo significativamente do híbrido usado como testemunha. Tendência semelhante foi observada para a característica posição relativa da espiga (PRE); ambos, progênies avaliadas em cada população e o híbrido usado como

Tabela 5. Médias observadas das progênes de meios irmãos (m_o), e do híbrido usado como testemunha (m_t) para as variáveis peso de espigas (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de espigas por planta (NEP) e posição relativa da espiga (PRE) das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Pop.	Exp.	PE (g/planta)			AP (cm)			AE (cm)			NEP			PRE		
		m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$
GO-D	1	169,8	181,3	93,7	248,3	201,4	123,3	146,2	115,4	126,8	1,02	1,11	91,9	0,59	0,57	103,51
	2	174,5	153,4	113,7	234,6	191,7	122,4	142,2	118,1	120,4	1,04	0,93	111,8	0,61	0,62	98,39
GO-F	Agru.	172,4	167,3	102,9	240,8	196,5	122,5	144,0	116,7	123,4	1,03	1,02	100,9	0,60	0,60	100,00
	3	172,9	168,4	102,7	246,5	200,3	123,1	146,8	117,7	124,7	1,07	0,98	109,2	0,60	0,59	101,69
GN-03	4	179,5	156,0	115,0	246,9	187,3	131,8	143,1	104,3	137,2	1,04	1,08	96,3	0,58	0,56	103,57
	Agru.	176,2	162,2	108,6	246,8	193,8	127,3	144,9	111,0	130,6	1,06	1,03	102,9	0,59	0,58	101,72
GN-04	5	171,7	163,3	105,1	237,9	202,7	117,4	134,4	113,0	118,9	1,03	1,05	98,1	0,56	0,56	100,00
	6	170,9	147,6	115,8	238,9	204,0	117,1	137,6	114,7	120,0	1,01	0,97	104,1	0,57	0,56	101,79
GO-G	7	168,7	153,4	109,9	231,9	202,2	114,7	131,8	115,0	114,6	1,04	1,06	98,1	0,57	0,57	100,00
	Agru.	170,3	154,7	110,1	235,9	202,9	116,3	134,4	114,2	117,7	1,03	1,03	100,0	0,57	0,56	101,79
GO-L	8	182,1	162,4	112,2	240,7	197,3	121,9	137,1	110,7	123,9	1,07	1,05	101,9	0,57	0,56	101,79
	9	178,6	160,4	111,3	238,4	197,3	120,8	143,3	112,0	127,9	1,09	1,00	109,0	0,60	0,57	105,26
GO-S	Agru.	180,3	161,4	111,8	239,5	197,3	121,4	140,2	111,3	125,9	1,08	1,03	104,9	0,58	0,57	101,75
	10	150,9	169,4	89,1	228,5	197,8	115,5	129,1	110,0	117,4	1,01	1,02	99,0	0,56	0,56	100,00
GO-T	11	175,8	173,3	101,4	231,8	195,3	118,7	132,8	113,3	117,2	1,02	1,02	100,0	0,57	0,58	98,28
	12	157,2	165,9	94,7	243,8	198,7	122,7	143,8	117,3	122,6	1,00	1,04	96,2	0,59	0,59	100,00
GO-U	Agru.	161,9	169,5	95,5	233,3	197,3	118,3	133,9	113,6	117,9	1,01	1,03	98,1	0,57	0,58	98,28
	13	156,0	146,7	106,4	241,3	196,3	122,9	141,7	113,3	125,1	1,03	1,09	94,5	0,59	0,58	101,72
GO-V	14	165,4	158,7	104,2	249,9	203,3	122,9	148,1	111,3	133,1	1,02	1,00	102,0	0,59	0,55	107,27
	15	164,3	156,6	104,9	243,9	202,0	120,8	143,4	114,4	125,3	1,03	1,02	100,9	0,59	0,57	103,51
GO-W	Agru.	161,9	153,9	105,1	245,0	200,6	122,2	144,4	113,0	127,8	1,03	1,04	99,0	0,59	0,57	103,51

Tabela 5. Médias observadas das progênes de meios irmãos (m_o), e do híbrido usado como testemunha (m_t) para as variáveis peso de espigas (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de espigas por planta (NEP) e posição relativa da espiga (PRE) das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Pop.	Exp.	PE (g/planta)			AP (cm)			AE (cm)			NEP			PRE		
		m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$	m_o	m_t	$m_o\%$
GO-S	16	183,0	187,9	97,4	217,9	193,3	112,8	126,5	112,7	112,3	1,06	1,03	102,9	0,58	0,58	100,00
	17	190,8	206,8	92,3	226,1	198,0	114,2	135,9	113,3	119,9	1,05	1,10	95,5	0,60	0,57	105,26
	18	180,8	183,1	98,8	227,9	197,3	115,5	134,0	114,7	116,9	1,01	1,07	94,4	0,59	0,58	101,72
	19	175,3	184,2	95,2	219,1	199,3	109,9	129,0	114,6	112,6	1,01	1,07	94,4	0,59	0,58	101,72
	Agru.	182,5	190,5	95,8	222,8	197,0	113,1	131,4	113,8	112,6	1,03	1,07	96,3	0,59	0,58	101,72

[§] média observada (m_o) expressa em porcentagem com relação à média do híbrido (Ag) usado como testemunha. Pop. = Populações; Exp. = Experimentos; Agru. = Análise agrupada

testemunha, não diferem extremamente na relação entre a altura da espiga e a altura da planta, verificando assim valores de PRE muito próximos (Tabela 5).

Assim, pode-se constatar resultados promissores com relação às médias das características analisadas nas sete populações, refletindo o potencial genético de cada uma delas. No caso específico das populações GN-03 e GN-04, estes resultados concordam com estudos anteriores realizados por Nass & Miranda Filho (1999), que mostraram o potencial produtivo destas duas populações, com médias para peso de espiga variando de 154,6 a 165,4 (g/planta) e de 163,1 a 175,0 (g/planta), respectivamente.

O potencial genético destas populações torna-se ainda mais evidente e promissor quando comparamos valores médios para PE obtidos no presente estudo com valores médios de outras populações. Vencovsky et al. (1988) avaliando 58 progênies de meios irmãos reportaram uma média de 120 g/planta para PE. Por sua vez, Santos & Miranda Filho (1992) relataram valores de 123,5, 116,8 e 103,9 g/planta para as populações ESALQ-PB1, (Cravo x ESALQ-PB1) e (Entrelaçado x ESALQ-PB1).

Valores médios crescentes no decorrer dos ciclos de seleção para peso de espigas têm sido reportados. Ensaio conduzidos por Ferrão et al. (1995b) apresentaram resultados da avaliação de progênies com bom desempenho, com produções de 91,0, 129,3 e 153,5 (g/planta) do primeiro ao terceiro ciclo de seleção, respectivamente. Por sua vez, Carvalho et al. (2000a) reportaram excelentes valores médios variando de 118 (ciclo X) a 171,9 g/planta (ciclo VII) para a produtividade de espigas na população BR5011 - Sertanejo em cinco ciclos de seleção realizados nesta população.

Quanto à altura de planta (AP), os valores médios apresentados no presente estudo envolvendo as populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-L, GO-G e GO-S foram superiores às reportadas para algumas populações brasileiras. Pacheco et al. (1998) em estudos conduzidos nas populações CMS 42 e CMS 43, obtiveram médias para AP de 219,3 e 236,1 cm.,

respectivamente. Estas médias também foram superiores às obtidas por Nass & Miranda Filho (1999) e de magnitude semelhante aos valores médios obtidos por Miranda Filho & Nass (2001).

Quanto à altura de espiga, os valores médios encontrados no presente estudo foram próximos aos registrados por Pacheco et al. (1998) nas populações CMS42 e CMS43 (133,39 e 142,26 cm., respectivamente) e inferiores aos encontrados por Miranda Filho & Nass (2001) no primeiro ciclo de seleção das populações EC-01, EC-02, EC-03, EE-01 e EE-02.

Foi constatada boa consistência na média de experimentos representando a mesma população para todas as características avaliadas. Desta forma, torna-se evidente o potencial genético das populações avaliadas, podendo ainda obter-se ganhos expressivos através de ciclos de seleção, que permitirão a melhoria da performance e valores médios mais expressivos. No entanto, torna-se necessária a seleção para redução da altura de plantas assim como da altura de inserção da primeira espiga, visando minimizar as perdas na produção devido ao acamamento e quebramento das plantas, principalmente em áreas com colheita mecanizada da produção.

3.3.3 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e progressos esperados com a seleção

A partir dos resultados das análises agrupadas foram realizadas estimativas de parâmetros genéticos para as variáveis peso de espiga PE (g/planta), altura de planta AP (cm) e altura de espiga AE (cm) das populações: GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, sendo os resultados apresentados nas Tabelas 6, 7 e 8.

3.3.3.1 Peso de espigas

A Tabela 6 apresenta para as sete populações em estudo, as seguintes estimativas de parâmetros para o caráter peso de espigas (PE): estimativa da variância genética entre progênies $\hat{\sigma}_p^2$, da variância genética aditiva $\hat{\sigma}_A^2$ e da variância fenotípica entre médias de progênies $\hat{\sigma}_F^2$; estimativa da herdabilidade ao nível de médias de famílias $\hat{h}_m^2$, coeficiente de variação genético ($CV_g\%$), índice de variação genética $\hat{b}$, e ganho genético esperado com a seleção entre progênies de meios irmãos expresso em porcentagem da média da população.

Observa-se que para o caráter peso de espigas (PE), a população GN-04 mostrou o maior valor para a $\hat{\sigma}_p^2$ [$324,1 \text{ (g/planta)}^2$], enquanto que o menor, foi apresentado pela população GO-G [$121,8 \text{ (g/planta)}^2$]. Conseqüentemente, as estimativas da variância genética aditiva, expressos em $(\text{g/planta})^2$ foram de 1296,5 e 487,2 para estas duas populações, respectivamente. Por sua vez, as estimativas da variância genética aditiva para as populações GO-D, GO-F, GN-03, GO-L e GO-S foram 1085,3, 619,8, 731,9, 673,1 e 945,7 $(\text{g/planta})^2$, respectivamente. Ambas estimativas, $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{\sigma}_A^2$, são variáveis aleatórias, tendo portanto um erro a elas inerente. Assim, pode-se verificar que não houve diferenças muito acentuadas nos valores dos erros destas estimativas, estando todas elas na mesma ordem de magnitude (Tabela 6).

Estas estimativas encontradas no presente estudo são superiores às encontradas por Miranda Filho & Nass (2001) que verificaram estimativas da variância genética aditiva variando de $214,3 \pm 77,8$ a $771,0 \pm 118,0 \text{ (g/planta)}^2$ no

Tabela 6. Estimativas de parâmetros genéticos para a variável peso de espigas PE (g/planta) das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Pop.	Exp.	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	$\hat{h}_m^2$	CV _g %	$\hat{b}$	G _s %
GO-D	1	166,81±78,3	667,26±313,3	368,40	0,45	7,61	0,53	9,01
	2	358,11±88,2	1432,46±352,9	479,52	0,74	10,85	0,99	16,50
GO-F	Agru.	271,32±59,8	1085,28±239,2	429,11	0,63	9,56	0,76	13,38
	3	183,02±54,7	732,08±218,7	269,21	0,67	7,83	0,84	11,36
GN-03	4	126,88±34,9	507,52±139,6	173,14	0,73	6,28	0,96	9,45
	Agru.	154,95±31,9	619,80±127,9	221,18	0,70	7,07	0,88	10,41
GN-04	5	135,04±55,5	540,15±222,1	264,64	0,51	6,77	0,59	8,51
	6	162,69±51,2	650,77±204,6	250,61	0,64	7,47	0,79	10,59
GO-G	7	239,62±59,7	958,47±238,8	324,14	0,73	9,17	0,97	13,88
	Agru.	182,97±32,7	731,88±130,7	282,62	0,64	7,94	0,78	11,25
GO-L	8	338,47±87,8	1353,89±351,1	437,57	0,77	10,10	1,07	15,64
	9	309,76±74,6	1239,04±298,6	374,16	0,82	9,86	1,27	15,78
GO-S	Agru.	324,12±57,9	1296,46±231,9	405,87	0,79	9,98	1,15	15,70
	10	114,74±48,1	458,97±192,3	228,69	0,50	7,10	0,58	8,85
GO-L	11	161,23±53,1	644,94±212,3	258,80	0,62	7,22	0,74	10,03
	12	67,14±56,5	268,57±225,9	200,58	0,33	5,21	0,41	5,30
GO-L	Agru.	121,81±30,8	487,24±123,0	233,89	0,52	6,82	0,60	8,66
	13	189,35±58,0	757,40±232,2	285,03	0,66	8,82	0,81	12,65
GO-S	14	132,83±42,6	531,33±170,4	208,27	0,63	6,97	0,77	9,80
	15	182,66±47,7	730,63±190,7	237,60	0,76	8,23	1,05	12,69
GO-S	Agru.	168,28±28,9	673,12±115,6	243,63	0,69	8,01	0,86	11,72
	16	261,84±59,4	1047,35±237,6	298,84	0,87	8,84	1,54	14,57
GO-S	17	153,17±44,8	612,70±179,3	221,08	0,69	6,49	0,87	9,50
	18	260,88±67,6	1043,51±270,3	336,95	0,77	8,93	1,07	13,83
GO-S	19	269,79±66,7	1079,14±266,8	333,70	0,80	9,37	1,19	14,83
	Agru.	236,42±30,2	945,68±120,9	297,64	0,79	8,43	1,13	13,22

Pop. = Populações; Exp. = Experimentos; Agru. = Análise agrupada

ciclo I e de $300,0 \pm 172$ a $533,8 \pm 272$ (g/planta)² para o ciclo II de seleção recorrente em cinco populações semi exóticas de milho. Magnitudes inferiores às obtidas no presente estudo também foram relatadas por Carvalho et al. (2000a), que obtiveram valores da $\hat{\sigma}_A^2$ variando de 171,1 a 865 (g/planta)² nos diferentes ciclos de seleção realizados na população BR5011. Esses valores também são maiores que os relatados por Hallauer & Miranda Filho (1995), cujo valor médio de 99 estimativas de diversos estudos realizados foi de 469,1 (g/planta)².

No entanto, valores ainda maiores dos que os obtidos no presente estudo foram obtidos por Lordelo (1982) nas populações Piranão VD-2 [1995,0 (g/planta)²] e Piranão VF-1 [1725,8 (g/planta)²]. Neste estudo, o autor trabalhou com populações do tipo braquítico e a grande expressão da variabilidade é decorrente da maior freqüência de plantas com espigas subdesenvolvidas em decorrência do efeito colateral do gene recessivo *br*₂.

Quanto às estimativas da variância fenotípica $\hat{\sigma}_F^2$, detectaram-se diferenças entre as populações estudadas. Estas estimativas variaram de 221,2 (g/planta)² na população GO-F a 429,1 (g/planta)² obtido pela população GO-D (Tabela 6).

As estimativas das herdabilidades ao nível de médias de famílias tiveram um intervalo de variação de 27%. As maiores estimativas para PE foram alcançadas pelas populações GN-04 e GO-S, ambas com um valor de 79%. A menor estimativa de $\hat{h}_m^2$ foi verificada na população GO-G (52%) (Tabela 6). Estimativas médias deste coeficiente para peso de espigas também foram obtidos por Santos & Miranda Filho (1992) e Carvalho et al (2000b). Miranda Filho & Nass (2001) obtiveram estimativas do coeficiente de herdabilidade variando de 28,2 a 56,8% para o ciclo I e de 27,6 a 46,8% para o

ciclo II de seleção entre progênies de meios irmãos estimados a partir do estudo de cinco populações semi-exóticas de milho.

Examinando o CV_g (%) observa-se uma maior variabilidade na população GN-04 (9,98%), seguida pela população GO-D (9,56%). A população GO-G apresentou o menor coeficiente de variação genético (6,82%) (Tabela 6). Estes coeficientes são superiores aos relatados por Carvalho et al. (2001) em estudos realizados na população CMS 35 que encontrou valores variando de 8,6 a 35,7% nos três ciclos de seleção realizados.

Quanto às estimativas do índice de variação $\hat{b}$, o valor obtido pelas populações GN-04 e GO-S foi maior que 1, enquanto que para as demais populações este índice ficou em torno de 0,6 (GO-G) a 0,88 (GO-F) (Tabela 6). Este índice é uma medida relativa da variabilidade genética. Quando este índice é maior que 1 indica uma situação favorável para a seleção (Vencovsky & Barriga, 1992). Vencovsky et al. (1988) relatam um valor médio sob as condições brasileiras de 0,45. Assim, verificou-se que todas as populações avaliadas apresentaram índices superiores a este valor. Portanto, estes resultados mostram o grande potencial de variabilidade genética destes materiais e suas possibilidades de exploração em programas de melhoramento.

Para a estimativa do ganho genético com a seleção entre progênies de meios irmãos, considerando uma seleção de 10% das progênies e o valor do diferencial de seleção estandarizado $k = 1,76$, verificou-se que as populações GN-04, GO-D e GO-S apresentaram os maiores progressos. Esses valores foram, respectivamente, 15,7%, 13,4% e 13,2% (Tabela 6). Essas estimativas são superiores às relatadas por Carvalho et al. (2000a) em estudos realizados para estimar o potencial genético da cultivar de milho BR 5011 - Sertanejo.

Estes progressos já eram esperados visto que elas apresentaram os maiores valores da variância aditiva. As médias das progênies selecionadas em t/ha foram 11,35 (GO-D), 11,29 (GO-F), 11,11 (GN-03), 11,78 (GN-04), 10,42 (GO-G), 10,55 (GO-L) e 11,73 (GO-S). Em valores médios absolutos, estes

resultados permitem antever a elevação da produtividade, após recombinação, em t/ha, das populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, de 9,57, 9,79, 9,46, 10,02, 9,00, 8,99 e 10,14 para 10,86, 10,81, 10,53, 11,59, 9,78, 10,05 e 11,48 (Figura 1).

Figura 1 - Médias observadas, médias das progêneses selecionadas e médias esperadas após recombinação das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S) para o caráter peso de espiga (PE, em t/ha). Rio Verde, GO, 2002/03

É conveniente ressaltar que estes resultados dizem respeito somente à seleção entre progêneses, devendo-se obter um ganho adicional ao se

proceder à seleção dentro de progênies, onde estão contidos $\frac{3}{4}$ da variância genética aditiva.

3.3.3.2 Altura de plantas

A Tabela 7 apresenta as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos das populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-L, GO-G e GO-S para o caráter altura de plantas (cm).

Observa-se que para este caráter, a população que mostrou o maior valor para a variância genética entre progênies foi a GN-03 [347,7 (cm/planta)²]. Conseqüentemente, a população GN-03 [1390,6 (cm/planta)²] obteve a maior estimativa da variância genética aditiva, enquanto que a menor estimativa para este parâmetro foi obtida pela população GO-S [577,7 (cm/planta)²] (Tabela 7). As populações GO-D, GN-04 e GO-G apresentaram estimativas praticamente da mesma magnitude. Estas estimativas são superiores às encontradas por Lemos et al. (1992), Nass & Miranda Filho (1999) e Miranda Filho & Nass (2001).

Para as estimativas da variância fenotípica entre médias de progênies, verifica-se que a população que obteve a maior estimativa foi a GO-F [394,8 (cm/planta)²], seguida da população GN-04 [392,0 (cm/planta)²] (Tabela 7).

Quanto às estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de famílias para AP, a população GN-03 apresentou a maior estimativa (89%). Em geral, todas as populações apresentaram coeficientes altos para esta característica, sendo que a menor estimativa foi obtida pela população GO-G (73%) (Tabela 7). Miranda Filho & Nass (2001) também obtiveram coeficientes altos, variando de 59,7 a 72,3% no primeiro ciclo de seleção e inferiores no segundo ciclo de seleção.

Tabela 7. Estimativas de parâmetros genéticos para a variável altura de planta AP (cm) das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Pop.	Exp.	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	$\hat{h}_m^2$	CV _g %	$\hat{b}$	G _S %
GO-D	1	60,96±19,5	243,84±77,9	95,24	0,64	3,14	0,77	4,43
	2	384,02±75,7	1536,08±302,6	417,17	0,92	8,35	1,96	14,10
GO-F	Agru.	237,45±36,7	949,79±146,8	271,11	0,88	6,40	1,53	10,54
	3	307,84±70,7	1231,36±282,6	355,20	0,87	7,12	1,47	11,66
GN-03	4	385,87±86,3	1543,50±345,2	434,43	0,89	7,95	1,62	13,19
	Agru.	346,86±56,0	1387,43±224,2	394,81	0,88	7,55	1,55	12,45
GN-04	5	372,73±81,1	1490,94±324,4	408,79	0,91	8,11	1,85	13,64
	6	387,58±84,2	1550,33±336,9	424,58	0,91	8,24	1,87	13,86
GO-G	7	293,65±63,9	1174,59±255,9	351,02	0,84	7,39	1,30	11,89
	Agru.	347,65±44,1	1390,59±176,4	392,01	0,89	7,90	1,61	13,10
GO-L	8	279,89±68,5	1119,56±273,9	342,86	0,82	6,95	1,21	11,05
	9	213,06±53,2	852,23±212,7	265,87	0,80	6,12	1,15	9,65
GO-S	Agru.	246,47±43,4	985,90±173,7	304,36	0,81	6,55	1,19	10,38
	10	300,07±69,9	1200,30±279,6	351,16	0,85	7,58	1,39	12,33
GO-L	11	183,20±53,1	732,79±212,5	262,23	0,70	5,84	0,88	8,59
	12	101,38±58,1	405,52±232,2	213,82	0,47	4,13	0,55	5,00
GO-S	Agru.	209,61±36,2	838,44±144,7	285,49	0,73	6,21	0,95	9,36
	13	226,42±60,5	905,69±242,1	300,94	0,75	6,24	1,00	9,52
GO-S	14	122,52±35,9	490,10±143,6	177,08	0,69	4,43	0,86	6,49
	15	159,26±42,9	637,05±171,4	213,01	0,75	5,17	0,99	7,87
GO-S	Agru.	169,40±27,2	677,61±108,6	230,34	0,74	5,31	0,96	8,02
	16	174,90±43,5	699,62±173,9	217,49	0,80	6,07	1,17	9,58
GO-S	17	228,39±57,5	913,58±230,2	287,50	0,79	6,69	1,13	10,49
	18	61,39±20,3	245,56±81,2	98,93	0,62	3,44	0,73	4,77
GO-S	19	112,97±27,3	451,88±109,2	136,87	0,83	4,85	1,25	7,76
	Agru.	144,42±18,8	577,66±75,4	185,20	0,78	5,39	1,09	8,38

Pop. = Populações; Exp. = Experimentos; Agru. = Análise agrupada

Observando o coeficiente de variação genético, verificou-se que as populações variaram de 5,3% a 7,9% para as populações GO-L e GN-03, respectivamente (Tabela 7).

Por sua vez, a estimativa do índice de variação genética indicou a existência de variabilidade para esta característica suficiente para obter progressos com a seleção para AP. Este índice variou de 0,95 a 1,61 nas populações GO-G e GN-03, respectivamente (Tabela 7).

A população que apresentou o maior progresso com a seleção, foi a GN-03 ($G_s\% = 13,1\%$) (Tabela 7). A superioridade desta população já era esperada, visto que ela apresenta a maior estimativa da variância genética aditiva para este caráter. Após recombinação, as médias esperadas para o caráter altura de planta (cm) são 215, 216, 205, 214, 211, 225 e 204 para as populações, GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, respectivamente (Figura 2).

3.3.3.3 Altura de espigas

Os valores das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter altura de espiga AE (cm) das populações GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-L, GO-G e GO-S estão apresentados na Tabela 8.

Observando as estimativas da variância genética entre progênies, verificamos que as maiores estimativas foram obtidas pelas populações GO-G, GO-F e GN-03 com valores de 249,7, 256,7 e 270,9 (cm/planta)², respectivamente. A menor estimativa para esta característica foi obtida pela população GO-L [107,6 (cm/planta)²] (Tabela 8).

Em consequência, os valores obtidos para as variâncias entre progênies, as populações GO-G, GO-F e GN-03 também apresentaram as maiores estimativas para as variâncias genéticas aditiva. Estas estimativas variaram de 430,5 a 1083,8 (cm/planta)² nas populações GO-L e GN-03,

respectivamente (Tabela 8). Semelhante ao já ocorrido, para o caráter altura de planta, a população GN-03 apresentou as maiores estimativas para estas duas características. Estas estimativas são superiores às encontradas por Miranda Filho & Nass (2001).

Figura 2 - Médias observadas, médias das progênes selecionadas e médias esperadas após recombinação das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S) para o caráter altura da planta (AP, em cm.). Rio Verde, GO, 2002/03

Observando as estimativas da variância fenotípica entre médias de progênes, verificou-se que as populações GO-G $[304,93 \text{ (cm/planta)}^2]$ e GN-03 $[304,86 \text{ (cm/planta)}^2]$ apresentaram maior variabilidade para este caráter. Por outro lado, a população GO-S apresentou a menor estimativa $[149,45 \text{ (cm/planta)}^2]$ (Tabela 8).

Tabela 8. Estimativas de parâmetros genéticos para a variável altura de espiga AE (cm) das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S). Rio Verde, GO, 2002/03

Pop.	Exp.	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{h}_m^2$	$CV_g \%$	$\hat{b}$	$G_s \%$
GO-D	1	113,97±26,9	455,89±107,6	135,01	0,84	7,30	1,34	11,81
	2	162,54±35,9	650,18±143,6	196,71	0,83	8,97	1,26	14,35
GO-F	Agru.	140,51±22,9	562,03±91,6	168,72	0,83	8,23	1,29	13,22
	3	209,28±47,4	837,13±189,5	238,37	0,88	9,86	1,55	16,26
GN-03	4	304,11±67,6	1216,44±270,6	340,59	0,89	12,19	1,67	20,27
	Agru.	256,70±41,1	1026,78±164,3	289,48	0,89	11,05	1,62	18,32
GN-04	5	269,43±59,8	1077,70±239,4	301,33	0,89	12,21	1,68	20,32
	6	275,75±61,5	1102,99±245,9	309,53	0,89	12,07	1,65	20,04
GO-G	7	268,22±55,2	1072,86±220,9	303,90	0,88	12,43	1,58	20,55
	Agru.	270,94±34,3	1083,78±137,2	304,86	0,89	12,25	1,63	20,32
GO-L	8	171,27±45,0	685,06±180,0	224,13	0,76	9,55	1,04	14,69
	9	169,87±42,5	679,48±169,9	212,30	0,80	9,10	1,16	14,32
GO-S	Agru.	170,57±31,2	682,27±124,9	218,21	0,78	9,32	1,09	14,50
	10	292,45±67,8	1169,81±271,4	340,96	0,86	13,24	1,42	21,59
GO-L	11	239,50±59,1	958,01±236,6	295,95	0,81	11,65	1,19	18,45
	12	194,75±66,9	779,00±267,5	259,22	0,75	9,70	1,00	14,80
GO-S	Agru.	249,71±38,3	998,85±153,1	304,93	0,82	11,80	1,23	18,79
	13	110,18±30,5	440,72±122,0	151,24	0,73	7,41	0,95	11,13
GO-S	14	87,20±27,7	348,82±110,8	135,56	0,64	6,30	0,78	8,90
	15	125,50±33,6	502,00±134,4	167,05	0,75	7,81	1,00	11,91
GO-S	Agru.	107,63±17,9	430,51±71,6	151,29	0,71	7,18	0,91	10,66
	16	107,29±27,7	429,17±110,8	138,12	0,78	8,19	1,08	12,70
GO-S	17	143,31±39,1	573,25±156,5	194,24	0,74	8,81	0,97	13,32
	18	105,54±29,2	422,18±116,9	144,91	0,73	7,66	0,95	11,51
GO-S	19	104,39±23,9	417,55±95,9	120,53	0,87	7,92	1,47	12,97
	Agru.	115,13±15,2	460,54±60,9	149,45	0,77	8,17	1,06	12,62

Pop. = Populações; Exp. = Experimentos; Agru. = Análise agrupada

Os coeficientes de herdabilidade para esta característica foram relativamente altos, variando de 71% na população GO-L a 89% nas populações GO-F e GN-03 (Tabela 8). Miranda Filho & Nass (2001) também obtiveram coeficientes de herdabilidade altos, variando de 61,8 a 74,5% em cinco populações semi-exóticas submetidas a processo de seleção.

Em concordância com as estimativas da variância genética aditiva, a população GN-03 apresentou o maior valor para o coeficiente de variação genético (12,3%) (Tabela 8).

Quanto aos valores referentes aos índices de variação genética, estes variaram de 0,9 a 1,6 nas populações GO-L e GN-03, respectivamente (Tabela 8), podendo ser verificada a suficiente variabilidade necessária para a seleção neste caráter.

Após recombinação, as médias esperadas para o caráter altura de espiga (cm) são 125, 118, 107, 120, 109, 129 e 118 para as populações, GO-D, GO-F, GN-03, GN-04, GO-G, GO-L e GO-S, respectivamente (Figura 3).

As estimativas da variância genética aditiva para os diferentes caracteres nas populações estudadas foram altas, quando comparadas a estudos realizados em outras populações brasileiras e americanas. Estas altas estimativas são desejadas, pois permitem obter progressos significativos com a seleção. No entanto, estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas em apenas um local são superestimadas, em virtude da existência do componente de variação resultante da interação progênes x local, que não pode ser isolado (Hallauer & Miranda Filho, 1995, Arriel et al., 1993).

Por outro lado, segundo Comstock & Moll (1963) esta interação progênes x local no caso de famílias de meios irmãos não é tão crítica devido à pouca liberação da variância genética aditiva quando comparada a outros tipos de famílias e conseqüentemente, sendo pequena a interação dos efeitos aditivos com o ambiente.

Sendo assim, as informações obtidas no presente estudo, visto a magnitude dos diferentes parâmetros estimados, são úteis, pois permitem inferir acerca do progresso esperado com ciclos subsequentes de seleção, assim como ter uma idéia das alterações na variância genética no decorrer dos ciclos de seleção.

Figura 3 - Médias observadas, médias das progênes selecionadas e médias esperadas após recombinação das populações Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S) para o caráter altura da espiga (AE, em cm.). Rio Verde, GO, 2002/03

Sendo assim, as informações obtidas no presente estudo, visto a magnitude dos diferentes parâmetros estimados, são úteis, pois permitem inferir acerca do progresso esperado com ciclos subsequentes de seleção, assim como ter uma idéia das alterações na variância genética no decorrer dos ciclos de seleção.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, comprovam a existência de variabilidade entre as famílias pertencentes às diferentes populações estudadas e a possibilidade de se continuar tendo sucesso com a seleção.

As magnitudes dos parâmetros genéticos e os altos valores do coeficiente de herdabilidade e dos coeficientes de variação genética mostraram que as populações possuem variabilidade genética suficiente para ser explorada em todos os caracteres estudados. Estas estimativas da herdabilidade, sem dúvida, serão úteis não apenas para inferir sobre o progresso esperado, assim como na escolha do método mais adequado a ser seguido no programa de melhoramento (Lamkey & Hallauer, 1987, Lamkey 1992). Altas herdabilidades indicam que métodos simples de seleção podem ser usados com sucesso na melhoria dos caracteres desejáveis nas populações estudadas.

As altas estimativas dos parâmetros constituem-se uma característica muito importante nas populações estudadas, pois mesmo que exista a possibilidade de aumento na variância genética nos ciclos iniciais de seleção, devido à frequência inicial de alelos favoráveis ser baixa, a redução na variância genética é muito mais provável de acontecer.

Da mesma forma, foi possível identificar através das análises e parâmetros estimados que estas populações possuem potencial genético e adaptabilidade suficiente às condições do Sudoeste de Goiás, assim como verificar quais são as probabilidades de sucesso no decorrer dos ciclos de seleção em ambientes com incidência de cercosporiose. Processos de melhoramento específico para determinadas condições agroecológicas tornam-se importantes num país com dimensões continentais, onde existe grande variação de ambientes, portanto torna-se necessário e estratégico a obtenção, avaliação e seleção de genótipos adaptados a determinadas condições. A seleção de genótipos em condições do Sudoeste de Goiás oferece grandes

vantagens, pois a seleção indireta (seleção em um ambiente e resposta em outro) apresenta baixa eficiência, quando procuramos aumento de produtividade (Resende et al, 1997).

No entanto, são necessários estudos em um maior número de ambientes e épocas de plantio destas populações para conhecer melhor sua adaptação a um maior número de ambientes em condições tropicais e semi tropicais que permitam inferir acerca do seu potencial competitivo, quando comparadas à variedade BR106, umas das mais adaptadas variedades locais e fonte de linhagens com boa performance. Em estudo conduzido por Souza Junior et al. (1993) esta variedade teve um valor médio para peso de espigas de 143,3 (g/planta), sendo este valor inferior ao estimado para as populações no presente estudo.

Assim, também é de fundamental importância conhecer os componentes da variância genética, assim como suas alterações decorrentes dos ciclos de seleção visando estimar com maior precisão as possibilidades futuras de resposta à seleção nas populações em estudo.

Visto o potencial genético destas populações e seu comportamento *per se*, é necessária a continuidade de estudos que permitam estimar o potencial heterótico das mesmas, as quais podem também ser usadas em programas de seleção recorrente recíproca e na síntese de híbridos de linhagens.

3.4 Conclusões

Os resultados obtidos no presente trabalho permitiram apontar as seguintes conclusões:

- As magnitudes dos parâmetros genéticos estimados, os altos valores de herdabilidade e dos coeficientes de variação genética, associadas às

altas médias de produção, são indicadores evidentes do grande potencial destas populações e sua potencial inclusão nos programas de seleção recorrente, com especial destaque para a população GN-04.

- Existe suficiente variabilidade genética nas populações estudadas, mostrada através do coeficiente de herdabilidade e do progresso genético esperado, indicando a possibilidade de ganhos substanciais com a seleção de progênies de meios irmãos.

- As elevadas produtividades destas populações, torna-as apropriadas para serem utilizadas como populações base visando a obtenção de híbridos de linhagens.

- As populações mostraram médias altas para AP e AE que poderiam favorecer o acamamento e quebramento, portanto a seleção para reduzir estas características torna-se importante.

- São necessários estudos que forneçam informação adicional a nível interpopulacional, visando a exploração do potencial heterótico destas populações, como estratégia para alcançar um melhor conhecimento da estrutura destas populações, podendo assim, dar subsídios no planejamento do programa de melhoramento.

4 ANÁLISE DIALÉLICA DE 14 POPULAÇÕES F₂ COM ÊNFASE NA PRODUÇÃO E RESISTÊNCIA A *Cercospora zeae-maydis*

Resumo

O presente trabalho teve como objetivo avaliar o potencial genético de 14 populações F₂ de híbridos de milho, em esquema de cruzamento dialélico, visando a síntese de compostos de variedades, com boa performance agrônômica e satisfatório nível de resistência à *Cercospora zeae-maydis*. Os 91 híbridos e as 14 variedades genitoras, junto com duas testemunhas comerciais, foram avaliados em três locais: Piracicaba, SP (Exp.1), Anhembi, SP (Exp. 2) e Rio Verde, GO (Exp.3), em 2001/02, usando o delineamento em blocos casualizados com 4 repetições. Foram avaliados os caracteres PEC - peso de espigas corrigido, AP - altura da planta, AE - altura da espiga, PRE - posição relativa da espiga, NEP - número de espigas por planta, %AC - porcentagem de plantas acamadas, %QUE - porcentagem de plantas quebradas, %AC+QUE - porcentagem de plantas acamadas e quebradas e CER - resistência a *Cercospora zaea-maydis*. Nas avaliações de resistência utilizaram-se escalas de notas de intensidade da doença de 1 a 5, onde a menor nota representa maior resistência. As populações HG14 (Experimento 1), HG10 (Experimento 2) e HG5 (Experimento 3) apresentaram os maiores valores para os efeitos de populações para PEC, possuindo elevado potencial para serem usadas em programas de seleção recorrente intrapopulacional, visando a obtenção de populações adaptadas a condições edafoclimáticas específicas. Os efeitos significativos de heterose para PEC e alguns caracteres vegetativos, revelam a

existência de divergências genéticas entre populações. Os maiores efeitos de heterose específica (s_{ij}) para PEC foram observados nos híbridos HG7xHG10 (Piracicaba, SP), HG5xHG8 (Anhembi, SP) e HG9xHG14 (Rio Verde, GO), sugerindo uma forte divergência genética entre pares específicos de populações parentais. Estas populações são opções interessantes de exploração de padrões heteróticos para emprego em programas de seleção recorrente interpopulacional. A heterose média foi maior nas condições dos experimentos 1 e 2 do que nas condições do experimento 3. As análises de variância para CERC indicam que efeitos aditivos foram as fontes de variação mais importantes no controle genético da resistência. Dentre as populações avaliadas no dialelo, quatro foram selecionadas para síntese de novos compostos: HG7xHG10xHG11xHG14 (Exp. 1), HG2xHG3xHG10xHG11 (Exp.2) e HG3xHG4xHG10xHG13 (Exp. 3). Após a recombinação das populações e formação dos compostos, estes serão utilizados no programa de seleção recorrente para produção e resistência a doenças. A exploração da heterose manifestada nos cruzamentos entre populações F_2 de híbridos comerciais torna-se apropriada e pode ser aproveitada na síntese de compostos de variedades.

Summary

The objective of this study was to evaluate the genetic potential of fourteen F_2 maize populations following the diallel mating scheme aiming the synthesis of composite varieties with high agronomic performance and satisfactory resistance level to *Cercospora zeae-maydis*. The 91 crosses and 14 parental varieties along with two commercial checks were evaluated in three locations Piracicaba (SP), Anhembi (SP) and Rio Verde (GO) in 2001/02 using randomized complete-block design with four replications. The evaluated traits

were: PEC - corrected ear yield, AP - plant height, AE - ear height, PRE - ear placement, NEP - number of ear/plant, %AC - root lodging, %QUE - stalk lodging, %AC+QUE - root and stalk lodging and CER - resistance to *Cercospora zeae-maydis*. Plants were rated for disease development on a plot basis using scale of 1 (resistant) to 5 (susceptible). Populations HG14 (Experiment 1), HG10 (Experiment 2) and HG5 (Experiment 3) showed the higher values for the effects of populations for PEC, resulting in a high potential to be used in intrapopulation recurrent selection programs, aiming the obtention of adapted populations to specific environment conditions. Significant heterosis effects were observed for ear yield (PEC) and some vegetative traits, indicating the existence of genetic divergence among populations. The highest specific heterosis effects (s_{ij}) were observed in the crosses HG7xHG10 (Piracicaba, SP), HG5xHG8 (Anhembi, SP) and HG9xHG14 (Rio Verde, GO), suggesting strong genetic divergence between specific pairs of parental populations. These populations are interesting options for exploitation of heterotic patterns in interpopulation recurrent selection programs. The average heterosis was higher in the conditions of experiments 1 and 2 as compared with the experiment 3. The analysis of variance for CER indicated the additive effects as the most important source of variation in the control of genetic resistance. Among the populations evaluated in diallel cross, four were selected for synthesis of a new composite: HG7xHG10xHG11xHG14 (Exp. 1), HG2xHG3xHG10xHG11 (Exp.2) and HG3xHG4xHG10xHG13 (Exp. 3). After recombination of the newly formed composites, they will be used in recurrent selection programs for yield and disease resistance. The exploitation of heterosis revealed in the crosses among F_2 populations of commercial hybrids becomes appropriate and can be recommended the synthesis of composite varieties.

4.1 Introdução

A produção e consumo de milho no mundo têm aumentado continuamente nas últimas décadas. A incorporação e exploração de novas áreas como estratégia para o aumento da produtividade, assim como a prática da monocultura e ampliação das épocas de cultivo, tem contribuído para o aumento da incidência de doenças, com conseqüências drásticas na produção, contribuindo significativamente para o desequilíbrio entre a oferta e a demanda deste cereal. Neste sentido, a disponibilidade de germoplasma melhorado, adaptado a diversas condições edafoclimáticas torna-se necessário.

Apesar da grande variabilidade do germoplasma de milho disponível no Brasil, pouco se conhece sobre o seu potencial, como fonte de resistência a doenças. No caso específico da cercosporiose causada pelo fungo *Cercospora zeae-maydis*, não existe no Brasil referência de estudos, visando a identificação de fontes ou a incorporação de resistência em materiais elite adaptados às nossas condições, sendo imprescindível, e de extrema urgência, estudos visando a obtenção de genótipos superiores com alta performance agronômica e resistentes a esta doença.

Estudos de populações, tanto para caracteres agronômicos como para resistência a doenças têm contribuído para o desenvolvimento de materiais promissores para uso *per se* ou como fonte de linhagens superiores. No entanto, não existem informações disponíveis na literatura sobre performance agronômica e resistência à cercosporiose em populações adaptadas às condições brasileiras.

A seleção e síntese de novas populações com atributos desejáveis é importante como base para os programas de melhoramento, elevando a probabilidade de obter linhagens e híbridos superiores ou populações com elevada performance.

Muitos programas de melhoramento, principalmente motivados pela pressão para o rápido desenvolvimento de híbridos, têm optado pela utilização de populações F_2 de híbridos comerciais (Hallauer, 1990; Troyer, 1994). Esta opção pela utilização deste tipo de populações *per se* ou como fonte de linhagens se deve ao fato de que os híbridos comerciais são germoplasmas amplamente avaliados, os quais já possuem diversos caracteres de interesse, resultado de longos períodos de seleção e melhoramento, tornando estas populações mais atrativas quando comparadas a variedades de polinização aberta.

Neste contexto, acreditando numa melhor forma de explorar a variância genética juntamente com os caracteres intrínsecos das populações F_2 geradas a partir de híbridos comerciais, a síntese de compostos de populações selecionadas torna-se uma interessante opção, visando preservar os caracteres desejáveis já trabalhados, mantendo a variabilidade e aumentando a probabilidade de combinações favoráveis que permitam elevar a performance das populações e seus produtos daí gerados.

Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o potencial genético de 14 populações F_2 de híbridos de milho plantados na região Sudoeste de Goiás, em cruzamento dialélico, visando a síntese de compostos de variedades, com boa performance agrônômica e satisfatório nível de resistência à *Cercospora zeae-maydis*.

4.2 Material e Métodos

4.2.1 Material

Em diversas viagens para a região do Sudoeste de Goiás foram realizadas coletas de sementes de plantações comerciais de milho, visando a obtenção das populações F_2 de híbridos comerciais. Desta forma, foram

obtidas 14 populações, recebendo a designação de HG1 a HG14, constituindo-se no material experimental do presente estudo.

4.2.2 Obtenção dos cruzamentos dialélicos

O lote para obtenção do dialelo 14x14 foi plantado em janeiro de 2001 na área experimental do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" e Piracicaba, SP. Os 105 tratamentos (14 populações e 91 híbridos F_1) foram obtidos pelo cruzamento manual de pares de fileiras de populações distribuídas lado a lado no campo de polinização. Foram realizadas polinizações de 50 a 60 espigas em cada par de fileiras. Após a colheita foram amostradas cerca de 30 sementes por espiga, com a finalidade de se obter uma quantidade suficiente de sementes por tratamento, para formação dos três ensaios de avaliação em Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO).

4.2.3 Testemunhas

Como testemunhas foram utilizados os híbridos AG6018 (híbrido triplo) e DAS 950 (híbrido simples). O primeiro híbrido usado nos ensaios conduzidos nos três locais de avaliação e o segundo, apenas usado em Anhembi (SP). Como bordadura foram utilizadas no mínimo duas linhas do híbrido AG6018, em todos os ensaios de avaliação.

As parcelas das testemunhas foram intercaladas dentro das repetições a cada dez fileiras de tratamentos, como referência para comparação de desempenho.

4.2.4 Execução experimental

Os experimentos foram instalados no período do 11 a 25 de novembro de 2001, em três locais: no Departamento de Genética da ESALQ/USP em Piracicaba, SP (Experimento 1), na Fazenda Experimental de Anhembi, SP (Experimento 2) e na Fazenda Rio Doce em Rio Verde, GO (Experimento 3).

O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições, com parcelas de fileiras duplas de quatro metros de comprimento, no espaçamento de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. Em cada fileira foram semeadas 30 sementes distribuídas ao longo do sulco de semeadura, com duas e uma semente por cova, de forma alternada. Cerca de 30 dias após a germinação, foi realizado o desbaste para o estande ideal de 20 plantas por fileira (40 plantas por parcela). Dentro das repetições foram semeadas testemunhas intercalares a cada dez tratamentos como referência para comparação de desempenho.

A adubação de plantio, desbaste, adubação de cobertura e controle de plantas daninhas foram realizados de acordo com o que se recomenda para o sistema de produção dos ambientes em estudo.

4.2.5 Caracteres avaliados

Foram realizadas avaliações para diferentes caracteres nos diferentes locais, os quais encontram-se descritos a seguir:

- Número de espigas por parcela (NE): número total de espigas por parcela;
- Estande observado de plantas (ST), número de plantas acamadas (AC) e quebradas (QUE) por parcela: avaliado uma semana antes da colheita através da contagem de número de plantas por parcela e do número de plantas

acamadas e/ou quebradas. Consideram-se plantas acamadas aquelas com tombamento devido a problemas de enraizamento e quebradas aquelas com colmos quebrados, devido à sua fragilidade às ações do tempo;

- Número de espigas por planta (NE/P): razão NE/ST;
- Porcentagem de plantas acamadas (%AC): $(AC/ST).100$;
- Porcentagem de plantas quebradas (%QUE): $(QUE/ST).100$;
- Porcentagem de plantas acamadas ou quebradas (%AC+QUE): $[(AC+QUE)/ST].100$;
- Peso de espigas despalhadas por parcela (PE): foram tomados os pesos de espigas despalhadas para cada parcela em g/parcela, sendo posteriormente transformados para a unidade t/ha de grãos;
- Altura de plantas (AP) e de espigas (AE): foram medidas em amostras de 5 plantas competitivas da parcela, escolhidas ao acaso, onde a AP foi medida em centímetros da superfície do solo até a inserção da última folha (folha bandeira) e a AE à distância do solo até a inserção da espiga mais alta em relação à superfície.
- Posição relativa da espiga na planta (PRE): razão AE/AP;
- Resistência à *Cercospora zeae-maydis* (CERC): esta avaliação apenas foi realizada em Rio Verde, GO (Experimento 3), local de ocorrência natural deste patógeno, sendo utilizada uma escala de intensidade da doença de 1 a 5, conforme descrito por Donahue et al. (1991): 0 = sem sintomas, 1 = pequenas lesões abaixo da espiga, 2 = muitas lesões abaixo da espiga, 3 = grandes lesões abaixo da espiga e lesões em todas as folhas acima da espiga, 4 = grandes lesões em todas as folhas, 5 = todas as folhas mortas. Esta escala também pode ser interpretada como alta resistência, resistência, mediana resistência, mediana suscetibilidade e suscetibilidade, respectivamente. As lesões foram identificadas de acordo com as descrições realizadas por McGee (1988). Estas avaliações foram realizadas ao redor de 30 dias após o florescimento.

Foram realizadas correções para o carácter PE para o estande ideal (STi) de 20 plantas para todos os ensaios realizados, tanto para as progênes de meios irmãos e para os ensaios de cruzamentos dialélicos, através da metodologia de correção por covariância modificada por Miranda Filho, J.B. (Vencovsky & Barriga, 1992). Esta correção foi realizada devido a variações no estande, sendo estas variações tidas como aleatórias e principalmente causadas por fatores ambientais.

As correções foram efetuadas em nível de total de parcelas, pela seguinte expressão:

$$PEC = PE - b.(ST - STi)$$

onde:

PEC = peso de espigas corrigido;

PE = peso de espigas;

b = coeficiente de regressão linear do peso de espigas, em relação às variações de estande;

ST = estande observado;

STi = estande ideal.

O coeficiente de regressão linear foi obtido através das análises de variância e covariância para o estande observado (ST) e o peso de espigas (PE), respeitando-se a estrutura do delineamento em blocos casualizados, seguindo a relação $b = SP_{xy}/SQ_x$, onde SP_{xy} corresponde à soma de produtos residuais da análise de covariância estande observado x produção de espigas e SQ_x , à soma de quadrados residuais da análise de variância do estande.

Para simplificar a nomenclatura do carácter peso de espiga corrigido (PEC), será apenas usada daqui em diante a denominação peso de espigas (PE), entendendo-se que este carácter já foi previamente corrigido.

A partir do PE foi estimada a produtividade em toneladas por hectare, obtendo-se PE (t/ha) para um estande efetivo de 55.555 plantas/ha.

4.2.6 Análises de variâncias

Com base nas avaliações de Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO), foram realizadas análises de variância preliminares, individuais e conjunta, no esquema de blocos casualizados ao nível de total ou média de parcelas, para os seguintes caracteres:

- 1) PE, AP, AE, PRE, NE/P, %AC, %QUE e %AC+QUE para os ensaios de cruzamentos dialélicos em Piracicaba (SP) e Anhembi (SP).
- 2) PE, AP, AE, PRE, NE/P, %AC, %QUE, %AC+QUE e CERC para o ensaio de cruzamentos dialélicos em Rio Verde (GO).

Para análise dos dados obtidos na avaliação de %AC, %QUE e %AC+QUE os dados foram transformados usando $\sqrt{y+0,5}$.

Os modelos estatísticos empregados foram:

- Para a análise individual:

$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$, onde:

Y_{ij} = observação relativa ao tratamento i no bloco j ;

μ = média geral dos tratamentos no experimento;

t_i = efeito do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, I$), fixo;

b_j = efeito de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), aleatório;

e_{ij} = erro experimental associado ao tratamento i no bloco j , sendo $e_{ij} \cap N(0, \sigma_e^2)$.

- Para a análise conjunta:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + l_k + (tl)_{ik} + b_{j(k)} + e_{ijk}, \text{ onde:}$$

Y_{ijk} = observação relativa ao tratamento i no bloco j , do local k ;

μ = média geral dos tratamentos no experimento;

t_i = efeito do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, I$), fixo;

l_k = efeito do local k ($k = 1, 2, 3$); fixo, por representar ambientes contrastantes;

$(tl)_{ik}$ = efeito da interação do local K com o tratamento i , fixo;

b_j = efeito de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), dentro do local k ($k = 1, 2, \dots, k$), aleatório;

e_{ijk} = erro experimental associado ao tratamento i no bloco j dentro do local k ,
sendo $e_{ij} \cap N(0, \sigma_e^2)$.

As Tabelas 9 e 10, a seguir, apresentam o esquema da análise de variância individual e conjunta, respectivamente para os caracteres avaliados.

Tabela 9. Esquema de análise de variância individual para avaliação dos tratamentos (populações e cruzamentos) em blocos casualizados

Fontes de Variação	G.L.	Q.M.	F	E(QM)
Blocos	J-1	Q_1	Q_1/Q_3	
Tratamentos	I-1	Q_2	Q_2/Q_3	$\sigma_e^2 + J\sigma_t^2$
Erro	(J-1)(I-1)	Q_3	-	σ_e^2

Tabela 10. Esquema de análise de variância conjunta para avaliação dos tratamentos do dialelo 14x14 em blocos casualizados

Fontes de Variação	G.L.	Q.M.	F
Locais (L)	K-1	Q ₁	Q ₁ /Q ₅
Blocos/Local	K(J-1)	Q ₂	Q ₂ /Q ₅
Tratamentos	I-1	Q ₃	Q ₃ /Q ₅
Tratamentos x Local	(I-1)(K-1)	Q ₄	Q ₄ /Q ₅
Erro médio	K(I-1)(J-1)	Q ₅	-

4.2.7 Análises dos ensaios de cruzamentos dialélicos e estimativas de parâmetros

Para a análise de variância e estimativas dos efeitos no dialélico, constituído pelas populações genitoras e seus híbridos, utilizou-se uma extensão de modelo de Gardner & Eberhart (1966), usando médias de repetições:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(v_i - v_j) + \theta(\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

onde:

Y_{ij} = representa a média de uma população ou variedade parental ($i = j$) ou de um híbrido ($i \neq j$);

μ = é a média de todas as variedades parentais;

v_i = representa o efeito de variedade;

θ = coeficiente condicional, sendo $\theta = 0$ para variedades ($i=j$) e $\theta = 1$ para híbridos ($i \neq j$);

$\bar{h}$ = é a heterose média de todos os híbridos em relação à média dos pais;

h_i = é a heterose de variedade, sendo constante em todos os híbridos em que participa a variedade i ;

s_{ij} = é a heterose específica, sendo um componente da heterose que se manifesta somente no híbrido $i \times j$;

ε_{ij} = é o erro associado à médias de tratamentos.

A análise de variância de acordo com o modelo acima exposto está apresentada na Tabela 11.

As fórmulas para estimativa de parâmetros para o esquema de cruzamentos dialélicos podem ser observadas na Tabela 12.

Tabela 11. Resumo da análise de variância de experimentos em cruzamentos dialélicos de acordo com o modelo de Gardner & Eberhart (1966)

Fonte de Variação	G.L.	Q.M.	F
Tratamentos	104	Q_1	Q_1/Q_7
Populações	13	Q_2	Q_2/Q_7
Heterose	91	Q_3	Q_3/Q_7
Heterose média	1	Q_4	Q_4/Q_7
Heterose de populações	13	Q_5	Q_5/Q_7
Heterose específica	77	Q_6	Q_6/Q_7
Erro médio*	312	Q_7	-

* Obtido do quadrado médio do erro experimental da análise de variância preliminar, dividido pelo número de repetições.

Tabela 12. Expressões para os cálculos das estimativas dos parâmetros componentes do modelo proposto por Gardner & Eberhart (1966) de análise dialélica

Efeitos	Estimadores
Média	$\hat{\mu} = \frac{1}{p} Y_v = \bar{Y}_v$
Variedades	$\hat{v}_i = Y_{ii} - \frac{1}{p} Y_v$
Heterose média	$\bar{h} = \frac{1}{p(p-1)} [Y_{..} + Y_H - p Y_v] = \bar{Y}_H - \bar{Y}_v$
Heterose de variedade	$\hat{h}_i = \frac{1}{p-2} [Y_{hi.} - \frac{2Y_H}{p}] - \frac{1}{2} [Y_{ii} - \frac{Y_v}{p}]$
Heterose específica	$\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - \frac{1}{p-2} [Y_{hi.} + Y_{hj.} - \frac{2}{p-1} Y_H]$
Capacidade geral de combinação	$\hat{g}_i = \frac{1}{2} \hat{v}_i + \hat{h}_i$

As expressões da Tabela 12 seguem a notação:

p = número de populações genitoras;

Y_{ii} = é a média da população genitora, com $i=i$;

Y_{ij} = é a média de um híbrido, com $i \neq j$;

Y_v = é a soma das médias das variedades genitoras ou a soma dos termos da diagonal da tabela dialélica;

Y_H = é a soma de todos os híbridos ou soma dos valores acima da diagonal da tabela dialélica;

$\bar{Y}_h$ = é a média dos híbridos em que participa a população genitora i .

A análise dialélica conjunta foi realizada conforme o modelo de Gardner & Eberhart (1966), adaptado para mais de um ambiente por Cruz (2001), conforme apresentado abaixo.

$$Y_{i'j} = \mu + \frac{1}{2}(v_i + v_{i'}) + e_j + \frac{1}{2}[(ve)_{ij} + (ve)_{i'j}] + \theta[h_{ii'} + (he)_{ii'j}] + \varepsilon_{ii'}$$

onde:

$Y_{i'j}$ = é o valor médio observado no híbrido entre a população i e a população i' no experimento j ou, para as populações genitoras, Y_{ij} é o valor médio observado das populações genitoras *per se* no experimento j;.

μ = média das populações genitoras;

v_i e $v_{i'}$ = efeito da população genitora i ou i';

e_j = é o efeito do experimento j;

$(ve)_{ij}$ e $(ve)_{i'j}$ = é o efeito da interação entre o efeito da população genitora i e o efeito do ambiente j, e o efeito da interação entre o efeito da população genitora i' e o efeito do ambiente j, respectivamente;

θ = é um coeficiente condicional, de valor 0 (zero) para populações genitoras ($i=i'$) e 1 para híbridos ($i \neq i'$);

$h_{ii'}$ = é o efeito da heterose no híbrido entre a população genitora i e a população genitora i';

$(he)_{ii'j}$ = é o efeito da interação entre o efeito de heterose $h_{ii'}$ e o efeito do experimento j;

$s_{ii'}$ = heterose específica do híbrido entre a população genitora i e a população genitora i';

$\varepsilon_{ii'}$ = erro experimental médio associado à observação $Y_{i'j}$ ou Y_{ij} .

O efeito da heterose tem a seguinte composição:

$$h_{ii'} = \bar{h} + h_i + h_{i'} + s_{ii'}$$

onde:

$\bar{h}$ = heterose média de todos os híbridos;

h_i e $h_{i'}$ = é a heterose da população genitora i ou i', que é a contribuição da população genitora i ou i' para o efeito da heterose $h_{ii'}$;

$s_{ii'}$ = é a heterose específica do híbrido entre a população genitora i e a população genitora i';

O efeito da interação genótipos x experimento tem a seguinte composição:

$$he_{ii'j} = \bar{h}e_j + (he)_{ij} + (he)_{i'j} + (se)_{ii'j}$$

onde:

$\bar{h}e_j$ = é o efeito da interação entre o efeito da heterose média e o efeito do experimento j;

$(he)_{ij}$ e $(he)_{i'j}$ = é o efeito da interação entre o efeito da heterose da população genitora i ou i' e o efeito do experimento j;

$(se)_{ii'j}$ = é o efeito da interação entre o efeito da heterose específica e o efeito do experimento j.

4.2.8 Predição de médias de compostos

Os valores médios observados nos cruzamentos dialélicos foram utilizados na predição de médias de compostos para os caracteres peso de espigas (PE) e resistência à *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Para predições de médias de compostos a partir do dialélico foi utilizada a metodologia de predição descrita por Cruz (2001).

Escolheu-se a síntese de compostos de tamanho 4 ($k=4$), onde o número de possíveis compostos (n) do tipo A x B x C x D foi $n = C_p^4$ e o valor predito (VP) de cada possível combinação de parentais foi estimada através da seguinte expressão:

$$VP = m + \frac{p_g}{2}(\hat{g}_i + \hat{g}_j + \hat{g}_k + \hat{g}_m) + \frac{p_s}{16}[\hat{s}_{ii} + \hat{s}_{jj} + \hat{s}_{kk} + \hat{s}_{mm} + 2(\hat{s}_{ij} + \hat{s}_{ik} + \hat{s}_{im} + \hat{s}_{jk} + \hat{s}_{jm} + \hat{s}_{km})]$$

Considerando $p_g = p_s = 1$, e, adotando os índices i, j, k e m para os pais A, B, C e D, respectivamente, tem-se que:

$$VP = \frac{Y_{ii} + Y_{jj} + Y_{kk} + Y_{mm} + 2(Y_{ij} + Y_{ik} + Y_{im} + Y_{jk} + Y_{jm} + Y_{km})}{16}$$

sendo:

m : média geral do dialelo;

$\hat{g}_i$ e $\hat{g}_j$: efeitos da capacidade geral de combinação dos genitores i e j, respectivamente;

$\hat{s}_{ij}$: efeito da capacidade específica de combinação, associado ao progenitor i, quando $i=j$, e ao híbrido ij, quando $i \neq j$;

p_g e p_s : pesos, na expressão de predição, dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente; e

Y_{ij} : média do progenitor, quando $i = j$, ou do híbrido, quando $i \neq j$.

Esta metodologia de predições de médias de compostos é semelhante à metodologia sugerida por Eberhart et al. (1967).

Baseado na predição de médias serão selecionadas populações para síntese de três compostos. O primeiro, um composto de boa performance agronômica e níveis satisfatórios de resistência à cercosporiose, adaptado para a região do Sudoeste de Goiás, resultado das avaliações realizadas em Rio Verde, GO. Um segundo e terceiro composto, obtido pelo cruzamento de populações parentais com boa performance agronômica e atributos agronômicos desejáveis adaptados aos ambientes de Piracicaba (SP) e Anhembi (SP). Na síntese destes dois últimos compostos, será levada em consideração a performance das populações quando avaliadas em condições de cercospora (Experimento 3).

4.3 Resultados e Discussão

As 14 populações F_2 , designadas como HG1 a HG14, foram avaliadas em cruzamento dialélico, conforme modelo de Gardner & Eberhart (1966). Essa avaliação foi realizada em três ambientes: Piracicaba, SP (Experimento 1), Anhembi, SP (Experimento 2) e Rio Verde, GO (Experimento 3) durante o ano agrícola de 2001/02. Nestas avaliações, foi utilizado o híbrido triplo AG6018 nos três experimentos e o híbrido simples DAS950 apenas no segundo experimento.

Os resultados da avaliação das populações e seus respectivos híbridos estão apresentados a seguir em termos de médias das populações e cruzamentos intervartetais, análises de variância das tabelas dialélicas e estimativas de parâmetros abordando os caracteres peso de espigas (PE), altura de planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e

quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis*. Este último caráter avaliado apenas em Rio Verde, GO, local de ocorrência natural do patógeno.

4.3.1 Médias das populações e cruzamentos intervarietais

Nas Tabelas 13, 14 e 15 são apresentadas as médias das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) para os três experimentos conduzidos em Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO). A resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) foi avaliada apenas em Rio Verde, GO (Experimento 3).

4.3.1.1 Peso de espigas (PE)

A produtividade reconhecidamente é a característica mais importante na avaliação do desempenho de populações *per se* e em cruzamentos. A análise desta característica em diversos ambientes possibilita quantificar os efeitos de ambientes e as interações populações x ambientes. No presente estudo a produtividade foi mensurada através do peso de espigas (PE).

No experimento 1 (Tabela 13), conduzido em Piracicaba (SP), o intervalo de variação para PE variou de 6,32 t/ha (HG1 x HG13) a 10,81 t/ha (HG10 x HG11). Dentre as populações, a maior média foi obtida pela população HG14 (8,41 t/ha). Este valor foi superior à média do híbrido AG6018 usado como testemunha, que apresentou um peso de espigas de 7,18 t/ha. A média do ensaio foi de 8,72 t/ha.

No experimento 2 (Tabela 14), conduzido em Anhembi (SP), as médias variaram de 6,66 t/ha (HG12) a 11,37 t/ha (HG10xGH11). A melhor performance *per se* foi obtida pela população HG10 (8,30 t/ha). Os híbridos AG6018 e DAS950, usados como testemunhas, apresentaram valores de 7,78 t/ha e 6,86 t/ha. A média do ensaio foi de 8,93 t/ha.

Na Tabela 15 são apresentadas as médias obtidas no experimento 3, conduzido em Rio Verde (GO). O intervalo de variação observado nesse experimento para PE foi de 5,61 t/ha (HG6) a 9,74 t/ha (HG7xHG13). O melhor desempenho *per se* foi obtido pela população HG5 (7,62 t/ha). O híbrido AG6018 apresentou uma produção de 6,35 t/ha, inferior à performance obtida pela população HG5.

A performance *per se* para PE das populações estudadas no presente estudo são comparadas às performances de diversas populações adaptadas a condições brasileiras (Santos & Miranda Filho, 1992; Regitano Neto et al., 1997; Nass & Miranda Filho, 1999; Miranda Filho & Nass, 2001, Mittelman et al., 2003; Silva & Miranda Filho, 2003).

4.3.1.2 Altura de planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE)

As médias para os caracteres AP, AE e PRE dos experimentos 1, 2 e 3 estão apresentadas nas Tabelas 13, 14 e 15, respectivamente.

No experimento 1, os intervalos de variação para AP foram de 165 cm (HG1xHG13) a 207 cm (HG5xHG8). O híbrido AG6018 neste experimento apresentou uma altura de planta igual a 195 cm. O intervalo de variação para AP observado no Experimento 2, foi de magnitude semelhante, com valores variando de 158 cm (HG13) a 204 cm (HG3xHG14). As testemunhas usadas neste segundo experimento apresentaram médias de AP igual a 186 cm e 207 cm para os híbridos AG6018 e DAS950, respectivamente.

As médias apresentadas para o caráter AP no experimento 3 apresentaram um intervalo de variação maior, porém com médias menores, quando comparado com os outros dois ensaios de avaliação, com plantas de porte menor às observadas nos outros dois ensaios. Neste ambiente, o intervalo de variação foi de 136 cm (HG3xHG12) a 185 cm (HG3xHG4). O híbrido AG6018 apresentou uma média para AP igual a 169 cm.

Para o caráter altura de espiga (AE), os intervalos observados nos experimentos 1, 2 e 3, foram de 91 cm (HG2xHG9 e HG6xHG12) a 125 cm (HG12xHG13), 68 cm (HG2xHG9) a 102 cm (HG10xHG11) e 69 cm (HG3xHG12) a 107 cm (HG5xHG14), respectivamente. O híbrido AG6018 usado como testemunha nos três ensaios apresentou um intervalo de variação para AE entre 82 cm (Experimento 2) e 104 cm (Experimento 1). O híbrido DAS950 usado como testemunha unicamente no experimento 2 apresentou uma média para AE igual a 93 cm.

As médias para AP assim como para AE dos híbridos usados como testemunhas situaram-se dentro do intervalo de variação, apresentando populações e cruzamentos com médias menores e maiores do que as apresentadas pelas testemunhas usadas no presente estudo para os referidos caracteres. Apenas o híbrido DAS950 usado no experimento 2 apresentou uma média para AP superior (207 cm) às apresentadas pelas populações e seus cruzamentos no referido experimento.

A posição relativa da espiga (PRE) dada pela relação AE/AP, variou de 0,50 a 0,71 no experimento 1, de 0,43 a 0,52 no experimento 2 e de 0,50 a 0,62 no experimento 3. Os híbridos usados como testemunhas apresentaram valores de PRE variando de 0,44 a 0,52 nos experimentos conduzidos.

4.3.1.3 Número de espigas por planta (NEP)

As médias observadas nos experimentos para o caráter número de espigas por planta (NEP) estão apresentadas nas Tabelas 13, 14 e 15. Em todos os experimentos, tanto as populações, assim como seus respectivos cruzamentos, apresentaram valores com ligeira tendência de produção de mais de uma espiga por planta. No experimento 1, os valores para NEP variaram de 0,97 (HG6xHG8) a 1,36 (HG4). Este intervalo de variação foi um pouco maior no segundo experimento, variando de 0,83 (HG4xHG6) a 2,10 (HG3xHG13).

No experimento 3 este caráter apresentou valores de NEP variando de 0,90 (HG12xHG14) a 1,34 (HG1xHG13). Em todos os experimentos conduzidos, os valores de NEP para os híbridos usados como testemunhas foram superiores a 1.

4.3.1.4 Porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE)

As populações e seus respectivos cruzamentos apresentaram baixa porcentagem de plantas acamadas e/ou quebradas. Vários tratamentos (populações e cruzamentos) nos três experimentos instalados não apresentaram plantas acamadas e/ou quebradas. No experimento 1, realizado em Piracicaba, SP, os valores máximos alcançados para %AC, %QUE e %AC+QUE foram de 7,12% (HG9x12), 11,47% (HG12xHG13) e 12,27% (HG2xHG12), respectivamente (Tabela 13).

A avaliação destes caracteres realizada em Anhembi, SP, mostrou valores de %AC, %QUE e %AC+QUE ainda mais baixos, com valores máximos

de 8,57% (HG3x12), 3,57 (HG12xHG13) e 8,57 (HG3xHG12), respectivamente (Tabela 14).

As maiores porcentagens para estes caracteres no presente estudo foram verificadas no experimento 3, conduzido em Rio Verde, GO. Neste ambiente, os maiores valores para %AC, %QUE e %AC+QUE foram de 7,10% (HG12xHG14), 13,33% (HG12xHG13) e 13,33 (HG12xHG13), respectivamente (Tabela 15).

É conveniente ressaltar a baixa freqüência no número de plantas acamadas e/ou quebradas nos diversos tratamentos avaliados nos três locais, refletido pelas baixas médias dos experimentos. No experimento 1, as médias foram de 1,42%, 2,26% e 3,67% para %AC, %QUE e %AC+QUE, respectivamente. As médias para %AC, %QUE e %AC+QUE foram ainda menores no experimento 2, as médias foram de 1,78%, 0,10% e 1,87%, respectivamente. No experimento 3, as médias foram de 2,35%, 3,85% e 3,17% para %AC, %QUE e %AC+QUE, respectivamente. Estas médias baixas e altamente desejáveis possivelmente devem-se a processos prévios de seleção, visto que as populações F_2 são provenientes de híbridos comerciais, os quais já passaram por longos processos de melhoramento para diversas características desejáveis, entre elas, a seleção contra o acamamento e quebramento de plantas.

4.3.1.5 Resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC)

A avaliação da resistência a *Cercospora zeae-maydis* foi realizada apenas no experimento 3 conduzido em Rio Verde, GO, local de alta incidência natural deste patógeno. Na avaliação das populações e seus respectivos cruzamentos, a resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) apresentou notas variando de 2 (HG1xHG2, HG2xHG11, HG7xHG11) a 4,3 (HG3). A média geral do experimento para CERC foi de 3,2.

A população HG3 embora tenha obtido uma média alta para CERC, caracterizando-a como uma população suscetível à cercosporiose, apresentou médias consideradas altas para PE nos três experimentos conduzidos, com produções médias de 7,60 t/ha, 7,43 t/ha e 7,08 t/ha obtidas em Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO), respectivamente.

4.3.2 Análises de variância preliminares (individual e conjunta)

Inicialmente foram realizadas análises de variância preliminares individual e conjunta dos ensaios de cruzamentos dialélicos 14x14 para os caracteres peso de espiga (PE em t/ha), altura de planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC) e porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) avaliados nos três ambientes e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) avaliada apenas no experimento 3, conduzido em Rio Verde, GO.

As Tabelas 16, 17 e 18 apresentam o resumo da análise de variância individual do ensaio de cruzamentos dialélicos 14x14, contendo os quadrados médios (QM) de tratamentos, blocos ou repetições e erro, assim como seus respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres acima mencionados.

No experimento 1 foi detectada significância ($P < 0,01$) para os efeitos de tratamentos para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de espigas por planta (NEP). Para o caráter porcentagem de quebramento (%QUE) observou-se que houve diferenças significativas entre tratamentos, pelo teste F a 5% de probabilidade ($P < 0,05$). Para os caracteres posição relativa da espiga (PRE), porcentagem de

acamamento (%AC) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) não foram detectadas diferenças significativas. Para o efeito de blocos, não foram detectadas diferenças significativas para AE, PRE e NEP (Tabela 16).

A Tabela 17 apresenta o resumo da análise de variância individual do segundo experimento conduzido em Anhembi, SP. Foram observadas diferenças significativas entre tratamentos, pelo teste F a 1% de probabilidade ($P < 0,01$) para os caracteres PE, AP, AE e PRE. O caráter %QUE apresentou diferenças significativas, pelo teste F a 5% de probabilidade ($P < 0,05$). Os caracteres NEP, %AC e %AC+QUE não apresentaram diferenças significativas. Apenas para %QUE não foram detectadas diferenças significativas na avaliação do efeito de blocos.

O resumo da análise de variância preliminar para o experimento 3, conduzido em Rio Verde, GO, está apresentado na Tabela 18. Para os caracteres PE, AP, AE, PRE e NEP, observou-se que houve diferenças significativas entre tratamentos, pelo teste F a 1% de probabilidade ($P < 0,01$), exceto para os caracteres %AC e CERC que apresentaram diferenças significativas entre tratamentos a 5% de probabilidade ($P < 0,05$). Os caracteres %AC e %AC+QUE não apresentaram diferenças significativas.

Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância conjunta para os caracteres comuns avaliados nos três ambientes (PE, AP, AE, PRE, NEP, %AC, %QUE e %AC+QUE), são apresentados na Tabela 19.

Diferenças significativas, pelo teste F a 1% de probabilidade ($P < 0,01$), foram detectadas para o efeito de locais para os caracteres PE, AP, AE, PRE e %AC. Para NEP, %QUE e %AC+QUE não foram detectadas diferenças significativas.

Para todos os caracteres em estudo, foram detectadas diferenças significativas pelo teste F a 1% de probabilidade ($P < 0,01$) para o efeito de

blocos/local e tratamentos, com exceção para o caráter NEP que não apresentou diferenças significativas para tratamentos.

Em relação à interação tratamentos x locais, observa-se que os caracteres AP, AE, PRE, %AC, %QUE e %AC+QUE, não apresentaram diferenças significativas, enquanto que PE e NEP, foram significativas, pelo teste F a 1% de probabilidade ($P < 0,01$) (Tabela 19).

Resultados da análise conjunta realizada, incluindo apenas os experimentos 1 e 2 para PE, mostraram a existência de diferenças significativas, pelo teste F a 1% de probabilidade, para o efeito tratamento x local. Assim, no presente estudo, considerando que o caráter PE apresentou diferenças significativas no efeito tratamento x local e dada sua importância, os resultados serão discutidos com base nas análises individuais realizadas em cada um dos locais.

A Tabela 20 apresenta o resumo das médias individuais e conjunta, assim como o coeficiente de variação experimental (CVe%) para os caracteres em estudo, avaliados nos três experimentos conduzidos. Os valores do coeficiente de variação experimental, obtidos para todos os caracteres estudados em todos os experimentos, são baixos mostrando um satisfatório nível de precisão nas avaliações realizadas assim como fornecem suporte nas estimativas daí geradas.

4.3.3 Análises de variância dos cruzamentos dialélicos (individual e conjunta)

Nas Tabelas 21, 22 e 23 são apresentados os resumos das análises de variância dos dialélicos 14x14 contendo os quadrados médios (QM) com seus respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE em t/ha), altura de planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE),

número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC) e porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) avaliados nos três ambientes e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) avaliada apenas no experimento 3.

No experimento 1 (Tabela 21), foram detectadas diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) entre tratamentos para quase todos os caracteres (PE, AP, AE, NEP e %QUE) exceto para PRE, %AC e %AC+QUE que não apresentaram diferenças significativas.

O desdobramento da soma de quadrados de tratamento em efeitos de variedades e heterose permitiu detectar diferenças entre variedades e heterose entre os híbridos. O efeito de variedades está relacionado ao potencial da variedade *per se* e indica que existe um comportamento médio diferenciado entre as populações. O efeito de heterose é função da divergência entre os parentais e dos efeitos de dominância. Diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) para o efeito de variedades foram detectadas para todos os caracteres exceto para PRE. Os caracteres %AC e %AC+QUE apresentaram efeitos significativos de variedade, embora não tenham apresentado significância para o efeito de tratamentos.

Para o carácter PE, foram observadas diferenças significativas para todos os componentes da heterose. Assim, constatou-se a presença de comportamento médio diferencial entre populações e híbridos, existindo diferentes potenciais heteróticos entre as populações estudadas que podem permitir a exploração de combinações específicas entre essas populações. Em geral, não é muito comum a ocorrência de heterose específica significativa em cruzamentos envolvendo populações. Este fato é mais comum quando são utilizadas linhagens elites. A ocorrência de heterose específica significativa para produção também foi observada em diversos estudos (Crossa et al., 1987; Crossa et al., 1990; Pandey et al., 1994).

Para os caracteres AP, AE foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,01$) para heterose média. Já os caracteres NEP e %QUE apresentaram diferenças significativas ($P < 0,05$) para heterose de variedades. Além do PE, o caráter AE apresentou significância ($P < 0,05$) para heterose específica (Tabela 21).

No experimento 2, o efeito tratamentos, mostrou a existência de diferenças altamente significativas a 1 % de probabilidade ($P < 0,01$) para os caracteres PE, AP, AE, PRE e a 5% de probabilidade ($P < 0,05$) para %QUE. Os caracteres NEP, %AC e %AC+QUE não apresentaram diferenças significativas. O efeito de variedades mostrou a ocorrência de diferenças significativas ($P < 0,01$) para PE, AP, AE e PRE. NEP, %AC, %QUE e %AC+QUE não apresentaram diferenças significativas para este efeito. Na decomposição dos efeitos de heterose, os caracteres PE, AP e AE não apresentaram diferenças significativas apenas para o componente heterose de variedade (Tabela 22). A existência de diferenças significativas para heterose específica destes três caracteres concordam com os resultados apresentados por Morello (2000) que detectou heterose específica para PE, AP e AE na avaliação de populações adaptadas a solos ácidos. Verificou-se significância apenas para heterose de populações para os caracteres PRE, %AC e %AC+QUE, podendo-se inferir que a média dos híbridos deve ser próxima da média das populações.

Na Tabela 23, é apresentado o resumo das análises de variância do experimento 3 conduzido em Rio Verde, GO. O PE apresentou diferenças significativas para tratamentos ($P < 0,01$). Assim, o efeito de variedades foi significativo a 1% de probabilidade. Com o desdobramento da soma de quadrados de heterose total foi possível detectar efeitos significativos de heterose média e heterose específica a 1% de probabilidade e heterose de variedades a 5% de probabilidade.

Os caracteres AP, AE, PRE, NEP, %QUE e CERC também apresentaram diferenças significativas para os efeitos de tratamentos ($P < 0,01$).

Diferenças altamente significativas de variedades ocorreram para todos os caracteres que apresentaram significância para tratamento. Entretanto, os caracteres %AC e %AC+QUE apresentaram efeitos significativos de variedade, sem ter apresentado significância para tratamentos.

Para as estimativas de heterose total foram detectados efeitos significativos para AP, AE a 1% de probabilidade e PRE e NEP a 5% de probabilidade. Houve significância pelo teste F para os seguintes caracteres: AP, AE, PRE, NEP para heterose média; %QUE para heterose de variedade; AP, NEP para heterose específica (Tabela 23).

Na Tabela 24 são apresentados, de forma resumida, os resultados da análise conjunta dos ensaios de cruzamentos dialélicos 14x14, avaliados em Piracicaba, SP, Anhembi, SP e Rio Verde, GO, para os caracteres PE, AP, AE, PRE, NEP, %AC, %QUE e %AC+QUE.

Para o efeito de tratamentos foram detectadas diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados nos três locais, exceto para NEP. O desdobramento da soma de quadrados de tratamentos em efeito de variedades e heterose mostrou a existência de diferenças significativas para PE, AP, AE, PRE, %AC, %QUE e %AC+QUE. NEP apenas apresentou significância para o efeito de variedades.

Foram detectados efeitos altamente significativos ($P < 0,01$) para o efeito de locais para todos os caracteres exceto para %AC+QUE, que não apresentou diferenças significativas. Interações tratamento x local altamente significativas ($P < 0,01$) foram observadas apenas para PE e NEP.

O desdobramento da interação tratamento x local nos efeitos das interações variedade x local e heterose x local, mostraram diferenças significativas para PE para ambas interações. Para os caracteres AP, AE, PRE, NEP e %QUE apresentaram significância apenas a interação variedade x local (Tabela 24).

4.3.4 Estimativas dos parâmetros do modelo de Gardner & Eberhart

As estimativas de parâmetros do modelo de Gardner & Eberhart são apresentadas nas Tabelas 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32 e 33.

4.3.4 1 Estimativas dos efeitos de variedades (v_i) e heterose de variedades (h_i)

No experimento 1 (Tabela 25) as estimativas dos efeitos de variedades (v_i) para o caráter PE variaram de -0,81 t/ha (HG1) a 1,24 t/ha (HG14). As populações HG3, HG5, HG6, HG7, HG8, HG9, HG10 e HG14 apresentaram efeitos positivos de v_i . Para o caráter AP, os efeitos de populações (v_i) variaram de -15,8 cm (HG9) a 13,2 (HG11), as populações HG1, HG2, HG3, HG4, HG9, HG12 e HG13 apresentaram estimativas negativas de v_i para este caráter. Para AE, a população HG9 também expressou a menor estimativa para v_i , e as maiores estimativas foram obtidas pelas populações HG7, HG11 e HG14, todas com 8,4 cm. A maior estimativa de v_i para PRE foi de 0,03 para a população HG10, enquanto o menor efeito foi verificado na população HG12 com uma estimativa de -0,04. A população HG4 apresentou as maiores estimativas de v_i (0,21) para NEP. A população HG12 para %AC e HG9 para %QUE apresentaram as maiores estimativas de v_i , com valores de 4,05% e 7,22%, respectivamente. As populações HG6 e HG13 apresentaram as menores estimativas dos efeitos de variedades para %AC, %QUE e %AC+QUE.

Quanto às estimativas dos efeitos de heterose de variedade (h_i) (Tabela 26), as maiores estimativas para PE, AP e AE foram obtidas pelas populações HG11 (0,91 t/ha), HG9 (5,9 cm) e HG13 (4,0 cm), enquanto que as menores estimativas para estes três caracteres foram observadas nas

populações HG8 (-0,468) para PE e HG7 para AP e AE (-5,4 e -4,4, respectivamente). Para %AC, %QUE e %AC+QUE as maiores estimativas de h_i foram obtidas pelas populações HG9 (1,25%), HG2 (2,59%) e HG13 (2,84%), respectivamente, enquanto que as menores estimativas foram verificadas nas populações HG1 (-0,72), HG9 (-3,18) e HG5 (-2,17) (Tabela 25).

No experimento 2 (Tabela 27), as populações HG2, HG3, HG5, HG9 e HG10 apresentaram estimativas positivas dos efeitos de variedades para PE. As populações que obtiveram a menor e maior estimativa dos efeitos de variedades (v_i) para o caráter PE, foram respectivamente, HG12 (-0,74 t/ha) e HG10 (0,91 t/ha). Para AP, a população HG5 (20,1 cm) obteve a maior estimativa de v_i e a população HG13 a menor (-11,9 cm). A maior estimativa para AE foi obtida pela população HG11 (8,4 cm), enquanto que a menor estimativa foi obtida pela população HG9 (-8,6). As populações HG1, HG4, HG6, HG9 e HG12 apresentaram valores negativos de v_i tanto para AP assim como para AE. Para o caráter NEP somente as populações HG1, HG5, HG9, HG11, HG13 e HG14 apresentaram v_{is} positivos. As estimativas de v_i para %AC, %QUE e %AC+QUE mostraram que as populações HG1, HG2, HG4, HG5, HG6, HG8, HG10, HG13 e HG14 apresentaram estimativas negativas para estes três caracteres.

No experimento 2, efeitos significativos de heterose de variedades (h_i) foram detectados somente para os caracteres PRE, %AC, %QUE e %AC+QUE. Estimativas negativas de h_i para PRE foram observadas nas populações HG2, HG3, HG6, HG7, HG8, HG12 e HG13. As populações HG4, HG11 e HG12 apresentaram estimativas negativas para %AC, %QUE e %AC+QUE (Tabela 28).

No experimento 3 (Tabela 29), conduzido em Rio Verde, GO, as populações HG1, HG2, HG3, HG5, HG8, HG12 e HG13 apresentaram estimativas positivas de v_i para PE. A maior v_i para este caráter foi observada na população HG13 (0,72 t/ha). Resultados expressivos e positivos de v_i ,

observadas para as populações acima citadas sugerem que estas apresentam maior potencial de uso *per se*, que as demais aqui estudadas.

Os parâmetros negativos e menores obtidos para os caracteres AP, AE, PRE, %AC, %QUE e %AC+QUE são altamente desejáveis nestes experimentos. Estimativas negativas e menores para AP, AE e PRE são desejáveis, pois apresentam o efeito de reduzir o porte da planta, característica importante a ser levada em consideração em programas de melhoramento de milho para condições tropicais. Estimativas negativas e menores para %AC, %QUE e %AC+QUE também são desejáveis, pois contribuem através do modelo aditivo reduzindo a média da porcentagem de plantas acamadas e/ou quebradas.

Estimativas negativas de v_i para AP variando de -2,5 cm a -11,5 cm foram obtidas para as populações HG1, HG6, HG8, HG9, HG12 e HG13. Para o caráter AE as populações HG1, HG2, HG6, HG7, HG8, HG9, HG12, HG13 e HG14 apresentaram estimativas negativas variando de -1,5 cm a -12,5 cm. Por sua vez, as populações HG2, HG7, HG8, HG9, HG12 e HG14 apresentaram estimativas negativas de v_i . As populações HG4, HG6, HG9, HG11 e HG13 apresentaram os maiores valores negativos para v_i (-1,69) para o caráter %AC. Para %QUE, as populações HG6, HG13 e HG14 apresentaram as menores estimativas de v_i (-2,77).

Assim como para estes caracteres vegetativos, estimativas de parâmetros negativos para CERC são favoráveis, pois representam efeitos de redução na média das notas e conseqüentemente maior resistência na populações selecionadas. Estimativas de v_i negativas foram observadas nas populações HG1, HG4, HG7, HG8, HG9 e HG10.

Estimativas dos efeitos de heterose de variedade (h_i) apenas foram significativos para PE e %QUE. Assim, estimativas positivas para PE foram observadas nas populações HG3, HG4, HG6, HG7, HG9, HG10 e HG11. Para o

caráter %QUE foram observadas estimativas negativas nas populações HG5, HG8, HG9, HG10, HG11 e HG14 (Tabela 30).

4.3.4 2 Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij})

As estimativas de heterose específica s_{ij} para os caracteres avaliados no presente estudo estão apresentados nas Tabelas 31, 32 e 33. No experimento 1, conduzido em Piracicaba, SP, apenas para os caracteres PE e AE foram detectados efeitos significativos de heterose específica (s_{ij}). Em Piracicaba (SP) as estimativas de s_{ij} oscilaram entre -3,12 t/ha (HG3xHG7) a 1,41 t/ha (HG7xHG10) para PE e -12,5 cm (HG6xHG12) a 19,7 cm (HG12xHG13) para AE. Os híbridos HG1xHG2, HG1xHG5, HG1xHG10, HG2xHG6, HG2xHG13, HG3xHG5, HG3xHG8, HG3xHG10, HG3xHG14, HG4xHG6, HG4xHG7, HG4xHG10, HG5xHG6, HG5xHG12, HG6xHG13, HG7xHG9, HG7xHG10, HG7xHG11, HG8xHG9, HG8xHG12, HG9xHG11, HG10xHG11, HG10xHG12, HG11xHG14, HG12xHG14 apresentaram estimativas positivas para PE e negativas para AE.

No experimento 2, foram detectados efeitos significativos de heterose específica (s_{ij}) para PE, AP e AE. As estimativas de s_{ij} variaram de -2,85 t/ha (HG3xHG7) a 2,07 t/ha (HG5xHG8); -23,9 cm (HG8xHG14) a 15,7 cm (HG10xHG11) e -15,4 cm (HG2xHG9) a 13,9 cm (HG10xHG11) para PE, AP e AE, respectivamente. Os híbridos HG1xHG2, HG1xHG3, HG1xHG10, HG1xHG12, HG3xHG10, HG4xHG6, HG4xHG7, HG4xHG9, HG4xHG11, HG5xHG7, HG5xHG8, HG5xHG12, HG7xHG10 e HG11xHG14 apresentaram estimativas positivas para PE e negativas para AP e AE.

No experimento 3, apenas foram detectados efeitos significativos de heterose específica (s_{ij}) para PE, AP e NEP. As estimativas de s_{ij} variaram de -2,14 t/ha (HG3xHG7) a 1,65 t/ha (HG9xHG14); -26,4 cm (HG3xHG12) a 16,0

cm (HG3xHG4) e -0,217 (HG12xHG14) a 0,248 (HG1xHG13) para PE, AP e NEP, respectivamente. Os híbridos HG1xHG5, HG1xHG11, HG2xHG11, HG2xHG12, HG2xHG14, HG3xHG8, HG4xHG7, HG4xHG8, HG4xHG9, HG4xHG10, HG4xHG14, HG5xHG7, HG6xHG9, HG9xHG14, HG11xHG12 e HG13xHG14 apresentaram estimativas positivas para PE e NEP e negativas para AP.

4.3.4 3 Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i)

As estimativas de efeitos da capacidade geral de combinação proporcionam informações sobre o comportamento médio de uma população em uma série de cruzamentos. Nas Tabelas 34, 35 e 36 estão apresentadas as estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) para os diversos caracteres estudados avaliados nos três experimentos conduzidos em Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO).

Nas 14 populações avaliadas, as estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação para PE variaram de -0,71 t/ha (HG13) a 0,75 t/ha (HG11) no experimento 1 (Tabela 34), de -0,35 t/ha (HG13) a 0,58 t/ha (HG3) no experimento 2 (Tabela 35) e, de -0,51 t/ha (HG12) a 0,52 t/ha (HG3) no experimento 3 (Tabela 36). Apenas as populações HG3 e HG7 apresentaram g_i s positivos nos três locais de avaliação, representando as melhores opções para síntese de compostos de ampla adaptabilidade.

Para AP, as estimativas de g_i variaram de -5,5 cm (HG2) a 7,7 cm (HG11) no experimento 1. Por sua vez, a população HG11 também apresentou a maior estimativa de g_i (4,4 cm) para AE. No experimento 2, a população HG13 apresentou as menores g_i para AP e AE (-8,3 cm e -4,6 cm, respectivamente), enquanto que a população HG7 apresentou as maiores g_i para estes dois caracteres (5,8 cm e 4,2 cm, respectivamente).

A população HG12 apresentou a maior estimativa de g_i para %AC nos três experimentos conduzidos. Por sua vez, as menores estimativas foram obtidas pelas populações HG4 no experimento 1 e 3 (-7,78 e -8,51, respectivamente) e HG7 (-9,98) no experimento 2.

Nos experimentos 1 e 3, foram observadas as maiores estimativas de g_i para %QUE na população HG2 (20,42 e 17,42, respectivamente), enquanto que a população HG14 obteve as menores estimativas de g_i (-13,02 e -13,99, respectivamente). No experimento 2, a população HG12 apresentou a maior estimativa de g_i , enquanto que as populações HG2, HG3, HG4, HG5, HG8, HG10 e HG11 apresentaram as menores estimativas de g_i (-0,10).

Para o caráter resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) avaliada no experimento 3, a maior estimativa de g_i foi de 0,30 (HG8) e a menor foi de -0,35 (HG2). As populações HG1, HG2, HG4, HG7, HG9, HG11 e HG13 apresentaram g_i s negativos. Estimativas de parâmetros negativos para este caráter são altamente desejáveis, pois representam redução nos níveis de incidência da doença.

Para as estimativas de parâmetros de produção, como PE e NEP, as populações com g_i s positivos representam as melhores opções para síntese de compostos. Assim, na seleção das populações parentais para a síntese de compostos, este critério torna-se determinante.

4.3.5 Predição de médias de compostos

O aumento da variabilidade assim como a exploração da heterose são objetivos da síntese de compostos. No presente estudo foram realizadas predições da performance de compostos de diferentes tamanhos.

O número de compostos (NC) que podem ser preditos é dependente do número de populações (n) utilizadas. Assim, para 14 populações poderiam ser preditos $NC = 2^n - (n+1) = 16369$ compostos.

Este número elevado de possíveis compostos oferece várias alternativas de seleção dos melhores compostos. No entanto, a predição de todos os possíveis compostos torna-se uma tarefa árdua e trabalhosa devido ao grande número de compostos estimados para todos os caracteres avaliados num experimento (Miranda Filho & Chaves, 1991).

Com o objetivo de tornar mais prático o trabalho de predição e seleção de compostos, foram realizadas todas as possíveis predições de compostos de tamanho k igual a 2, 3, 4 e 5. A seleção do composto para sua posterior síntese através da recombinação entre as populações parentais foi baseada nos parâmetros estimados para o dialelo (v_i , h_i , s_{ij} e g_i), com ênfase para os g_i s dos caracteres PE e NEP, CERC e por último os caracteres AP, AE, PRE, %AC, %QUE e %AC+QUE, nesta ordem de importância.

Na Tabela 37 são apresentadas as predições dos dez melhores compostos selecionados de tamanho 4 ($NC_{k=4} = C_{14}^4 = 1001$), juntamente com as médias preditas para CERC. As 4 populações que formam parte dos compostos preditos foram selecionadas com base nos resultados do dialelo e parâmetros estimados, de tal forma a maximizar a performance destas em cruzamentos para os caracteres de interesse e na ordem de prioridade acima citados.

Verificou-se a existência de diminuição do intervalo de variação à medida que o tamanho do composto k aumenta. Tendência similar foi descrita por Miranda Filho & Chaves (1991). A análise dos parâmetros estimados para o dialelo (v_i , h_i , s_{ij} e g_i), com ênfase para os g_i s dos caracteres PE e NEP, CERC e por último os caracteres AP, AE, PRE, %AC, %QUE e %AC+QUE revelaram o potencial genético de compostos adaptados para cada um dos ambientes avaliados.

Assim, procedeu-se à síntese de três compostos de tamanho $k=4$ com boa performance e satisfatório nível de resistência à *Cercospora zeae-maydis* adaptados para Piracicaba, SP (HG7xHG10xHG11xHG14), Anhembi (HG2xHG3xHG10xHG11) e Rio Verde, GO (HG3xHG4xHG10xHG13), com produções preditas de 9,44 t/ha, 9,67 t/ha e 8,33 t/ha, respectivamente.

O composto escolhido no experimento 1 (Piracicaba, SP), sintetizado a partir do inter cruzamento das populações HG7xHG10xHG11xHG14, está caracterizado por apresentar a maior predição para PE. Observando a Tabela 13, verifica-se que o desempenho *per se* destas populações foi satisfatório, embora não tenham sido os melhores observados no presente estudo. As estimativas da capacidade geral de combinação destas populações foram positivas. As populações HG11 e HG14 apresentaram os maiores g_i s para este ambiente. É interessante observar que o quarto composto predito para este local (HG3xHG10xHG11xHG14), difere do composto selecionado (HG7xHG10xHG11xHG14) apenas na substituição da população HG7 pela HG3. Com esta substituição o composto selecionado alcançou maiores valores preditos para PE baseados nas maiores estimativas dos efeitos de variedades, heterose de variedades e heterose específica. O híbrido HG7xHG10 apresentou a maior estimativa de s_{ij} neste local.

No experimento 2 (Anhembi, SP), as populações selecionadas para a síntese do composto HG2xHG3xHG10xHG11 apresentaram boa performance *per se*. As estimativas de g_i s para as populações HG2, HG3 e HG11 foram positivas. A população HG10 apresentou estimativa de g_i negativa, no entanto apresentou a maior estimativa de v_i e uma alta estimativa de heterose específica quando cruzada com a população HG3, que também forma parte do composto selecionado para este ambiente.

Por sua vez, as populações HG3, HG4, HG10 e HG13 que formam parte do composto selecionado no experimento 3 (Rio Verde, GO), apresentaram boa performance *per se*. As estimativas de g_i s para HG3, HG4 e

HG13 foram positivas. A população HG10 apresentou g_i e v_i negativos neste local. No entanto, apresentou valores positivos de h_i e apresentou uma alta estimativa de s_{ii} quando cruzada com a população HG4. Este composto apresentou um valor predito para CERC igual a 3,1 (grandes lesões abaixo da espiga e lesões em todas as folhas acima da espiga), acusando moderada resistência. HG13 foi a população que contribuiu com a maior frequência de alelos de resistência no composto selecionado. As populações HG5 e HG7 que não fazem parte do composto selecionado também se destacaram quanto à frequência de alelos de resistência com alta performance produtiva. Assim, através da síntese deste composto procurou-se obter uma população com boa performance agrônômica e com satisfatório nível de resistência à *Cercospora zeae-maydis*.

Pelos resultados apresentados, a identificação de populações F_2 de híbridos comerciais, avaliação e seleção através da utilização de cruzamentos dialélicos, com posterior recombinação das populações selecionadas torna-se uma estratégia eficiente na síntese de novas populações produtivas, com caracteres vegetativos desejáveis e resistência à *Cercospora zeae-maydis*, as quais podem ser usadas como populações base em programas de melhoramento genético adaptado a condições ambientais específicas.

A utilização de cruzamentos dialélicos permitiu avaliar o potencial genético das populações. As populações com melhor desempenho *per se* poderão ser utilizadas para a obtenção de populações melhoradas. As populações com melhor desempenho em cruzamentos poderão ser utilizadas em programas de seleção visando obtenção de híbridos com elevada performance produtiva e resistência.

Os efeitos de variedade (v_i) nas análises individuais foram significativos para todos os caracteres exceto para PRE (Experimento 2) e NEP, %AC, %QUE e %AC+QUE (Experimento 2).

Estimativas altas e positivas para o efeito de heterose de variedades no presente estudo podem ter sido geradas pela alta quantidade de locos com alta frequência de genes dominantes ou pela maior dispersão de frequência gênicas de algumas variedades em relação às frequências gênicas médias do conjunto (Vencovsky, 1970).

Segundo alguns autores, os efeitos de heterose específica em cruzamentos intervarietais não são tão expressivos (Vencovsky, 1970). No entanto, Moro (1987) observou efeitos significativos de s_{ij} em dialélicos de sintéticos de milho. Segundo este autor, efeitos significativos de heterose específica têm maior probabilidade de serem detectados quando as variedades representam populações fortemente submetidas a seleção. Ordás (1991) apresentou estimativas de heterose específica significativas em um estudo com nove populações de milho na Espanha. No presente estudo foram detectados efeitos significativos para heterose específica para PE assim como para outros caracteres estudados, isto devido provavelmente ao trabalho prévio de seleção realizado, considerando que no presente estudo foram usadas populações F_2 de híbridos comerciais. Estimativas significativas da heterose específica também foram obtidas por Evgenidis et al. (2001) que avaliou quatro populações F_2 de híbridos simples comerciais.

A identificação de híbridos interpopulacionais altamente produtivos no presente estudo fornece subsídios para a obtenção de híbridos de linhagens com performance superior ao híbrido interpopulacional, devido ao fato de que os genes das linhagens, que originam o híbrido simples; são funções das frequências destes genes nas variedades de onde foram obtidos (Souza Junior, 1981).

Através dos resultados apresentados podemos inferir que para CERC, os efeitos de variedade foram preponderantes na variação da resistência à cercosporiose nas diversas populações estudadas, indicando assim maior importância dos componentes aditivos para a resistência.

Resultados semelhantes foram obtidos por Manh (1977); Thompson et al. (1987). No entanto, Elwinger et al. (1990) e Gevers et al. (1994) mencionaram que a dominância deve ser incluída no modelo para explicar a herança da resistência à cercosporiose.

As estimativas de efeitos de variedades e de heterose de variedades, obtidas a partir do modelo de Gardner & Eberhart (1966), foram utilizadas para estimar a capacidade geral de combinação. Estas estimativas de g_{1s} foram úteis na seleção de populações para estudos de predição de compostos.

Predições da performance dos compostos obtidos neste estudo mostram elevada performance, com comportamento diferencial em cada ambiente e variabilidade genética suficiente de tal forma a permitir ganhos expressivos com a seleção. Esta variabilidade genética do composto, fundamental para a expressão da heterose, está relacionada com a divergência genética entre as variedades que entram na sua composição (Goodman, 1965; Dudley & Moll, 1969).

O composto sintetizado para produtividade e resistência à cercosporiose no presente estudo, após recombinação, deverão ser submetidos a um programa de seleção recorrente visando aumentar a frequência de alelos favoráveis, em ambientes com alta incidência do patógeno.

4.4 Conclusões

As populações HG14 (Experimento 1), HG10 (Experimento 2) e HG5 (Experimento 3) apresentaram os maiores valores para os efeitos de populações, possuindo elevado potencial para serem usadas em programas de seleção recorrente intrapopulacional, visando a obtenção de populações adaptadas a condições edafoclimáticas específicas.

A exploração da heterose manifestada nos cruzamentos entre populações F_2 de híbridos comerciais torna-se apropriada e pode ser aproveitada na síntese de compostos de variedades.

Os efeitos significativos de heterose para os caracteres PEC e alguns caracteres vegetativos, revelaram a existência de divergências genéticas entre populações.

Os cruzamentos HG7xHG10, HG5xHG8 e HG9xHG14 que apresentaram as maiores estimativas de heterose específica para PEC em Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO), respectivamente, são opções interessantes de exploração de padrões heteróticos para emprego em programas de seleção recorrente interpopulacional.

Os tratamentos dos ensaios dialélicos, populações parentais e cruzamentos, apresentaram satisfatório nível de resistência à *Cercospora zeae-maydis*, sendo detectadas diferenças significativas no efeito de tratamentos para esta característica.

As populações HG7, HG10, HG11 e HG14 no experimento 1, HG2, HG3, HG10 e HG11 no experimento 2 apresentaram as melhores opções de uso em relação aos caracteres de produção, visando a síntese de compostos. As populações HG3, HG4, HG10 e HG13 no experimento 3, apresentam as melhores opções para síntese de compostos de boa performance agrônômica e resistência à cercosporiose.

5 CONCLUSÕES GERAIS

- Existe suficiente variabilidade genética para os diversos caracteres avaliados nas populações estudadas.
- Foi possível identificar populações com elevado potencial genético, que podem ser usadas em programas de seleção recorrente intrapopulacional e interpopulacional.
- É viável a exploração da heterose, manifestada em alguns cruzamentos, visando a síntese de compostos de variedades de boa performance agrônômica e elevado padrão de resistência à cercosporiose.
- Foi possível identificar populações com excelente potencial genético para serem utilizadas como populações base em programas de melhoramento para a região Sudoeste de Goiás.

ANEXO

Tabela 13. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	6,3658	176	94	0,53	1,14	1,32	1,39	2,71
HG2	6,5095	174	97	0,56	1,04	2,79	1,47	4,26
HG3	7,5991	181	100	0,55	1,03	1,56	1,56	3,13
HG4	7,0365	180	104	0,58	1,36	0,00	1,67	1,67
HG5	7,3415	184	096	0,52	1,07	1,39	4,18	5,56
HG6	7,5577	188	104	0,55	1,08	0,00	0,00	0,00
HG7	7,2326	195	110	0,56	1,01	3,13	1,56	4,69
HG8	7,5694	188	106	0,56	1,02	1,47	1,39	2,86
HG9	7,2281	168	93	0,55	1,31	0,00	9,79	9,79
HG10	7,4823	187	108	0,58	1,09	1,32	1,47	2,79
HG11	6,8626	197	110	0,56	1,20	0,00	7,29	7,29
HG12	6,7168	182	94	0,52	1,12	5,57	4,26	9,83
HG13	6,4927	178	96	0,54	1,28	0,00	0,00	0,00
HG14	8,4069	195	110	0,56	1,28	2,71	0,00	2,71
HG1xHG2	8,6708	183	100	0,55	1,27	0,00	2,58	2,58
HG1xHG3	9,0413	193	111	0,57	1,05	0,00	0,00	0,00
HG1xHG4	8,4836	187	108	0,58	1,12	0,00	2,63	2,63
HG1xHG5	8,7336	193	103	0,53	1,14	1,25	0,00	1,25
HG1xHG6	8,2958	187	106	0,57	1,07	0,00	2,94	2,94
HG1xHG7	8,4321	182	101	0,55	1,22	1,32	4,26	5,57
HG1xHG8	8,3557	195	114	0,58	1,09	0,00	1,32	1,32
HG1xHG9	8,5012	187	101	0,54	1,28	0,00	2,95	2,95
HG1xHG10	9,4794	192	111	0,58	1,22	2,78	2,78	5,56
HG1xHG11	9,3620	195	109	0,56	1,12	0,00	5,76	5,76
HG1xHG12	8,2717	191	106	0,55	1,12	0,00	4,03	4,03
HG1xHG13	6,3165	165	94	0,57	1,10	1,56	0,00	1,56
HG1xHG14	8,1237	188	101	0,54	1,10	1,47	4,19	5,66
HG2xHG3	9,3017	191	109	0,57	1,11	1,39	4,34	5,73
HG2xHG4	8,5739	182	102	0,56	1,13	1,32	5,28	6,60
HG2xHG5	8,7575	185	104	0,56	1,15	1,39	2,71	4,09
HG2xHG6	9,0543	184	99	0,54	1,09	0,00	0,00	0,00
HG2xHG7	9,8121	191	112	0,59	1,04	4,09	2,63	6,73
HG2xHG8	9,4542	189	111	0,59	1,18	5,36	1,39	6,75
HG2xHG9	6,9661	174	91	0,52	1,20	3,33	8,33	11,67

Tabela 13. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG2xHG10	8,9072	185	107	0,58	1,06	2,57	3,95	6,51
HG2xHG11	9,3911	193	105	0,54	1,05	1,32	4,17	5,48
HG2xHG12	9,2398	189	104	0,55	1,28	3,14	9,14	12,27
HG2xHG13	8,4403	176	100	0,57	1,14	0,00	5,90	5,90
HG2xHG14	10,0606	200	116	0,58	1,17	0,00	2,79	2,79
HG3xHG4	9,5691	199	113	0,57	1,11	0,00	0,00	0,00
HG3xHG5	10,3892	197	110	0,56	1,05	0,00	0,00	0,00
HG3xHG6	10,3813	204	118	0,58	1,04	0,00	1,47	1,47
HG3xHG7	6,4460	180	100	0,56	0,97	2,88	1,56	4,44
HG3xHG8	9,3102	192	106	0,55	1,07	1,47	1,25	2,72
HG3xHG9	9,7891	195	107	0,55	1,00	0,00	0,00	0,00
HG3xHG10	9,9378	178	106	0,59	0,98	1,39	3,75	5,14
HG3xHG11	9,6957	201	119	0,59	1,09	1,32	3,13	4,44
HG3xHG12	7,7828	193	102	0,53	1,08	4,41	4,17	8,58
HG3xHG13	8,8260	197	111	0,56	1,11	1,56	5,83	7,39
HG3xHG14	9,9782	193	109	0,56	1,02	1,39	1,39	2,78
HG4xHG5	7,6407	188	107	0,57	1,12	0,00	0,00	0,00
HG4xHG6	8,9943	183	106	0,58	1,04	1,32	0,00	1,32
HG4xHG7	9,7200	191	110	0,57	1,11	0,00	4,44	4,44
HG4xHG8	9,4965	193	109	0,57	1,09	0,00	0,00	0,00
HG4xHG9	8,1297	190	107	0,57	1,11	0,00	1,56	1,56
HG4xHG10	9,4712	188	102	0,54	1,09	0,00	1,39	1,39
HG4xHG11	8,8813	204	113	0,55	1,24	1,47	1,32	2,79
HG4xHG12	8,5306	197	108	0,55	1,10	1,32	2,79	4,10
HG4xHG13	9,0533	194	114	0,59	1,16	1,47	4,10	5,57
HG4xHG14	9,2443	193	110	0,57	1,10	0,00	0,00	0,00
HG5xHG6	9,8851	199	106	0,53	1,10	1,79	4,56	6,35
HG5xHG7	8,7755	185	105	0,57	1,03	0,00	1,39	1,39
HG5xHG8	8,9422	207	116	0,56	1,10	1,32	1,32	2,63
HG5xHG9	8,6360	190	104	0,55	1,09	2,63	2,79	5,42
HG5xHG10	9,6521	200	111	0,55	0,97	1,56	0,00	1,56
HG5xHG11	9,1161	200	115	0,58	1,24	1,47	2,63	4,10
HG5xHG12	8,8412	186	101	0,55	1,11	0,00	1,47	1,47
HG5xHG13	8,9037	200	115	0,57	1,23	0,00	1,39	1,39

Tabela 13. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG5xHG14	9,3693	200	113	0,57	1,13	0,00	0,00	0,00
HG6xHG7	9,8952	200	113	0,57	1,03	0,00	2,78	2,78
HG6xHG8	6,6868	183	100	0,55	0,97	2,63	1,25	3,88
HG6xHG9	9,4280	195	108	0,56	1,20	0,00	2,71	2,71
HG6xHG10	7,2029	187	106	0,57	1,02	2,78	0,00	2,78
HG6xHG11	9,7806	202	118	0,58	1,08	2,92	2,63	5,55
HG6xHG12	8,6212	183	91	0,50	1,09	1,32	2,63	3,95
HG6xHG13	8,7916	192	106	0,55	1,19	0,00	2,94	2,94
HG6xHG14	8,5978	188	109	0,58	1,14	1,32	0,00	1,32
HG7xHG8	9,7806	196	108	0,55	1,12	1,32	0,00	1,32
HG7xHG9	9,4264	183	97	0,53	1,07	1,25	4,25	5,50
HG7xHG10	10,7175	205	115	0,56	1,01	1,25	1,32	2,57
HG7xHG11	10,0533	196	106	0,54	1,14	0,00	2,79	2,79
HG7xHG12	8,4750	188	99	0,53	1,05	1,47	2,58	4,05
HG7xHG13	8,3583	191	109	0,57	1,06	2,71	0,00	2,71
HG7xHG14	9,8484	203	116	0,57	1,21	4,26	1,47	5,73
HG8xHG9	8,6657	188	99	0,53	1,04	1,32	0,00	1,32
HG8xHG10	6,5691	179	97	0,54	1,03	1,47	0,00	1,47
HG8xHG11	10,1812	201	113	0,56	1,22	0,00	0,00	0,00
HG8xHG12	9,5864	191	100	0,52	1,18	2,94	1,32	4,26
HG8xHG13	8,2591	190	109	0,58	1,12	2,50	2,78	5,28
HG8xHG14	7,9763	184	106	0,58	1,10	1,19	0,00	1,19
HG9xHG10	8,7736	196	106	0,54	1,14	0,00	2,50	2,50
HG9xHG11	10,1379	191	96	0,50	1,12	2,94	0,00	2,94
HG9xHG12	8,9842	192	106	0,55	1,24	7,12	3,13	10,24
HG9xHG13	7,9056	182	104	0,57	1,14	5,56	4,09	9,66
HG9xHG14	10,3848	201	113	0,56	1,29	0,00	1,56	1,56
HG10xHG11	10,8147	202	110	0,55	1,03	0,00	0,00	0,00
HG10xHG12	8,9034	188	98	0,52	1,08	2,63	0,00	2,63
HG10xHG13	8,3150	185	101	0,54	1,03	0,00	0,00	0,00
HG10xHG14	8,6572	202	116	0,57	1,11	2,81	0,00	2,81
HG11xHG12	8,8630	201	110	0,55	1,26	3,13	8,94	12,07
HG11xHG13	8,7819	197	112	0,57	1,23	1,32	0,00	1,32
HG11xHG14	10,4331	198	120	0,60	1,20	0,00	0,00	0,00

Tabela 13. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG12xHG13	7,2519	176	125	0,71	1,09	0,00	11,47	11,47
HG12xHG14	10,1000	194	106	0,55	1,17	7,11	0,00	7,11
HG13xHG14	8,8128	195	108	0,55	1,13	1,32	0,00	1,32
Média	8,7222	190	106	0,56	1,12	1,42	2,26	3,67
AG6018	7,1762	195	104	0,53	1,15	0,72	1,60	2,32
CVe%	10,18	5,87	9,67	8,04	11,03	30,73	35,77	39,21

Tabela 14. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Anhembi (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	7,1607	163	72	0,44	1,37	0,00	0,00	0,00
HG2	8,1610	172	79	0,47	1,08	0,00	0,00	0,00
HG3	7,4289	172	81	0,48	0,90	3,06	0,00	3,06
HG4	6,7777	166	73	0,45	0,97	0,00	0,00	0,00
HG5	7,8704	190	85	0,45	1,09	0,00	0,00	0,00
HG6	7,3854	164	74	0,46	1,01	0,00	0,00	0,00
HG7	7,0539	167	82	0,49	0,98	4,55	0,00	4,55
HG8	7,1073	175	84	0,48	0,93	0,00	0,00	0,00
HG9	8,2590	159	70	0,44	1,41	4,72	0,00	4,72
HG10	8,3036	173	81	0,47	1,08	0,00	0,00	0,00
HG11	7,3880	186	87	0,47	1,11	7,11	0,00	7,11
HG12	6,6554	161	72	0,45	1,03	6,77	1,56	8,33
HG13	6,8010	158	82	0,52	1,09	0,00	0,00	0,00
HG14	7,1641	173	79	0,46	1,13	0,00	0,00	0,00
HG1xHG2	9,3079	178	82	0,46	1,12	3,74	0,00	3,74
HG1xHG3	9,8624	178	82	0,47	1,39	8,33	0,00	8,33
HG1xHG4	9,8637	192	89	0,47	1,13	1,67	0,00	1,67
HG1xHG5	8,7871	189	91	0,48	1,26	0,00	0,00	0,00
HG1xHG6	8,8669	193	92	0,48	1,26	0,00	0,00	0,00
HG1xHG7	8,9642	189	90	0,48	1,11	4,06	0,00	4,06
HG1xHG8	9,2972	184	87	0,48	1,00	0,00	0,00	0,00
HG1xHG9	9,3341	184	87	0,48	1,02	1,39	0,00	1,39
HG1xHG10	9,1068	174	80	0,47	1,03	2,50	0,00	2,50
HG1xHG11	8,7043	185	90	0,49	1,03	0,00	0,00	0,00
HG1xHG12	9,5010	181	79	0,44	1,38	1,92	0,00	1,92
HG1xHG13	6,9751	170	80	0,48	1,15	6,69	0,00	6,69
HG1xHG14	9,0871	187	90	0,48	1,11	1,56	1,39	2,95
HG2xHG3	10,2427	192	89	0,47	1,18	0,00	0,00	0,00
HG2xHG4	8,2294	178	80	0,46	1,09	3,31	0,00	3,31
HG2xHG5	9,4783	194	93	0,48	1,08	0,00	0,00	0,00
HG2xHG6	9,2235	190	85	0,45	1,13	0,00	0,00	0,00
HG2xHG7	9,5214	177	88	0,50	1,01	1,79	0,00	1,79
HG2xHG8	8,2420	182	89	0,49	0,95	0,00	0,00	0,00
HG2xHG9	8,0283	159	68	0,43	1,16	1,79	0,00	1,79

Tabela 14. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Anhembi (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG2xHG10	8,7903	184	87	0,47	1,17	5,00	0,00	5,00
HG2xHG11	10,3659	189	86	0,46	1,23	5,56	0,00	5,56
HG2xHG12	9,7633	178	82	0,46	1,26	2,94	0,00	2,94
HG2xHG13	8,8704	181	81	0,45	1,13	0,00	0,00	0,00
HG2xHG14	9,7166	191	93	0,49	1,10	4,96	0,00	4,96
HG3xHG4	10,2876	198	91	0,46	1,13	1,92	0,00	1,92
HG3xHG5	9,6717	190	93	0,49	1,12	0,00	0,00	0,00
HG3xHG6	10,9762	199	92	0,47	1,03	1,47	0,00	1,47
HG3xHG7	7,3330	179	85	0,48	0,93	0,00	0,00	0,00
HG3xHG8	8,9470	185	87	0,47	1,18	3,57	0,00	3,57
HG3xHG9	8,8281	174	86	0,50	1,25	3,33	0,00	3,33
HG3xHG10	10,4850	175	77	0,44	1,08	5,56	0,00	5,56
HG3xHG11	10,4404	188	93	0,50	1,18	0,00	0,00	0,00
HG3xHG12	8,7436	179	78	0,44	1,06	8,57	0,00	8,57
HG3xHG13	10,4252	179	87	0,49	2,10	0,00	0,00	0,00
HG3xHG14	9,9129	204	99	0,48	1,40	0,00	0,00	0,00
HG4xHG5	6,7460	173	84	0,48	1,14	1,47	0,00	1,47
HG4xHG6	8,7417	183	82	0,46	0,83	0,00	0,00	0,00
HG4xHG7	9,4137	185	87	0,48	1,07	0,00	0,00	0,00
HG4xHG8	8,8840	189	91	0,48	0,98	0,00	0,00	0,00
HG4xHG9	9,7513	174	76	0,44	1,05	0,00	0,00	0,00
HG4xHG10	8,4914	178	84	0,47	0,96	0,00	0,00	0,00
HG4xHG11	9,7441	182	85	0,47	1,13	0,00	0,00	0,00
HG4xHG12	8,5705	187	91	0,49	1,25	2,50	0,00	2,50
HG4xHG13	8,6223	179	86	0,48	1,08	0,00	0,00	0,00
HG4xHG14	9,3685	197	93	0,47	1,19	0,00	0,00	0,00
HG5xHG6	8,2831	179	87	0,48	0,98	0,00	0,00	0,00
HG5xHG7	10,1412	188	88	0,47	1,14	1,56	0,00	1,56
HG5xHG8	10,7411	192	91	0,48	1,53	4,17	0,00	4,17
HG5xHG9	8,3787	189	94	0,50	1,20	1,67	0,00	1,67
HG5xHG10	7,5987	176	88	0,50	1,04	0,00	0,00	0,00
HG5xHG11	9,0152	183	85	0,47	1,05	0,00	0,00	0,00
HG5xHG12	9,3103	174	86	0,49	1,15	0,00	0,00	0,00
HG5xHG13	8,9628	175	90	0,51	1,10	4,17	0,00	4,17

Tabela 14. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Anhembi (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG5xHG14	8,5013	194	93	0,49	1,08	0,00	0,00	0,00
HG6xHG7	10,3050	202	101	0,50	1,09	0,00	0,00	0,00
HG6xHG8	7,2176	175	76	0,43	1,03	7,33	0,00	7,33
HG6xHG9	9,4730	185	86	0,47	1,13	0,00	0,00	0,00
HG6xHG10	7,5486	174	80	0,46	1,04	3,33	0,00	3,33
HG6xHG11	8,9663	185	86	0,47	1,02	3,33	0,00	3,33
HG6xHG12	9,0811	185	83	0,45	1,28	5,00	1,92	6,92
HG6xHG13	9,1912	179	83	0,46	1,05	0,00	0,00	0,00
HG6xHG14	8,1690	178	83	0,47	1,24	2,08	0,00	2,08
HG7xHG8	9,9273	196	94	0,48	1,09	0,00	0,00	0,00
HG7xHG9	10,5828	189	90	0,48	1,08	0,00	1,39	1,39
HG7xHG10	9,8600	185	87	0,48	1,12	0,00	0,00	0,00
HG7xHG11	10,0971	203	101	0,50	1,58	0,00	0,00	0,00
HG7xHG12	8,4858	185	86	0,47	1,03	0,00	0,00	0,00
HG7xHG13	8,6292	183	85	0,47	1,08	3,57	0,00	3,57
HG7xHG14	11,1351	202	93	0,46	1,10	0,00	0,00	0,00
HG8xHG9	8,9519	186	87	0,47	1,09	0,00	0,00	0,00
HG8xHG10	7,6816	186	85	0,46	0,99	0,00	0,00	0,00
HG8xHG11	9,5865	193	90	0,47	1,16	1,32	0,00	1,32
HG8xHG12	10,4669	185	82	0,45	1,23	0,00	0,00	0,00
HG8xHG13	9,5860	183	82	0,45	1,17	4,69	0,00	4,69
HG8xHG14	7,2133	166	76	0,46	1,23	0,00	0,00	0,00
HG9xHG10	10,2510	183	91	0,50	1,09	2,94	0,00	2,94
HG9xHG11	9,2895	178	86	0,49	1,36	0,00	0,00	0,00
HG9xHG12	9,0005	190	87	0,46	1,11	8,23	0,00	8,23
HG9xHG13	10,0614	173	76	0,44	1,27	1,39	0,00	1,39
HG9xHG14	8,8976	193	96	0,50	1,12	0,00	0,00	0,00
HG10xHG11	11,3720	200	102	0,51	1,29	0,00	0,00	0,00
HG10xHG12	8,6493	186	83	0,45	1,11	4,69	0,00	4,69
HG10xHG13	8,3904	170	79	0,47	1,00	0,00	0,00	0,00
HG10xHG14	7,6290	180	89	0,50	0,88	2,78	0,00	2,78
HG11xHG12	10,1113	187	88	0,48	1,27	1,56	0,00	1,56
HG11xHG13	7,8092	173	75	0,44	1,21	0,00	0,00	0,00
HG11xHG14	9,8842	193	89	0,46	1,78	0,00	0,00	0,00

Tabela 14. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Anhembi (SP). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG12xHG13	8,6562	171	78	0,46	1,05	5,88	3,57	9,46
HG12xHG14	9,5844	192	84	0,44	1,47	3,85	0,00	3,85
HG13xHG14	8,8106	179	88	0,49	1,10	1,56	0,00	1,56
Média	8,9287	182	85	0,47	1,14	1,78	0,09	1,87
AG6018	7,7848	186	82	0,44	1,25	1,98	0,00	1,98
DAS950	6,8623	207	93	0,45	1,05	1,72	0,00	1,72
CVe%	13,19	6,87	9,95	6,74	28,83	35,68	24,23	35,66

Tabela 15. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Rio Verde (GO). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC +	CERC
								QUE	
HG1	6,9920	144	80	0,55	0,98	1,32	1,39	2,71	3,00
HG2	6,6431	151	80	0,52	1,05	2,79	1,32	4,10	3,25
HG3	7,0830	154	87	0,56	1,13	1,56	1,56	3,13	4,25
HG4	6,4552	164	96	0,58	1,04	0,00	1,56	1,56	3,00
HG5	7,6230	168	93	0,55	1,07	1,79	5,34	7,13	3,50
HG6	5,6125	141	80	0,57	0,98	0,00	0,00	0,00	3,25
HG7	6,0873	152	81	0,53	1,00	3,13	1,56	4,69	2,50
HG8	6,8283	148	80	0,54	1,00	1,56	1,39	2,95	2,50
HG9	6,1374	139	70	0,50	0,95	0,00	8,96	8,96	3,00
HG10	6,0928	153	90	0,58	1,03	1,67	1,56	3,23	2,75
HG11	6,1091	159	87	0,55	0,99	0,00	8,67	8,67	3,25
HG12	6,6850	143	75	0,53	1,20	6,83	5,41	12,24	4,00
HG13	7,2990	139	78	0,56	1,02	0,00	0,00	0,00	3,25
HG14	6,4348	152	78	0,51	1,09	2,98	0,00	2,98	3,50
HG1xHG2	8,7397	166	87	0,52	1,04	0,00	2,71	2,71	2,00
HG1xHG3	8,2265	157	83	0,52	1,06	0,00	0,00	0,00	3,00
HG1xHG4	8,0679	168	93	0,55	1,03	0,00	3,33	3,33	2,75
HG1xHG5	8,8769	163	93	0,57	1,12	1,47	0,00	1,47	2,75
HG1xHG6	7,3480	164	90	0,55	1,03	0,00	2,94	2,94	3,50
HG1xHG7	9,0909	165	91	0,56	1,09	1,47	3,89	5,36	3,00
HG1xHG8	6,9868	166	100	0,60	0,99	0,00	1,39	1,39	3,00
HG1xHG9	8,6065	164	84	0,51	1,03	0,00	2,64	2,64	3,50
HG1xHG10	8,4030	152	92	0,60	1,00	2,50	2,81	5,31	3,00
HG1xHG11	8,3862	165	94	0,57	1,20	0,00	6,46	6,46	3,50
HG1xHG12	7,8161	164	84	0,51	1,07	0,00	4,09	4,09	3,50
HG1xHG13	6,9094	152	84	0,55	1,34	1,56	0,00	1,56	3,00
HG1xHG14	7,0215	165	91	0,55	1,10	1,39	4,09	5,48	3,50
HG2xHG3	8,6194	178	92	0,51	1,04	1,67	4,65	6,32	3,75
HG2xHG4	8,3103	163	93	0,57	0,99	1,32	5,34	6,66	2,25
HG2xHG5	7,3577	169	99	0,59	0,98	1,25	2,72	3,97	2,25
HG2xHG6	6,6999	163	85	0,52	1,06	0,00	0,00	0,00	2,75
HG2xHG7	7,7842	160	86	0,53	1,00	4,03	2,50	6,53	2,25

Tabela 15. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Rio Verde (GO). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC + QUE	CERC
HG2xHG8	7,1597	167	99	0,59	0,91	5,00	1,25	6,25	3,75
HG2xHG9	6,7010	147	76	0,52	1,02	2,50	6,25	8,75	3,50
HG2xHG10	7,9695	170	96	0,56	0,99	3,10	3,95	7,05	3,25
HG2xHG11	8,1923	168	88	0,53	1,12	1,39	3,75	5,14	2,00
HG2xHG12	7,4463	159	86	0,54	1,10	3,14	9,06	12,20	2,75
HG2xHG13	8,2062	167	86	0,51	1,12	0,00	5,59	5,59	3,00
HG2xHG14	7,7739	163	92	0,56	1,06	0,00	2,88	2,88	3,50
HG3xHG4	9,2600	185	106	0,57	1,09	0,00	0,00	0,00	3,00
HG3xHG5	8,8069	172	101	0,58	1,16	0,00	0,00	0,00	3,50
HG3xHG6	8,7947	166	95	0,57	1,12	0,00	1,39	1,39	2,50
HG3xHG7	6,5681	163	95	0,58	1,21	4,17	2,08	6,25	3,00
HG3xHG8	9,1970	161	95	0,59	1,21	1,56	1,67	3,23	4,00
HG3xHG9	9,0366	158	88	0,56	1,06	0,00	0,00	0,00	3,50
HG3xHG10	8,0452	179	94	0,52	1,12	1,25	4,17	5,42	3,25
HG3xHG11	7,9655	172	93	0,54	1,09	1,47	2,63	4,10	3,25
HG3xHG12	6,3620	136	69	0,51	1,10	5,00	5,77	10,77	3,75
HG3xHG13	9,6037	166	94	0,57	1,01	1,39	5,34	6,73	2,50
HG3xHG14	8,3936	171	98	0,57	1,17	1,32	1,32	2,63	3,00
HG4xHG5	7,3474	170	100	0,59	1,05	0,00	0,00	0,00	3,00
HG4xHG6	8,9978	165	93	0,57	1,04	1,47	0,00	1,47	3,00
HG4xHG7	9,0088	163	99	0,61	1,14	0,00	4,19	4,19	3,75
HG4xHG8	8,0581	161	96	0,59	1,06	0,00	0,00	0,00	3,25
HG4xHG9	8,6877	157	90	0,57	1,13	0,00	1,47	1,47	2,75
HG4xHG10	9,3896	160	91	0,56	1,08	0,00	1,32	1,32	2,75
HG4xHG11	7,3320	168	98	0,58	1,08	2,27	1,39	3,66	3,25
HG4xHG12	7,7166	163	92	0,56	1,05	1,47	3,03	4,50	3,75
HG4xHG13	8,2670	168	91	0,54	1,05	1,56	4,17	5,73	3,25
HG4xHG14	8,1772	167	97	0,58	1,10	0,00	0,00	0,00	3,25
HG5xHG6	9,3302	163	96	0,58	1,29	1,32	5,86	7,18	3,50
HG5xHG7	8,9748	170	96	0,56	1,13	0,00	1,67	1,67	2,75
HG5xHG8	9,0031	172	96	0,56	1,16	1,67	1,25	2,92	4,00
HG5xHG9	7,7201	163	92	0,57	0,96	2,78	2,71	5,48	3,25

Tabela 15. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Rio Verde (GO). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC + QUE	CERC
HG5xHG10	7,6813	162	94	0,58	1,01	1,47	0,00	1,47	4,00
HG5xHG11	8,0534	171	96	0,56	0,98	1,32	2,78	4,09	4,00
HG5xHG12	7,3805	159	88	0,55	1,09	0,00	1,56	1,56	3,75
HG5xHG13	8,5419	158	88	0,56	1,00	0,00	1,47	1,47	2,50
HG5xHG14	7,5730	173	107	0,62	1,12	0,00	0,00	0,00	3,00
HG6xHG7	7,6022	161	93	0,58	1,18	0,00	4,55	4,55	3,50
HG6xHG8	7,0275	150	81	0,54	1,13	3,03	1,56	4,60	3,25
HG6xHG9	8,2565	147	79	0,5348	1,13	0,00	2,63	2,63	3,00
HG6xHG10	6,4099	156	86	0,5496	1,13	2,78	0,00	2,78	3,25
HG6xHG11	7,5024	163	88	0,5385	0,98	2,72	2,57	5,29	3,00
HG6xHG12	7,4058	164	83	0,5083	1,12	1,56	2,94	4,50	3,75
HG6xHG13	7,5696	156	85	0,5463	1,06	0,00	2,94	2,94	3,50
HG6xHG14	5,9822	160	88	0,5528	1,00	1,67	0,00	1,67	3,50
HG7xHG8	7,5945	176	104	0,5903	0,97	1,47	0,00	1,47	3,75
HG7xHG9	8,5203	166	93	0,5579	1,05	1,39	4,02	5,41	3,25
HG7xHG10	7,6940	162	92	0,5627	1,13	1,32	1,32	2,63	3,25
HG7xHG11	8,1171	176	95	0,5406	1,06	0,00	2,95	2,95	2,00
HG7xHG12	7,4882	165	93	0,5603	1,20	1,47	3,35	4,82	3,75
HG7xHG13	9,7449	169	95	0,5637	1,25	2,95	0,00	2,95	2,75
HG7xHG14	7,9695	178	102	0,5741	1,14	4,30	1,56	5,86	3,50
HG8xHG9	8,1587	165	90	0,5442	1,13	1,47	0,00	1,47	2,50
HG8xHG10	6,2236	157	88	0,5569	1,06	2,27	0,00	2,27	3,50
HG8xHG11	6,9480	170	99	0,5829	0,96	0,00	0,00	0,00	3,75
HG8xHG12	7,5766	170	92	0,5425	1,10	3,03	1,67	4,70	3,25
HG8xHG13	6,9145	164	90	0,5491	0,90	2,50	2,94	5,44	3,00
HG8xHG14	6,1321	152	90	0,5896	1,09	1,39	0,00	1,39	3,75
HG9xHG10	8,3589	165	91	0,5480	1,00	0,00	2,63	2,63	3,25
HG9xHG11	6,9301	157	86	0,5457	0,93	2,78	0,00	2,78	3,00
HG9xHG12	6,9353	151	82	0,5371	0,94	7,03	2,94	9,97	3,50
HG9xHG13	7,3230	149	76	0,5038	0,99	5,34	4,09	9,44	2,50
HG9xHG14	9,2026	172	97	0,5598	1,11	0,00	1,39	1,39	2,75
HG10xHG11	7,8745	168	103	0,6109	1,08	0,00	0,00	0,00	3,50

Tabela 15. Média das populações e seus cruzamentos dialélicos para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Rio Verde (GO). 2001/02

Genitores	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC + QUE	CERC
HG10xHG12	7,6767	161	91	0,5618	1,18	2,50	0,00	2,50	3,75
HG10xHG13	8,5766	162	88	0,5430	1,04	0,00	0,00	0,00	3,25
HG10xHG14	6,3139	168	97	0,5782	1,12	3,34	0,00	3,34	2,50
HG11xHG12	8,3457	163	85	0,5207	1,32	3,57	9,30	12,87	2,75
HG11xHG13	7,8671	174	93	0,5375	1,06	1,56	0,00	1,56	2,50
HG11xHG14	7,6113	171	96	0,5599	1,12	0,00	0,00	0,00	3,75
HG12xHG13	8,0945	157	89	0,5724	1,12	0,00	13,33	13,33	2,50
HG12xHG14	6,3074	167	95	0,5651	0,90	7,10	0,00	7,10	3,75
HG13xHG14	8,2814	153	85	0,5544	1,15	1,47	0,00	1,47	3,25
Média	7,7199	162	90	0,5558	1,07	1,49	2,35	3,85	3,17
AG6018	6,3543	169	89	0,5279	1,04	0,72	1,55	2,27	3,50
CVe%	12,56	6,69	9,94	7,19	12,74	30,44	34,76	38,67	27,8

Tabela 16. Resumo da análise de variância individual do ensaio de cruzamentos dialélicos 14x14, com quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP). 2001/02

Caracteres	Tratamento		Fontes de Variação		Erro	
	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM
PE	104	4,6970**	3	2,0166*	312	0,7879
AP	104	0,0276**	3	0,0878**	312	0,0125
AE	104	0,0177**	3	0,0175 ^{ns}	312	0,0105
PRE	104	0,0024 ^{ns}	3	0,0004 ^{ns}	312	0,0020
NEP	104	0,0272**	3	0,0021 ^{ns}	312	0,0152
%AC ^δ	104	37,4984 ^{ns}	3	185,4705**	312	35,0760
%QUE ^δ	104	69,7414*	3	693,7050**	312	53,4725
%AC+QUE ^δ	104	97,0033 ^{ns}	3	269,6658*	312	82,9659

^δ dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 17. Resumo da análise de variância individual do ensaio de cruzamentos dialélicos 14x14, com quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Anhembi (SP). 2001/02

Caracteres	Tratamento		Fontes de Variação		Erro	
	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM
PE	104	4,7900**	3	3,6513*	312	1,3866
AP	104	0,0397**	3	2,7773**	312	0,0157
AE	104	0,0170**	3	0,0995**	312	0,0072
PRE	104	0,0015**	3	0,3028**	312	0,0010
NEP	104	0,1213 ^{ns}	3	0,4108**	312	0,1085
%AC ^δ	104	74,5740 ^{ns}	3	196,1925*	312	66,4586
%QUE ^δ	104	30,3464*	3	40,2186 ^{ns}	312	23,7184
%AC+QUE ^δ	104	79,7570 ^{ns}	3	170,4711*	312	67,2926

^δ dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 18. Resumo da análise de variância individual do ensaio de cruzamentos dialélicos 14x14, com quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Rio Verde (GO). 2001/02

Caracteres	Tratamento		Fontes de Variação		Erro	
	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM
PE	104	3,5340**	3	7,8246**	312	0,9398
AP	104	0,0333**	3	0,2596**	312	0,0118
AE	104	0,0211**	3	0,2164**	312	0,0080
PRE	104	0,0025**	3	0,0202**	312	0,0016
NEP	104	0,0282**	3	0,0215 ^{ns}	312	0,0187
%AC ^δ	104	41,1650 ^{ns}	3	182,8836**	312	36,5370
%QUE ^δ	104	72,5699*	3	723,1485**	312	54,6575
%AC+QUE ^δ	104	100,3057 ^{ns}	3	260,2795*	312	85,4154
CERC	104	0,9669*	3	2,4278*	312	0.7771

^δ dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 19. Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios de cruzamentos dialélicos 14x14, com quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO). 2001/02

Caracteres	Fontes de Variação											
	Local		Bloco/Local		Tratamento		Trat.x Local		Erro			
	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM
PE	2	175,588**	9	4,498**	104	9,070**	208	1,826**	936	1,038	936	1,038
AP	2	8,846**	9	1,042**	104	0,071**	208	0,015 ^{ns}	936	0,013	936	0,013
AE	2	5,000**	9	0,111**	104	0,038**	208	0,009 ^{ns}	936	0,009	936	0,009
PRE	2	1,022**	9	0,108**	104	0,003**	208	0,002 ^{ns}	936	0,002	936	0,002
NEP	2	0,524 ^{ns}	9	0,145**	104	0,057 ^{ns}	208	0,060**	936	0,047	936	0,047
%AC ^δ	2	1544,358**	9	188,182**	104	89,170**	208	32,034 ^{ns}	936	46,024	936	46,024
%QUE ^δ	2	144,000 ^{ns}	9	485,691**	104	97,013**	208	37,823 ^{ns}	936	43,950	936	43,950
%AC+QUE ^δ	2	90,226 ^{ns}	9	233,472**	104	182,145**	208	47,461 ^{ns}	936	78,558	936	78,558

^δ dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 20. Médias e coeficiente de variação experimental (CVe%)s caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Piracicaba, SP (Local 1), Anhembí, SP (Local 2) e Rio Verde, GO (Local 3). 2001/02

Caracteres	Média				CVe%			
	Local 1	Local 2	Local 3	Conjunta	Local 1	Local 2	Local 3	Conjunta
PE	8,7222	8,9287	7,7199	8,4570	10,18	13,19	12,56	12,05
AP	1,9011	1,8213	1,6195	1,7807	5,87	6,87	6,69	6,47
AE	1,0619	0,8533	0,9022	0,9391	9,67	9,95	9,94	9,87
PRE	0,5585	0,4717	0,5558	0,5286	8,04	6,74	7,19	7,42
NEP	1,1189	1,1426	1,0731	1,1115	11,03	28,83	12,74	19,60
%AC	1,4172	1,7800	1,4940	1,5637	19,27	22,84	19,86	20,66
%QUE	2,2560	0,0937	2,3515	1,5670	20,67	20,10	21,27	20,68
%AC+QUE	3,6732	1,8737	3,8456	3,1308	23,23	23,00	23,90	23,38
CERC	-	-	3,1738	-	-	-	27,78	-

Tabela 21. Resumo das análises de variância dos dialélicos 14x14 contendo os quadrados médios de efeitos (QM) com respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em m), altura da espiga (AE, em m), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP). 2001/02

Fonte de Variação	G.L.	Quadrados Médios							
		PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC [§]	%QUE [§]	%AC+QUE [§]
Tratamento	104	4,697**	0,028**	0,018**	0,002 ^{ns}	0,027**	37,498 ^{ns}	69,741*	97,016 ^{ns}
Variedade (V)	13	6,772**	0,079**	0,043**	0,003 ^{ns}	0,094**	80,218**	178,930**	285,485**
Heterose (H)	91	4,401**	0,020**	0,015*	0,002 ^{ns}	0,018 ^{ns}	31,395 ^{ns}	54,142 ^{ns}	70,092 ^{ns}
H. Média	1	155,382**	0,283**	0,153**	0,003 ^{ns}	0,042 ^{ns}	19,213 ^{ns}	54,979 ^{ns}	62,776 ^{ns}
H. Variedade	13	1,386*	0,009 ^{ns}	0,008 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,030*	13,736 ^{ns}	97,609*	81,735 ^{ns}
H. Específica	77	2,949**	0,018 ^{ns}	0,014*	0,002 ^{ns}	0,015 ^{ns}	34,534 ^{ns}	46,793 ^{ns}	68,221 ^{ns}
Erro	312	0,788	0,013	0,011	0,002	0,015	35,076	53,473	82,966
Média Geral		8,722	1,904	1,064	0,559	1,119	19,268	20,674	23,231
CVe (%)		10,18	5,86	9,65	8,04	11,03	30,74	35,37	39,21

[§] dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 22. Resumo das análises de variância dos dialélicos 14x14 contendo os quadrados médios de efeitos (QM) com respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Anhembi (SP). 2001/02

Fonte de Variação		G.L.	Quadrados Médios							
			PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC ^δ	%QUE ^δ	%AC+QUE ^δ
Tratamento		104	4,789**	0,039**	0,021**	0,002**	0,121 ^{ns}	74,562 ^{ns}	30,353*	79,747 ^{ns}
Variedade (V)		13	3,898**	0,076**	0,076**	0,002**	0,181 ^{ns}	72,844 ^{ns}	20,937 ^{ns}	94,683 ^{ns}
Heterose (H)		91	4,917**	0,035**	0,014**	0,001*	0,113 ^{ns}	74,808 ^{ns}	31,698*	77,613 ^{ns}
H. Média		1	152,186**	0,984**	0,398**	0,002 ^{ns}	0,230 ^{ns}	174,517 ^{ns}	162,729**	164,040 ^{ns}
H. Variedade		13	2,071 ^{ns}	0,025 ^{ns}	0,009 ^{ns}	0,002**	0,104 ^{ns}	119,512*	72,098**	122,052*
H. Específica		77	3,485**	0,024*	0,009**	0,001 ^{ns}	0,113 ^{ns}	65,966 ^{ns}	23,176 ^{ns}	68,988 ^{ns}
Erro		312	1,387	0,016	0,008	0,001	0,109	66,459	23,718	67,293
Média Geral			8,929	1,823	0,855	0,472	1,143	22,845	20,099	23,005
CVe (%)			13,19	6,87	9,93	6,74	28,83	35,68	24,23	35,65

^δ dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 23. Resumo das análises de variância dos dialélicos 14x14 contendo os quadrados médios de efeitos (QM) com respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC). Rio Verde (GO). 2001/02

Fonte de Variação		G.L.	Quadrados Médios								
			PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC ^δ	%QUE ^δ	%AC+QUE ^δ	CERC
Tratamento		104	3,534**	0,033**	0,021**	0,003**	0,028**	41,156 ^{ns}	72,579*	100,308 ^{ns}	0,967*
Variedade (V)		13	5,918**	0,078**	0,076**	0,008**	0,040**	94,751**	182,972**	297,635**	1,699**
Heterose (H)		91	3,193**	0,027**	0,014**	0,002 ^{ns}	0,027**	33,499 ^{ns}	56,808 ^{ns}	72,119 ^{ns}	0,862 ^{ns}
H. Média		1	84,360**	0,867**	0,398**	0,006*	0,079*	87,619 ^{ns}	153,460 ^{ns}	180,545 ^{ns}	0,106 ^{ns}
H. Variedade		13	1,645*	0,008 ^{ns}	0,009 ^{ns}	0,003 ^{ns}	0,014 ^{ns}	20,530 ^{ns}	100,994*	89,577 ^{ns}	1,021 ^{ns}
H. Específica		77	2,401**	0,019**	0,009 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,028**	34,986 ^{ns}	48,093 ^{ns}	67,763 ^{ns}	0,845 ^{ns}
Erro		312	0,940	0,012	0,008	0,002	0,019	36,537	54,658	85,415	0,777
Média Geral			7,720	1,621	0,904	0,556	1,073	19,857	21,270	23,896	3,174
CVe (%)			12,56	6,69	9,92	7,19	12,74	30,44	34,76	38,67	27,77

^δ dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 24. Resumo das análises de variância conjunta dos dialélicos 14x14 contendo os quadrados médios de efeitos (QM) com respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO). 2001/02

Fonte de Variação	G.L.	Quadrados Médios							
		PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC ^δ	%QUE ^δ	%AC+QUE ^δ
Tratamento (T)	104	9,370**	0,071**	0,038**	0,003**	0,057 ^{ns}	89,153**	97,017**	182,156**
Variedade (V)	13	7,290**	0,192**	0,121**	0,008**	0,144**	183,796**	227,658**	547,339**
Heterose (H)	91	9,667**	0,054**	0,027**	0,002**	0,045 ^{ns}	75,632**	78,354**	129,987**
H. Média	1	385,024**	2,009**	0,825**	0,010**	0,103 ^{ns}	242,176*	353,368**	389,143*
H. Variedade	13	2,697**	0,013 ^{ns}	0,008 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,046 ^{ns}	66,367 ^{ns}	148,253**	215,648**
H. Específica	77	5,969**	0,035**	0,019**	0,002**	0,044 ^{ns}	75,034**	62,981**	112,159**
Ambiente (A)	2	175,589**	8,926**	5,047**	1,023**	0,524**	1544,880**	143,960*	90,142 ^{ns}
T x A	208	1,826**	0,015 ^{ns}	0,009 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,059**	32,031 ^{ns}	37,828 ^{ns}	47,457 ^{ns}
V x A	26	4,649**	0,021*	0,016**	0,003**	0,085**	32,008 ^{ns}	77,591**	65,232 ^{ns}
H x A	182	1,422**	0,014 ^{ns}	0,008 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,056 ^{ns}	32,035 ^{ns}	32,148 ^{ns}	44,918 ^{ns}
H. Média x A	2	3,452*	0,063**	0,015 ^{ns}	0,000 ^{ns}	0,124 ^{ns}	19,586 ^{ns}	8,900 ^{ns}	9,109 ^{ns}
H. Variedade x A	26	1,203 ^{ns}	0,015 ^{ns}	0,010 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,051 ^{ns}	43,705 ^{ns}	61,224 ^{ns}	38,858 ^{ns}
H. Específica x A	154	1,433**	0,013 ^{ns}	0,008 ^{ns}	0,001 ^{ns}	0,056 ^{ns}	30,226 ^{ns}	27,540 ^{ns}	46,406 ^{ns}
Resíduo combinado	936	1,038	0,013	0,009	0,002	0,048	46,024	43,949	78,558
Média Geral		8,457	1,781	0,941	0,529	1,112	20,657	20,681	23,377

^δ dados transformados $\sqrt{y+0,5}$

Tabela 25. Estimativas dos efeitos de variedades ($\hat{v}_j$) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Piracicaba (SP). 2001/02

Pop.	Estimativas dos efeitos de variedades ($\hat{v}_j$)							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	-0,806	-7,8	-7,6	-0,02	-0,00	-0,20	-1,18	-1,38
HG2	-0,662	-9,8	-4,6	0,01	-0,11	1,27	-1,10	0,17
HG3	0,428	-2,8	-1,6	0,00	-0,11	0,04	-1,01	-0,96
HG4	-0,135	-3,8	2,4	0,02	0,21	-1,52	-0,90	-2,42
HG5	0,170	0,2	-5,6	-0,03	-0,08	-0,13	1,61	1,47
HG6	0,386	4,2	2,4	0,00	-0,06	-1,52	-2,57	-4,09
HG7	0,061	11,2	8,4	0,01	-0,13	1,61	-1,01	0,60
HG8	0,398	4,2	4,4	0,01	-0,13	-0,05	-1,18	-1,23
HG9	0,057	-15,8	-8,6	0,00	0,16	-1,52	7,22	5,70
HG10	0,311	3,2	6,4	0,03	-0,06	-0,20	-1,10	-1,30
HG11	-0,309	13,2	8,4	0,07	0,05	-1,52	4,72	3,20
HG12	-0,455	-1,8	-7,6	-0,04	-0,03	4,05	1,69	5,74
HG13	-0,679	-5,8	-5,6	-0,02	0,14	-1,52	-2,57	-4,09
HG14	1,235	11,2	8,4	0,01	0,13	1,19	-2,57	-1,38
Var(v_j)	0,183	0,3	0,2	0,00	0,00	2,17	4,32	6,90
Var(v_i-v_j)	0,394	0,6	0,5	0,00	0,00	4,68	9,30	14,86
$\bar{\mu}$	7,1715	183,8	101,6	0,55	1,14	1,52	2,574	4,09

Pop. = População

Tabela 26. Estimativas dos efeitos de heterose de variedade ($\hat{h}_i$) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Piracicaba (SP). 2001/02

Pop.	Estimativas dos efeitos de heterose de variedade ($\hat{h}_i$)							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	-0,132	-0,3	1,4	0,01	0,03	-0,72	0,99	0,27
HG2	0,343	-0,6	-0,5	-0,00	0,08	-0,16	2,59	2,43
HG3	0,116	3,4	3,1	0,00	-0,01	-0,22	0,36	0,13
HG4	0,009	1,9	0,1	-0,01	-0,11	-0,19	0,02	-0,17
HG5	0,011	3,4	4,2	0,01	0,03	-0,51	-1,67	-2,17
HG6	-0,266	-2,2	-1,8	-0,00	-0,01	0,41	0,89	1,30
HG7	0,240	-5,4	-4,4	-0,01	0,03	-0,61	0,57	-0,04
HG8	-0,468	-2,1	-2,7	-0,01	0,05	0,30	-0,91	-0,62
HG9	-0,092	5,9	-0,3	-0,02	-0,05	1,25	-3,18	-1,92
HG10	-0,080	-1,7	-3,8	-0,02	-0,03	0,18	-0,53	-0,35
HG11	0,905	1,1	0,2	-0,0	0,02	0,56	-2,14	-1,57
HG12	-0,026	-0,7	0,7	0,01	0,04	-0,66	1,07	0,41
HG13	-0,367	-1,1	4,0	0,03	-0,05	0,74	2,10	2,85
HG14	-0,193	-1,4	-0,1	0,00	-0,04	-0,38	-0,16	-0,53
Var(h_j)	0,061	0,1	0,1	0,00	0,00	0,72	1,44	2,30
Var(h_i-h_j)	0,131	0,2	0,2	0,00	0,00	1,56	3,10	4,95
$\bar{h}^*$	1,789	8,0	6,0	0,01	-0,0	-0,12	-0,37	-0,48

* $\bar{h}$ = heterose média; Pop. = População

Tabela 27. Estimativas dos efeitos de variedades ($\hat{v}_i$) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Anhembi (SP). 2001/02

Pop.	Estimativas dos efeitos de variedades ($\hat{v}_i$)							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	-0,233	-6,9	-6,6	-0,02	0,28	-1,87	-0,11	-1,98
HG2	0,767	2,1	0,4	0,00	-0,00	-1,87	-0,11	-1,98
HG3	0,035	2,1	2,4	0,01	-0,18	1,19	-0,11	1,08
HG4	-0,616	-3,9	-5,6	-0,02	-0,11	-1,87	-0,11	-1,98
HG5	0,476	20,1	6,4	-0,02	0,00	-1,87	-0,11	-1,98
HG6	-0,009	-5,9	-4,6	-0,01	-0,08	-1,87	-0,11	-1,98
HG7	-0,340	-2,9	3,4	0,02	-0,11	2,68	-0,11	2,57
HG8	-0,287	5,1	5,4	0,02	-0,16	-1,87	-0,11	-1,98
HG9	0,865	-10,9	-8,6	-0,03	0,33	2,85	-0,11	2,74
HG10	0,909	3,1	2,4	0,00	-0,01	-1,87	-0,11	-1,98
HG11	-0,006	16,1	8,4	0,01	0,03	5,24	-0,11	5,13
HG12	-0,739	-8,9	-6,6	-0,02	-0,06	4,90	1,45	6,35
HG13	-0,593	-11,9	3,4	0,06	0,00	-1,87	-0,11	-1,98
HG14	-0,230	3,1	0,4	-0,01	0,05	-1,87	-0,11	-1,98
Var(v_j)	0,322	0,4	0,2	0,00	0,03	5,11	0,20	5,24
Var(v_i-v_j)	0,693	00,8	0,4	0,00	0,05	11,01	0,43	11,28
$\bar{\mu}$	7,3940	169,9	78,6	0,47	1,08	1,87	0,11	1,98

Pop. = População

Tabela 28. Estimativas dos efeitos de heterose de variedade ($\hat{h}_i$) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Anhembi (SP). 2001/02

Pop.	Estimativas dos efeitos de heterose de variedade ($\hat{h}_i$)							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	-0,007	2,6	2,8	0,01	-0,14	1,68	0,07	1,75
HG2	-0,330	-2,8	-2,0	-0,01	-0,03	1,45	-0,04	1,40
HG3	0,567	1,1	-0,02	-0,00	0,18	0,22	-0,04	0,18
HG4	0,106	2,0	2,3	0,01	-0,02	-0,07	-0,04	-0,11
HG5	-0,532	-9,9	-0,02	0,02	-0,01	0,11	-0,04	0,07
HG6	-0,254	4,0	1,6	-0,00	-0,04	0,90	0,12	1,02
HG7	0,608	7,2	2,5	-0,00	0,01	-2,34	0,07	-2,26
HG8	-0,057	-1,9	-3,4	-0,01	0,05	0,78	-0,04	0,74
HG9	-0,292	2,4	3,1	0,01	-0,17	-1,61	0,07	-1,54
HG10	-0,729	-5,1	-2,3	0,00	-0,09	1,26	-0,04	1,21
HG11	0,523	-4,3	-1,6	0,00	0,09	-3,55	-0,04	-3,59
HG12	0,434	3,3	0,1	-0,01	0,08	-0,60	-0,37	-0,97
HG13	-0,050	-2,3	-6,3	-0,03	0,04	1,35	0,26	1,61
HG14	0,012	3,6	3,2	0,01	0,05	0,42	0,07	0,50
Var(h_j)	0,107	0,1	0,1	0,00	0,01	1,71	0,07	1,75
Var(h_i-h_j)	0,231	0,3	0,1	0,00	0,02	3,67	0,15	3,76
$\bar{h}^*$	1,771	14,2	7,9	0,01	0,07	-0,11	-0,02	-0,13

* $\bar{h}$ = heterose média; Pop. = População

Tabela 29. Estimativas dos efeitos de variedades ($\hat{v}_i$) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Rio Verde (GO). 2001/02

Pop.	Estimativas dos efeitos de variedades ($\hat{v}_i$)								
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE	CERC
HG1	0,415	-6,5	-2,5	0,01	-0,06	-0,37	-1,38	-1,74	-0,21
HG2	0,066	0,5	-2,5	-0,02	0,01	1,10	-1,45	-0,35	0,04
HG3	0,506	3,5	4,5	0,01	0,09	-0,13	-1,21	-1,32	1,04
HG4	-0,122	13,5	13,5	0,04	0,00	-1,69	-1,21	-2,89	-0,21
HG5	1,046	17,5	10,5	0,00	0,04	0,10	2,57	2,68	0,29
HG6	-0,965	-9,5	-2,5	0,02	-0,06	-1,69	-2,77	-4,45	0,04
HG7	-0,490	1,5	-1,5	-0,02	-0,04	1,44	-1,21	0,24	-0,71
HG8	0,251	-2,5	-2,5	-0,00	-0,04	-0,13	-1,38	-1,50	-0,71
HG9	-0,439	-11,5	-12,5	-0,04	-0,09	-1,69	6,19	4,51	-0,21
HG10	-0,485	2,5	7,5	0,04	-0,01	-0,02	-1,21	-1,22	-0,46
HG11	-0,468	8,5	4,5	0,00	-0,05	-1,69	5,90	4,22	0,04
HG12	0,108	-7,5	-7,5	-0,02	0,16	5,14	2,64	7,79	0,79
HG13	0,722	-11,5	-4,5	0,01	-0,02	-1,69	-2,77	-4,45	0,04
HG14	-0,143	1,5	-4,5	-0,03	0,05	1,29	-2,77	-1,47	0,29
Var(v_i)	0,218	0,3	0,2	0,00	0,00	2,37	4,79	7,61	0,18
Var(v_i-v_j)	0,469	0,6	0,4	0,00	0,01	5,11	10,32	16,40	0,39
μ	6,5773	150,5	82,5	0,55	1,04	1,69	2,77	4,45	3,21

Pop. = População

Tabela 30. Estimativas dos efeitos de heterose de variedades ($\hat{h}_i$) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Rio Verde (GO). 2001/02

Pop.	Estimativas dos efeitos de heterose de variedade ($\hat{h}_i$)								
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE	CERC
HG1	-0,054	1,6	-0,8	-0,01	0,04	-0,70	1,07	0,37	0,01
HG2	-0,173	0,6	-0,9	-0,00	-0,06	-0,19	2,47	2,28	-0,37
HG3	0,267	1,1	-1,2	-0,01	-0,01	-0,04	0,54	0,50	-0,45
HG4	0,559	-4,4	-2,7	-0,00	-0,01	-0,07	0,14	0,08	0,01
HG5	-0,189	-5,9	-0,6	0,02	-0,02	-0,70	-2,10	-2,80	-0,05
HG6	0,173	0,4	-2,8	-0,02	0,05	0,47	1,19	1,66	0,05
HG7	0,538	2,9	4,4	0,02	0,06	-0,43	0,80	0,37	0,30
HG8	-0,598	1,3	3,7	0,02	-0,01	0,43	-0,81	-0,39	0,66
HG9	0,369	-0,02	0,7	0,01	-0,00	1,20	-3,01	-1,81	0,03
HG10	0,073	-1,9	-2,7	-0,01	-0,00	0,13	-0,53	-0,39	0,34
HG11	0,108	0,4	-0,3	-0,00	0,02	0,68	-2,78	-2,10	-0,10
HG12	-0,562	-0,5	-1,4	-0,01	-0,06	-1,17	0,95	-0,22	-0,12
HG13	-0,089	2,8	-1,6	-0,02	0,02	0,78	2,23	3,01	-0,32
HG14	-0,421	1,7	5,9	0,03	-0,01	-0,40	-0,16	-0,56	0,01
Var(h_i)	0,073	0,1	0,06	0,00	0,00	0,79	1,60	2,54	0,06
Var(h_i-h_j)	0,157	0,2	0,1	0,00	0,00	1,70	3,44	5,47	0,13
$\bar{h}^*$	1,318	13,4	9,1	0,01	0,04	-0,22	-0,48	-0,70	-0,05

* $\bar{h}$ = heterose média; Pop. = População

Tabela 31. Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRÉ), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Piracicaba (SP). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})							
	PE	AP	AE	PRÉ	NEP	%AC	%QUE	%AC + QUE
HG1xHG2	0,233	1,3	-2,0	-0,02	0,09	-1,05	-2,07	-3,12
HG1xHG3	0,286	3,7	3,9	0,01	-0,03	-0,38	-2,45	-2,83
HG1xHG4	0,117	-0,3	1,9	0,01	-0,03	0,36	0,46	0,82
HG1xHG5	0,212	2,3	-3,2	-0,02	-0,01	1,24	-1,73	-0,49
HG1xHG6	-0,057	-0,1	1,8	0,01	-0,04	-0,24	0,74	0,50
HG1xHG7	-0,264	-5,4	-3,6	-0,00	0,11	0,55	1,59	2,13
HG1xHG8	0,199	7,8	9,6	0,03	-0,04	-0,86	0,22	-0,63
HG1xHG9	0,139	1,8	0,7	-0,00	0,10	-1,07	-0,08	-1,16
HG1xHG10	0,978	4,9	6,8	0,02	0,14*	2,12	1,26	3,38
HG1xHG11	0,186	0,1	-0,2	0,00	-0,08	-0,39	2,94	2,55
HG1xHG12	0,099	5,4	4,3	0,00	-0,06	-1,94	-0,49	-2,43
HG1xHG13	-1,403	-18,2**	-12,0	-0,01	-0,07	1,00	-3,42	-2,42
HG1xHG14	-0,727	-3,4	-8,0	-0,03	-0,08	0,67	3,03	3,70
HG2xHG3	-0,001	3,1	2,3	0,00	0,03	-0,28	0,24	-0,04
HG2xHG4	-0,340	-3,9	-3,7	-0,01	-0,02	0,39	1,46	1,85
HG2xHG5	-0,311	-4,4	-1,8	0,01	0,00	0,08	-0,67	-0,59
HG2xHG6	0,155	-1,8	-4,8	-0,02	-0,02	-1,53	-3,85**	-5,38**
HG2xHG7	0,569	4,9	7,8	0,03	-0,07	2,02	-1,68	0,35
HG2xHG8	0,751	3,2	7,1	0,03	0,05	3,21	-1,35	1,86
HG2xHG9	-1,943	-9,9	-8,9	-0,02	0,02	0,96	3,65	4,62
HG2xHG10	-0,141	-0,8	3,2	0,02	-0,03	0,61	0,78	1,39
HG2xHG11	-0,331	-0,6	-3,8	-0,02	-0,14**	-0,36	-0,30	-0,67
HG2xHG12	0,521	4,7	2,7	-0,00	0,11	-0,10	2,98	2,87
HG2xHG13	0,174	-5,9	-5,6	-0,01	-0,02	-1,86	0,83	-1,02
HG2xHG14	0,664	9,9	7,5	0,01	-0,01	-2,10	-0,02	-2,11
HG3xHG4	0,337	5,5	2,2	-0,01	0,06	-0,26	-1,62	-1,88
HG3xHG5	1,003	0,1	-0,9	-0,00	0,01	-0,63	-1,19	-1,82
HG3xHG6	1,164	10,7	9,1	0,02	0,03	-0,85	-0,19	-1,04
HG3xHG7	-3,115**	-13,7	-9,3	-0,01	-0,04	1,49	-0,56	0,93
HG3xHG8	0,289	-1,4	-3,0	-0,01	0,04	-0,00	0,70	0,70
HG3xHG9	0,562	3,6	2,1	0,00	-0,08	-1,69	-2,49	-4,18
HG3xHG10	0,571	-15,4	-2,9	0,03	-0,00	0,11	2,78	2,88
HG3xHG11	-0,345	-0,2	5,1	0,03	-0,00	0,32	0,85	1,16

Tabela 31. Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRÉ), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Piracicaba (SP). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})							
	PE	AP	AE	PRÉ	NEP	%AC	%QUE	%AC + QUE
HG3xHG12	-1,255	1,2	-4,4	-0,03	0,01	1,85	0,20	2,05
HG3xHG13	0,242	7,6	0,3	-0,02	0,05	0,38	2,96	3,34
HG3xHG14	0,263	-4,7	-4,6	-0,01	-0,06	-0,03	0,78	0,75
HG4xHG5	-1,358	-6,9	-2,9	0,01	0,01	0,11	-0,91	-0,79
HG4xHG6	0,165	-8,4	-1,9	0,01	-0,04	1,21	-1,38	-0,17
HG4xHG7	0,547	-0,7	1,7	0,01	0,03	-0,65	2,60	1,95
HG4xHG8	0,863	1,6	0,9	0,00	-0,01	-0,73	-0,27	-1,00
HG4xHG9	-0,709	0,6	3,1	0,02	-0,04	-0,95	-0,65	-1,60
HG4xHG10	0,493	-3,4	-5,9	-0,02	0,04	-0,54	0,70	0,16
HG4xHG11	-0,771	4,8	0,1	-0,01	0,08	1,21	-0,68	0,53
HG4xHG12	-0,118	7,2	2,6	-0,01	-0,05	-0,50	-0,90	-1,41
HG4xHG13	0,857	6,6	4,3	-0,00	0,02	1,03	1,51	2,54
HG4xHG14	-0,083	-2,7	-2,6	-0,00	-0,05	-0,68	-0,33	-1,01
HG5xHG6	0,901	4,2	-1,9	-0,02	0,02	1,30	3,62	4,93
HG5xHG7	-0,552	-10,1	-3,4	0,01	-0,05	-1,03	-0,01	-1,04
HG5xHG8	0,154	12,2	7,9	0,00	0,01	0,21	1,49	1,69
HG5xHG9	-0,357	-2,9	-0,03	0,01	-0,06	1,30	1,02	2,33
HG5xHG10	0,519	5,2	3,1	-0,00	-0,08	0,64	-0,25	0,39
HG5xHG11	-0,691	-2,6	2,1	0,02	0,09	0,83	1,07	1,90
HG5xHG12	0,038	-7,3	-4,5	-0,00	-0,03	-2,20	-1,78	-3,98
HG5xHG13	0,553	9,2	5,2	-0,00	0,10	-0,81	-0,76	-1,58
HG5xHG14	-0,112	0,9	0,3	0,00	-0,02	-1,05	0,10	-0,95
HG6xHG7	0,737	8,5	6,6	0,01	-0,01	-1,25	0,91	-0,34
HG6xHG8	-1,932	-8,3	-6,1	-0,01	-0,10	1,30	0,95	2,25
HG6xHG9	0,604	5,7	5,9	0,02	0,09	-1,55	0,47	-1,08
HG6xHG10	-1,761	-4,2	0,1	0,02	-0,00	1,64	-0,72	0,92
HG6xHG11	0,143	3,0	7,1	0,03	-0,04	2,06	0,60	2,66
HG6xHG12	-0,013	-6,7	-12,5**	-0,05**	-0,02	-1,10	-1,09	-2,19
HG6xHG13	0,610	4,7	-1,8	-0,02	0,10	-1,04	0,32	-0,72
HG6xHG14	-0,715	-7,5	-1,7	0,02	0,03	0,04	-0,37	-0,32
HG7xHG8	0,818	4,4	1,5	-0,00	0,06	-0,55	-0,77	-1,32
HG7xHG9	0,258	-6,6	-5,5	-0,01	-0,04	-0,84	1,55	0,71
HG7xHG10	1,410*	13,5*	8,6	0,01	-0,00	-0,43	0,13	-0,30
HG7xHG11	0,072	-3,4	-5,4	-0,02	0,02	-1,40	0,30	-1,10

Tabela 31. Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Piracicaba (SP). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC + QUE
HG7xHG12	-0,503	-2,0	-4,9	-0,02	-0,05	-1,49	-1,61	-3,09
HG7xHG13	-0,167	3,4	0,8	-0,01	-0,04	1,13	-3,09	-1,96
HG7xHG14	0,192	7,2	4,9	0,00	0,10	2,45	0,64	3,08
HG8xHG9	0,037	-1,4	-3,2	-0,01	-0,09	-0,85	-1,13	-1,98
HG8xHG10	-2,199	-12,3	-9,1	-0,01	-0,01	-0,29	0,38	0,09
HG8xHG11	0,739	1,9	1,9	0,00	0,08	-1,48	-0,92	-2,40
HG8xHG12	1,148	1,2	-3,6	-0,03	0,05	-0,10	-1,30	-1,39
HG8xHG13	0,273	2,7	1,1	-0,00	-0,00	0,84	1,26	2,10
HG8xHG14	-1,140	-11,6	-4,9	0,01	-0,03	-0,71	0,74	0,03
HG9xHG10	-0,199	6,7	3,9	0,00	0,05	-1,98	0,95	-1,03
HG9xHG11	0,491	-6,1	-11,0	-0,04	-0,08	1,24	-2,86	-1,62
HG9xHG12	0,340	4,2	6,5	0,02	0,06	3,86	-1,42	2,43
HG9xHG13	-0,286	-3,4	0,1	0,01	-0,03	3,68	0,64	4,33
HG9xHG14	1,063	7,4	6,2	0,01	0,11	-2,12	0,36	-1,75
HG10xHG11	1,028	3,0	-0,9	-0,01	-0,07	-1,29	-1,35	-2,64
HG10xHG12	0,120	-1,7	-5,5	-0,02	-0,01	-0,22	-3,04	-3,25
HG10xHG13	-0,016	-2,3	-6,8	-0,03	-0,04	-1,47	-1,94	-3,41
HG10xHG14	-0,804	6,5	5,3	0,01	0,02	1,10	0,32	1,42
HG11xHG12	-0,595	3,5	1,6	-0,00	0,07	0,56	4,60	5,16*
HG11xHG13	-0,223	1,9	-0,8	-0,01	0,05	0,13	-3,25	-3,11
HG11xHG14	0,298	-5,4	4,3	0,04	0,01	-1,43	-0,99	-2,41
HG12xHG13	-0,749	-9,8	19,7*	0,14*	-0,07	-2,75**	6,53*	3,79
HG12xHG14	0,968	-0,01	-2,2	-0,01	0,00	4,13*	-2,68	1,45
HG13xHG14	0,134	3,4	-4,5	-0,03	-0,03	-0,28	-1,58	-1,87
Máximo	1,410	13,5	19,7	0,14	0,14	4,13	6,53	5,16
Mínimo	-3,115	-18,2	-12,5	-0,05	-0,14	-2,75	-3,85	-5,38
Var (s_{ij})	0,167	0,3	0,2	0,00	0,00	1,98	3,93	6,29
Var ($s_{ij} - s_{ik}$)	0,361	0,6	0,5	0,00	0,01	4,29	8,52	13,62
Var ($s_{ij} - s_{kl}$)	0,328	0,5	0,4	0,00	0,01	3,90	7,75	12,38

* Cruzamento máximo

** Cruzamento mínimo

Tabela 32. Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Anhembi (SP). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1xHG2	0,214	-3,6	-2,2	-0,00	-0,00	0,72	-0,01	0,71
HG1xHG3	0,237	-7,5	-5,2	-0,01	0,15	5,01	-0,01	5,00
HG1xHG4	1,025	8,6	3,5	-0,00	0,05	0,17	-0,01	0,16
HG1xHG5	0,039	5,5	1,8	-0,01	0,12	-1,68	-0,01	-1,69
HG1xHG6	0,084	8,6	6,7	0,02	0,18	-2,47	-0,17	-2,64
HG1xHG7	-0,515	-0,1	-0,2	-0,01	0,00	2,55	-0,13	2,43
HG1xHG8	0,456	0,03	1,6	0,01	-0,13	-2,35	-0,01	-2,36
HG1xHG9	0,153	3,8	2,2	0,00	-0,13	-0,93	-0,13	-1,06
HG1xHG10	0,340	-5,7	-4,9	-0,01	-0,02	-0,33	-0,01	-0,34
HG1xHG11	-0,857	-2,1	1,4	0,01	-0,23	-1,58	-0,01	-1,59
HG1xHG12	0,395	-1,1	-3,9	-0,02	0,17	-2,44	-0,47**	-2,90
HG1xHG13	-1,720	-5,1	-1,4	0,01	-0,04	3,77	-0,31	3,46
HG1xHG14	0,149	-1,5	0,6	0,01	-0,11	-0,43	1,26	0,83
HG2xHG3	0,440	7,4	3,1	-0,00	-0,03	-3,09	0,11	-2,99
HG2xHG4	-0,786	-4,5	-4,2	-0,01	0,05	2,04	0,11	2,15
HG2xHG5	0,554	11,4	5,1	-0,00	-0,04	-1,45	0,11	-1,34
HG2xHG6	0,264	6,5	1,1	-0,01	0,08	-2,24	-0,05	-2,30
HG2xHG7	-0,134	-11,1	-0,9	0,03	-0,07	0,51	-0,01	0,50
HG2xHG8	-0,776	-1,1	5,0	0,03	-0,14	-2,12	0,11	-2,01
HG2xHG9	-1,330	-20,3	-15,4**	-0,04	0,04	-0,30	-0,01	-0,31
HG2xHG10	-0,154	5,2	3,4	0,00	0,15	2,40	0,11	2,51
HG2xHG11	0,628	2,9	-1,3	-0,01	-0,00	4,22	0,11	4,32
HG2xHG12	0,480	-3,2	0,5	0,01	0,09	-1,19	-0,35	-1,54
HG2xHG13	-0,002	6,9	0,9	-0,01	-0,03	-2,69	-0,19	-2,89
HG2xHG14	0,601	3,4	4,9	0,02	-0,09	3,20	-0,01	3,19
HG3xHG4	0,741	11,6	3,8	-0,01	-0,03	0,35	0,11	0,45
HG3xHG5	0,216	3,5	2,1	0,00	-0,11	-1,76	0,11	-1,65
HG3xHG6	1,485	11,6	5,1	0,00	-0,13	-1,08	-0,05	-1,13
HG3xHG7	-2,854**	-13,1	-6,9	-0,00	-0,27**	-1,58	-0,01	-1,59
HG3xHG8	-0,602	-1,9	-0,03	0,01	-0,03	1,14	0,11	1,25
HG3xHG9	-1,062	-9,2	-0,4	0,03	0,01	0,93	-0,01	0,92
HG3xHG10	1,010	-7,7	-9,6	-0,03	-0,06	2,66	0,11	2,76
HG3xHG11	0,171	-2,1	2,7	0,02	-0,17	-1,65	0,11	-1,54
HG3xHG12	-1,071	-6,1	-6,5	-0,02	-0,23	4,14	-0,35	3,79

Tabela 32. Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Anhembi (SP). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG3xHG13	1,022	0,9	3,9	0,02	0,81*	-3,00	-0,19	-3,19
HG3xHG14	0,266	12,5	7,9	0,01	0,09	-2,07	-0,01	-2,08
HG4xHG5	-1,923	-11,4	-5,2	-0,00	0,08	1,54	0,11	1,64
HG4xHG6	0,038	-2,3	-3,3	-0,01	-0,17	-0,72	-0,05	-0,78
HG4xHG7	0,014	-4,9	-3,2	-0,00	0,04	0,24	-0,01	0,23
HG4xHG8	0,122	4,1	5,6	0,02	-0,06	-0,60	0,11	-0,50
HG4xHG9	0,648	-7,1	-8,8	-0,03	-0,02	-0,57	-0,01	-0,58
HG4xHG10	-0,197	-2,6	-0,9	-0,00	-0,01	-1,08	0,11	-0,97
HG4xHG11	0,261	-5,9	-3,6	-0,01	-0,06	0,17	0,11	0,28
HG4xHG12	-0,457	3,9	8,1	0,03*	0,12	-0,11	-0,35	-0,46
HG4xHG13	0,006	3,0	4,6	0,02	-0,04	-1,18	-0,19	-1,37
HG4xHG14	0,509	7,6	3,6	-0,00	0,05	-0,25	-0,01	-0,25
HG5xHG6	-0,329	-6,4	-1,9	0,00	-0,10	-0,91	-0,05	-0,96
HG5xHG7	0,833	-2,1	-5,9	-0,03	0,05	1,62	-0,01	1,61
HG5xHG8	2,070*	7,0	2,0	-0,01	0,42	3,39	0,11	3,49
HG5xHG9	-0,633	7,8	5,6	0,01	0,06	0,92	-0,01	0,91
HG5xHG10	-0,998	-4,7	-0,6	0,01	-0,00	-1,26	0,11	-1,15
HG5xHG11	-0,376	-5,1	-7,3	-0,03	-0,20	-0,01	0,11	0,10
HG5xHG12	0,374	-9,1	-0,5	0,02	-0,05	-2,79	-0,35	-3,14
HG5xHG13	0,438	-1,1	4,9	0,03	-0,09	2,81	-0,19	2,62
HG5xHG14	-0,267	4,5	-0,1	-0,01	-0,14	-0,43	-0,01	-0,44
HG6xHG7	0,961	11,0	11,1	0,03	0,06	-0,73	-0,17	-0,90
HG6xHG8	-1,489	-10,9	-9,1	-0,03	-0,02	5,76*	-0,05	5,70*
HG6xHG9	0,426	2,9	1,5	0,00	0,05	-1,55	-0,17	-1,72
HG6xHG10	-1,084	-7,6	-4,7	-0,01	0,06	1,28	-0,05	1,23
HG6xHG11	-0,461	-3,9	-2,4	-0,00	-0,17	2,53	-0,05	2,48
HG6xHG12	0,109	0,9	0,4	0,00	0,14	1,42	1,41	2,83
HG6xHG13	0,631	2,0	1,8	0,00	-0,07	-2,15	-0,35	-2,50
HG6xHG14	-0,635	-12,4	-6,2	-0,00	0,09	0,86	-0,17	0,69
HG7xHG8	0,525	5,4	4,0	0,01	0,01	-0,61	-0,01	-0,62
HG7xHG9	0,839	2,2	0,6	-0,00	-0,02	-0,58	1,26	0,68
HG7xHG10	0,532	-1,3	-2,6	-0,01	0,11	-1,09	-0,01	-1,10
HG7xHG11	-0,026	9,4	7,7	0,02	0,36	0,16	-0,01	0,16
HG7xHG12	-1,182	-3,7	-1,5	0,00	-0,13	-2,62	-0,47	-3,08

Tabela 32. Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Anhembi (SP). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})							
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG7xHG13	-0,627	1,4	-1,1	-0,01	-0,07	2,39	-0,31	2,08
HG7xHG14	1,635	6,9	-1,1	-0,02	-0,08	-0,25	-0,13	-0,38
HG8xHG9	-0,153	4,3	2,4	0,00	-0,03	-1,43	-0,01	-1,43
HG8xHG10	-1,009	4,8	0,2	-0,01	-0,04	-1,93	0,11	-1,82
HG8xHG11	0,101	4,4	1,6	-0,00	-0,07	0,64	0,11	0,75
HG8xHG12	1,437	1,4	-0,7	-0,00	0,05	-3,46**	-0,35	-3,81**
HG8xHG13	0,967	6,4	0,7	-0,01	0,01	2,66	-0,19	2,47
HG8xHG14	-1,649	-23,9**	-13,3	-0,01	0,04	-1,10	-0,01	-1,11
HG9xHG10	1,219	5,5	6,8	0,02	0,04	1,04	-0,01	1,03
HG9xHG11	-0,536	-6,8	-1,9	0,01	0,10	-0,649	-0,01	-0,66
HG9xHG12	-0,369	10,1	4,9	0,00	-0,09	4,80	-0,47	4,33
HG9xHG13	1,102	0,2	-4,7	-0,03	0,08	-0,61	-0,31	-0,92
HG9xHG14	-0,305	6,8	7,3	0,02	-0,10	-1,07	-0,13	-1,19
HG10xHG11	1,961	15,7*	13,9*	0,03	0,13	-1,15	0,11	-1,05
HG10xHG12	-0,307	6,6	0,7	-0,01	-0,01	0,76	-0,35	0,40
HG10xHG13	-0,154	-2,3	-1,9	-0,00	-0,10	-2,50	-0,19	-2,69
HG10xHG14	-1,159	-5,7	0,1	0,02	-0,25	1,21	-0,01	1,20
HG11xHG12	0,361	0,3	2,1	0,02	-0,05	-1,12	-0,35	-1,47
HG11xHG13	-1,530	-6,6	-9,5	-0,04**	-0,10	-1,25	-0,19	-1,44
HG11xHG14	0,302	-0,1	-3,5	-0,02	0,46	-0,32	-0,01	-0,33
HG12xHG13	-0,228	-3,7	-0,8	0,00	-0,20	1,85	2,92*	4,78
HG12xHG14	0,457	3,9	-2,8	-0,02	0,20	0,75	-0,47	0,28
HG13xHG14	0,095	-2,1	2,6	0,02	-0,17	-0,11	-0,31	-0,42
Máximo	2,070	15,7	13,9	0,03	0,81	5,76	2,92	5,70
Mínimo	-2,854	-23,9	-15,4	-0,04	-0,27	-3,46	-0,47	-3,81
Var (s_{ij})	0,293	0,3	0,2	0,00	0,02	4,66	0,18	4,77
Var ($s_{ij} - s_{ik}$)	0,636	0,7	0,3	0,00	0,05	10,10	0,40	10,34
Var ($s_{ij} - s_{kl}$)	0,578	0,7	0,3	0,00	0,05	9,18	0,36	9,40

* Cruzamento máximo

** Cruzamento mínimo

Tabela 33. Estimativas dos efeitos de heterose específica (S_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Rio Verde (GO). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})								
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE	CERC
HG1xHG2	0,831	2,9	-0,4	-0,01	0,01	-0,94	-1,70	-2,65	-0,7
HG1xHG3	-0,342	-8,1	-7,6	-0,02	-0,06	-0,48	-2,61	-3,09	-0,1
HG1xHG4	-0,479	3,4	-0,6	-0,02	-0,04	0,34	1,12	1,45	-0,2
HG1xHG5	0,495	-2,2	-1,2	-0,00	0,03	1,54	-1,86	-0,32	-0,4
HG1xHG6	-0,391	6,1	4,5	0,01	-0,07	-0,20	0,47	0,26	0,4
HG1xHG7	0,750	-0,9	-2,2	-0,01	-0,04	0,60	1,02	1,62	-0,0
HG1xHG8	-0,590	3,7	7,9	0,03	-0,07	-0,94	0,22	-0,72	-0,4
HG1xHG9	0,408	7,5	-0,01	-0,02	-0,01	-0,93	-0,12	-1,05	0,5
HG1xHG10	0,523	-9,6	1,4	0,04	-0,08	1,80	1,27	3,07	-0,2
HG1xHG11	0,464	-1,9	2,5	0,02	0,12	-0,41	3,61	3,20	0,5
HG1xHG12	0,275	6,0	-0,4	-0,02	-0,04	-1,98	-0,86	-2,84	0,2
HG1xHG13	-1,411	-7,3	-1,7	0,02	0,25*	1,04	-3,52	-2,48	0,2
HG1xHG14	-0,535	0,3	-2,3	-0,01	0,00	0,57	2,96	3,53	0,3
HG2xHG3	0,345	10,5	1,5	-0,03	-0,03	-0,06	0,68	0,62	0,9*
HG2xHG4	0,057	-3,9	-0,5	0,01	-0,03	0,41	1,77	2,17	-0,5
HG2xHG5	-0,731	1,4	4,9	0,03	-0,05	0,07	-0,50	-0,43	-0,7
HG2xHG6	-0,746	2,7	-0,4	-0,01	0,01	-1,45	-3,83**	-5,29**	-0,1
HG2xHG7	-0,264	-8,3	-7,1	-0,02	-0,07	1,91	-1,73	0,18	-0,5
HG2xHG8	-0,124	2,3	7,1	0,04	-0,09	2,81	-1,28	1,53	0,6
HG2xHG9	-1,204	-11,9	-7,9	-0,01	0,04	0,32	2,13	2,45	0,8
HG2xHG10	0,383	6,0	5,5	0,01	-0,04	1,15	1,05	2,20	0,3
HG2xHG11	0,564	-1,3	-3,4	-0,01	0,09	-0,28	-0,45	-0,73	-0,7
HG2xHG12	0,199	-1,4	1,7	0,02	0,05	-0,09	2,76	2,67	-0,3
HG2xHG13	0,179	5,3	0,4	-0,02	0,08	-1,77	0,72	-1,05	0,5
HG2xHG14	0,511	-4,2	-1,2	0,00	0,02	-2,07	0,39	-1,68	0,5
HG3xHG4	0,347	16,0*	9,3*	0,00	-0,02	-0,45	-1,77	-2,22	-0,1
HG3xHG5	0,058	2,4	3,7	0,01	0,04	-0,72	-1,42	-2,13	0,2
HG3xHG6	0,689	3,7	6,4	0,03	-0,02	-0,99	-0,64	-1,63	-0,8
HG3xHG7	-2,140**	-7,3	-1,3	0,02	0,05	2,51	-0,34	2,17	-0,2
HG3xHG8	1,254	-5,7	-0,1	0,02	0,13	-0,17	0,94	0,78	0,5
HG3xHG9	0,472	-2,9	0,9	0,02	-0,01	-1,72	-2,31	-4,03	0,3
HG3xHG10	-0,201	13,0	0,3	-0,04**	0,02	-0,24	3,07	2,84	-0,1
HG3xHG11	-0,323	0,7	-1,6	-0,01	-0,02	0,27	0,23	0,50	0,1

Tabela 33. Estimativas dos efeitos de heterose específica (S_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Rio Verde (GO). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})								
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE	CERC
HG3xHG12	-1,546	-26,4	-18,5	-0,02	-0,03	2,23	1,27	3,50	0,2
HG3xHG13	0,917	2,3	5,2	0,02	-0,11	0,09	2,27	2,35	-0,4
HG3xHG14	0,470	1,9	1,7	0,00	0,04	-0,29	0,63	0,34	-0,4
HG4xHG5	-1,380	0,9	-0,3	-0,00	-0,03	0,10	-1,02	-0,92	-0,2
HG4xHG6	0,914	3,2	1,4	0,00	-0,05	1,29	-1,63	-0,34	-0,1
HG4xHG7	0,322	-6,8	-0,3	0,02	0,03	-0,85	2,17	1,32	0,7
HG4xHG8	0,136	-5,2	-2,1	0,00	0,03	-0,92	-0,33	-1,24	-0,1
HG4xHG9	0,145	-3,4	-0,1	0,01	0,11	-0,91	-0,45	-1,35	-0,2
HG4xHG10	1,165	-5,5	-5,7	-0,02	0,02	-0,68	0,62	-0,06	-0,4
HG4xHG11	-0,935	-2,8	0,4	0,01	0,01	1,88	-0,61	1,27	0,3
HG4xHG12	-0,169	1,1	1,5	0,00	-0,04	-0,49	-1,07	-1,56	0,4
HG4xHG13	-0,398	4,8	-0,8	-0,02	-0,03	1,07	1,50	2,56	0,5
HG4xHG14	0,276	-1,7	-2,4	-0,01	0,02	-0,80	-0,29	-1,08	0,0
HG5xHG6	1,411	0,6	3,8	0,02	0,19	0,88	4,58	5,46	0,2
HG5xHG7	0,453	-0,4	-3,9	-0,02	0,00	-1,11	-0,00	-1,11	-0,5
HG5xHG8	1,246	5,2	-2,7	-0,03	0,11	0,49	1,27	1,76	0,4
HG5xHG9	-0,659	2,0	1,3	0,01	-0,08	1,61	1,15	2,75	0,1
HG5xHG10	-0,379	-4,1	-3,3	-0,00	-0,06	0,53	-0,35	0,18	0,6
HG5xHG11	-0,049	-0,4	-2,2	-0,01	-0,09	0,67	1,13	1,79	0,8
HG5xHG12	-0,341	-3,5	-3,1	-0,01	-0,01	-2,22	-2,19	-4,41	0,2
HG5xHG13	0,041	-5,8	-4,4	-0,01	-0,09	-0,76	-0,85	-1,61	-0,5
HG5xHG14	-0,164	3,8	7,1	0,03	0,03	-1,06	0,06	-1,00	-0,4
HG6xHG7	-0,277	-2,2	1,8	0,02	0,04	-1,39	2,26	0,88	0,3
HG6xHG8	-0,086	-9,6	-9,0	-0,03	0,06	1,58	0,97	2,56	-0,3
HG6xHG9	0,521	-6,7	-3,0	0,00	0,08	-1,45	0,45	-0,99	-0,2
HG6xHG10	-1,007	-2,8	-2,6	-0,01	0,04	1,57	-0,96	0,60	-0,1
HG6xHG11	0,043	-1,2	-1,5	-0,01	-0,12	1,79	0,31	2,10	-0,2
HG6xHG12	0,328	8,8	0,6	-0,02	-0,01	-0,93	-1,43	-2,36	0,2
HG6xHG13	-0,288	-0,6	1,3	0,01	-0,05	-1,03	0,01	-1,03	0,6
HG6xHG14	-1,112	-1,9	-3,3	-0,01	-0,11	0,34	-0,55	-0,22	0,1
HG7xHG8	-0,122	8,4	6,3	0,01	-0,13	-0,65	-0,98	-1,63	0,3
HG7xHG9	0,182	4,3	3,3	0,01	-0,02	-0,72	1,45	0,73	0,2
HG7xHG10	-0,326	-4,8	-4,3	-0,01	0,01	-0,56	-0,03	-0,61	0,0

Tabela 33. Estimativas dos efeitos de heterose específica (S_{ij}) para os caracteres peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14. Rio Verde (GO). 2001/02

Cruzamento	Estimativa da heterose específica (s_{ij})								
	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE	CERC
HG7xHG11	0,055	3,9	-2,2	-0,02	-0,06	-1,60	0,29	-1,30	-1,0
HG7xHG12	-0,193	1,8	2,9	0,01	0,05	-1,69	-1,41	-3,10	0,4
HG7xHG13	1,285	4,4	3,7	0,01	0,12	1,25	-3,33	-2,08	-0,1
HG7xHG14	0,273	8,0	3,1	-0,01	0,04	2,30	0,62	2,92	0,2
HG8xHG9	0,586	6,9	1,5	-0,01	0,13	-0,71	-0,87	-1,59	-0,9
HG8xHG10	-1,031	-6,2	-7,1	-0,02	0,01	0,32	0,34	0,66	-0,1
HG8xHG11	-0,349	1,4	2,9	0,01	-0,08	-1,66	-0,96	-2,63	0,4
HG8xHG12	0,661	10,4	3,1	-0,01	0,03	-0,20	-1,39	-1,59	-0,5
HG8xHG13	-0,781	3,0	-0,2	-0,01	-0,15	0,73	1,31	2,04	-0,2
HG8xHG14	-0,799	-14,4	-7,8	0,00	0,03	-0,68	0,76	0,07	0,1
HG9xHG10	0,483	7,6	3,9	-0,00	-0,03	-1,94	1,39	-0,56	0,0
HG9xHG11	-0,988	-5,7	-2,0	0,01	-0,11	1,13	-2,55	-1,42	0,0
HG9xHG12	-0,602	-2,8	1,1	0,01	-0,11	3,81	-1,71	2,10	0,1
HG9xHG13	-0,993	-6,2	-6,2	-0,03	-0,05	3,58	0,87	4,46	-0,3
HG9xHG14	1,649	11,4	7,2	0,00	0,06	-2,06	0,56	-1,51	-0,5
HG10xHG11	0,274	0,2	8,4	0,05	0,01	-1,43	-1,33	-2,76	0,3
HG10xHG12	0,458	2,1	3,5	0,01	0,09	-0,49	-3,43	-3,93	0,2
HG10xHG13	0,579	1,8	-0,8	-0,01	-0,03	-1,53	-2,00	-3,53	0,3
HG10xHG14	-0,921	2,4	0,7	-0,00	0,04	1,51	0,38	1,89	-0,9
HG11xHG12	1,084	-1,2	-3,4	-0,02	0,22	0,87	4,56	5,43	-0,6
HG11xHG13	-0,173	8,4	3,3	-0,01	-0,02	0,32	-3,31	-2,99	-0,3
HG11xHG14	0,334	0,01	-1,3	-0,01	0,03	-1,55	-0,92	-2,47	0,5
HG12xHG13	0,435	0,4	6,4	0,04	0,01	-2,81	7,92	5,12	-0,6
HG12xHG14	-0,589	4,9	4,8	0,01	-0,22	3,99	-3,02	0,97	0,2
HG13xHG14	0,607	-10,4	-6,4	-0,01	0,06	-0,18	-1,59	-1,77	0,2
Máximo	1,649	16,0	9,3	0,05	0,25	3,99	7,92	5,46	0,9
Mínimo	-2,140	-26,4	-18,5	-0,04	-0,22	-2,81	-3,83	-5,29	-1,0
Var (s_{ij})	0,199	0,2	0,2	0,00	0,00	2,16	4,37	6,94	0,2
Var ($s_{ij} - s_{ik}$)	0,431	0,5	0,4	0,00	0,01	4,69	9,46	15,03	0,4
Var ($s_{ij} - s_{kl}$)	0,392	0,5	0,3	0,00	0,01	4,26	8,60	13,66	0,3

* Cruzamento máximo

** Cruzamento mínimo

Tabela 34. Estimativas da capacidade geral de combinação (gi) para peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14 em Piracicaba (SP). 2001/02

População	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	-0,54	-4,2	-2,4	0,00	0,03	-0,82	-4,93	-6,65
HG2	0,01	-5,5	-2,8	0,00	0,03	6,19	20,42	24,39
HG3	0,33	2,0	2,3	0,01	-0,07	-0,20	-4,71	-0,35
HG4	-0,06	0,0	1,3	0,01	0,00	-7,78	-0,43	-12,28
HG5	0,10	3,5	1,4	0,00	0,00	-0,57	-8,70	-14,40
HG6	-0,07	0,1	-0,6	0,00	-0,04	-7,18	-11,98	-7,45
HG7	0,27	0,2	-0,2	0,00	-0,04	7,44	-4,50	0,26
HG8	-0,27	0,0	-0,5	0,00	-0,02	0,27	-6,83	-6,78
HG9	-0,06	-2,0	-4,6	-0,02	0,04	4,93	4,31	9,25
HG10	0,08	0,1	-0,6	0,00	-0,06	0,08	-6,05	-6,86
HG11	0,75	7,7	4,4	0,00	0,04	-7,03	2,22	0,26
HG12	-0,25	-1,6	-3,1	-0,01	0,03	19,59	19,14	29,10
HG13	-0,71	-4,0	1,2	0,02	0,02	-6,85	8,17	7,98
HG14	0,42	4,2	4,1	0,01	0,03	5,58	-13,02	-7,44

Tabela 35. Estimativas da capacidade geral de combinação (gi) para peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14 em Anhembi (SP). 2001/02

População	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE
HG1	-0,12	-0,9	-0,5	0,00	0,00	7,42	0,02	7,59
HG2	0,05	-1,8	-1,8	0,00	-0,03	5,11	-0,10	4,13
HG3	0,58	2,2	1,2	0,00	0,09	6,16	-0,10	5,56
HG4	-0,20	0,1	-0,5	0,00	-0,08	-9,43	-0,10	-10,03
HG5	-0,29	0,2	3,2	0,02	-0,01	-9,25	-0,10	-9,85
HG6	-0,26	1,1	-0,7	-0,01	-0,07	-8,46	0,06	0,27
HG7	0,44	5,8	4,2	0,01	-0,05	-9,98	0,02	-9,81
HG8	-0,20	0,7	-0,7	-0,01	-0,03	-8,58	-0,10	-9,18
HG9	0,14	-3,1	-1,2	0,00	0,00	-1,85	0,02	-1,68
HG10	-0,27	-3,6	-1,1	0,00	-0,10	3,20	-0,10	2,22
HG11	0,52	3,8	2,6	0,00	0,11	-9,32	-0,10	-10,31
HG12	0,06	-1,2	-3,2	-0,01	0,06	23,89	6,88	30,77
HG13	-0,35	-8,3	-4,6	0,00	0,04	4,16	0,20	6,16
HG14	-0,10	5,2	3,4	0,00	0,07	-8,94	0,02	-9,42

Tabela 36. Estimativas da capacidade geral de combinação (gi) para peso de espiga (PE, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), número de espigas por planta (NEP), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) das populações avaliadas através de cruzamentos dialélicos 14x14 em Rio Verde (GO). 2001/02

População	PE	AP	AE	PRE	NEP	%AC	%QUE	%AC+QUE	CERC
HG1	0,15	-1,7	-2,1	-0,01	0,01	-0,89	3,84	-8,35	-0,10
HG2	-0,14	0,9	-2,2	-0,02	-0,05	5,32	17,42	22,65	-0,35
HG3	0,52	2,9	1,1	0,00	0,03	-0,10	-5,49	-6,12	0,07
HG4	0,50	2,4	4,1	0,02	-0,01	-8,51	-5,88	-14,39	-0,10
HG5	0,33	2,9	4,7	0,02	0,00	-0,65	-8,10	-14,59	0,09
HG6	-0,31	-4,4	-4,1	-0,01	0,02	-7,97	-1,97	-5,70	0,07
HG7	0,29	3,7	3,7	0,01	0,04	6,78	-5,23	0,49	-0,06
HG8	-0,47	0,1	2,5	0,01	-0,03	0,36	-7,69	-7,90	0,30
HG9	0,15	-5,8	-5,6	-0,02	-0,04	3,54	0,85	4,40	-0,08
HG10	-0,17	-0,7	1,1	0,01	-0,01	0,12	-6,55	-6,51	0,11
HG11	-0,13	4,7	2,0	0,00	0,00	-7,76	1,74	0,10	-0,08
HG12	-0,51	-4,3	-5,2	-0,02	0,02	14,02	14,17	38,72	0,28
HG13	0,27	-3,0	-3,9	-0,01	0,01	-7,65	8,44	7,86	-0,31
HG14	-0,49	2,5	3,7	0,01	0,01	6,06	-13,99	-7,93	0,15

Tabela 37. Predição de médias de peso de espigas (PE) em t/ha e resistência a *Cercospora zeae-maydis* (CERC) de compostos de tamanho k=4, a partir das médias individuais das populações e seus cruzamentos dialélicos avaliados em Piracicaba (SP), Anhembi (SP) e Rio Verde (GO). 2001/02

Composto k=4	Piracicaba, SP		Anhembi, SP		Rio Verde, GO		
	Parentais	PE	Parentais	PE	Parentais	PE	CERC
1	7x10x11x14	9,4396	2x3x10x11	9,6671	3x4x10x13	8,3259	3,1
2	3x9x11x14	9,4334	7x9x10x11	9,6193	3x5x8x13	8,3105	3,3
3	7x9x11x14	9,3936	3x9x10x11	9,5445	3x5x6x13	8,3070	3,1
4	3x10x11x14	9,3365	3x4x10x11	9,4712	3x5x7x13	8,2858	3,0
5	7x9x10x11	9,2908	2x3x11x14	9,4542	1x5x7x13	8,2674	2,9
6	3x5x10x11	9,2810	2x7x11x14	9,4505	3x4x5x13	8,2571	3,1
7	9x10x11x14	9,2739	2x7x10x11	9,4325	2x3x4x13	8,2508	3,1
8	2x7x11x14	9,2631	2x3x6x11	9,4246	3x4x5x6	8,2405	3,2
9	3x5x11x14	9,2608	1x3x10x11	9,3889	3x4x7x13	8,2394	3,1
10	3x6x11x14	9,2600	3x6x10x11	9,3802	3x4x9x14	8,2266	3,1

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIRRE, M.N.; LUQUEZ, J.; SUAREZ, J.C. Evaluation of heterosis among short season populations of corn. **Maydica**, v.42, n.3, p.291-295, 1997.
- AJALA, S.O.; KLING, J.G.; KIM, S.K.; OBAJIM, A.O. Improvement of maize populations for resistance to downy mildew. **Plant Breeding**, v.122, n.4, p.328-333, 2003.
- ALLARD, R.W. The analysis of genetic-environment interactions by means of diallel crosses. **Genetics**, v.41, n.3, p.305-18, 1956.
- ANDERSON, B.M. Gray leaf spot resistance. Why do we need it? How do we get it?. In: ANNUAL CONFERENCE OF THE ILLINOIS CORN BREEDERS SCHOOL, 31., Urbana, 1995. **Resumos**. Champaign: University of Illinois, Urbana, 1995. p.186-194.
- ARRIEL E. F., PACHECO, C.A.P., RAMALHO, M.A.P. Avaliação de famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, n.7, p.849-854, 1993.

- AYERS, J.E.; JOHNSON, M.W.Jr.; HILL, R.R.Jr. Identifying resistance to gray leaf spot. In: ANNUAL CORN SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 39, Washington, 1984. **Proceedings**. Washington: American Seed Trade Association, 1984. p.157-175.
- BAIR, W.; AYERS, J.E. Variability insulates of *Cercospora zeae-maydis*. **Phytopathology**, v.76, n.2, p.129-32, 1986.
- BATHIA, A.; MUNKVOLD, G.P. Relationship of environment and cultural factors with severity of Gray Leaf Spot in maize. **Plant Disease**, v.86, n.10, p.1127-1133, 2002.
- BECKMAN, P.M.; PAYNE, G.A. External growth, penetration, and development of *Cercospora zeae-maydis* in corn leaves. **Phytopathology**, v.72, n.7, p.810-815, 1982.
- BERGQUIST, R.R.; PAYNE, G.A.; THOMPSON, D.L.; BOWMAN, D.T. Inheritance estimates of resistance in maize (*Zea mays*) to gray leaf spot (*Cercospora zeae-maydis*). **Phytopathology**, v.97, n.11, p.1310, 1985.
- BERNARDO, R. What if we knew all the genes for a quantitative trait loci in hybrid crops?. **Crop Science**, v. 41, n.1, p.1-4, 2001.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002. 369 p.
- BUBECK, D.M.; GOODMAN, M.M.; BEAVIS, W.D. e Grant, D. Quantitative trait loci controlling resistance to gray leaf spot in maize. **Crop Science**, v.33, n.4, p.838-847, 1993.

- CARSON, M.L.; GOODMAN, M.M.; WILLIANSO, S.M. Variation in aggressiveness among isolates of *Cercospora* from maize as a potential cause of genotype environment interaction in gray leaf spot trials. **Plant Disease**, v.86, n.10, p.1089-1093, 2002.
- CARVALHO, H.W.L. de., LEAL, M.L.S., SANTOS, M.X., PACHECO, C.A.P. Potencial genético da cultivar de milho BR5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35., n.6, p.1169-1176, 2000a.
- CARVALHO, H.W.L. de., GUIMARÃES P.E.O., LEAL, M.L.S., CARVALHO, P.C.L., SANTOS, M.X. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35., n.8, p.1577-1584, 2000b.
- CARVALHO, H.W.L. de., PACHECO, C.A.P., SANTOS, M.X., GAMA, E.E.G., MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho BR5028- San Francisco, no nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29., n.11, p.1727-1733, 1994.
- CARVALHO, H.W.L. de., LEAL, M.L.S., SANTOS, M.X. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CMS 35 no estado de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37., n.10, p.1399-1404, 2002.

- CARVALHO, H.W.L. de., LEAL, M.L.S., SANTOS, M.X., SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38., n.1, p. 73-78, 2003.
- CEBALLOS, H.; DEUTSCH, J.A.; GUTIÉRREZ, H. Recurrent selection for resistance to *Exserohilum turcicum* in eight subtropical maize populations. **Crop Science**, v.31, n.4, p.964-971, 1991.
- CHAVES, L.J., MIRANDA FILHO, J.B. Plot size for progeny selection in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, n.7-8, p. 963-970, 1992.
- CHAVES, L.J.; MIRANDA FILHO, J.B. Predicting variety composite means without diallel crossing. **Revista Brasileira de Genética**, v.20, n.3, p.501-506, 1997.
- COATES, S.T.; WHITE, D.G. Sources of resistance to gray leaf spot of corn. **Plant Disease**, v.78, n.12, p.1153-5, 1994.
- COATES, S.T.; WHITE, D.G. Inheritance of resistance to gray leaf spot in crosses involving selected resistant inbred lines of corn. **Phytopathology**, v.88, n.9, p.972-982, 1998.
- COELHO, A.S.G. Considerações gerais sobre a análise de QTLs. In: PINHEIRO, J.B.; CARNEIRO, I.F. (Ed.) **Análise de QTL no melhoramento de plantas**. Goiânia: FUNAPE, 2000. p.1-36.

- COMSTOCK, R.E., MOLL, R.H. Genotype - environment interactions. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. (Ed.) **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Sciences - National Research Council, 1963. p.164-196.
- CROSSA, J.; GARDNER, C.O.; MUMM, R.F. Heterosis among populations of maize (*Zea mays* L.) with different levels of exotic germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v.73, n.3, p.445-450, 1987.
- CROSSA, J.; VASSAL, S.K.; BECK, D.L. Combining ability study in diallel crosses of CIMMYT's tropical late yellow maize germplasm. **Maydica**, v.35, nn.3, p.273-278, 1990.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: versão windows – aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- DARRAH, L.L., ZUBER, M.S. 1985 United States fam maize germplasm base and commercial breeding strategies. **Crop Science**, v.26, n.6, p.1109-1113, 1986.
- DAUB, M.E.; EHRENSHAFT, M. The photoactivated *Cercospora* toxin cercosporin: contribution to plant disease and fundamental biology. **Annual Review of Phytopathology**, v.38, p.461-490, 2000.
- DODD, J.L. The role of plant stresses in development of corn stalk rots. **Plant Disease**, v.64, n.6, p. 533-537, 1980.

DOERKSEN, T.K.; KANNENBERG, L.W.; LEE, E.A. Effect of recurrent selection on combining ability in maize breeding populations. **Crop Science**, v.43, n.5, p.1652-1658, 2003.

DONAHUE, P.J.; STROMBERG, E.L.; MYERS, S.L. Inheritance of reaction to gray leaf spot in a diallel cross of 14 maize inbreds. **Crop Science**, v.31, n.4, p.926-31, 1991.

DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetics variance in plant breeding. **Crop Science**, v.9, n.3, p.257-262, 1969.

DUNKLE, L.D.; LEVY, M. Genetic relatedness of African and United States populations of *Cercospora zeae-maydis*. **Phytopathology**, v.90, n.5, p.486-490, 2000.

EBERHART, S.A.; HARRISON, M.N.; AGODA, F.A. A comprehensive breeding system. **Der Zuchter**, v.37, p.169-174, 1967.

ECHANDI, C.R.; HALLAUER, A.R. Evaluation of U.S. Corn Belt and adapted tropical maize cultivars and their diallel crosses. **Maydica**, v.41, n.4, p.317-324, 1996.

ELWINGER, G.F.; JOHNSON, M.W.; HILL, R.R.; AYERS, J.E. Inheritance of resistance to gray leaf spot of corn. **Crop Science**, v.30, n.2, p.350-358, 1990.

- EVERETT, L.A.; ETA-NDU, J.T.; NDIORO, M.; TABI, I.; KIM, S.K. Registration of 19 second-cycle tropical midaltitude maize germplasm lines. **Crop Science**, v.34, n.5, p. 1419-1420, 1994.
- EVGENIDIS, G.; FOTIADIS, N.; GEORGIADIS, S.; LIGOS, E.; MELLIDIS, B.; SFAKIANAKIS, J. Analysis of diallel crosses among CIMMYT's subtropical - temperate and adapted to the U.S. corn belt maize populations. **Maydica**, v.46, n.1, p.47-52, 2001.
- FERNANDES, F.T.; OLIVEIRA, E. A ascensão de uma doença. Cultivar, **Ceres**, v.2, n.17, p.14, 2000.
- FERRÃO, R.G., GAMA, E.E.G., COSTA, A.F.S., SANTOS, J.A.C., FERRÃO, M.A.G. Estimativas de parâmetros genéticos em dois ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) EEL₂. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30., n.7, p. 957-962, 1995a.
- FERRÃO, R.G., GAMA, E.E.G., FERRÃO, M.A.G, SANTOS, J.A.C. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população EEL₄. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30., n.9, p.1195-1200, 1995b.
- FREPPON, J.T.; LIPPS, P.E.; PRATT, R.C. Characterization of the chlorotic lesion response by maize to *Cercospora zeae-maydis*. **Plant Disease**, v.78, n.10, p.945-949, 1994.
- FREPPON, J.T. ; PRATT, R.C.; LIPPS, P.E. Chlorotic lesion response of maize to *Cercospora zeae-maydis* and its effect on gray leaf spot disease. **Phytopathology**, v.86, n.7, p.733-738, 1996.

- GAMA, E.E.G.; HALLAUER, A.; LOPES, M.A.; PARENTONI, S.N.; SANTOS, M.X.; GUIMARÃES, P.E. Combining ability among fifteen early cycle maize populations in Brazil. **Brazilian Journal of Genetics**, v.18, n.4, p.569-577, 1995.
- GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v.22, n.3, p.439-452, 1966.
- GERALDI, I.O.; MIRANDA FILO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, n.2, p.419-430, 1988.
- GEVERS, H.O.; LAKE, J.K.; HOHLS, T. Diallel cross analysis of resistance to gray leaf spot in maize. **Plant Disease**., v.78, n.4, p.379-83, 1994.
- GOODMAN, M. Estimates of genetic variances in adapted and exotic population of maize. **Crop Science**, v.5, p.87-90, 1965.
- GORDON, S.G., BARTSCH, M., MATTHIES, I., GEVERS, H.O., LIPPS, P.E., PRATT, R.C. Linkage of molecular markers to *Cercospora zeae-maydis* resistance in maize. **Crop Science** v.44, n.2, p. 628-636, 2003.
- GRAHAM, M.J.; HAWK, J.A.; CARROLL, R.B.; AYERS, J.E.; LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Evaluation of Iowa Stiff Stalk Synthetic for resistance to gray leaf spot. **Plant Disease**, v.77, n.4, p.382-385, 1993.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal of Biological Sciences**, v.9, p.463-93, 1956.

GWINN, K.D.; STELZIG, D.A.; BROOKS, J.L. Effects of corn plant-age and cultivar on resistance to *Cercospora zeae-maydis* and sensitivity to cercosporin. **Plant Disease**, v.71, n.7, p.603-606, 1987.

HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbreds. **Maydica**, n.35, v.1, p.1-16, 1990.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468p.

HAWK, J.A.; CARROLL, R.B.; LATTERELL, F.M. First report of gray leaf spot (*Cercospora zeae-maydis*) in Delaware. **Plant Disease**, v.69, p.361, 1985.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v.39, n.6, p.789-809, 1954.

HILTY, J.W.; HADDEN, C.H.; GARDEN, F.T. Response of maize hybrids and inbred lines to gray leaf spot and the effects on the yield in Tennessee. **Plant Disease Report**, v.63, n.6, p.515-18, 1979.

HUFF, C.A.; AYERS, J.E.; HILL, R.R. Inheritance of resistance in corn (*Zea mays* L.) to gray leaf spot. **Phytopathology**, v.78, n.6, p.790-94, 1988.

- JINAHYON, S.; RUSSELL, W.A. Evaluation of recurrent selection for stalk-rot resistance in a open-pollinated variety of maize. **Iowa State Journal Research**, v.43, p.229-37, 1969.
- JOHNSON, M.W.; AYERS, J.E. Registration of eight maize germplasm sources for gray leaf spot (GLS) resistance. **Crop Science**, v.28, n.5, p.871-872, 1988a.
- JOHNSON, M.W.; AYERS, J.E. Registration of three parental lines of maize with improved resistance to gray leaf spot. **Crop Science**, v.28, n.5, p.876-877, 1988b.
- KRAJA, A.; DUDLEY, J.W.; WHITE, D.G. Identificação of tropical and temperate maize populations having favorable alleles for disease resistance. **Crop Science**, v.40, n.4, p.948-954, 2000.
- KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R.N. The partial diallel cross. **Biometrics**, v.17, n.2, p.229-250, 1961.
- LAMBERT, R.J.; WHITE, D.G. Disease reaction changes from tandem selection for multiple disease resistance in two maize synthetics. **Crop Science**, v.37, n.1, p.66-69, 1997.
- LAMKEY, K.R. Fifty years of recurrent selection in the Iowa Stiff Stalk Synthetic maize population. **Maydica**, v.37, n.1, p.19-28, 1992.
- LAMKEY, K.R., HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, v.32, n.1, p.61-78, 1987.

- LAPAIRE, C.L.; DUNKLE, L.D. Microcycle conidiation in *Cercospora zeae-maydis*. **Phytopathology**, v.93, N.2, p.193-199, 2003.
- LATTERELL, F.M.; ROSSI, A.E. Gray leaf spot of corn: A disease on the move. **Plant Disease**, v.67, n.8, p.842-47, 1983.
- LEHMENSIEK, A.; ESTERHUIZEN, A.M.; VAN STADEN, D.; NELSON, S.W.; RETIEF, A.E. Genetic mapping of gray leaf spot (GLS) resistance genes in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v.103, n.5, p.797-803, 2001.
- LEMOS M.A; GAMA, E.E.G.; OLIVEIRA, A.C.; ARAUJO, M.R.A. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27., n.12, p.1563-1569, 1992.
- LOPES, M.A.; GAMA, E.E.G.; VIANA, R.T.; SOUZA, I.R.P. Heterose e capacidade de combinação para produção de espigas em cruzamentos dialélicos de seis variedades de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.20, n.3, p.349-354, 1985.
- LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982. 62p. Dissertação (M.S.) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- MANH, N.Q. Inheritance of resistance to gray leaf spot in maize. Blacksburg, 1977. 73p. Thesis (M.S) - Polytechnic Institute - Virginia State University.
- MICKELSON, H.R.; CORDOVA, H.; PIXLEY, K.V.; BJARNASON, M.S. Heterotic relationships among nine temperate and subtropical maize populations. **Crop Science**, v.41, n.4, p.1012-1020, 2001.

MIRANDA FILHO, J.B. Analysis of diallel tables with reciprocal crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, v.18, p.633-637, 1995.

MIRANDA FILHO, J.B.; CHAVES, L.J. Analysis of diallel crosses with F_2 generations. **Brazilian Journal of Genetics**, v.19, n.1, p.127-132, 1996.

MIRANDA FILHO, J.B.; CHAVES, L.J. Procedures for selecting composites based on prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics** n.78, p.190-194, 1991.

MIRANDA FILHO, J.B.; GERALDI, I.O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v.8, n.4, p.677-688, 1984.

MIRANDA FILHO J.B.; GORGULHO, E.P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.) **Recursos Genéticos & Melhoramento – Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap.21, p.649-671.

MIRANDA FILHO, J.B., NASS, L.L. Genetic variability in semi-exotic populations of maize (*Zea mays* L.). **Journal of Genetics & Breeding**, v.55, p.191-200, 2001.

MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOVSKY, R. Analysis of diallel crosses among open pollinated varieties of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.29, n.3, p.217-234, 1984.

- MIRANDA FILHO, J.B.; VENCovsky, R. The partial circulant diallel cross at the interpopulational level. **Genetics and Molecular Biology**, v.22, n.2, p.249-256, 1999.
- MISEVIC, D. Heterotic patterns among U.S. Corn Belt, Yugoslavian and exotic maize population. **Maydica**, v.34, n.4, p.353-363, 1989.
- MITTELMANN, A.; MIRANDA FILHO, J.B.; LIMA, G.J.M. de.; HARA-KLEIN, C.; TANAKA, R.T. Potential of the ESA23B maize population for protein and oil content improvement. **Scientia Agricola**, v.60, n.2, p.319-327, 2003.
- MOLL, R.H., SALHUANA, W.S., ROBINSON, H.F. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. **Crop Science**, v.2, p.197-198, 1962.
- MORELLO, C.L. Potencial de germoplasma de milho para síntese de compostos com adaptação a solos ácidos. Piracicaba, 2000. 132p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- MORO, J.R. Avaliação de quinze sintéticos de milho (*Zea mays* L.) em cruzamentos dialélicos. Piracicaba, 1987, 65p. Tese (Livre-Docência) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- MUNGOMA, C.; POLLAK, L.M. Heterotic patterns among tem Corn Belt and exotic maize populations. **Crop Science**, v.28, n.3, p.500-504, 1988.

NASS, L.L., MIRANDA FILHO, J.B. Synthesis of new composites of maize (*Zea mays* L.) for population improvement in Brazil. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DEL MAÍZ, 18., Sete Lagoas, 1999. **Memorias**. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1999. p.309-317.

NAZARENO, N.R.X.de; LIPPS, P.E.; MADDEN, Effect of levels of corn residue on the epidemiology of gray leaf spot of corn in Ohio. **Plant Disease**, v.77, n.1, p.67-70, 1993.

ORDÁS, A. Heterosis in crosses between American and Spanish populations of maize. **Crop Science**, v.31, n.4, p.931-935, 1991.

PACHECO, C.A.P., GAMA, E.E.G., GUIMARÃES, P.E.O., SANTOS, M.X., FERREIRA, A.S. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33., n.12, p.1995-2001, 1998.

PANDEY, S; CEBALLOS, H; MAGNAVACA, R.; BAHIA FILHO, A.F.C.; DUQUE-VARGAS, J.; VIÑASCO, L.E. Genetics of tolerance to soil acidity in tropical maize. **Crop Science**, v.34, n.6, p.1511-1514, 1994.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.) **Crop Science**, v.7, n.3, p.212-216, 1967.

PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968. 92 p. Tese (Professor catedrático) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de Populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.217-274.
- PAYNE, G.A.; DUNCAN, H.E.; ADKINS, C.R. Influence of tillage on development of gray leaf spot and number of airborne conidia of *Cercospora zea-maydis*. **Plant Disease**, v.71, n., p.329-332, 1987.
- PAYNE, G.A.; WALDRON, J.K. Overwintering and spore release of *Cercospora zea-maydis* in corn debris in North Carolina. **Plant Disease**, v.67, p.87-89, 1983.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processo de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, ESALQ, 1977. 122p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- REGITANO NETO, A.; NASS, L.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Potential of twenty exotic germplasm to improve Brazilian maize architecture. **Brazilian Journal of Genetics**, v.20, n.4, p.691-696, 1997.
- RESENDE, M.D.V.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Análise quantitativa da seleção envolvendo progênies de milho (*Zea mays* L.) em solos sob cerrado e fértil. I. Progressos genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32., n.5, p. 495-507, 1997.

- REVILLA, P.; TRACY, W.F. Heterotic patterns among open-pollinated sweet corn cultivars. **Journal of The American Society for Horticultural Science**, v.122, n.3, p.319-324, 1997.
- REVILLA, P.; VELASCO, P.; VALES, M.I.; MALVAR, R.A.; ORDÁS, A. Cultivar heterosis between sweet and spanish field corn. **Journal of the American Horticultural Society**, v.125, n.6, p.684-688, 2000.
- RINGER, C.E.; GRYBAUSKAS, A.P. Infection cycle components and disease progress of gray leaf spot on field corn. **Plant Disease**, v.79, n.1, p.24-28, 1995.
- ROANE, C.W.; GENTER, C.F. Breeding maize for resistance to gray leaf spot. **Proceedings American Phytopathology Society**, v.3, p.331, 1976.
- ROANE, C.W.; HARRISON, R.L.; GENTER, C.F. Observations on gray leaf spot of maize in Virginia. **Plant Disease Report**, v.58, n.5, p.456-459, 1974.
- RUPE, J.C.; SIEGEL, M.R.; HARTMAN, J.P. Influence of environment and plant maturity on gray leaf spot of corn caused by *Cercospora zeae-maydis*. **Phytopathology**, v.72, n.12, p.1587-1591, 1982.
- SAGHAI MAROOF, M.A.; VAN SCOYOC, S.W.; YU, Y.G.; STROMBERG, E.L. Gray leaf spot disease of maize: rating methodology and inbred line evaluation. **Plant Disease**, v, 77, n.6, p.583-87, 1993.

- SAGHAI MAROOF, M.A.; YUE, Y.G.; XIANG, Z.X.; STROMBERG, E.L.; RUFENER, G.K. Identification of quantitative trait loci controlling resistance to gray leaf spot disease in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v.93, n.4, p.539-46, 1996.
- SALAZAR, F.S.; PANDEY, S.; NARRO, L.; PEREZ, J.C.; CEBALLOS, H.; PARENTONI, S.N.; BAHIA, A.F.C. Diallel analysis of acid-soil tolerant and intolerant tropical maize populations. **Crop Science**, v.37, n.5, p.1457-1462, 1997.
- SAN VICENTE, F.M.; BEJARANO, A.; MARIN, C.; CROSSA, J. Analysis of diallel crosses among improved tropical White endosperm maize populations. **Maydica**, v.43, n.2, p.147-153, 1998.
- SANTOS, M.X., MIRANDA FILHO, J.B. Genetic potential of two Brazilian races of maize (*Zea mays* L.) for breeding purposes. **Journal of Genetics & Breeding**, v.46, p.83-90, 1992.
- SANTOS, M.X.S.; NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas na população de milho "Flint composto nordeste". **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.21, p.739-746, 1986.
- SANTOS, M.X.S.; POLLAK, L.M.; CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O; ANDRADE, R.V. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin América with Brazilian testers. **Scientia Agrícola**, v.58, n.4, p.767-775, 2001.

- SFAKIANAKIS, J.; FOTIADIS, N.; EVGENIDIS, G.; KATRANIS, N. Genetic analysis of maize variety diallel crosses and related populations. **Maydica**, v.41, n.2, p.113-117, 1996.
- SHURTLEFF, M.C. **Compendium of corn diseases**. Saint Paul: American Phytopathological Society Press, 1980. 105p.
- SILVA, R.M. Valor genético e potencial heterótico de populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 2001. 121p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- SILVA, R.M., MIRANDA FILHO, J.B. Heterosis expression in crosses between maize population: ear yield. **Scientia Agrícola**, v.60, n.3, p.519-524, 2003.
- SMITH, D.R. Overview of selected U.S. corn disease. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM INDUSTRY RESEARCH, Washignton, 1988. **Proceedings**. Washignton: American Seed Trade Association, 1988, p.227-258.
- SMITH, K.L.; GRYBAUSKAS, A.P. Incidence of and tillage methods associated with gray leaf spot of field corn in Maryland. **Phytopathology**, v.75, n.11, p.1366, 1984.
- SMITH, J.S.C., SMITH, O.S., WRIGHT, S., WALL, S.J., WALTON, M. Diversity of U.S. hybrid maize germplasm as revealed by restriction fragment length polymorphisms. **Crop Science**, v.32, n.3, p.598-604.1992.
- SOENGAS, P.; ORDÁS, B.; MALVAR, R.A.; REVILLA, P.; ORDÁS, A. Heterotic patterns among flint maize populations. **Crop Science**, v.43, n.3, p.844-849, 2003.

- SOENGAS, P.; BUTRON, A.; REVILLA, P.; ORDÁS, A.; MALVAR, R.A. Performance of crosses among flint maize populations under infestation by *Sesamia nonagrioides* (Lepidoptera: Noctuidae). **Journal of Economic Entomology**, v.97, n.4, p.1438-1443, 2004.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Análise de cruzamentos dialélicos e predições de médias de compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1981. 102p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- SOUZA JUNIOR, C.L., SANTOS, M.X., MAGNAVACA, R., GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28., n.4, p. 473-479, abr.1993.
- SPANER, D.; BRATHWAITE, R.A.I; MATHER, D.E. Diallel study of open-pollinated maize varieties in Trinidad. **Euphytica**, v.90, n.1, p.65-72, 1996.
- SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v.34, p.923-932, 1942.
- STROMBERG, E.L.; DONAHUE, P.J. Hybrid performance and yield loss associated with gray leaf spot disease. In: ANNUAL CORN SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 41., Washington, 1986. **Proceedings**. Washington: American Seed Trade Association, 1986. p.92-104.

- TEHON, L.R.; DANIELS, E. Notes on the parasitic fungi of Illinois. **Mycologia**, v.17, p.248, 1925.
- THOMPSON, D.L.; BERGQUIST, R.R.; PAYNE, G.A.; BOWMAN, D.T.; GOODMAN, M.M. Inheritance of resistance to gray leaf spot in maize. **Crop Science**, v.27, n.2, p.243-246, 1987.
- TROYER, A.F. Breeding early corn. In.: HALLAUER, A.R. (Ed.) **Speciality corns**. Iowa: Ames, 1994. p.342-396.
- ULRICH, J.F.; HAWK, J.A.; CARROLL, R.B. Diallel analysis of maize inbreds for resistance to gray leaf spot. **Crop Science**, v.30, n.6, p.1198-1200, 1990.
- VASAL, S.K.G.; SRINIVASAN, G.; BECK, D.L.; CROSSA, J.; PANDEY, S.; DE LEON, C. Heterosis and combining ability of CIMMYT's tropical late white maize germplasm. **Maydica**, v.37, n.2, p.217-223, 1992.
- VENCOVSKY, R. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, 1970. 59 p. Tese (Livre-Docência) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENÉTICS, 2., Raleigh, 1987. **Proceedings**. Raleigh: Sinauer Associates, 1988. p. 465-477.

- WARD, J.M.J.; LAING, M.D.; CAIRNS, A.L.P. Management practices to reduce gray leaf spot of maize. **Crop Science**, v.37, n.4, p.1257-62, 1997.
- WARD, J.M.J.; NOWELL, D.C. Integrated management for the control of maize gray leaf spot. **Integrate Pest Management Review**, v.3, p.1-12, 1998.
- WARD, J.M.; STROMBERG, E.L.; NOWELL, D.C.; NUTTER, F.W. Gray leaf spot. A disease of global importance in maize production. **Plant Disease**, v.83, n.10, p.884-895, 1999.
- WEBEL, O.D.; LONQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.7, n.6, p.651-655, 1967.