

DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS
DE MILHO SUPERDOCE (*Zea mays* L. *saccharata*) ADAPTADOS ÀS
REGIÕES NORTE E NOROESTE FLUMINENSE

NAYARA NORRENE LACERDA DURÃES

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2018

DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS
DE MILHO SUPERDOCE (*Zea mays* L. *saccharata*) ADAPTADOS ÀS
REGIÕES NORTE E NOROESTE FLUMINENSE

NAYARA NORRENE LACERDA DURÃES

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Orientador: Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2018

FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCH / UENF

050/2018

D947 Durães, Nayara Norrene Lacerda.

Desenvolvimento e avaliação de híbridos dialélicos de milho superdoce (*Zea mays* L. *saccharata*) adaptados às regiões norte e noroeste fluminense / Nayara Norrene Lacerda Durães. – Campos dos Goytacazes, RJ, 2018.

128 f. : il.

Bibliografia: 93 – 110.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2018.

Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. *Zea mays* L. 2. Divergência Genética. 3. Análise Dialélica. 4. Análise Multivariada. 5. Melhoramento de Plantas. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD – 633.1523

DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS
DE MILHO SUPERDOCE (*Zea mays* L. *saccharata*) ADAPTADOS ÀS
REGIÕES NORTE/ NOROESTE FLUMINENSE

NAYARA NORRENE LACERDA DURÃES

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas”.

Aprovada em 28 de fevereiro de 2018

Comissão Examinadora:



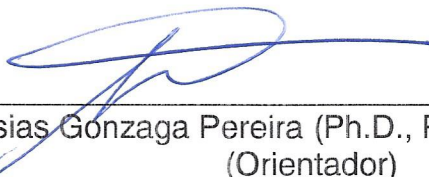
Dr. Roberto dos Santos Trindade (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
EMBRAPA Milho e Sorgo



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UENF



Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF



Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) – UENF
(Orientador)

Aos meus amados pais, Luzinete e Sebastião, que muitas vezes se doaram e renunciaram aos seus sonhos para que eu pudesse realizar os meus. Quero dizer que esta conquista não é só minha, mas nossa. Tudo que consegui só foi possível graças ao amor, apoio e dedicação que vocês sempre tiveram por mim.

À minha querida avó, Erestina, pelo exemplo de vida e de força, por todas as orações ao longo desta jornada, sempre torcendo pelas minhas conquistas.

A vocês, dedico este trabalho

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, acima de tudo, por ter abençoado todos os dias da minha vida, por iluminar meu caminho e me dar forças para seguir em frente diante dos momentos de dificuldade.

À UENF e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela formação acadêmica.

Agradeço ao professor Messias Gonzaga Pereira a oportunidade de tê-lo como orientador, pelos ensinamentos transmitidos durante esta jornada.

A todos os professores do Programa, pela troca de experiências e de ensinamentos. Em especial ao professor Alexandre, pela disponibilidade e pela colaboração durante a condução dos experimentos.

À CAPES, pela concessão da bolsa de estudos durante a realização do doutorado, fato este que viabilizou a realização desta tese.

Aos Doutores Roberto Trindade, Rogério Daher e Marcelo Vivas, por terem aceitado o convite para compor a banca avaliadora deste trabalho.

Aos técnicos de campo Geraldo e Leandro, pelo valioso e grande auxílio nas atividades de campo durante as etapas desta pesquisa.

Aos estagiários do Colégio Agrícola, Luzimara, Valdinei, Durval, Martinha e Jaqueline, pela amizade e pela grande ajuda durante toda condução dos experimentos.

Aos amigos e funcionários de Itaocara, pelo carinho, pela amizade e pela essencial colaboração nos experimentos de campo.

Aos colegas de laboratório Vitória, Marcela, Fernandinha e Aline, pelo apoio.

Aos amigos Júlio, Diego e Renato, pela amizade sincera e pela valiosa ajuda nos trabalhos de campo.

Ao pessoal do grupo do milho pipoca e aos companheiros do milho comum José, Gabriel e Vivane, pela amizade, pelo companheirismo e pelo apoio, em especial à minha grande amiga Jocarla, sempre presente e disposta a me ajudar.

Às amigas e parceiras de república Gerbeli, Mireli e Franciele, pela convivência ao longo destes anos, tornando a distância de casa mais fácil, o meu muito obrigada. Sem vocês, esta jornada seria muito mais difícil.

Ao secretário Daniel, por estar sempre disponível para ajudar.

À minha família, em especial aos meus pais, Sebastião e Luzinete. Vocês são o motivo de tudo. Muito obrigada pelo amor, pelo apoio e pela confiança.

Aos meus irmãos Arlen e Nádia, pela amizade e pelo companheirismo ao longo da vida.

À minha pequena vizinha Erestina, pela inspiração de seguir em frente, mesmo diante das dificuldades. Você é um exemplo para toda nossa família.

Aos meus pequenos Arthur, Alice, Ana e Vinnícius; vocês são os meus presentes na vida, obrigada pelas risadas e por fazerem meus dias felizes.

Ao meu cunhado Rafael, pela ajuda e pelo apoio durante estes anos de pós-graduação.

Aos meus tios Carlos e Gilmar e à minha tia Maria das Graças, pelas orações e por estarem sempre presentes em minha vida.

Às minhas eternas amigas Gizeli e Natália, que mesmo longe sempre se fizeram presentes, me escutando e apoiando em qualquer dificuldade.

À Vick, minha filha de quatro patas, que foi meu grande presente surpresa em Campos, obrigada minha companheirinha por me fazer sorrir todos os dias.

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

*Não reclame se a terra não é boa;
Que o clima não é favorável;
Não lhe cabe julgar a terra ou o tempo;
Tua missão é semear!*

Evade Bernaski

SUMÁRIO

RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS	3
2.1 Objetivo geral.....	3
3. CAPÍTULOS	4
3.1 CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO SUPERDOCE (<i>Zea mays</i> L. <i>saccharata</i>)	4
3.1.1 INTRODUÇÃO	4
3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA.....	6
3.1.2.1 Aspectos gerais do milho doce.....	7
3.1.2.2 Importância socioeconômica	9
3.1.2.3 Melhoramento genético do milho doce	11
3.1.2.4 Cruzamentos dialélicos.....	12
3.1.2.5 Capacidade geral e específica de combinação	14
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	16
3.1.3.1 Obtenção das linhagens endogâmicas de milho superdoce	16
3.1.3.2 Obtenção dos híbridos dialélicos	19
Figura 2. Esquema de cruzamento dialélico parcial com 20 genitores superdoce.....	21

3.1.3.3 Avaliações dos híbridos dialélicos e condução dos experimentos de campo	21
3.1.3.4 Características avaliadas	22
3.1.3.5 Análises estatístico-genéticas	24
3.1.3.5.1 Análise de variância	24
3.1.3.5.2 Análise de dialélica	26
3.1.3.5.3 Teste de agrupamento de médias	26
3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
3.1.4.1 Validação dos resultados da análise de imagem	27
3.1.4.3 Análise dialélica	31
3.1.5 CONCLUSÕES	48
3.2 FORMAÇÃO DE SUPERCARACTERES EM GENÓTIPOS DE MILHO VERDE SUPERDOCE	49
3.2.1 INTRODUÇÃO	49
3.2.2 REVISÃO DE LITERATURA	51
3.2.2.1 Análise de fatores	51
3.2.2.2 Índices de seleção	52
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS	54
3.2.3.1 Genótipos avaliados e caracterização geral do experimento.....	54
3.2.3.2 Genótipos avaliados e caracterização geral do experimento.....	56
3.2.3.3 Análises estatístico-genéticas	57
3.2.3.4 Análise de Fatores.....	57
3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	59
3.2.4.1 Adequação da matriz de dados e validação da Análise de Fatores ...	59
3.2.4.2 Análise de fatores	60
3.2.5 CONCLUSÃO	68
3.3 CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO VERDE SUPERDOCE VIA MODELAGEM MISTA(REML/BLUP) E ABORDAGEM MULTIVARIADA	70
3.3.1 INTRODUÇÃO	70
3.3.2 REVISÃO DE LITERATURA	72
3.3.2.1 Procedimento REML/BLUP na seleção de plantas anuais.....	72
3.3.2.2 Análise multivariada de componentes principais.....	73
3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS	74

3.3.3.1 Genótipos avaliados, condições experimentais e características avaliadas.....	75
3.3.3.2 Condições experimentais	76
3.3.3.3 Características avaliadas	76
3.3.3.4 Análises estatístico-genéticas	77
3.3.4.1 Estimativas de parâmetros genéticos por meio de modelos mistos (REML/BLUP).....	77
3.3.3.4.2 Seleção e caracterização de genótipos por meio de análises multivariadas.....	78
3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	80
3.3.4.1 Análise deviance.....	80
3.3.4.2 Componentes principais	86
3.3.5 CONCLUSÕES	92
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	93
APÊNDICE	111

RESUMO

DURÃES, Nayara Norrene Lacerda; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2018; DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS DE MILHO SUPERDOCE (*Zea mays* L. saccharata) ADAPTADOS ÀS REGIÕES NORTE E NOROESTE FLUMINENSE; Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira; Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof.(a) Helaine Christine Cancela Ramos.

O milho superdoce é uma espécie olerícola de alto valor agregado destinado ao consumo humano devido ao sabor dos grãos. O Brasil possui potencial para expandir sua produção, porém mais estudos são necessários para dar suporte ao lançamento de novas cultivares. Diante deste cenário, o programa de melhoramento de plantas da UENF tem atuado no desenvolvimento e na avaliação de híbridos simples de milho superdoce de alta produtividade e qualidade para o mercado de milho verde, adaptados ao Norte e Noroeste Fluminense. O presente trabalho teve por objetivos: i) avaliar o desempenho de híbridos simples de milho superdoce obtidos através de cruzamentos dialélicos parciais; ii) determinar a ação gênica predominante em características de importância comercial de milho verde; iii) estimar a CGC e a CEC; iv) identificar híbridos simples promissores para a comercialização de espigas na forma de milho verde; v) formar supercaracteres para a seleção simultânea de características relacionadas à produtividade e à qualidade de espigas; e vi) selecionar e caracterizar genótipos de milho via REML/BLUP e análise de componentes principais. Foram avaliados 90 híbridos simples, em Campos dos

Goytacazes/RJ e em Itaocara/RJ, usando-se látice simples com quatro repetições por ambiente. Foram tomados dados de 11 características associadas à produtividade e à qualidade de espigas de importância para o mercado de milho verde. Detectou-se alta variabilidade genética do grupo heterótico “FLINT” em relação ao grupo “DENT”. Os efeitos aditivos foram mais pronunciados para as características associadas à qualidade de espigas, e os efeitos não aditivos foram mais relevantes para as características associadas à produtividade. Os híbridos L8 x L18, L1 x L13 e L6 x L15 se mostraram os mais promissores para o mercado de milho verde. A análise de fatores permitiu a formação de três supercaracteres ou fatores; o primeiro, denominado FTcomb (fator combinado), incluiu as características RE, DE, DS e NFG; o segundo, FTpro (fator produção), reuniu as características NE, Procp; e o terceiro, FTqua (fator qualidade), reuniu as características CCP e CSP. A predição dos ganhos por seleção, baseada nos escores obtidos da análise de fatores, possibilitou ganhos nas principais características. A análise de fatores foi considerada uma ferramenta útil para a predição de ganhos por seleção no sentido de complementar as técnicas de seleção simultânea. A metodologia REML/BLUP associada a análises de componentes principais mostrou efeito da interação G x E para INS, PCP e CSP. Os híbridos G1 e G92 foram superiores em ambos os ambientes. Os híbridos simples, que tiveram as linhagens CIMMYT SH₂ 113 e CIMMYT SH₂ 111 como parentais, se destacaram para as características NFG, RE, DS, DE, PCP e ALT. A estratégia de seleção contendo as características de produtividade com e sem palha permitiu a seleção de genótipos de milho mais altos; prolíferos, de maior diâmetro e comprimento de espigas sem palha; e maior número de fileiras de grãos.

Palavras-Chave: *Zea mays*; análise dialélica; análise multivariada; divergência genética; melhoramento vegetal.

ABSTRACT

DURAES, Nayara Norrene Lacerda, D.Sc.; *Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro*; February 2018; DEVELOPMENT AND EVALUATION OF DIALELIC HYBRIDS OF SUPER SWEET CORN (*Zea mays* L. *saccharata*) ADAPTED TO THE NORTHERN AND NORTHWEST REGIONS OF RIO DE JANEIRO STATE; Advisor: Professor Messias Gonzaga Pereira; Committee Members: Professor Alexandre Pio Viana and Professor Helaine Christine Cancela Ramos.

Super sweet corn is a high added-value horticultural species for human consumption due to the grain flavor. Brazil has the potential to expand production but more studies are needed to support the introduction of new cultivars. In view of this, the plant breeding program of the *Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/UENF* has developed and evaluated simple hybrids of super sweet corn with high yield and high quality for the green corn market, adapted to the North and Northwest of Rio de Janeiro State. The objective of the present work was to: i) evaluate the performance of simple hybrids of super sweet corn obtained by partial diallel crosses; ii) determine the predominant genetic action in traits of commercial importance for green corn; iii) estimate the GCA and SCA; iv) identify simple hybrids promising for the commercialization of ears in the form of green corn; v) form super traits for the simultaneous selection of traits related to yield and quality of ears; vi) select and characterize corn genotypes via REML/BLUP and principal component analysis. Ninety simple hybrids were evaluated in Campos dos Goytacazes and Itaocara, Rio de Janeiro State, Brazil,

using a simple lattice design with four replicates per environment. Data were collected from 11 traits associated to yield and quality of ears of importance for the green corn market. The efficiency of the diallel crosses method in obtaining simple hybrids of super sweet corn and in the estimation of GCA and SCA was evident. High genetic variability of “FLINT” heterotic group was detected in relation to the “DENT” group. The additive effects were more noticeable for the traits associated to ear quality, and the non-additive effects were more relevant for the traits associated to yield. The L8 x L18, L1 x L13, and L6 x L15 hybrids were the most promising for the green corn market. The factor analysis allowed forming three super traits or factors, the first denominated FCcomb (combined factor), included the traits EY, ED, CD and NGL, the second FCyield (yield factor) included the traits EN, PES, and the third FCqua (quality factor) included the traits ELS and ELWS. The prediction of the gains per selection, based on the scores obtained from the factor analysis, allowed gains in the main variables. The factor analysis was considered a useful tool for the prediction of gains per selection, in the sense of complementing the techniques of simultaneous selection of traits in selection index. The REML/BLUP methodology associated to the main component analyses showed interaction effect G x E for EH, EWS and ELSW. The hybrids G1 and G92 were superior in both environments. The simple corn hybrids that had CIMMYT SH₂ 113 and CIMMYT SH₂111 lines as parental presented superior matching performance for NGL, EY, CD, ED, EWS and HEI traits. The selection strategy with the variables ear yield with and without straw allowed the selection of higher, prolific corn genotypes with larger diameter and length of ears without straw, and greater number of rows of grains.

Keywords: *Zea mays*; diallel analysis; multivariate analysis; genetic divergence; plant breeding

1. INTRODUÇÃO

O milho doce (*Zea mays* L. *saccharata*) é uma hortaliça muito popular em países de clima temperado, como Estados Unidos, Canadá, França e Hungria, diferenciando-se do milho comum por possuir pelo menos um dos oito genes mutantes que afetam a biossíntese de carboidratos no endosperma, deixando os grãos com altas concentrações de açúcares e com baixo teor de amido (Luz et al., 2014), sendo esse caráter recessivo de origem genética.

Dados estatísticos de produção são escassos, uma vez que são apresentados em conjunto com a produção de milho verde. Estima-se que, no Brasil, cerca de 40 mil hectares são destinados ao plantio da cultura, o que representa apenas 16% da área ocupada pelo milho doce nos Estados Unidos, país com maior área produtiva (Abrasem, 2012). A produção é específica para o consumo humano e, dentre as possibilidades de uso alimentar, destacam-se o mercado de enlatados e a forma *in natura* (Camillo et al., 2015).

No Brasil, dentro da designação de milho verde, várias agroindústrias fomentam a produção e a comercialização do milho doce enlatado. No entanto, em virtude da falta de cultivares comerciais adequadas aos padrões industriais e adaptadas às nossas condições, poucas de fato utilizam o milho doce (Pestana et al., 2017).

As características exigidas pelo mercado consumidor de milho doce e superdoce incluem as exigências do milho verde comum. No geral, têm-se observado, nas espigas comercializadas com e sem palha, muita

desuniformidade, mostrando que o produtor ainda necessita de muitas informações a respeito de cultivares apropriadas para esse segmento cada vez mais exigente e promissor (Kwiatkowski et al., 2012). Ainda é grande o número de agricultores que vem utilizando para esse fim os mesmos milhos destinados à produção de grãos. No entanto, esse tipo de milho não satisfaz às exigências do mercado consumidor de milho verde.

Para atender tanto aos interesses da indústria de enlatados quanto aos da produção para consumo *in natura* e aos do próprio produtor, o milho verde superdoce deve apresentar alguns atributos para sua boa aceitação, como, por exemplo, produtividade a campo acima de 12 ton.ha⁻¹; longevidade no período da colheita; bom empalhamento; sabugo de menor diâmetro; e rendimento industrial de espigas igual ou maior que 30% (Pereira Filho et al., 2003). E deve-se considerar cultivares que apresentem espigas com comprimento e diâmetro uniformes, a fim de que o produto final seja de qualidade.

No estado do Rio de Janeiro, o milho superdoce tem sido, de modo geral, economicamente viável. O seu cultivo tem se expandido principalmente entre os pequenos produtores nas Regiões das Baixadas Litorâneas e Metropolitanas, próximas à cidade do Rio de Janeiro, grande centro consumidor do produto (Valentini et al., 2008). Porém a oferta não acompanha a demanda, o que determina a importação de outros estados (Oliveira et al., 1990; Aragão, 2002).

Em virtude dessa demanda, é imperativo o desenvolvimento de cultivares melhoradas de milho superdoce, que reúnam as características desejadas pelos produtores, indústrias de processamento e consumidores, garantindo o abastecimento do estado pelos produtores locais (Bordallo et al., 2005), fortalecendo a expansão comercial de milho no estado.

Várias instituições ligadas ao melhoramento de plantas já tomaram a frente na busca por variedades e híbridos adaptados. Dentre elas, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), desde 2004, tem atuado em uma nova linha de pesquisa, o melhoramento genético de milho superdoce, com vistas às condições do Norte e Noroeste Fluminense, utilizando como base o gene *shrunken-2* (*sh₂*) por possuir teor de açúcares acima de 25% e lenta degradação do açúcar pós-colheita (Solomon et al., 2012). A Instituição tem como objetivo de longo prazo o lançamento de híbridos simples superiores disponíveis no mercado.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Desenvolver e avaliar híbridos simples de milho superdoce, selecionando genótipos com boa aceitação pelo mercado consumidor de milho verde, que possam ser utilizados comercialmente nas Regiões Norte e Noroeste Fluminense.

2.2 Objetivos específicos

- i. Identificar híbridos simples promissores para o mercado consumidor de milho verde.
- ii. Determinar o tipo de ação gênica predominante em características associadas à produtividade e à qualidade de espigas de milho superdoce.
- iii. Estimar a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) entre linhagens endogâmicas dos distintos grupos heteróticos “FLINT” e “DENT”, visando à produção de milho verde;
- iv. Formar supercaracteres para a seleção simultânea de características relacionadas à produtividade e à qualidade de espigas de genótipos de milho verde superdoce; e
- v. Caracterizar e selecionar genótipos de milho superdoce, procedendo-se conjuntamente os métodos REML/BLUP e de análises de componentes principais, para características associadas à produtividade e à qualidade de espigas de milho superdoce.

3. CAPÍTULOS

3.1 CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO SUPERDOCE (*Zea mays* L. *saccharata*)

3.1.1 INTRODUÇÃO

Milhos doces (*Zea mays* L. *saccharata*) são caracterizados por conter um ou mais genes que alteram a concentração de açúcares no endosperma do grão, resultando em características peculiares de sabor, textura e aroma (Camilo et al. 2015). Esse atributo é de herança monogênica e o homozigoto recessivo leva a expressão do fenótipo conhecido como doce. De acordo com a proporção de açúcar/amido acumulada no endosperma, o milho doce pode ser classificado em dois grupos: doce e superdoce.

Entre os genes que conferem o fenótipo doce, os de maior potencial comercial são associados ao *shrunk-2* (*sh₂*) sendo que 90% do milho superdoce cultivado no mundo possui esse gene (Paiva, 2014). Portadores do alelo *sh₂* são conhecidos por superdoce, pois possuem maiores teores de sacarose, o açúcar de maior poder adoçante, em relação aos demais mutantes (Solomon et al., 2012), além de terem a vantagem de maior período de colheita e maior durabilidade da doçura pós-colheita.

O milho superdoce destina-se exclusivamente para o consumo humano. Tendo versatilidade de uso e alto valor agregado, é utilizado principalmente como milho verde, tanto *in natura* como para processamento pelas indústrias de produtos enlatados (Teixeira et al., 2013; Entringer et al., 2016).

A exploração da cultura pode ser realizada durante todo o ano utilizando-se irrigação suplementar, e o escalonamento da produção permite um fluxo constante do produto para a comercialização. Este seguimento tem se expandido nos últimos anos, e a tendência é a manutenção do crescimento com o intuito de alcançar o mercado exportador (Barbieri e Leite, 2005).

O Brasil, como um dos maiores produtores de milho comum, apresenta grande potencial para a produção do milho superdoce. Entretanto, alguns fatores têm tornado o seu cultivo pouco expressivo, como, por exemplo, o pouco conhecimento da cultura por parte dos consumidores e dos agricultores, o pequeno número de cultivares disponíveis e adaptadas para as condições tropicais e a carência de estudos genéticos para características associadas à produtividade e à qualidade de espigas (Rodrigues et al., 2009).

Com a expansão do mercado de milho superdoce para a indústria de enlatamento de milho verde, alta tecnologia tem sido empregada em seu cultivo e, com as exigências por materiais de alta qualidade nesse mercado promissor, espera-se que, em pouco tempo, esta cultura se torne importante (Pereira Filho et al., 2013).

Constantemente, novos programas de melhoramento são iniciados e o seu sucesso está relacionado à escolha de populações que apresentem desempenho médio elevado e alta variabilidade (Cruz et al., 2012). Assim, aquelas populações com maior potencial poderão ser direcionadas para a extração de linhagens, que, quando cruzadas, permitirão a exploração do vigor híbrido, ou heterose, fenômeno que conhecidamente proporciona melhor desempenho híbrido.

O desempenho de um híbrido é resultado da capacidade de combinação das linhagens envolvidas nos cruzamentos. Entretanto, as etapas que envolvem a avaliação das linhagens quanto à capacidade de combinação são as mais trabalhosas e onerosas. O desempenho da linhagem é resultado da sua resposta *per se* e, principalmente, da sua capacidade de combinação ao formar híbridos (Hallauer et al., 2010).

Neste sentido, os cruzamentos dialélicos podem ser empregados na avaliação da capacidade de combinação, o que tem auxiliado na identificação das melhores combinações híbridas, sendo o seu emprego amplamente utilizado em várias culturas e, mais intensamente, na cultura do milho (Silva et al., 2014).

Entre os métodos mais utilizados, citam-se os propostos por Griffing (1956), pelos quais são estimados os efeitos da capacidade geral e específica de combinação; o método proposto por Gardner e Eberhart (1966), no qual são avaliados os efeitos de variedades e heterose varietal; e o método proposto por Hayman (1954), que fornece informações sobre os mecanismos básicos de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos e do limite de seleção.

Os primeiros a definirem os termos capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação foram Sprague e Tatum (1942). Segundo esses autores, a CGC é definida como sendo o desempenho médio do genitor em combinações híbridas. Já a CEC é o quanto do comportamento de combinações híbridas mostra-se superior ou inferior ao que seria esperado, com base no comportamento médio dos genitores envolvidos.

A interpretação genética da capacidade combinatória tem fornecido informações úteis, sendo que a CGC está associada a genes de efeito aditivo e a CEC, a genes de efeitos não aditivos (Baldissera et al., 2012).

Considerando a escassez de informações disponíveis sobre cruzamentos envolvendo linhagens endogâmicas e adaptadas de milho superdoce e a importância que isto representa para o setor comercial na produção de híbridos do País, o presente trabalho teve por objetivo estimar, mediante cruzamento dialélico parcial, a CGC de linhagens endogâmicas de milho superdoce e a CEC dos híbridos resultantes, bem como avaliar híbridos simples de milho superdoce quanto a características associadas à produtividade e à qualidade de espigas.

3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1 Aspectos gerais do milho doce

O milho doce, assim como o milho comum, pertence à espécie *Zea mays* L. ($2n=20$ cromossomos), gênero *Zea*, família *Poaceae* e tribo *Maydeae*. Contudo, por suas características diferenciadas em relação ao acúmulo de açúcares nos grãos, encontra-se classificado no grupo *saccharata* (Tracy, 1994).

É improvável que o milho doce tenha ocorrido na natureza como uma raça selvagem, similarmente aos outros tipos de milho (Pereira Filho et al., 2013). Todas às evidências científicas levam a crer que se trata de uma planta essencialmente americana, mais especificamente mexicana (Hallauer, 1985). Acredita-se que ele seja resultado de mutações espontâneas seguidas por um processo de domesticação das várias tribos indígenas que ocupavam o continente americano e que passaram a utilizá-lo como fonte de alimento de 7.000 a 10.000 anos atrás (Tracy, 2001).

A botânica e a produção do milho doce são idênticas às do milho comum. Diferencia-se apenas no grão que, após a maturidade fisiológica, seca vagarosamente e, uma vez seco, tem aspecto enrugado e translúcido (Souza et al., 2013). Este fato é justificado pela baixa concentração de amido e pela cristalização dos açúcares no endosperma, que levam à formação de espaços internos entre a camada de aleurona e o pericarpo durante o processo de dessecação, dando às sementes o aspecto enrugado e de tamanho reduzido, tornando-as mais susceptíveis e sensíveis a danos físicos e com menor resistência a pragas e doenças (Douglas et al., 1991).

A principal diferença entre o milho doce e o convencional é basicamente uma mutação, que confere ao milho um maior acúmulo de açúcares em seu endosperma devido ao bloqueio da rota metabólica, que converte os açúcares em amido, caracterizando o fenótipo doce (Luz et al., 2014).

A herança doce do milho é monogênica atribuída a alelos recessivos (Boyer e Shannon, 1983). Cerca de oito alelos mutantes que afetam a biossíntese de carboidrato do endosperma são conhecidos (Tabela 1). Todos esses alelos são caracterizados por promoverem alterações na composição dos carboidratos no endosperma e diferenciam-se quanto à proporção de amido e de açúcar no grão (doce ou superdoce), podendo agir de forma simples ou combinada, sendo agrupados em duas classes distintas, de acordo com a composição do endosperma (Souza et al., 2013).

Tabela 1. Alelos mutantes de endosperma doce e superdoce.

Alelo	Símbolo	Enzima	Fenótipo
<i>brittle-1</i>	<i>bt₁</i>	Fosfo-oligossacarídeo sintase	Superdoce
<i>brittle-2</i>	<i>bt₂</i>	ADP-glicose pirofosfolirase	Superdoce
<i>shrunk-2</i>	<i>sh₂</i>	ADP-glicose pirofosforilase	Superdoce
<i>sugary enhancer-1</i>	<i>se₁</i>	Desconhecido	Superdoce
<i>waxy-1</i>	<i>wx₁</i>	ADP-glucosyl transferase	Doce
<i>amylose extender- 1</i>	<i>ae₁</i>	Enzima de ramificação de amido lib	Doce
<i>dull-1</i>	<i>du₁</i>	Amido solúvel sintase	Doce
<i>sugary-1</i>	<i>su₁</i>	Amido isoamylase	Doce

Adaptado por Tracy (2001).

A primeira classe é composta pelos alelos *brittle-1* (*bt₁*), presentes no cromossomo 5; *brittle-2* (*bt₂*), no cromossomo 4; e *shrunk-2* (*sh₂*), no cromossomo 3 e acumulam de 15% a 25% de açúcar em detrimento ao amido. Segundo Tracy (2001), na ocasião da colheita, os grãos podem conter de quatro a oito vezes a quantidade de açúcar quando comparados aos grãos de milho comum, recebendo, dessa forma, a classificação de superdoce.

A segunda classe é composta pelos alelos *amylose extender-1* (*ae₁*), presentes no cromossomo 5; *dull-1* (*du₁*), no cromossomo 10; *sugary-1* (*su₁*), no cromossomo 4; e *waxy-1* (*wx₁*), no cromossomo 9, que alteram o tipo e a quantidade de polissacarídeos produzidos. Entretanto, os alelos *ae₁*, *du₁* e *wx₁* resultam em menor quantidade de amido quando comparados ao milho convencional, mas são utilizados como milho doce somente quando são combinados com outros alelos da primeira classe. Já o alelo *su₁* aumenta a concentração de açúcar de 9 a 14%, podendo ser utilizado na forma simples ou em conjunto com outros mutantes e recebe a classificação do tipo doce. Os híbridos deste grupo geralmente apresentam melhor vigor e germinação das sementes quando comparados com os do grupo superdoce (Tracy, 2001).

Esses alelos tornam o milho doce atrativo ao consumo e conseqüentemente abrem oportunidades para o desenvolvimento de programas de melhoramento (Kaukis e Davis, 1986). No Brasil, a maioria dos híbridos disponíveis contém o alelo *sh₂*. Isso se deve ao fato de este propiciar um maior

período de colheita, ocasionada pelo alto potencial osmótico conferido pela alta concentração de açúcar e, conseqüentemente, a perda de água dos grãos de plantas dos genótipos ser mais lenta.

O milho doce é um produto de alto valor nutritivo e de características próprias, como, por exemplo, pericarpo fino, endosperma de textura delicada, bem como sabor adocicado; também é indicado exclusivamente para o consumo humano. No estágio de milho verde, pode ser consumido como milho em espiga e grãos verdes enlatados ou, ainda, em espigas e grãos congelados (Oliveira Junior et al., 2006).

No Brasil, a cultura do milho doce é pouco difundida, e isso provavelmente ocorre em virtude da falta de sementes, o que leva o consumidor ao desconhecimento desse tipo de milho. Esse mercado, no entanto, tende a crescer, uma vez que as características exigidas pelo consumidor são diferentes das exigidas em relação ao milho comum (Oliveira et al., 2006).

Nesse sentido, alta tecnologia tem sido empregada no cultivo de milho doce, principalmente com relação ao vigor das sementes e na busca por cultivares mais uniformes quanto à maturação, ao tamanho e ao formato de espigas, já que a soma desses fatores está diretamente associada à aceitação do produto pelo seu mercado-alvo, no caso a indústria.

3.1.2.2 Importância socioeconômica

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie conhecida pelo seu papel de grande importância social e econômica no mundo, com grande versatilidade de uso na alimentação humana, na indústria e até mesmo na produção de biocombustíveis.

A versatilidade do milho está associada ao tipo de grão e à sua forma de utilização, surgindo os chamados milhos especiais. Nesse contexto, o milho doce se mostra como uma alternativa viável, de alto valor agregado de mercado.

As regiões que mais produzem milho doce no mundo são o Meio Norte dos Estados Unidos e o Sul do Canadá. Os dados estatísticos reportam que, em 2010, foram plantados 250 mil hectares desse milho nos EUA, para a indústria e para consumo na forma *in natura*, atingindo uma produtividade média de 18 ton.ha⁻¹ (USDA, 2010).

Por apresentar características especiais, o mercado consumidor de milho doce diferencia-se do mercado do milho comum. No Brasil, praticamente 100% da produção é destinada ao processamento industrial (Pereira Filho et al., 2013). As regiões produtoras se concentram nos estados do Rio Grande do Sul, São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Distrito Federal e Pernambuco. Segundo a ABRASEM (2012), a área cultivada foi de cerca de 41,5 mil hectares, atingindo uma produtividade média de 13 ton.ha⁻¹.

Embora não se disponha de informações recentes sobre produção de milho superdoce no País, o interesse de empresas multinacionais atua como termômetro desse nicho de mercado, que vem crescendo nos últimos anos. Empresas produtoras de sementes estão trabalhando na obtenção de cultivares de milho verde superdoce que atendam às características exigidas pelo mercado, tanto para consumo *in natura* quanto para a indústria de conservas.

Com alto potencial de mercado, a cultura tem se tornado uma importante fonte de renda, principalmente nas regiões semiáridas, estimulando produtores de outras culturas a migrar para essa exploração (Brito et al., 2013). O aumento da demanda pelo produto no mercado também tem estimulado produtores, que utilizam mão de obra familiar, a incrementar a indústria caseira, o que tem permitido um aumento de renda por parte desse segmento.

Podendo ser implantada durante o ano todo, com o uso de irrigação e com a adoção de escalonamento, o fluxo de produção é constante (Teixeira et al., 2001). O faturamento do setor sementeiro foi de 11 milhões de reais; entretanto, ao se considerar a cadeia agroindustrial na qual esse milho está inserido, o volume monetário movimentado ultrapassa meio bilhão de reais (Teixeira et al., 2013).

Atualmente, existem 65 cultivares de milho doce e superdoce registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (RNC-Registro Nacional de Cultivares, 2016). No entanto, apenas uma cultivar predomina nas lavouras de milho superdoce no País: a Tropical Plus, da empresa anglo-suíça Syngenta Seeds Ltda., que detém cerca de 90% de participação de mercado (Teixeira et al., 2013). Acredita-se que o pouco conhecimento por parte dos consumidores e dos agricultores a respeito do milho superdoce e a pequena disponibilidade de cultivares adaptadas às condições tropicais sejam a causa do cultivo restrito.

3.1.2.3 Melhoramento genético do milho doce

Diante da crescente demanda de cultivares de milho doce (Souza et al., 2013), os programas de melhoramento genético têm atuado na obtenção de cultivares mais adaptadas e de melhor qualidade nutricional bem como na geração de informações sobre controle genético de características ligadas à qualidade de espigas e rendimento (Teixeira et al., 2001).

No Brasil, empresas públicas e privadas têm investido em programas de melhoramento de milho doce. A Embrapa Milho e Sorgo deu início, em 1979 ao programa de melhoramento de milho doce, com a introdução de genótipos norte-americanos, e lançou três cultivares melhoradas para as condições brasileiras, com os genes sugary e brittle1; foram elas, a BR 400 (superdoce e precoce), BR 401(doce e precoce) e BR 402 (doce e tardia).

Em termos gerais, o melhoramento de milho doce segue de modo muito semelhante as estratégias utilizadas no melhoramento do milho comum. No entanto, para algumas características, as exigências diferenciam-se das do milho comum. Como, por exemplo, além de se considerar características de importância agrônômica, relativas à produtividade, deve-se ainda estar atento a características associadas à qualidade de espiga. Preocupações semelhantes são observadas no melhoramento de hortaliças; dessa forma, um programa de melhoramento de milho doce pode e deve ser também encarado como um programa de melhoramento de hortaliças (Barbieri e Leite, 2005).

Apesar da existência de diversos tipos mutantes que conferem o fenótipo doce, a base genética do milho doce é estreita. Segundo Tracy (2001), existe cerca de 300 variedades desse milho com polinização aberta no mundo. No Brasil, acredita-se que essa base genética seja ainda mais estreita. Diante disso, os programas de melhoramento de milho doce têm atuado no intuito de ampliar a variabilidade genética e lançar novas cultivares superiores no mercado, seguindo duas linhas básicas.

A principal delas seria o uso de retrocruzamentos sucessivos na conversão de genótipos de milho comum em genótipos de milho doce. Essa estratégia tem mostrado grande eficiência com a introdução de alelos de interesse, no caso o caráter doce, em materiais de conhecido desempenho agrônômico (Parentoni et al.,1990), visto que o Brasil já conta com excelentes

programas de melhoramento de milho comum, e a gama de cultivares comerciais com elevado desempenho agrônômico é bastante ampla. A outra filosofia básica é submissão do germoplasma doce a um programa rotineiro de melhoramento. Nesse contexto, os métodos de seleção são os mais empregados.

Ressalta-se que o sucesso de qualquer programa de melhoramento está associado à preservação da variabilidade genética explorada durante todo o programa de melhoramento. Dessa forma, é preciso que a diversidade genética entre as novas populações seja mantida a fim de maximizar os efeitos heteróticos, uma vez que a exploração do efeito heterótico está diretamente ligada com a distância genética dos genitores envolvidos.

Ainda não se tem uma definição de quais genitores seriam indicados como padrões contrastantes para milho doce (Teixeira et al., 2013). Uma alternativa viável seria a introgressão do gene responsável pelo fenótipo doce em grupos heteróticos distintos de milho comum já conhecidos, como, por exemplo, os grupos FLINT e DENT.

O cultivo de milho doce é relativamente recente em regiões tropicais. Dessa forma, o foco tem sido o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras e que atendam às exigências do mercado. Este tipo de milho possui espigas de aparência e grãos uniformes, cilíndricas, de tamanho médio a grande, com textura, consistência e sabor agradáveis (Parentoni et al., 1990).

O impacto positivo do melhoramento de plantas pode ser observado pelo aumento da produção da cultura no País entre os anos de 2001 e 2013, quando o incremento de cultivares disponíveis no mercado elevou o faturamento do mercado de sementes de milho doce em 210,6%, demonstrando o reflexo do uso de sementes com alta tecnologia (Teixeira et al., 2013).

3.1.2.4 Cruzamentos dialélicos

Uma grande parcela do melhoramento é representada pela hibridação das cultivares e linhagens, o que possibilita a recombinação da variabilidade existente (Ramalho et al., 1993). Diante da variabilidade genética disponível, a maior dificuldade reside na escolha de genitores promissores para serem utilizados em programas de hibridação. Dessa forma, com o cruzamento entre

indivíduos de fenótipos contrastantes, espera-se gerar progênes superiores. Contudo, salienta-se que a hibridação poderá produzir indivíduos desejáveis e indesejáveis (Allard, 1971).

Em programas de melhoramento que priorizam a hibridação, a maior dificuldade está ligada à escolha dos genitores a serem cruzados para confecção híbrida, devido ao grande número de cultivares disponíveis.

Diante desse contexto, torna-se evidente que o sucesso de um programa de melhoramento é dependente da escolha adequada e criteriosa dos genitores utilizados. Cabe ao melhorista a decisão final de qual germoplasma utilizar, considerando fatores, como a fonte do germoplasma utilizada, as características a serem melhoradas e o controle genético das características em questão (Fehr, 1987).

Os cruzamentos dialélicos são utilizados, na grande maioria das espécies cultivadas, para provisão de informações genéticas, auxiliando o melhorista na escolha de genitores com base em seus valores genotípicos, além de possibilitar a recombinação da variabilidade existente, com o objetivo de produzir novas cultivares adaptadas a diversas finalidades (Freitas et al., 2006).

Este método visa avaliar um conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos resultantes do acasalamento entre p progenitores (sejam eles linhagens, variedades e/ou clones), podendo incluir, além dos respectivos pais, os híbridos recíprocos e/ou outras gerações relacionadas.

Sprague e Tatum (1942) propuseram o conceito de cruzamento dialélico, que tem por finalidade analisar o delineamento genético, proporcionando a estimação de parâmetros úteis na seleção e na compreensão dos efeitos gênicos envolvidos na determinação das características de importância (Cruz e Regazzi, 1997).

Os cruzamentos dialélicos podem ser divididos em quatro tipos: completos ou balanceados, parciais, circulantes e incompletos ou desbalanceados.

a) dialelos balanceados: incluem os híbridos F_1 's entre todos os pares de combinações dos genitores;

b) dialelos parciais: envolvem dois grupos de genitores e seus respectivos cruzamentos;

c) dialelos circulantes: os genitores são representados por um mesmo número de cruzamentos, porém inferior a $p-1$, sendo p o número de genitores;

d) dialelos desbalanceados: todas as combinações híbridas e as demais gerações estão representadas, porém em frequência variável, em virtude do número desigual de repetições por tratamento (Cruz et al., 2012).

Vários métodos são propostos para análise dialélica, porém os mais utilizados são o método de Jinks e Hayman (1953), o de Griffing (1956) e o de Gardner e Eberhart (1966). A metodologia de Jinks e Hayman (1953) enfoca, com maior ênfase, o controle genético da característica, enquanto a metodologia de Griffing (1956) evidencia os estudos da capacidades de combinação, e Gardner e Eberhart (1966), no estudo da heterose e seus componentes.

3.1.2.5 Capacidade geral e específica de combinação

Os termos capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram utilizados inicialmente por Sprague e Tatum (1942). O efeito da CGC refere-se ao comportamento médio de um genitor (i) em combinação com (p) genitores, e a CEC avalia a parte combinação que não é explicada pela CGC de cada genitor envolvido (Miranda Filho e Gorgulho, 2001).

A baixa estimativa da CGC de um genitor indica que este não difere da média geral dos demais genitores envolvidos nos dialelos. Por outro lado, quanto mais altos forem os valores referentes à CGC, sejam eles positivos, sejam negativos, determinado genitor será considerado muito superior ou inferior aos demais incluídos no dialelo e, se o valor estimado da CGC se apresentar próximo a zero, o seu comportamento não diferirá da média geral dos cruzamentos (Cruz e Regazzi, 1997).

A CEC, por sua vez, pode ser interpretada como um efeito adicional da CGC na expressão do híbrido, podendo também apresentar valores positivos e negativos. De forma simplificada, a CEC é resultante da interação dos efeitos de CGC dos genitores e pode melhorar ou piorar a expressão híbrida com relação ao efeito esperado da CGC (Miranda Filho e Gorgulho, 2001).

Em termos genéticos, diz-se que a CGC está associada a genes de efeitos predominantemente aditivos. Já a CEC está relacionada a genes de efeitos não aditivos (dominância e epistáticos).

No processo de obtenção de híbridos, procura-se explorar ao máximo os efeitos da CGC e da CEC. São desejáveis aquelas combinações híbridas com estimativas de capacidade específica de combinação favorável, que envolvam pelo menos um dos genitores com efeitos favoráveis da CGC. Ressaltando que o efeito favorável descrito para CGC e para CEC deve levar em conta a natureza e o interesse de seleção da característica avaliada (Bordallo et al., 2005).

Resultados na literatura têm mostrado que, em geral, os efeitos da CGC são mais expressivos do que os da CEC como fonte de variação, independentes do nível de significância. No entanto, tem sido mostrado que os efeitos CEC podem ser expressivos em combinações híbridas específicas, principalmente entre linhagens provenientes de grupos heteróticos distintos (Fuzzato et al., 2003).

Bordallo et al. (2005) fizeram uso de cruzamentos dialélicos na avaliação de características agrônômicas e de teor de proteína nos grãos entre variedades de milho doce e comum. De posse dos resultados, foi possível maximizar as informações referentes aos efeitos aditivos e não aditivos envolvidos no controle genético das características altura da planta, peso médio de espigas, comprimento de espigas e teor de proteína nos grãos.

Durães et al. (2017), utilizando dialelo parcial para estimar as CGC e as CEC entre 19 linhagens endogâmicas de milho superdoce, observaram que houve diferenças significativas tanto para CGC quanto para CEC. Os efeitos significativos da CGC indicaram que os genitores diferiram entre si na frequência de alelos favoráveis, existindo genitores mais promissores para a formação de novos híbridos. A CEC significativa, por sua vez, indicou que alguns híbridos apresentaram desempenho superior ou inferior ao previsto com base na CGC dos genitores.

Melo et al. (2017), na avaliação da capacidade de combinação de oito cultivares comerciais de milho verde, obtiveram resultados significativos da CGC e da CEC para as características produtividade de grãos, altura de planta e altura de espiga. Para a característica produtividade de grãos, os efeitos não aditivos

(CEC) foram mais importantes, enquanto que para as demais características, houve predominância dos efeitos aditivos.

Teixeira et al. (2001), por meio da avaliação da capacidade de combinação de dez linhagens S₃ de milho doce em dois dialelos, verificaram efeitos significativos para CGC e CEC e para a interação CGC x ambiente em ambos os dialelos, para produtividade de espigas com e sem palha. Esses efeitos significativos para ambas as capacidades de combinação revelaram a existência de variabilidade tanto para efeitos gênicos aditivos como não aditivos. Esse resultado corrobora com os obtidos por Gomes et al. (2000) e Aguiar et al. (2003).

Para Locatelli et al. (2002), que avaliaram a capacidade combinatória de linhagens endogâmicas de milho em dois ambientes, o efeito significativo da interação da CGC e da CEC com os dois locais comprovou haver diferenças de comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes. A interação da CGC com o ambiente apresentou quadrados médios maiores para altura de inserção de espigas, prolificidade e rendimento de grãos, demonstrando que os efeitos aditivos foram os maiores responsáveis pelas diferenças de comportamento dos genótipos.

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1 Obtenção das linhagens endogâmicas de milho superdoce

Foram empregados, neste experimento, os materiais desenvolvidos pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro em seu programa de melhoramento de milho. Os genótipos foram originados por meio de retrocruzamentos, onde se fez a introdução do alelo mutante *shrunk-2* (*sh₂*), responsável pelo fenótipo superdoce.

Os genótipos doadores do caráter superdoce foram duas populações de elevado potencial *per se*, oriundas da Embrapa Milho e Sorgo, portadoras do gene *shrunk-2* (*sh₂*), sendo elas: a superdoce sintética SH₂ (SDSH) e a superdoce sintética SH₂8HS (SD8HS). Os genitores recorrentes foram: as

populações de milho comum, CIMMYT-8 (C8) e Piranão-8 (P8) dos grupos heteróticos “FLINT” e “DENT”, respectivamente, portadoras do gene do braquítico (*br₂*), que confere a característica de porte mais baixo às plantas.

As populações CIMMYT e Piranão foram cedidas pela Universidade Federal de Viçosa (UFV) e se encontravam no quinto ciclo de seleção recorrente. Do sexto ciclo em diante, as mesmas foram trabalhadas pelo programa de melhoramento genético da Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF). Por ocasião do desenvolvimento de genótipos superdoce, as populações utilizadas (C8 e P8) se encontravam no oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos.

Com o intuito de gerar genótipos de milho superdoce com características morfoagrômicas superiores, no segundo semestre do ano de 2004, as populações SDSH e SD8HS foram cruzadas com as populações de milho comum CIMMYT-8 e Piranão-8, gerando quatro populações de milho superdoce (Tabela 2).

Tabela 2. Genótipos de milho superdoce obtidos via retrocruzamento na UENF.

Populações recorrentes	Populações doadores do caráter superdoce (<i>sh₂</i>)	
	SDSH	SD8HS
CIMMYT-8	CSH	C8HS
Piranão-8	PSH	P8HS

Fonte: elaborada pela autora.

Os quatro híbridos resultantes foram retrocruzados sucessivamente por cinco gerações com os genitores recorrentes, até a recuperação de, pelo menos, 98% do genoma dos genitores recorrentes em conjunto com caráter superdoce. O caráter superdoce pode ser confirmado visualmente, devido ao aspecto enrugado do grão de milho. Os retrocruzamentos tiveram início no ano de 2005 e foram finalizados em 2009.

Ao fim das gerações de retrocruzamentos, quatro populações de milho superdoce foram geradas (CSH, C8HS, PSH e P8HS), as quais foram cruzadas entre si, gerando os seguintes híbridos interpopulacionais: PSH x CSH, PSH x C8HS, P8HS x C8HS e P8HS x CSH.

Posteriormente, as quatro populações (CSH, C8HS, PSH e P8HS) obtidas foram autofecundadas para obtenção de progênies S₁. Salienta-se que as

autofecundações ocorreram de forma controlada, ou seja, as espigas foram protegidas antes de emitirem os estigmas com sacolas plásticas apropriadas. E, de modo análogo, os pendões foram cobertos com sacolas de papel 'Kraft', para o uso do pólen no dia seguinte. Este procedimento garantiu a origem do pólen contido na sacola e evitou o contato com pólen exógeno, uma vez que o grão de pólen se mantém viável por oito horas para uso.

A colheita das sementes S_1 de cada população ocorreu de forma individualizada, e suas sementes foram submetidas ao avanço sucessivo até a sétima geração de endogamia, visando à obtenção de linhagens e posteriores cruzamentos para a obtenção de híbridos simples.

Em virtude do baixo potencial germinativo das sementes de milho superdoce, o avanço de gerações de endogamia foi realizado em bulk. Para tanto, por ocasião da colheita das espigas S_1 , foram semeadas em linhas individuais, autofecundadas e colhidas individualmente. Levando em consideração a qualidade das sementes, quatro espigas foram selecionadas e debulhadas em conjunto. Posteriormente, uma mistura de sementes S_1 de cada progênie foi semeada individualmente em uma linha de 5 metros, com espaçamento de 0,20 x 1,00 m, originando progênies $S_{0:2}$. Tal processo foi repetido até a sétima geração de autofecundação, ou seja, até a geração $S_{0:7}$.

Após a colheita das espigas $S_{0:7}$, procedeu-se à "abertura do bulk" com o intuito de dar sequência ao melhoramento.

O processo de obtenção das linhagens endogâmicas de milho superdoce pode ser observado no esquema abaixo (Figura 1).

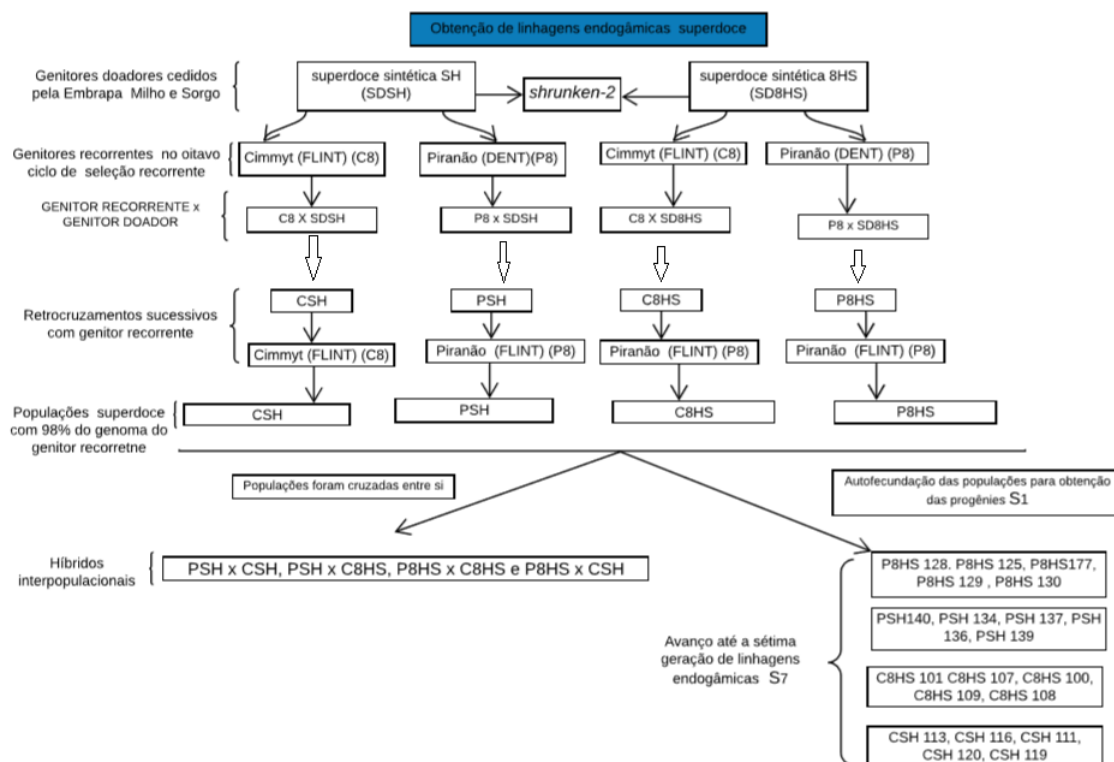


Figura 1. Esquema descritivo do processo de obtenção das linhagens endogâmicas de milho superdoce.

3.1.3.2 Obtenção dos híbridos dialélicos

Os híbridos foram obtidos em campo isolado no período de março a junho de 2015 no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, localizado no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

Vinte linhagens endogâmicas de milho superdoce (S₇ referente à sétima geração de autofecundação) oriundas das populações (CSH, C8HS, PSH e P8HS), divididas proporcionalmente, foram cruzadas em esquema dialélico parcial 10 x 10 (Tabela 3 e Figura 2).

Tabela 3. Identificação dos 20 genitores de milho superdoce.

Código de identificação		Código de identificação	
Grupo heterótico “FLINT”			
L1	CSH 113	L6	C8HS 101
L2	CSH 116	L7	C8HS 107
L3	CSH 111	L8	C8HS 100
L4	CSH 120	L9	C8HS 109
L5	CSH 119	L10	C8HS 108
Grupo heterótico “DENT”			
L11	PSH 140	L16	P8HS 128
L12	PSH 134	L17	P8HS 125
L13	PSH 137	L18	P8HS 177
L14	PSH 136	L19	P8HS 129
L15	PSH 139	L20	P8HS 130

CSH-CIMMYT SH; C8HS-CIMMYT 8HS; PSH-Piranão SH, P8HS-Piranão 8HS

A realização dos cruzamentos procedeu-se pela proteção da parte feminina da planta (espiga), antecedendo a exteriorização dos estigmas. Depois que a planta emitiu pendão (flor masculina) e ocorreu a liberação do pólen pelas anteras, efetivou-se a coleta do pólen e transportou-se até as espigas protegidas de acordo com o esquema da Figura 2. Após a realização dos cruzamentos orientados, obtiveram-se as sementes F₁'s.

		CSH			C8HS			
		1	...	5	6	...	10	
PSH	1	$Y_{1,1}$...	$Y_{1,5}$	$Y_{1,6}$...	$Y_{1,10}$	$Y_{1,}$
	:	:	:	:	:	:	:	:
	5	$Y_{5,1}$...	$Y_{5,5}$	$Y_{5,6}$...	$Y_{5,10}$	$Y_{5,}$
P8HS	6	$Y_{6,1}$...	$Y_{6,5}$	$Y_{6,6}$...	$Y_{6,10}$	$Y_{6,}$
	:	:	:	:	:	:	:	:
	10	$Y_{10,1}$...	$Y_{10,5}$	$Y_{10,6}$...	$Y_{10,10}$	$Y_{10,}$
		$Y_{.,1}$...	$Y_{.,5}$	$Y_{.,6}$...	$Y_{.,10}$	$Y_{.,}$

Figura 2. Esquema de cruzamento dialélico parcial com 20 genitores superdoce.

De acordo com o esquema dialélico proposto, foram obtidos 25 híbridos PSH x CSH, 25 híbridos PSH x C8HS, 25 híbridos P8HS x CSH e 25 híbridos P8HS x C8HS, gerando um total de 100 F_1 s de milho superdoce. No entanto, em virtude do baixo vigor das sementes e do pequeno número de sementes viáveis produzidas pelos híbridos, que tiveram a linhagem C8HS108 como genitora, a baixa germinação fez com que oito dos dez híbridos obtidos fossem descartados. Dessa forma, nos ensaios de competição, foram avaliados 92 dos 100 híbridos dialélicos obtidos.

3.1.3.3 Avaliações dos híbridos dialélicos e condução dos experimentos de campo

Foram avaliados 92 híbridos dialélicos, oriundos de linhagens endogâmicas de milho superdoce, provenientes do programa de melhoramento de milho da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). As testemunhas foram as populações de polinização aberta, CSH, C8HS, PSH e P8HS, e os híbridos interpopulacionais, PSH x CSH, PSH x C8HS, P8HS x C8HS e P8HS x CSH (Apêndice A).

Os 100 tratamentos foram semeados em setembro de 2015. Para avaliação destes, foi utilizado um delineamento experimental em látice simples duplicado com quatro repetições em dois ambientes, simultaneamente: no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes (Norte Fluminense), e na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara (Noroeste Fluminense), caracterizados pelas coordenadas geográficas 21° 24' 48" S, 41° 44' 48" W e 14 m de altitude e 21° 40' 09" S, 42° 04' 34" W e 60 m de altitude, respectivamente. A distância entre as localidades é de 117 km.

As parcelas experimentais foram constituídas de uma linha de 3,0 m de comprimento e espaçadas por 1,0 m entre fileiras, 0,30 m entre plantas. Duas linhas contínuas foram plantadas em torno da área de plantio como bordadura.

O plantio manual dos experimentos foi realizado em um período de pouca chuva na região, o que exigiu irrigação complementar em todos os estádios de desenvolvimento das plantas. De acordo com análise de solo, foi realizada a adubação com 400 Kg ha⁻¹ do formulado 8-28-16 e duas adubações de cobertura, aos 30 dias, com 300 Kg ha⁻¹ do formulado 20-00-20 e, aos 45 dias, com 200 Kg ha⁻¹ de ureia. Após 15 dias de emergência, foi realizado desbaste para manutenção de estande de 33,333 plantas/ha⁻¹, com aproximadamente dez plantas por parcela. Os demais tratamentos culturais, bem como as aplicações de inseticidas e fungicidas, ocorreram de acordo com o desenvolvimento da cultura e de recomendações técnicas (Embrapa, 2006).

As colheitas foram feitas em escalas, ou seja, quando aproximadamente 50% das espigas de cada parcela estavam entre os estádios R3 e R4 (+/- 23 dias após a floração), ponto de colheita adotado pela indústria de milho verde.

3.1.3.4 Características avaliadas

As avaliações foram feitas em duas etapas: antes e após a colheita das espigas.

Características avaliadas antes da colheita:

- Altura de planta (AP) - Altura média de seis plantas selecionadas ao acaso dentro da parcela, medidas em metros, do nível do solo até a inserção da folha bandeira, em cm;

- Florescimento feminino (FLOR) - número de dias decorridos da sementeira até o dia em que 50 % das plantas da área útil de cada parcela apresentaram estilo-estigma emitidos;
- Estande (ST) - número total de plantas existentes em cada parcela por ocasião da colheita.

Características avaliadas após a colheita:

- Número de espigas (NE) - número total de espigas colhidas na parcela por ocasião da colheita;
- Produtividade de espigas com palha (PROCP) - peso total da parcela em quilogramas por metro quadrado, posteriormente convertido em $\text{ton}\cdot\text{ha}^{-1}$;
- Produtividade de espigas sem palha (PROSP) - peso total da parcela sem palha em quilograma por metro quadrado, posteriormente convertido em $\text{ton}\cdot\text{ha}^{-1}$.
- Diâmetro médio de espigas (DE) - média do diâmetro de cinco espigas sem palha, em mm;
- Diâmetro médio de sabugos (DS) - média do diâmetro de cinco sabugos, em mm;
- Comprimento médio de espigas com palha (CCP) - média do comprimento de cinco espigas com palha, em cm;
- Comprimento médio de espiga sem palha (CSP) - média do comprimento de cinco espigas sem palha, em cm;
- Número de fileira de grãos (NFG) - número médio de fileiras de grãos em cinco espigas, em unidades.

Ressalta-se que algumas características foram analisadas com o auxílio da técnica de fenotipagem digital. Para tanto, foram mensuradas manualmente cinco espigas com e sem palha de dez parcelas aleatórias do experimento com auxílio de paquímetro digital. Estas mesmas espigas foram digitalizadas em um scanner modelo BENQ5000 para obtenção da imagem digital (Figura 3).

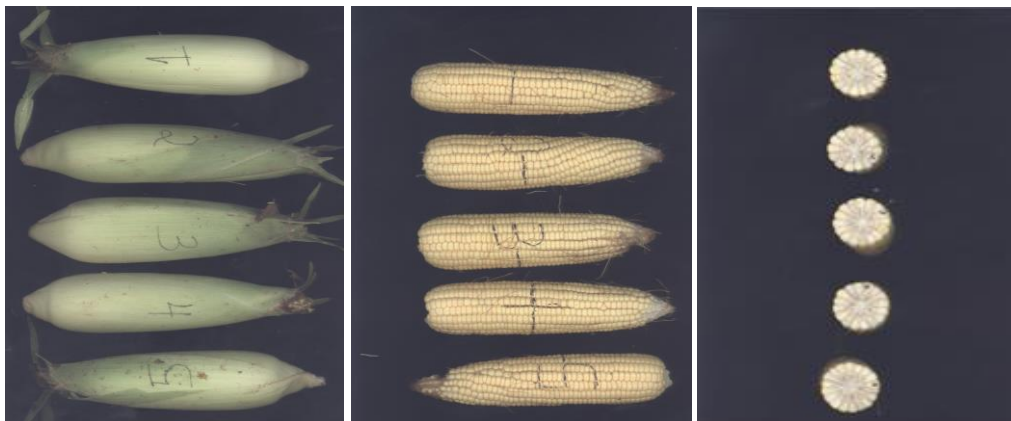


Figura 3. Imagens representativas do modelo de fenotipagem empregado para obtenção das mensurações das seguintes características: DE: diâmetro de espigas; DS: diâmetro de sabugo; CCP: comprimento de espiga com palha; CSP: comprimento de espiga sem palha; e NFG: número de fileiras de grão em espigas de milho verde superdoce.

As espigas de cada parcela foram enumeradas para facilitar a identificação no processo de análise e processamento das imagens. Além disso, foi utilizada uma fita métrica como escala, demarcadas até os 10 cm, fixada próxima às espigas avaliadas. Esta escala de medida foi utilizada como referência para o software, indicando que naquela distância, em pixel, existe uma distância de 10 cm. Definida a referência, o software é capaz de mensurar as características avaliadas.

As imagens obtidas foram processadas e analisadas com a ajuda do software ImageJ v1.48, e os dados obtidos digitalmente foram comparados com os dados manuais para estimar a precisão da metodologia digital. Para tanto, foi aplicado o teste *t* de Student para testar as diferenças entre as médias das espigas para dados pareados (mesma parcela: análise digital das imagens e coleta de dados manuais (Keshavarzpour e Achakzai, 2013).

3.1.3.5 Análises estatístico-genéticas

3.1.3.5.1 Análise de variância

Para proceder à análise conjunta, foi previamente verificada a homogeneidade das variâncias residuais por meio do teste de Bartlett a 5 % de probabilidade (Bartlett, 1937). Verificada a homogeneidade das variâncias, efetuou-se a análise de variância conjunta das características conforme

delineamento em látice quadrado, de acordo com o modelo genético estatístico proposto por Cochran e Cox (1957):

$$Y_{il(j)(p)} = \mu + A_{(p)} + R_{(j)} + B / R / A_{(l)(j)(p)} + G_{(i)} + GA_{(i)(p)} + eil_{(j)(p)}$$

Em que:

μ = constante geral;

$A_{(p)}$ = efeito fixo do p-ésimo ambiente;

$R_{(j)}$ = efeito da j-ésima repetição ~NID (0, σ^2_r);

$B / R / A_{(l)(j)(p)}$ = efeito do l-ésimo bloco dentro da j-ésima repetição dentro do p-ésimo ambiente ~NID (0, σ^2_b);

$G_{(i)}$ = efeito do i-ésimo genótipo ~NID (0, σ^2_g);

$GA_{(i)(p)}$ = efeito da interação do i-ésimo genótipo e do l-ésimo ambiente ~NID (0, σ^2_{ga});

$eil_{(j)(p)}$ = erro experimental ~NID (0, σ^2).

A Tabela 4 expõe o esquema da análise de variância conjunta, com as respectivas esperanças de quadrados médios, sendo que, com exceção de ambiente, as demais fontes de variação foram consideradas aleatórias.

Tabela 4. Análise de variância conjunta e as esperanças de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Ambiente (A)	a-1	QMA	$\sigma^2 + rb\sigma^2_{GA} + g\sigma^2$	(QMA + QMR) /
Rep(A)	a(r-1)	QMRep	$\sigma^2 + gb\sigma^2_{R/A}$	(QMB + QMGA)
Bloco/Rep/A	ar(b-1)	QMB	$\sigma^2 + g\sigma^2_{B/R/A}$	-
Genótipo	(g-1)	QMG	$\sigma^2 + rbe\sigma^2_G$	QMG/QMR
GxE	(a-1)(g-1)	QMGA	$\sigma^2 + rb\sigma^2_{GA}$	QMGA/QMR
Resíduo	a(b-1)(g-1)	QMR	σ^2	-
Total	Agr	-	-	-

a= número de ambientes; b= número de blocos; r= número de repetições; g= número de genótipos.

3.1.3.5.2 Análise de dialélica

A partir das médias dos 90 híbridos simples de melhor desempenho produtivo, foi realizada a análise dialélica de acordo com a metodologia proposta por Griffing (1956) adaptada a dialelos parciais, segundo o seguinte modelo estatístico genético:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + a_k + ga_{ik} + ga_{jk} + sa_{ij} + e_{(k)ij}$$

Em que:

Y_{ij} : valor médio de combinação híbrida das linhagens dos grupos FLINT (g_i) e DENT (g_j);

μ : média geral de combinações híbridas;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do grupo i ;

g_j : efeito da capacidade geral de combinação do grupo j ;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j ;

a_k : efeito dos ambientes k ;

ga_{ik} e ga_{jk} : efeito da interação entre a capacidade geral de combinação (CGC) associado ao i e j -ésimo genitor nos ambientes k ;

sa_{ij} : efeito da interação da capacidade específica de combinação (CEC) associado aos genitores i e j e com os ambientes k ;

$e_{(k)ij}$: erro experimental médio associado.

3.1.3.5.3 Teste de agrupamento de médias

Havendo diferenças significativas pelo teste de F para as diferentes características avaliadas, aplicou-se o critério de agrupamentos de média pela metodologia desenvolvida por Scott e Knott (1974) em nível de 5 % de probabilidade.

Todas as análises de variância foram realizadas com o auxílio do procedimento *Proc GLM* do programa SAS *Statistical Analysis System* (Littel et al. 2006). A análise dialélica e o teste de Scott Knott foram realizados com auxílio do programa Genes (Cruz, 2013).

3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1 Validação dos resultados da análise de imagem

O resultado para as amostras pelo teste *t* pareado indicou que a diferença entre os métodos manuais e digitais não foi significativa ($p \geq 0,05$) para todas as características avaliadas (Tabela 5).

Os dados estatísticos mostraram que esta metodologia pode ser aplicada para a estimativa dessas características em estudo com precisão, redução de tempo e mão de obra. Para a característica NFG, não foi necessária a comparação das médias; estas foram feitas visualmente pelas imagens escaneadas.

Tabelas 5. Médias de cinco espigas com e sem palha analisadas por meio do método manual e digital.

^{1/} Características	GL	Médias		<i>p value</i>	Intervalo de confiança (95%)
		Manual	Digital		
DE	49	4,757 ^a	4,776 ^a	0,076	-0,0040; 0,0021
DS	49	2,650 ^a	2,651 ^a	0,109	-0,0161; 0,0134
CSP	49	21,193 ^a	21,109 ^a	0,336	-0,0900; 0,2580
CCP	49	26,467 ^a	26,211 ^a	0,856	-0,0591; 0,5720

Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste *t* ($p \geq 0,05$) para uma mesma característica. ^{1/} diâmetro de espiga (DE) em cm, diâmetro do sabugo (DS) em cm, comprimento da espiga sem palha (CSP) em cm e comprimento de espiga com palha em cm (CCP).

3.1.4.2 Análise de variância

Pela análise de variância conjunta envolvendo os dois ambientes, os quadrados médios do efeito de genótipos evidenciaram diferenças significativas entre genótipos para todas as características avaliadas ($p < 0,01$) pelo teste F (Tabela 6), indicando que os genótipos escolhidos são contrastantes entre si para todas as características sob análise, reforçando a possibilidade de ganhos com a seleção.

Tabela 6. Resumo da análise de variância conjunta para 11 características associadas à produtividade e à qualidade de espigas em milho superdoce. Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/ RJ, 2015.

Fonte de Variação	GL	² Quadrado Médio										
		FLOR	ST	AP	NE	PROCP	PROSP	DE	DS	CSP	CCP	NFG
Ambiente (A)	1	2830,28**	55,38**	2,40**	125,21*	2,78	0,18	55,64*	12,15*	30,52**	637,97**	3,30*
Repetição (R)	6	5,967*	4,831*	0,666**	60,24**	35,92**	16,17**	20,95*	4,68	0,92	18,04**	0,47
Bloco(A*R)	72	3,15*	3,02**	0,06**	14,07*	9,94*	4,51**	7,91	5,17**	1,56*	4,07	0,05*
Genótipos (G)	99	31,73**	3,58**	0,101**	49,401**	40,259**	23,068**	43,91**	23,57**	7,58**	14,69**	13,67**
Híbridos (H)	91	31,28**	3,20**	0,07**	45,71**	28,90**	16,08**	40,90**	23,50**	5,303**	15,447**	13,586**
Testemunhas (T)	7	11,77	4,63*	0,17**	41,83	97,83**	51,04**	57,40**	19,10**	15,2001**	5,97	1,471
H vs T	1	227,72**	40,00**	1,57**	410,05**	653,17**	429,11*	227,8**	0,45**	156,825**	15,825*	94,177**
T1 vs T2	1	2,73	1,55	0,09	0,27	0,31	0,10	0,05	0,01	0,13	2,32	0,82
G x A	99	3,32*	1,77	0,037	12,56	8,67	4,82	7,02	3,01	1,64*	4,75*	0,92*
H x A	91	2,88	1,52	0,04	12,41	8,64	4,78*	0,06	0,02	1,69*	4,64*	0,90*
T x A	7	5,70	3,28	0,02	12,55	7,22	1,90	0,10	0,03	1,52	5,24	1,10
Resíduo	³ 522							520	519		521	
QME		2,58	1,62	0,032	10,65	7,214	3,29	6,14	2,83	1,033	3,13	0,67
Média dos Híbridos		59,17	12,19	2,30	17,60	15,11	10,48	46,2	22,5	20,20	27,69	13,51
Médias Test 1		60,95	10,99	2,01	13,62	9,08	5,77	42,1	20,9	17,29	27,86	11,93
Média Test 2		60,68	11,59	2,24	15,50	13,90	9,38	46,2	22,3	19,67	28,65	12,40
CVe (%)		2,71	10,52	7,93	18,80	18,11	17,71	5,38	7,48	5,07	6,38	6,11
Eficiência do látice (%)		102,67	110,44	112,78	103,88	104,59	104,55	102,91	107,45	106,29	103,64	100
h ² (%)		92	55	70	78	82	86	86	88	86	77	95
Acurácia seletiva (%)		96	73	82	88	91	93	93	94	93	89	98

*, ** Significativo a 5% e 1%. ¹ Grau de liberdade do erro. ²FLOR: Florescimento (dias), ST: estande (unidades), AP: altura (m), NE: número de espigas (unidades), PROCP: produtividade com palha (ton. ha⁻¹), PROSP: produtividade sem palha (ton. ha⁻¹), DE: diâmetro da espiga (mm), DS: diâmetro do sabugo (mm), CSP: comprimento sem palha (cm), CCP: comprimento com palha (cm) e NFG: número de fileiras de grãos (unidades). Test 1 (populações) e Test 2 (híbridos) interpopulacionais. ³ Graus de liberdade do resíduo.

Após verificar a existência de significância entre os genótipos, realizou-se o desdobramento da fonte de genótipos em híbridos, testemunhas e os contrastes H vs T e T1 (populações) vs T2 (Híbridos interpopulacionais). Observou-se diferenças significativas em nível de 1 % de probabilidade para híbridos em todas as características sob teste, o que sugere a existência de expressiva variabilidade genética para todas as características avaliadas, permitindo a identificação de constituições genéticas de melhor desempenho. Para as testemunhas, houve diferenças significativas para a maioria das características, com exceção de FLOR, NE, CCP e NFG (Tabela 6). Quanto aos contrastes desses efeitos (H vs T) para todas as características, foram discriminadas diferenças significativas, sendo que, com exceção da Prosp e do CCP, as características restantes apresentaram diferenças em nível de 1 % de probabilidade, revelando a distinção entre os grupos. Já o contraste entre as T1 vs T2, ou seja, populações vs híbridos interpopulacionais, não apresentou diferenças significativas para nenhuma das características sob análise.

Houve diferenças significativas entre os ambientes para quase a totalidade das características, demonstrando que estes foram suficientemente distintos na expressão das características.

Os genótipos responderam de maneira diferente frente às variações macroambientais existentes, reflexo do efeito significativo da interação 'G x A' para FLOR, CSP, CCP e NFG (Tabela 6). De acordo com Locatelli et al. (2002), essa interação reduz a correlação entre o fenótipo e o seu genótipo, restringindo a validade das inferências do ponto de vista do melhoramento e da herança de caracteres quantitativos.

Variações significativas também foram detectadas para a fonte de variação 'H x A' para PROSP, CSP, CCP e NFG (Tabela 6), indicando resposta não consistente dos híbridos aos distintos ambientes. Esses efeitos são frequentemente observados, uma vez que a estreita base genética dos híbridos simples leva a respostas diferenciadas frente aos ambientes de avaliação quando comparados aos híbridos duplos ou cultivares de base genética mais ampla (Troyer, 1996).

Verificou-se que o delineamento em látice foi eficiente ($\geq 100\%$) para a totalidade das características, demonstrando a escolha correta do delineamento dos genótipos no campo.

De acordo com a classificação proposta por Scapim et al. (1995) e Fritsche-Neto et al. (2012) elaboradas para a cultura do milho e para a natureza das características avaliadas, os coeficientes de variação experimental obtidos são classificados como médios, oscilando de 2,71% (FLOR) a 18,80% (NE). Esses valores demonstram elevada precisão experimental. Os maiores valores encontrados foram para NE, PROCP e PROSP, indicando que estas características são mais influenciadas por fatores não controlados durante o processo de avaliação.

De acordo com Resende e Duarte (2007), é recomendável que os ensaios de avaliação experimental sejam abordados tanto do ponto de vista genético quanto do estatístico. Dessa forma, eles propõem o uso da acurácia seletiva para informar sobre a eficiência da inferência do valor genético. A análise dos resultados da acurácia seletiva corroborou com os resultados obtidos para o coeficiente de variação, uma vez que os valores oscilaram entre 73% (ST) e 98% (NFG), o que, de acordo com a escala proposta por Resende e Duarte (2007), recebe classificação de moderada a muito alta.

A herdabilidade indica até que ponto a variabilidade fenotípica observada é decorrente de causas genéticas, sendo imprescindível para o melhorista, uma vez que tem impacto direto nos ganhos genéticos obtidos por seleção (Hallauer et al., 2010). Assim, quanto maior a estimativa de herdabilidade, maior a associação entre o fenótipo e o genótipo e menor a influência ambiental na expressão da característica. No presente trabalho, as estimativas de herdabilidade foram superiores a 70% para a maioria das características avaliadas, exceto para ST (Tabela 6). Tais resultados revelam a possibilidade de sucesso para a seleção por meio dessas características, uma vez que a variabilidade fenotípica observada é principalmente de origem genética.

A média geral dos híbridos avaliados apresentou resultados satisfatórios, os quais demonstraram potencial produtivo e de qualidade comercial. Quanto às médias das testemunhas, verifica-se que estas foram inferiores para a maioria das características (Tabela 6).

Por ser destinado ao consumo humano tanto na forma *in natura* quanto para a indústria de enlatados, o melhoramento do milho superdoce requer um cuidado especial, visto que não se busca apenas boa produtividade, o que muitas vezes acontece no melhoramento de milho comum (Worrajinda et al., 2013), mas

sim um conjunto de fatores que leva a um produto final associado à qualidade e à boa aparência com alto valor de mercado agregado (Luz et al. 2014).

Buscando atender às exigências do mercado de milho verde superdoce, alguns requisitos devem ser considerados, tais como uniformidade na altura de plantas, característica que pode ser conseguida com o uso de híbridos simples; plantas de porte médio; matérias precoces que viabilizem o plantio de mais de uma safra por ano; sabugo fino; produtividade de espigas a campo acima de 12 ton.ha⁻¹; comprimento de espigas superior sem palha maior que 20 cm; diâmetro de espiga superior 3 cm; e número de fileiras de grãos igual ou superior a 14 (Bottini et al., 1995; Pereira Filho et al., 2003). Dentro dessas exigências de mercado, observa-se que a maioria das características se encontra dentro do padrão imposto (Tabela 6). Para PROSP e NFG que ficaram pouco abaixo do padrão industrial exigido, é preciso enfatizar que nada impede que obtenham ganhos satisfatórios com a seleção, visto que foi observada variabilidade genética.

Alguns trabalhos têm priorizado o estudo de características da espiga sem palha, entretanto, para a indústria, as características de espiga com palha são sem dúvida as mais importantes, uma vez que a comercialização das espigas é realizada por unidade com palha, em virtude do transporte e da conservação dos açúcares (Lemos et al. 2002). Para essas características, os índices devem apresentar um incremento de 50 % em relação aos das espigas sem palha. No presente trabalho, os resultados observados mostraram-se satisfatórios também para essas características (Tabela 6).

3.1.4.3 Análise dialélica

Na análise dialélica apresentada na Tabela 7, a existência de variabilidade genética entre as 90 combinações híbridas foi demonstrada pelos efeitos significativos entre os híbridos para todas as características avaliadas.

Os efeitos dos híbridos do dialelo foram desdobrados em capacidade geral (CGC I e II) e em específica de combinação (CEC). Foi verificado efeito significativo da CGC para todas as características do grupo heterótico “FLINT” (CGC I) e para as características FLOR, DE, DS, NFG e CSP do grupo heterótico “DENT” (CGG II), demonstrando que os parentais diferem entre si na frequência

de alelos favoráveis e a existência de parentais promissores, para a formação de populações superiores.

Efeitos significativos da CGC também foram relatados por Oliboni et al. (2013) para as características produtividade de espiga sem palha e altura de plantas, em dialelo completo envolvendo avaliação de 66 híbridos em três ambientes, e por Lemos et al. (2002), avaliando produtividade, em dialelo completo envolvendo dez linhagens de milho superdoce em dois ambientes.

Com relação à CEC, também houve diferenças significativas para quase a totalidade das características (Tabela 7), indicando que os híbridos dialélicos demonstram resposta superior ou inferior ao esperado com base na CGC dos seus parentais, evidenciando um apreciável grau de complementação em relação às frequências dos alelos que apresentam dominância ou sobredominância (Pfann et al., 2009; Oliboni et al., 2013).

O efeito significativo da CEC verificado para características associadas ao rendimento de espigas é um indicativo de que populações geradas a partir dessas linhagens podem ser úteis no melhoramento interpopulacional, para a obtenção de linhagens que, ao serem cruzadas, poderão gerar híbridos com maior heterose (Oliboni et al., 2013). Oliboni et al. (2013), em avaliação de ensaios dialélicos de híbridos comerciais de milho comum, também verificaram significância da CEC para as características associadas à produtividade de grãos, identificando combinações híbridas comerciais promissoras.

Tabela 7. Resumo da análise de dialéctica conjunta para 11 características associadas à produtividade e à qualidade de espigas em milho superdoce. Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/ RJ, 2015.

Fontes de Variação	GL	^{2/} Quadrados médios										
		FLOR	ST	AP	NE	PROCP	PROSP	DE	DS	CSP	CCP	NFG
Híbridos	89	35,57*	3,25*	0,08*	52,70*	32,90*	18,84*	0,48*	0,27*	6,25*	17,48*	15,43*
CGC - Grupo I	8	60,36*	3,27*	0,27*	281,88*	188,83*	112,35*	3,53*	1,42*	25,90*	62,79*	35,35*
CGC - Grupo II	9	18,68*	1,94	0,13	22,61	20,43	5,18	0,23*	0,17*	8,45*	4,19	9,38*
CEC - Grupo I x Grupo II	72	34,93*	3,41*	0,05	31,00*	17,14*	10,16*	0,17*	0,16*	3,80*	14,11*	13,97*
Ambiente (A)	1	2522,77*	39,29*	2,42	85,56*	0,01	1,88	0,25*	0,03	28,13*	569,45*	4,05*
Híbridos X A	89	3,32*	1,79*	0,04	13,46*	9,41*	5,19*	0,07*	0,03	1,91*	5,57*	1,06
CGC - Grupo I X A	8	4,25*	0,89	0,04	26,84*	20,48*	6,84*	0,06	0,02	3,76*	4,70*	0,35
CGC - Grupo II X A	9	3,76*	0,92	0,07	11,45*	6,45*	4,38*	0,04	0,03	1,00	9,56*	0,66
CEC X A	72	3,16	1,99*	0,04	12,23*	8,55*	5,11*	0,07*	0,02	1,82*	5,17*	1,18
Resíduo	462											
%SQCGC _{G1} ^{1/}		15,3	9,05	29,3	48,1	51,58	53,6	65,6	46,1	37,2	32,	20,6
%SQCGC _{G2}		5,3	6,03	16,6	4,3	6,28	2,8	4,9	6,6	13,6	2,4	6,2
%SQCEC		79,4	84,93	54,1	47,6	42,14	43,6	29,5	47,3	49,1	65,3	73,2

* Significativo a 5% pelo teste F. ^{1/} Porcentagens das somas dos quadrados explicadas pelas CGC (G I - FLINT e G II - DENT) e CEC. ^{2/}FLOR: Florescimento (dias), ST: estande (unidades), AP: altura (m), NE: número de espigas (unidades), PROCP: produtividade com palha (ton.ha⁻¹), PROSP: produtividade sem palha (ton.ha⁻¹), DE: diâmetro da espiga (mm), DS: diâmetro do sabugo (mm), CSP: comprimento sem palha (cm), CCP: comprimento com palha (cm) e NFG: número de fileiras de grãos (unidades).

Embora os quadrados médios não sejam indicativos diretos da importância relativa dos componentes de variância genotípica, as significâncias encontradas referentes aos efeitos da CGC e da CEC mostraram variabilidade devida tanto a efeitos gênicos aditivos como a não aditivos, respectivamente (Worrajinda et al., 2013).

As contribuições das porcentagens das somas de quadrados da CGC de ambos os grupos (GI e GII) e da CEC dos híbridos simples mostraram que, para as características FLOR, ST, AP, CCP, PROCP, PROSP e NFG, a maior contribuição ocorreu por parte da CEC, explicando 52,23 % a 84,93 % da variação entre os híbridos. Esses resultados indicam que houve predomínio dos efeitos não aditivos para produtividade de espigas (Tabela 6), em coerência com a literatura, a exemplo de Machado et al. (2009) e Santos et al. (2013).

Contrariamente, as contribuições das somas dos quadrados da CGC foram relativamente maiores do que as da CEC para DE e DS, indicando maior importância dos efeitos aditivos, explicando 52,4% a 70,5 % da variação. Para CSP e NE, as contribuições foram medianas entre CGC e CEC, indicando que ambos os efeitos (aditivos e não aditivos) foram igualmente relevantes (Tabela 7).

Houve interação significativa da CGC com os ambientes para os grupos CGC-I e CGC-II, para as características FLOR, NE, PROCP, PROSP e CCP, e para CSP no grupo CGC-I, sugerindo que a seleção de parentais com base na CGC deve ser direcionada a cada ambiente. Já a interação da CEC com os ambientes foi significativa para a maioria das características avaliadas, o que pressupõe certa inaptidão dos cruzamentos em manter uma resposta constante nos ambientes considerados (Tabela 7).

De acordo com Sprague e Tatum (1942), estimativas baixas de CGC indicam que o valor da linhagem ou o valor das suas combinações com outras linhagens não difere da média de todos os cruzamentos do dialelo, enquanto estimativas altas e positivas são de interesse quando se deseja aumentar o valor da característica de interesse.

Em relação aos efeitos da CGC para produtividade de espigas sem palha, dez entre as 19 linhagens apresentaram estimativas positivas, com destaque para as linhagens L1 e L3 “FLINT” e L16 “DENT”, o que indica que são superiores às demais linhagens do dialelo com relação ao desempenho médio dos seus híbridos (Tabela 8). Considerando que os melhores híbridos são os resultantes do

cruzamento entre as linhagens de maior estimativa da CGC, os híbridos L1 x L16 e L3 x L16 deveriam apresentar efeito pronunciado da CEC e o melhor desempenho médio. No entanto, isso ocorreu somente com o híbrido L3 x L16, que apresentou resultado positivo da CEC e teve a sua média incluída no grupo mais produtivo de acordo com teste de agrupamento. Com relação ao híbrido L1 x L16, é possível inferir que estes possuem menor distância genética, resultando em expressiva depressão por endogamia quando cruzados, levando a uma CEC de valor negativo.

Para as demais características, os destaques quanto à CGC foram: L1, L2, L3, L6, L7 e L8 (GI) e L11, L13, L14 e L19 (G II) para FLOR; L1, L4, L8 e L9 (GI) e L10, L11, L13 e L14 (GII) para ST; L1, L2, L3, L5 e L8 (GI) e L11, L12, L15, L16 e L17 (GII) para AP; L1, L3 e L4 (GI) e L11, L13, L15 e L16 (GII) para NE; L1, L3 e L5 (GI) e L10, L13, L14, L16, L17 e L19 (GII) para PROCP; L1, L2, L3 e L6 (GI) e L10, L11, L14, L18 e L19 (GII) para DE; L1, L2, L5 e L6 (GI) e L10, L11, L16, L18 e L19 (GI) para DS; L1, L4 e L5 (GI) e L10, L11, L12, L13 e L18 (GII) para CSP; L3, L5, L7 e L9 (GI) e L12, L13, L14, L18 e L19 (GII) para CCP e L1, L2, L3, L7 e L8 (GI) e L11, L14, L16, L18 e L19 (GII) para NFG (Tabela 8).

Considerando as médias dos híbridos para PROSP, o teste de Scott Knott permitiu a formação de quatro grupos (Tabelas 9 e 10). Foi possível observar que as linhagens incluídas no grupo mais produtivo sem palha reúnem claramente os benefícios das linhagens de estimativas positivas da CGC. Ressalta-se que o fato de haver linhagens com valores não favoráveis de CGC não implica que devam ser descartadas do programa de melhoramento. Estas linhagens se cruzados com outros grupos heteróticos, poderão expor estimativas favoráveis (Oliboni et al., 2013).

Estimativas da capacidade geral e específica de combinação são informações complementares que devem ser interpretadas juntas na avaliação das linhagens, sendo o ideal associar valores altos da CGC e da CEC. Isto permitirá associar os dois critérios fundamentais na escolha de populações, média alta e maior variância genética possível (Ferreira et al., 2004, Cruz et al., 2012).

Tabela 8. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), obtidas da análise conjunta de 11 características, avaliadas em híbridos simples de milho superdoce nos dois ambientes de instalação dos experimentos.

1/ Grupo	Linhagens	EFEITO										
		FLOR	ST	AP	NE	PROCP	PROSP	DE	DS	CSP	CCP	NFG
FLINT	L1: SH113	-0,486	0,277	0,002	2,179	2,400	1,891	0,182	0,135	0,864	-1,045	0,242
	L2: SH116	-0,95	-0,063	0,068	-1602	-0,207	0,270	0,340	0,236	-0,29	-1,005	1,166
	L3: SH111	-0,075	-0,202	0,082	3,277	2,244	1,817	0,072	-0,011	-0,662	0,806	0,199
	L4: SH120	1,750	0,203	-0,047	1,235	-0,060	-0,298	-0,332	-0,223	0,764	-0,368	-0,227
	L5: SH119	0,043	-0,154	0,049	-0,093	0,798	0,263	-0,046	0,007	0,473	0,831	-0,611
	L6: SH 8H S101	-0,262	-0,207	-0,009	-1,370	-0,938	-0,829	0,079	0,056	-0,602	-0,232	-0,126
	L7: SH 8HS 107	-0,918	-0,129	-0,065	-2158	-1,939	-1,272	-0,003	-0,031	-0,011	0,360	0,173
	L8: SH 8HS 100	-0,058	0,029	0,005	-1439	-1,398	-0,667	-0,002	-0,066	-0,203	-0,748	0,391
	L9: SH 8HS 109	0,955	0,245	-0,083	-0,028	-0,902	-1,174	-0,288	-0,101	-0,332	1,399	-1,206
DENT	L10: SH 140	0,497	0,002	-0,034	0,180	0,167	0,049	0,035	0,068	0,132	-0,016	-0,505
	L11: SH 134	-0,374	0,409	0,099	0,223	-0,335	0,083	0,044	0,033	0,471	-0,125	0,075
	L12: SH 137	0,137	-0,034	0,013	-0,205	-0,753	-0,614	-0,047	-0,056	0,201	0,001	-0,45
	L13: SH 136	-0,420	0,045	-0,066	0,153	0,209	0,201	-0,026	-0,002	0,484	0,219	-0,061
	L14: SH 139	-0,804	0,036	-0,038	-0,691	0,647	0,162	0,070	-0,002	-0,114	0,184	0,416
	L15: SH 8HS 128	0,475	-0,049	0,011	0,702	-0,442	-0,220	-0,063	-0,006	-0,501	-0,218	-0,083
	L16: SH 8HS 125	0,185	-0,024	0,009	-0,048	0,079	0,293	-0,033	0,028	-0,069	-0,301	0,137
	L17: SH 8HS 177	0,425	-0,056	0,002	0,936	0,073	-0,070	-0,087	-0,108	-0,403	-0,300	-0,235
	L18: SH 8HS 129	0,515	-0,236	-0,005	-0,468	-0,570	-0,098	0,063	0,029	0,222	0,426	0,148
	L19: SH 8HS 130	-0,634	-0,095	0,011	-0,782	0,925	0,214	0,043	0,015	-0,424	0,130	0,559

1/ Grupo I: i = 1, 2..., 9; Grupo II: j = 6, 7... 10. FLOR: Florescimento (dias), ST: estande (unidades), AP: altura (m), NE: número de espigas (unidades), PROCP: produtividade com palha (ton.ha⁻¹), PROSP: produtividade sem palha (ton.ha⁻¹), DE: diâmetro da espiga (mm), DS: diâmetro do sabugo (mm), CSP: comprimento sem palha (cm), CCP: comprimento com palha (cm) e NFG: número de fileiras de grãos (unidades).

Observa-se que, para as características analisadas, as cinco combinações híbridas mais favoráveis em ordem decrescente de interesse foram L1 x L10, L8 x L15, L7 x L15, L5 x L14 e L2 x L13 para FLOR; L1 x L11, L8 x L19, L3 x L14, L8 x L18 e L5 x L13 para ST; L8 x L18, L7 x L18, L9 x L17, L1 x L13 e L5 x L10 para NE; L8 x L18, L1 x L13, L6 x L15, L9 x L17 e L4 x L12 para PROCP; L8 x L18, L4 x L14, L4 x L12, L1 x L13 e L6 x L15 para PROSP; L7 x L10, L8 x L14, 5x19, 4x18 e 3x19 para DE; L7 x L10, L3 x L15, L9 x L10, L9 x L14 e L4 x L15 para DS; L4 x L11, L1 x L19, L2 x L10, L8 x L17 e L9 x L18 para CSP; L7 x L14, L7 x L13, L4 x L17, L2 x L10 e L3 x L19 para CCP e L2 x L13, L8 x L17, L8 x L18, L6 x L15 e L7 x L19 para NFG.

As combinações híbridas coincidentes com as maiores estimativas CEC simultaneamente foram L8 x L18 para NE, PROCP, PROSP e NFG; L1 x L13 para NE, PROCP e PROSP; e L6 x L15 para PROCP, PROSP, DE e NFG. Esses resultados concordam com o teste de Scott Knott, uma vez que estes híbridos foram incluídos nos grupos de maiores médias para a maioria das características descritas (Tabelas 9 e 10).

Considerando as cinco maiores estimativas da CEC para PROSP, nota-se que somente L1 x L13 e L4 x L14 envolvem dois e um dos parentais com estimativas positivas da CGC respectivamente; no entanto, considerando as cinco maiores médias (L1 x L13, L1 x L10, L3 x L10, L3 x L14 e L3 x L13) agrupadas de acordo com o teste de Scott Knott, todas reúnem os benefícios dos dois parentais com estimativas positivas da CGC e alta CEC. Para NFG, as cinco melhores combinações, considerando a CEC, não indicaram as maiores médias, exceto para L2 x L13. Quanto à CGC, a maioria sempre apresentou, pelo menos, um dos parentais positivos, exceto L6 x L15.

Para as demais características, em geral, as estimativas altas de CEC, envolveram, pelo menos, um dos parentais com alta CGC, com destaque para ST, CSP, CCP e NFG. Entretanto, também houve casos em que os dois parentais combinantes apresentaram estimativas negativas de CGC e, mesmo assim, uma alta CEC, o que sugere que estas linhagens apresentam um alto grau de complementação, resultando em um efeito pronunciado da CEC.

Tabela 9. Médias e estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) de 90 híbridos de milho superdoce.

Híbridos	FLOR		ST		AP		NE		PROCP		PROSP	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
1x10	-3,221	55,96 ^e	-0,439	12,09 ^b	0,018	2,29 ^b	0,632	20,65 ^a	1,249	16,47 ^b	1,752	14,21 ^a
1x11	0,065	58,37 ^d	1,439	14,38 ^a	0,02	2,43 ^a	-1,261	18,8 ^a	-0,774	16,2 ^b	-0,507	11,98 ^b
1x12	-1,381	57,44 ^d	0,078	12,57 ^a	0,066	2,38 ^a	-0,348	19,28 ^a	-0,631	20,84 ^a	-0,169	11,63 ^b
1x13	-1,049	57,22 ^d	0,834	13,41 ^a	0,125	2,36 ^a	3,639	23,62 ^a	3,047	16,95 ^b	1,986	14,59 ^a
1x14	-1,49	56,39 ^e	0,012	12,58 ^a	-0,013	2,25 ^b	0,063	19,21 ^a	-1,281	16,16 ^b	-0,816	11,76 ^b
1x15	2,436	61,6 ^b	-0,128	12,35 ^a	-0,117	2,2 ^b	-0,29	20,24 ^a	-0,977	16,61 ^b	-0,738	11,45 ^b
1x16	0,631	59,5 ^c	-0,482	12,02 ^b	-0,035	2,28 ^b	0,135	19,92 ^a	-1,053	18,17 ^a	-0,721	11,98 ^b
1x17	1,511	60,62 ^c	-0,686	11,79 ^b	0,007	2,31 ^b	-0,149	20,62 ^a	0,518	16,41 ^b	0,041	12,38 ^b
1x18	1,041	60,24 ^c	-0,096	12,2 ^b	-0,001	2,3 ^b	-2,115	17,25 ^b	-0,599	19,01 ^a	-0,335	11,97 ^b
1x19	1,455	59,51 ^c	-0,532	11,9 ^b	-0,072	2,24 ^b	-0,306	18,74 ^a	0,501	14,41 ^c	-0,493	12,13 ^b
2x10	-1,813	56,9 ^e	-0,187	11,97 ^b	-0,093	2,25 ^b	-2,538	13,69 ^c	-0,724	13,49 ^c	-0,417	10,42 ^c
2x11	-1,828	56,02 ^e	-0,249	12,31 ^a	-0,02	2,45 ^a	1,724	18 ^b	-1,148	14,07 ^c	-0,821	10,05 ^c
2x12	-2,058	56,3 ^e	-0,056	12,06 ^b	-0,069	2,31 ^b	1,617	17,46 ^b	-0,15	14,29 ^c	0,142	10,31 ^c
2x13	-2,546	55,25 ^e	-0,28	11,92 ^b	0,001	2,3 ^b	0,745	16,95 ^b	-0,896	14,66 ^c	-1,258	9,73 ^c
2x14	-1,287	56,13 ^e	0,634	12,83 ^a	-0,033	2,3 ^b	0,254	15,62 ^b	-0,954	15,42 ^b	-0,485	10,46 ^c
2x15	2,274	60,97 ^b	0,364	12,47 ^a	0,178	2,56 ^a	-1,2	15,55 ^b	0,889	15,7 ^b	0,433	11 ^b
2x16	2,164	60,57 ^c	-0,126	12,01 ^b	-0,105	2,27 ^b	0,956	16,96 ^b	0,643	14,64 ^c	0,695	11,78 ^b
2x17	0,888	59,54 ^c	0,136	12,23 ^b	0,001	2,38 ^a	-1,228	15,76 ^b	-0,405	15,41 ^b	-0,488	10,23 ^c

Tabela 9. Cont,

Híbridos	FLOR		ST		AP		NE		PROCP		PROSP	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
2x18	2,234	60,97 ^b	-0,524	11,4 ^b	0,034	2,4 ^a	-1,269	14,31 ^c	1,007	17,63 ^a	0,981	11,67 ^b
2x19	1,973	59,56 ^c	0,29	12,35 ^a	0,108	2,49 ^a	0,939	16,21 ^b	1,738	18,85 ^a	1,218	12,22 ^b
3x10	-1,514	58,08 ^d	-0,148	11,87 ^b	0,013	2,36 ^a	-0,051	21,06 ^a	1,255	18,03 ^a	1,136	13,52 ^a
3x11	-0,758	57,96 ^d	0,230	12,65 ^a	-0,05	2,43 ^a	1,376	22,53 ^a	0,947	16,69 ^b	0,447	12,87 ^a
3x12	-0,079	59,16 ^c	-0,682	11,3 ^b	0,061	2,46 ^a	0,824	21,55 ^a	0,02	18,88 ^a	0,359	12,08 ^b
3x13	-1,077	57,6 ^d	0,134	12,2 ^b	0,105	2,42 ^a	1,221	22,3 ^a	1,243	18,59 ^a	0,834	13,37 ^a
3x14	-2,308	55,99 ^e	1,028	13,08 ^a	0,097	2,45 ^a	1,795	22,04 ^a	0,52	14,95 ^c	0,888	13,38 ^a
3x15	1,438	61,01 ^b	-0,467	11,5 ^b	-0,022	2,37 ^a	-1,643	19,99 ^a	-2,026	17,67 ^a	-1,145	10,97 ^b
3x16	0,963	60,25 ^c	0,753	12,75 ^a	-0,02	2,37 ^a	0,597	21,48 ^a	0,168	17,36 ^a	0,327	12,95 ^a
3x17	-0,057	59,46 ^c	0,93	12,89 ^a	-0,003	2,39 ^a	-0,482	21,38 ^a	-0,136	15,08 ^c	-0,155	12,11 ^b
3x18	0,873	60,48 ^c	-0,16	11,62 ^b	-0,091	2,29 ^b	-3,233	17,23 ^b	-1,768	18,12 ^a	-1,542	10,70 ^b
3x19	2,517	60,98 ^b	-1,616	10,31 ^b	-0,092	2,3 ^b	-0,404	19,75 ^a	-0,223	16,84 ^b	-1,149	11,4 ^b
4x10	-0,698	60,72 ^c	0,242	12,66 ^a	0,032	2,25 ^b	2,91	21,98 ^a	1,56	13,64 ^c	1,501	11,77 ^b
4x11	-0,843	59,7 ^c	-0,300	12,53 ^a	0,179	2,53 ^a	-1,273	17,84 ^b	-1,144	16,68 ^b	-0,343	9,96 ^c
4x12	-1,363	59,7 ^c	0,469	12,86 ^a	0,08	2,35 ^a	0,865	19,55 ^a	2,314	16,42 ^b	2,089	11,69 ^b
4x13	-1,536	58,96 ^c	0,48	12,94 ^a	-0,046	2,14 ^b	1,273	20,32 ^a	1,098	17,58 ^a	1,009	11,43 ^b
4x14	-2,432	57,69 ^d	0,308	12,77 ^a	0,036	2,25 ^b	0,107	18,3 ^a	1,815	12,57 ^c	2,118	12,50 ^b
4x15	2,019	63,41 ^a	-0,662	11,71 ^b	-0,003	2,26 ^b	-0,827	18,77 ^a	-2,107	15,19 ^c	-1,935	8,06 ^d
4x16	0,069	61,18 ^b	-0,296	12,1 ^b	-0,096	2,17 ^b	-0,741	18,1 ^b	-0,008	12,7 ^c	-0,608	9,90 ^c

Tabela 9. Cont,

Híbridos	FLOR		ST		AP		NE		PROCP		PROSP	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
4x17	0,603	61,95 ^b	-0,260	12,10 ^b	-0,104	2,15 ^b	-2,37	17,45 ^b	-2,491	12,91 ^c	-1,475	8,68 ^d
4x18	2,629	64,07 ^a	-0,565	11,62 ^b	-0,037	2,21 ^b	0,439	18,86 ^a	-1,639	16,65 ^b	-1,787	8,33 ^d
4x19	1,553	61,84 ^b	0,584	12,91 ^a	-0,043	2,22 ^b	-0,383	17,73 ^b	0,602	18,03 ^a	-0,569	9,87 ^c
5x10	-2,227	57,48 ^d	0,754	12,82 ^a	-0,009	2,31 ^b	3,578	21,32 ^a	1,891	14,32 ^c	1,25	12,08 ^b
5x11	-1,396	57,45 ^d	-0,443	12,03 ^b	0,054	2,51 ^a	-2,13	15,66 ^b	-1,318	16,66 ^b	-0,074	10,79 ^b
5x12	-1,417	57,94 ^d	0,535	12,57 ^a	-0,075	2,29 ^b	2,603	19,96 ^a	1,44	16,72 ^b	0,593	10,76 ^b
5x13	-1,215	57,58 ^d	0,936	13,05 ^a	0,009	2,3 ^b	3,561	21,27 ^a	0,529	15,83 ^b	0,738	11,72 ^b
5x14	-2,831	55,58 ^e	0,06	12,16 ^b	-0,019	2,29 ^b	-0,545	16,33 ^b	-0,799	14,75 ^c	-0,083	10,86 ^b
5x15	2,505	62,2 ^b	-0,48	11,53 ^b	-0,018	2,35 ^a	-1,729	16,54 ^b	-0,781	14,75 ^b	-0,631	9,93 ^c
5x16	0,900	60,3 ^c	-0,445	11,59 ^b	0,034	2,39 ^a	-1,453	16,06 ^b	0,283	16,34 ^b	0,261	11,34 ^b
5x17	1,500	61,14 ^b	0,097	12,1 ^b	0,005	2,36 ^a	-1,257	17,24 ^b	-0,04	16,01 ^c	-0,206	10,5 ^c
5x18	1,425	61,16 ^b	-0,933	10,89 ^b	-0,022	2,33 ^a	-2,383	14,71 ^c	-2,283	13,12 ^a	-1,848	8,84 ^d
5x19	2,754	61,33 ^b	-0,079	11,89 ^b	0,042	2,4 ^a	-0,245	16,53 ^b	1,078	17,98 ^c	0,00	11,0 ^b
6x10	2,379	61,79 ^b	-0,658	11,36 ^b	0,004	2,26 ^b	-3,609	12,85 ^c	-2,168	12,24 ^b	-2,093	7,65 ^d
6x11	1,679	60,22 ^c	0,405	12,83 ^a	-0,109	2,29 ^b	0,928	17,43 ^b	1,798	15,7 ^c	0,543	10,32 ^c
6x12	1,454	60,5 ^c	0,828	12,81 ^a	0,032	2,34 ^a	0,991	17,07 ^b	0,601	14,09 ^c	0,255	9,33 ^c
6x13	1,321	59,81 ^c	-0,406	11,65 ^b	-0,094	2,14 ^b	-2,302	14,14 ^c	-1,515	12,94 ^c	-0,995	8,89 ^d
6x14	2,85	60,96 ^b	-0,332	11,71 ^b	0,018	2,28 ^b	0,042	15,64 ^b	0,372	15,26 ^b	-0,121	9,73 ^c
6x15	-2,404	56,98 ^d	0,813	12,77 ^a	-0,041	2,27 ^b	0,974	17,96 ^b	2,695	16,49 ^c	1,966	11,43 ^b

Tabela 9. Cont,

Híbridos	FLOR		ST		AP		NE		PROCP		PROSP	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
6x16	-0,904	58,19 ^d	-0,517	11,47 ^b	0,176	2,48 ^a	-2,141	14,09 ^c	-1,961	12,36 ^b	-0,852	9,13 ^d
6x17	-1,275	58,06 ^d	-0,355	11,6 ^b	-0,037	2,26 ^b	2,46	19,68 ^a	1,391	15,7 ^c	0,996	10,62 ^c
6x18	-1,739	57,69 ^d	0,315	12,09 ^b	0,07	2,36 ^a	1,299	17,12 ^b	0,288	13,96 ^c	0,674	10,27 ^c
6x19	-3,36	54,92 ^b	-0,091	11,82 ^b	-0,021	2,29 ^b	1,358	16,86 ^b	-1,501	13,66 ^c	-0,373	9,53 ^c
7x10	2,929	61,68 ^d	0,249	12,34 ^a	0,02	2,23 ^b	-2,267	13,41 ^c	-2,687	10,72 ^c	-1,87	7,43 ^d
7x11	0,61	58,49 ^c	0,462	12,96 ^a	-0,087	2,25 ^b	1,415	17,14 ^b	1,859	14,77 ^c	0,971	10,3 ^c
7x12	1,539	59,93 ^c	-1,38	10,68 ^b	-0,001	2,25 ^b	-2,827	12,46 ^c	-0,898	11,59 ^c	-0,737	7,89 ^d
7x13	2,361	60,19 ^c	-0,739	11,39 ^b	0,048	2,22 ^b	-3,274	12,37 ^c	-0,924	12,52 ^c	-0,452	9,00 ^d
7x14	2,515	59,97 ^e	-1,01	11,11 ^b	-0,02	2,18 ^b	-1,795	13,01 ^c	-0,117	13,77 ^c	-0,938	8,47 ^d
7x15	-2,879	55,85 ^e	0,23	12,27 ^a	-0,019	2,23 ^b	3,151	19,35 ^a	1,256	14,06 ^c	0,749	9,77 ^c
7x16	-1,934	56,51 ^d	0,62	12,68 ^a	0,123	2,37 ^a	1,812	17,26 ^b	1,26	14,58 ^c	0,586	10,12 ^c
7x17	-0,744	57,94 ^e	-0,148	11,89 ^b	0,004	2,24 ^b	0,188	16,62 ^b	-0,063	13,25 ^c	0,189	9,37 ^c
7x18	-2,174	56,6 ^e	0,852	12,71 ^a	-0,078	2,16 ^b	3,892	18,92 ^a	0,774	13,45 ^c	0,722	9,87 ^c
7x19	-2,225	55,4 ^b	0,866	12,86 ^a	0,011	2,26 ^b	-0,295	14,42 ^c	-0,46	13,71 ^c	0,78	10,24 ^c
8x10	2,284	61,89 ^c	-0,389	11,86 ^b	-0,005	2,27 ^b	0,129	16,52 ^b	-0,293	13,66 ^c	-0,72	9,18 ^d
8x11	0,835	59,58 ^b	-0,321	12,33 ^a	-0,137	2,27 ^b	-0,064	16,38 ^b	0,224	13,67 ^c	-0,039	9,89 ^c
8x12	2,364	61,62 ^c	-0,203	12,01 ^b	0,099	2,42 ^a	-2,021	13,99 ^c	-1,088	11,94 ^c	-1,132	8,11 ^d
8x13	1,806	60,5 ^b	-0,832	11,46 ^b	-0,047	2,19 ^b	-2,498	13,87 ^c	-1,38	12,61 ^c	-1,172	8,88 ^d
8x14	2,755	61,06 ^e	-0,423	11,86 ^b	-0,015	2,25 ^b	-0,039	15,49 ^b	0,162	14,59 ^c	-0,078	9,93 ^c

Tabela 9. Cont,

Híbridos	FLOR		ST		AP		NE		PROCP		PROSP	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
8x15	-3,189	56,4 ^d	0,377	12,57 ^a	0,056	2,37 ^a	1,897	18,81 ^a	1,011	14,35 ^c	0,849	10,48 ^c
8x16	-0,844	58,46 ^d	-0,093	12,13 ^b	-0,177	2,14 ^b	-0,452	15,72 ^b	-0,76	13,1 ^c	-0,459	9,69 ^c
8x17	-1,299	58,24 ^d	-0,121	12,07 ^b	0,069	2,38 ^a	-0,821	16,33 ^b	-1,089	12,76 ^b	-0,651	9,13 ^d
8x18	-2,274	57,36 ^e	0,959	12,97 ^a	0,117	2,42 ^a	3,953	19,7 ^a	3,269	16,48 ^c	2,692	12,45 ^b
8x19	-2,44	56,04 ^a	1,048	13,2 ^a	0,041	2,36 ^a	-0,084	15,35 ^b	-0,056	14,65 ^c	0,71	10,77 ^b
9x10	1,881	62,50 ^b	0,575	13,04 ^a	0,018	2,2 ^b	1,214	19,02 ^a	-0,084	14,36 ^c	-0,538	8,85 ^d
9x11	1,637	61,39 ^b	-1,222	11,65 ^b	0,151	2,47 ^a	-0,714	17,13 ^b	-0,443	13,5 ^c	-0,177	9,25 ^d
9x12	0,941	61,2 ^b	0,412	12,84 ^a	-0,193	2,04 ^b	-1,706	15,71 ^b	-1,61	11,91 ^c	-1,399	7,33 ^d
9x13	1,933	61,64 ^b	-0,127	12,38 ^a	-0,099	2,06 ^b	-2,366	15,42 ^b	-1,201	13,28 ^c	-0,689	8,85 ^d
9x14	2,227	61,55 ^d	-0,274	12,22 ^b	-0,052	2,13 ^b	0,12	17,06 ^b	0,281	15,21 ^c	-0,486	9,02 ^d
9x15	-2,202	58,4 ^c	-0,044	12,37 ^a	-0,016	2,22 ^b	-0,333	18 ^b	0,039	13,88 ^b	0,452	9,58 ^c
9x16	-1,047	59,27 ^c	0,587	13,03 ^a	0,101	2,33 ^a	1,287	18,86 ^a	1,428	15,79 ^b	0,769	10,41 ^c
9x17	-1,127	59,42 ^d	0,408	12,81 ^a	0,057	2,28 ^b	3,658	22,22 ^a	2,315	16,66 ^c	1,751	11,02 ^b
9x18	-2,017	58,63 ^d	0,153	12,38 ^a	0,01	2,22 ^b	-0,583	16,57 ^b	0,952	14,66 ^c	0,44	9,68 ^c
9x19	-2,228	57,27 ^d	-0,468	11,9 ^b	0,024	2,26 ^b	-0,579	16,27 ^b	-1,677	13,5 ^c	-0,123	9,44 ^c

Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Scott knott a 5 % de significância. FLOR: Florescimento (dias), ST: estande (unidades), AP: altura (m), NE: número de espigas (unidades), PROCP: produtividade com palha (ton.ha⁻¹), PROSP: produtividade sem palha (ton.ha⁻¹).

Tabela 10. Médias e estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação de 90 híbridos de milho superdoce.

Híbridos	DE			DS			CSP			CCP			NFG		
	CEC	Média		CEC	Média		CEC	Média		CEC	Média		CEC	Média	
1x10	-3,221	50,6	a	0,219	26,8	a	0,806	21,37	a	0,017	26,63	c	1,316	15,21	b
1x11	0,065	49,6	a	0,025	24,5	a	-0,219	20,92	a	0,00	26,51	c	1,518	15,75	b
1x12	-1,381	48,0	b	0,074	23,9	b	-0,454	20,16	b	0,279	26,91	c	1,397	15,26	b
1x13	-1,049	47,0	b	-0,101	22,9	b	-0,878	20,12	b	-1,783	25,07	c	1,625	15,87	b
1x14	-1,490	48,8	a	0,099	24,9	a	0,03	21,51	a	0,012	26,83	c	0,783	14,43	c
1x15	2,436	47,0	b	-0,042	23,4	b	-0,796	20,19	b	-0,981	25,44	c	-0,961	12,3	f
1x16	0,631	46,2	b	-0,115	23,1	b	-0,311	20,89	a	0,092	26,42	c	-1,353	12,34	f
1x17	1,511	4,57	c	-0,125	21,6	c	0,231	21,06	a	1,73	28,06	b	-1,269	12,09	f
1x18	1,041	50,1	a	0,108	25,3	a	0,453	21,66	a	-0,426	26,63	c	-1,189	12,79	e
1x19	1,455	47,5	b	-0,143	22,6	b	1,137	22,76	a	1,061	27,83	c	-1,868	11,47	g
2x10	-1,813	51,6	a	0,153	27,2	a	1,035	20,44	b	-0,848	25,81	c	0,918	15,74	b
2x11	-1,828	49	a	-0,041	24,9	a	0,334	20,32	b	0,151	26,7	c	0,709	15,86	b
2x12	-2,058	49,1	a	0,113	25,5	a	-0,33	19,13	d	-2,64	24,03	c	1,079	15,96	b
2x13	-2,546	47,8	b	-0,022	24,7	a	-0,299	19,55	c	0,237	27,13	c	2,182	17,35	a
2x14	-1,287	48,4	b	-0,122	23,7	b	-0,377	19,95	c	-1,003	25,86	c	-0,111	14,46	c
2x15	2,274	49,7	a	-0,038	24,5	a	-0,957	18,87	d	-0,306	26,15	c	-1,314	12,87	e
2x16	2,164	49,7	a	0,049	25,7	a	-0,177	19,87	c	-0,483	25,89	c	-0,381	14,23	d
2x17	0,888	48,4	b	-0,151	22,4	b	-0,54	19,14	d	1,326	27,7	c	-1,182	13,10	e
2x18	2,234	52,0	a	-0,023	25,0	a	0,622	20,68	b	1,715	28,82	b	-1,302	13,61	e
2x19	1,973	50,8	a	0,081	25,9	a	0,69	21,16	a	1,851	28,65	b	-0,596	13,66	d
3x10	-1,514	48,3	b	0,145	24,6	a	0,907	19,94	c	0,761	29,23	b	0,735	14,58	c
3x11	-0,758	47,8	b	-0,04	22,4	b	-1,888	17,73	d	-0,691	27,67	c	0,846	15,03	b
3x12	-0,079	48,3	b	0,214	24,0	b	0,867	19,96	c	-1,502	26,98	c	1,366	15,29	b
3x13	-1,077	46,8	b	0,070	23,1	b	-0,512	18,97	d	-2,379	26,33	c	1,518	15,72	b
3x14	-2,308	49,0	a	0,100	23,5	b	0,176	20,13	b	-1,134	27,53	c	1,436	15,04	b

Tabela 10. Cont.

Híbridos	DE		DS		CSP		CCP		NFG	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
3x15	1,438	43,4 ^c	-0,316	19,3 ^d	0,04	19,5 ^c	1,343	29,61 ^a	-0,997	12,22 ^f
3x15	1,438	43,4 ^c	-0,316	19,3 ^d	0,04	19,5 ^c	1,343	29,61 ^a	-0,997	12,22 ^f
3x16	0,963	46,6 ^b	-0,085	21,9 ^c	0,015	19,69 ^c	0,361	28,55 ^b	-0,939	12,71 ^e
3x17	-0,057	45,5 ^c	-0,084	20,5 ^c	0,022	19,33 ^c	0,159	28,35 ^b	-1,145	12,17 ^f
3x18	0,873	48,0 ^b	0,079	23,5 ^b	-0,166	19,52 ^c	1,278	30,19 ^a	-1,385	12,55 ^e
3x19	2,517	46,0 ^b	-0,082	21,8 ^c	0,538	20,63 ^b	1,805	30,42 ^a	-1,434	11,86 ^f
4x10	-0,698	46,3 ^b	0,312	24,2 ^b	-0,204	20,26 ^b	-0,725	26,57 ^c	1,12	14,55 ^c
4x11	-0,843	43,3 ^c	0,007	20,8 ^c	1,156	22,19 ^a	0,939	28,12 ^b	0,157	13,92 ^d
4x12	-1,363	44,1 ^c	0,106	20,8 ^c	0,331	20,84 ^a	-0,437	26,87 ^c	1,346	14,84 ^c
4x13	-1,536	44,1 ^c	0,142	21,8 ^c	0,872	21,78 ^a	-0,445	27,09 ^c	0,629	14,41 ^c
4x14	-2,432	45,3 ^c	0,057	20,9 ^c	-0,175	21,21 ^a	-1,565	25,93 ^c	1,222	14,40 ^c
4x15	2,019	38,4 ^d	-0,199	18,3 ^d	0,379	21,26 ^a	0,067	27,16 ^c	-0,597	12,19 ^f
4x16	0,069	42,2 ^d	-0,078	19,8 ^d	-0,141	20,96 ^a	-0,84	26,17 ^c	-0,794	12,43 ^f
4x17	0,603	41,9 ^d	-0,107	18,2 ^d	0,136	20,86 ^a	1,879	28,89 ^b	-1,385	11,51 ^g
4x18	2,629	41,4 ^d	-0,184	18,8 ^d	-1,947	19,16 ^d	-0,082	27,66 ^c	-0,900	12,61 ^e
4x19	1,553	42,2 ^d	-0,055	20 ^d	-0,408	21,12 ^a	1,209	28,65 ^b	-0,799	12,07 ^f
5x10	-2,227	45,5 ^c	0,037	23,7 ^b	0,752	20,92 ^a	0,391	28,88 ^b	0,68	13,72 ^d
5x11	-1,396	47,7 ^b	0,233	25,3 ^a	-0,529	20,22 ^b	-1,051	27,33 ^c	0,516	13,90 ^d
5x12	-1,417	43,6 ^c	-0,113	21 ^c	0,637	20,86 ^a	-0,702	27,81 ^c	-0,014	13,10 ^e
5x13	-1,215	44,6 ^c	-0,013	22,5 ^b	-0,082	20,53 ^b	-1,684	27,05 ^c	0,173	13,57 ^e
5x14	-2,831	47,6 ^b	0,107	23,7 ^b	-0,42	20,67 ^b	-1,034	27,66 ^c	1,261	14,05 ^d
5x15	2,505	45,8 ^c	-0,094	21,6 ^c	-0,23	20,36 ^b	0,333	28,62 ^b	-0,422	11,99 ^f
5x16	0,900	44,9 ^c	0,043	23,3 ^b	0,745	21,56 ^a	0,476	28,68 ^b	-0,339	12,5 ^e
5x17	1,500	43,8 ^c	-0,097	20,6 ^c	-0,408	20,03 ^c	0,899	29,11 ^b	-0,995	11,51 ^g
5x18	1,425	47,8 ^b	-0,049	22,5 ^b	-0,391	20,43 ^b	1,378	30,32 ^a	-0,515	12,61 ^e

Tabela 10. Cont.

Híbridos	DE		DS		CSP		CCP		NFG	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
5x19	2,754	46,7 ^b	-0,055	22,2 ^c	-0,073	21,16 ^a	0,995	29,63 ^a	-0,344	12,14 ^f
6x10	2,379	46,6 ^b	-0,102	22,8 ^b	-0,208	18,88 ^d	0,354	27,78 ^c	-1,186	12,34 ^f
6x11	1,679	47,6 ^b	-0,106	22,4 ^b	0,542	20,21 ^b	0,458	27,78 ^c	-1,464	12,40 ^f
6x12	1,454	46,5 ^b	-0,137	21,2 ^c	-0,193	18,96 ^d	0,877	28,32 ^b	-1,84	11,75 ^g
6x13	1,321	46,3 ^b	0,023	23,3 ^b	0,123	19,66 ^c	1,729	29,40 ^b	-1,437	12,44 ^f
6x14	2,850	48,1 ^b	-0,042	22,7 ^b	-0,109	19,90 ^c	1,634	29,26 ^b	-1,184	12,10 ^f
6x15	-2,404	48,3 ^b	0,302	26,1 ^a	0,195	19,71 ^c	-0,704	26,53 ^c	1,672	14,56 ^c
6x16	-0,904	47,7 ^b	0,054	23,9 ^b	0,055	19,79 ^c	-0,716	26,43 ^c	1,800	15,13 ^b
6x17	-1,275	46,6 ^b	0,164	23,7 ^b	-0,358	19,00 ^d	-0,922	26,23 ^c	1,164	14,15 ^d
6x18	-1,739	46,7 ^b	-0,078	22,7 ^b	0,449	20,19 ^b	-1,498	26,38 ^c	1,279	14,89 ^c
6x19	-3,36	46,0 ^b	-0,079	22,5 ^b	-0,497	19,66 ^c	-1,212	26,36 ^c	1,195	14,17 ^d
7x10	2,929	44,2 ^c	-0,300	20,0 ^d	-0,789	18,89 ^d	-0,383	27,64 ^c	-1,299	12,52 ^e
7x11	0,610	45,5 ^c	-0,004	22,6 ^b	0,02	20,28 ^b	-0,19	27,73 ^c	-1,098	13,07 ^e
7x12	1,539	46,3 ^b	-0,050	21,2 ^c	-0,029	19,71 ^c	1,034	29,07 ^b	-0,798	13,09 ^e
7x13	2,361	47,5 ^b	0,035	22,6 ^b	0,907	21,03 ^a	2,192	30,45 ^a	-1,586	12,59 ^e
7x14	2,515	47,3 ^b	-0,020	22,0 ^c	0,684	21,29 ^a	2,222	30,44 ^a	-1,343	12,23 ^f
7x15	-2,879	45,7 ^c	0,184	24,1 ^b	0,254	20,36 ^b	1,449	29,27 ^b	0,854	14,04 ^d
7x16	-1,934	46,4 ^b	0,096	23,5 ^b	-0,361	19,97 ^c	0,422	28,16 ^b	1,097	14,72 ^c
7x17	-0,744	46,7 ^b	0,071	21,9 ^c	-0,404	19,55 ^c	-2,975	24,77 ^c	1,461	14,75 ^c
7x18	-2,174	45,2 ^c	-0,036	22,2 ^c	-0,188	20,15 ^b	-1,841	26,63 ^c	1,081	15,00 ^b
7x19	-2,225	47,5 ^b	0,023	22,6 ^b	-0,094	20,65 ^b	-1,929	26,24 ^c	1,632	14,90 ^c
8x10	2,284	45,4 ^c	-0,175	20,9 ^c	-1,457	18,03 ^d	-0,165	26,75 ^c	-0,897	13,14 ^e
8x11	0,835	46,0 ^b	-0,020	22,1 ^c	0,178	20,25 ^b	0,053	26,86 ^c	-0,841	13,54 ^e
8x12	2,364	45,2 ^c	-0,116	20,2 ^d	-0,812	18,73 ^d	0,822	27,76 ^c	-1,111	13,00 ^e
8x13	1,806	45,4 ^c	-0,06	21,3 ^c	0,009	19,94 ^c	0,57	27,72 ^c	-1,794	12,6 ^e
8x14	2,755	46,2 ^b	0,045	22,3 ^b	-0,003	20,41 ^b	0,045	27,16 ^c	-1,706	12,09 ^f

Tabela 10. Cont.

Híbridos	DE		DS		CSP		CCP		NFG	
	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média
8x15	-3,189	47,7	0,044	22,3	0,881	20,8	-0,158	26,56	1,206	14,62
8x16	-0,844	45,6	-0,075	21,4	0,846	20,98	1,205	27,84	0,094	13,93
8x17	-1,299	45,6	0,101	21,8	1,013	20,77	-0,542	26,09	1,988	15,5
8x18	-2,274	47	0,094	23,1	0,220	20,37	-0,373	26,98	1,708	15,84
8x19	-2,440	48,1	0,163	23,7	-0,876	19,68	-1,456	25,6	1,354	14,84
9x10	1,881	41	-0,29	19,3	-0,843	18,52	0,598	29,66	-1,385	11,06
9x11	1,637	43,7	-0,054	21,4	0,406	20,35	0,331	29,28	-0,344	12,44
9x12	0,941	40,7	-0,09	20,1	-0,018	19,4	2,270	31,35	-1,424	11,09
9x13	1,933	44,4	-0,075	20,8	-0,142	19,66	1,563	30,86	-1,312	11,49
9x14	2,227	41,8	-0,225	19,3	0,195	20,48	0,823	30,08	-0,359	11,84
9x15	-2,202	44,8	0,159	23,1	0,235	20,02	-1,04	27,82	0,558	12,37
9x16	-1,047	44	0,111	22,9	-0,67	19,33	-0,517	28,26	0,816	13,06
9x17	-1,127	44,3	0,226	22,8	0,307	19,94	-1,554	27,23	1,365	13,28
9x18	-2,017	43,8	0,089	22,7	0,949	20,96	-0,15	29,36	1,225	13,76
9x19	-2,228	45,4	0,148	23,2	-0,418	20,01	-2,323	26,89	0,861	12,75

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott knott a 5 % de significância. DE: diâmetro da espiga (mm), DS: diâmetro do sabugo (mm), CSP: comprimento sem palha (cm), CCP: comprimento com palha (cm) e NFG: número de fileiras de grãos (unidades).

Ressalta-se que as recomendações que envolvem o milho superdoce, com base na CGC e na CEC, devem considerar e atender a todo um sistema planejado, envolvendo as necessidades reais de um plantio comercial, desde o sistema de cultivo, a integração das atividades desenvolvidas pelo produtor até o cronograma estabelecido pelas indústrias.

O ideal para a maioria das características seria a seleção de parentais e de híbridos de maiores estimativas de CGC e CEC, respectivamente. Entretanto, para as características FLOR, AP e DS, a seleção nem sempre deve ocorrer no sentido de aumentar a expressão da característica; é preciso considerar todo o sistema anteriormente descrito. Logo, de acordo com o interesse, a seleção pode acontecer no sentido contrário ou até mesmo manter a expressão observada na característica.

Em áreas irrigadas, o contrato com as indústrias segue um cronograma muitas vezes apertado, e isso exige um controle muito grande por parte dos produtores no envio da matéria-prima. O ideal seriam genótipos mais precoces e, associado a isso, que apresentassem menores perdas por acamamento e quebramento (Bordallo et al., 2005). Considerando esses interesses, a intenção de seleção deve priorizar genótipos mais precoces e de menor porte, logo, para FLOR e AP, o ideal seria considerar estimativas menores de CGC e CEC. É preciso lembrar que os genótipos aqui avaliados possuem gene braquítico (*br2*), o que nesse caso torna ideal a manutenção da expressão da característica, logo ideal e a seleção a estimativas próximas a zero. Com relação a característica DS a preferência ocorre por fenótipos com menor diâmetro, logo deve-se priorizar baixas estimativas da CGC e CEC.

A predominância dos efeitos não aditivos (CEC) em relação aos efeitos aditivos (CGC) tem sido relatada na literatura em milho, principalmente para características que envolvem a produtividade (Pfann et al., 2009; Worrajinda et al., 2013).

No presente trabalho, foram encontrados resultados coincidentes da importância dos efeitos não aditivos para características associadas à produtividade; entretanto, foi possível demonstrar também a importância dos efeitos aditivos para as características relacionadas à qualidade. Logo, as informações aqui obtidas poderão orientar de modo efetivo, e com base científica,

métodos de melhoramento eficazes para as características envolvidas na produtividade e na qualidade de milho superdoce.

3.1.5 CONCLUSÕES

1. A análise dialélica parcial mostrou-se eficiente no estudo dos efeitos da CGC das linhagens endogâmicas de milho superdoce e dos efeitos da CEC estimados em híbridos obtidos do cruzamento entre linhagens de grupos heteróticos diferentes.
2. Foi observada maior variabilidade genética do grupo heterótico “FLINT” em relação ao grupo “DENT”.
3. Os efeitos aditivos e não aditivos foram igualmente importantes para as características avaliadas, com destaque dos efeitos aditivos para NE, DE e DS, e dos efeitos não aditivos para FLOR, ST, PROCP, PROSP, CCP e NFG.
4. A significância da interação CGC e CEC com os ambientes evidenciaram respostas distintas dos genótipos aos ambientes.
5. A linhagem FLINT L1, que apresentou maior concentração de alelos favoráveis para o incremento das características FLOR, AP, NE, PROCP, PROSP, DE, DS, CSP e NFG, é a mais indicada para a formação de novos híbridos superdoce.
6. As combinações L8 x L18, L1 x L13 e L6 x L15 permitiram maior efeito combinatório para as características PROCP e PROSP simultaneamente, sendo estes híbridos promissores de milho superdoce.

3.2 FORMAÇÃO DE SUPERCARACTERES EM GENÓTIPOS DE MILHO VERDE SUPERDOCE

3.2.1 INTRODUÇÃO

O Brasil é dos maiores produtores de milho do mundo e possui grande potencial para a produção de milho verde (Couto et al., 2017). No estado do Rio de Janeiro, embora não se disponha de informações recentes, sabe-se que o produto destinado ao consumo *in natura* é cada vez mais comum, tornando-se uma alternativa interessante aos pequenos e médios agricultores.

A cultura ganhou espaço devido à lucratividade e à sua diversidade de uso, quando comparado ao mercado de grãos secos (Pereira Filho et al., 2015), porém a oferta não acompanha a grande demanda, o que determina a importação de outros estados. Segundo dados da CEASA-RJ (2015), o milho verde representou 18,5 % do total do setor hortigranjeiro, com uma produtividade média de espigas entre 7,44 e 13,61 ton.ha⁻¹, valor considerado expressivo, quando comparado com a produtividade média do País, que alcança de 9 a 15 ton/ ha⁻¹ (Paiva Júnior et al., 2001).

A maioria das cultivares de milho verde no Brasil advém do milho comum; entretanto, Paiva Junior et al. (2001) afirmam que a produção de milho verde oriunda de cultivares com endosperma normal apresenta grande variação de textura dos grãos. Tal fato demonstra a necessidade de informações sobre a avaliação e a obtenção de cultivares especificamente destinadas à produção de

milho verde e sobre estudos genéticos das características envolvidas nessa produção (Couto et al., 2017).

Dentro desse contexto, o milho superdoce tem conquistado cada vez mais espaço, uma vez que supera em sabor e valor nutritivo o milho comum (Lemos et al., 2002). Sua exploração pode constituir uma alternativa viável tanto para o consumo *in natura* quanto para a produção de milho destinada ao processamento industrial.

Instituições de pesquisa vêm desenvolvendo programas de melhoramento direcionados ao milho superdoce, pois o mercado, que inclui os consumidores e a indústria, tem se tornado cada vez mais exigente não só pela produtividade mas também com relação à qualidade da espiga (Barbiere, 2010).

Julga-se como uma boa cultivar aquela capaz de reunir várias atribuições relacionadas à produção e à qualidade de espigas simultaneamente. No caso do milho superdoce, a seleção com base em uma ou poucas características nem sempre é adequada, já que a rejeição pelo produto no mercado é favorecida quando as cultivares apresentam espigas com diâmetro, comprimento ou número de fileiras de grãos fora dos padrões adequados. Assim, o melhorista deve estar atento em elucidar as relações existentes entre as diversas características da planta (Entringer et al., 2014).

É comum verificar que algumas dessas características podem estar correlacionadas, tornando possível obter ganhos indiretos favoráveis. Entretanto, tal situação nem sempre ocorre, e uma atenção adicional deve ser tomada quando se deseja praticar a seleção simultânea (Cruz e Carneiro, 2003).

Dentro da estatística multivariada, o uso dos índices de seleção constitui uma técnica apta na associação de informações, permitindo auxiliar na seleção simultânea de características de interesse (Rodrigues et al., 2011). Associada a esta técnica, a análise de fatores tem sido utilizada tanto no estudo de correlações quanto na identificação de características de maior importância na discriminação de genótipos (Hair et al., 2009). Sua aplicação permite sumarizar um conjunto de dados, com perda mínima de informação, facilitando a interpretação dos resultados (Granate et al., 2002). Nesse método, cada característica avaliada pode ser explicada por um conjunto de fatores comuns e por um fator específico fortemente correlacionado entre si, mais fracamente correlacionado com as demais características (Cruz et al., 2014).

Com o advento dos recursos computacionais, o método passou a ser aplicado com mais frequência (Garbuglio et al., 2007). Os resultados encontrados na literatura dão suporte à utilização da técnica para criar o agrupamento de características correlacionadas (Acquaah et al., 1992; Granate et al., 2001, Ferreira et al., 2005). Em milho doce, Juvik et al. (1993), trabalhando com vinte e nove características associadas a sementes, utilizaram a análise de fatores de forma eficiente, tendo suas características reduzidas a seis fatores ou supercaracteres.

No melhoramento, a formação de tais supercaracteres pode ser aplicada na predição de ganhos genéticos indiretos por seleção (Ferreira et al., 2010) e complementar as técnicas de seleção simultânea baseadas em índices de seleção. Segundo Godshalk e Timothy (1988), a análise de fatores apresenta grande potencial para eliminar os problemas associados aos índices de seleção, principalmente os erros referentes à estimação de parâmetros genéticos e à dificuldade de se estabelecer pesos econômicos para as características originais.

Diante do exposto, objetivou-se formar supercaracteres para a seleção simultânea de características associadas à produtividade e à qualidade de espigas de genótipos de milho verde superdoce.

3.2.2 REVISÃO DE LITERATURA

3.3.2.1 Análise de fatores

A análise de fatores (AF) é um nome genérico dado a uma determinada classe de métodos estatísticos multivariados, cujo principal objetivo é a redução e a sumarização da estrutura fundamental de uma matriz de dados (Hair et al., 1995; Malhotra, 2001).

Desenvolvida por Spearman (1904), a metodologia de AF vem sendo aplicada em estudos agrônômicos há relativamente pouco tempo, em virtude da complexidade dos cálculos envolvidos. No entanto, com a popularização e os avanços dos recursos computacionais, o método passou a ser utilizado mais

frequentemente junto à comunidade científica (Granate et al., 2001; Garbuglio et al., 2007),

De natureza exploratória, a técnica de AF tem por objetivos a estruturação e a sumarização de dados originais, de forma que um número relativamente grande de características possa ser representado por um número menor, expresso por combinações lineares desses dados originais. Nesta análise, considera-se que cada característica analisada possa ser explicada por um conjunto de fatores comuns e por um fator específico, com perda mínima de informação. Os escores fatoriais obtidos via AF são estimados de modo que sobre as características que incidem, passem a ter interpretações biológicas (Cruz e Carneiro, 2003). As características agrupadas em cada fator estão positivamente correlacionadas entre si e fracamente correlacionadas com outro fator (Cruz; Carneiro, 2006).

Para se determinar os escores fatoriais, um dos métodos mais utilizados é o de componentes principais. O motivo da adoção deste nome está relacionado ao uso dos autovalores e autovetores para definição dos escores fatoriais. Fazem parte da análise somente os fatores com autovalores maiores do que a unidade (Castoldi, 1997).

De acordo com Cruz e Regazzi (2012), a análise de fatores pode ser aplicada a diversas áreas da biologia. No melhoramento de plantas, tem sido usada como critério de identificação de genótipos superiores, atuando em substituição aos métodos tradicionais ou mesmo complementando as técnicas de seleção simultânea de características baseadas em índices de seleção na predição de ganhos.

No milho, a técnica de AF tem apresentado resultado satisfatórios. Granate et al. (2001), trabalhando com famílias de meios-irmãos utilizando os escores obtidos com a AF para a predição de ganhos por seleção simultânea de caracteres (índice de seleção), obtiveram resultados superiores e com melhor distribuição do que os da seleção por resposta correlacionada.

3.2.2.2 Índices de seleção

Para se obter genótipos de milho superdoce geneticamente superiores, é necessário que os mesmos reúnam, simultaneamente, alelos favoráveis para

todas as características que lhe concedam vantagens em relação aos materiais existentes, tanto no que se refere às exigências de produtividade quanto àqueles associados às indústrias de conservas e ao consumidor final (Pereira Filho et al., 2013). Nessa conjuntura, há a necessidade de se realizar a seleção simultânea no conjunto de características de importância no mercado de milho verde.

Uma alternativa é a prática de índices de seleção que funcionam como um caráter adicional, resultante da combinação linear de características de interesse (Resende et al., 2014), o que permite a melhoria simultânea das características, independentemente de estas serem ou não correlacionadas entre si (Smith, 1936; Hazel, 1943; Willians, 1962; Cruz e Regazzi, 2001; Cruz et al., 2012).

A teoria dos índices de seleção é baseada no fato de que cada indivíduo possui um valor genético global que lhe é peculiar (Hazel e Lush, 1942). Este valor genético representa o somatório dos valores de melhoramento, associado a um número de características de importância econômica, que são ponderados por valores econômicos relativos correspondentes a cada caráter (Vayego et al., 2014). No uso dos índices de seleção, os coeficientes de ponderação atuam maximizando a correlação entre o índice e o agregado ou valor genético de cada característica (Cunnigham; Moen; Gjedrem, 1970).

Embora a resposta para uma determinada característica possa ser superior àquela baseada em índice de seleção, esta ainda resulta em genótipos com melhores padrões produtivos e de qualidade, por alcançar níveis adequados para as características consideradas em conjunto no índice em menor tempo do que a de genótipos obtidos a partir da seleção sequencial para cada característica (Oliveira et al., 2017).

Na literatura, existem muitos índices de seleção descritos, os quais são compostos pelas médias fenotípicas. A diferença entre os índices é relacionada basicamente no peso que é conferido para cada uma das características consideradas, o que, conseqüentemente, fornece ganhos percentuais distintos.

Para estimar os pesos dados para as características, há índices que consideram covariâncias genéticas, fenotípicas e o peso econômico desses caracteres (Smith, 1936; Hazel, 1943; Willians, 1962). Outros, por sua vez, consideram o valor mínimo aceitável para cada caráter, como o índice multiplicativo (Elston, 1963). Alguns envolvem o ranqueamento e a soma dos

ranques dos genótipos para cada uma das características (Mulamba; Mock, 1978), aqueles cujos pesos são obtidos em função da herdabilidade da característica considerada (Smith et al., 1981), e há aqueles que utilizam a resposta desejada ou o diferencial de seleção, para ponderar as características utilizadas no índice (Pesek; Baker, 1969).

Diante da grande disponibilidade de índices de seleção, cabe ao melhorista escolher qual índice irá usar, baseando sua decisão em seus objetivos, na natureza de seus dados, associando-os com as características de cada índice.

No milho, muitos autores aplicaram a metodologia de índices de seleção com êxito, obtendo progressos genéticos significativos para características de interesse (Freitas et al., 2013; Resende et al., 2014; Santiago et al., 2014; Entringer et al., 2016). No milho superdoce, entre os índices de seleção testados, Mulamba e Mock (1978), Smith e Hazel (1943) e o índice de Willians (1962) têm demonstrado os melhores resultados, conforme relatos de Cardoso (2001), Ribeiro et al. (2012) e Entringer et al. (2016).

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Genótipos avaliados e caracterização geral do experimento

Foram utilizados genótipos resultantes de retrocruzamentos, tendo como genitores doadores do caráter superdoce duas populações de elevado potencial agrônômico, provenientes da Embrapa Milho e Sorgo, ambas portadoras do gene *shrunken-2* (*sh₂*), a saber: superdoce sintético SH2(SH) e superdoce sintético SH2-8HS (SH-8HS) e, como genitores recorrentes, as populações CIMMYT-8 e Piranão-8. Destaca-se que os genitores recorrentes procedem do oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos, da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

Os genótipos doadores foram cruzados com os recorrentes e, posteriormente, as progênies resultantes retrocruzadas por cinco ciclos, a fim de se recuperar 98% dos genes provenientes dos genitores recorrentes, resultando em quatro populações de milho com endosperma superdoce e elevado potencial

agronômico, a saber: CIMMYT-8, retrocruzado com SH(CSH); CIMMYT-8, retrocruzado com SH-8SHS (CSH-8HS); Piranão-8, retrocruzado com SH (PSH); e Piranão-8, retrocruzado com SH-8SHS (PSH-8HS). Essas populações foram utilizadas como genitores, para obter os seguintes híbridos interpopulacionais: PSH x CSH; PSH x CSH-8HS; PSH-8HS x CSH-8HS; e PSH-8HS x CSH. Posteriormente, as quatro populações obtidas (CSH, C8HS, PSH e P8HS) foram autofecundadas para a obtenção de progênies S₁. A colheita das sementes S₁ de cada população ocorreu de forma individualizada, e suas sementes foram submetidas ao avanço sucessivo de gerações até a sétima geração de endogamia. O esquema de obtenção dos genótipos utilizados no presente trabalho encontra-se discriminado na Figura 4.

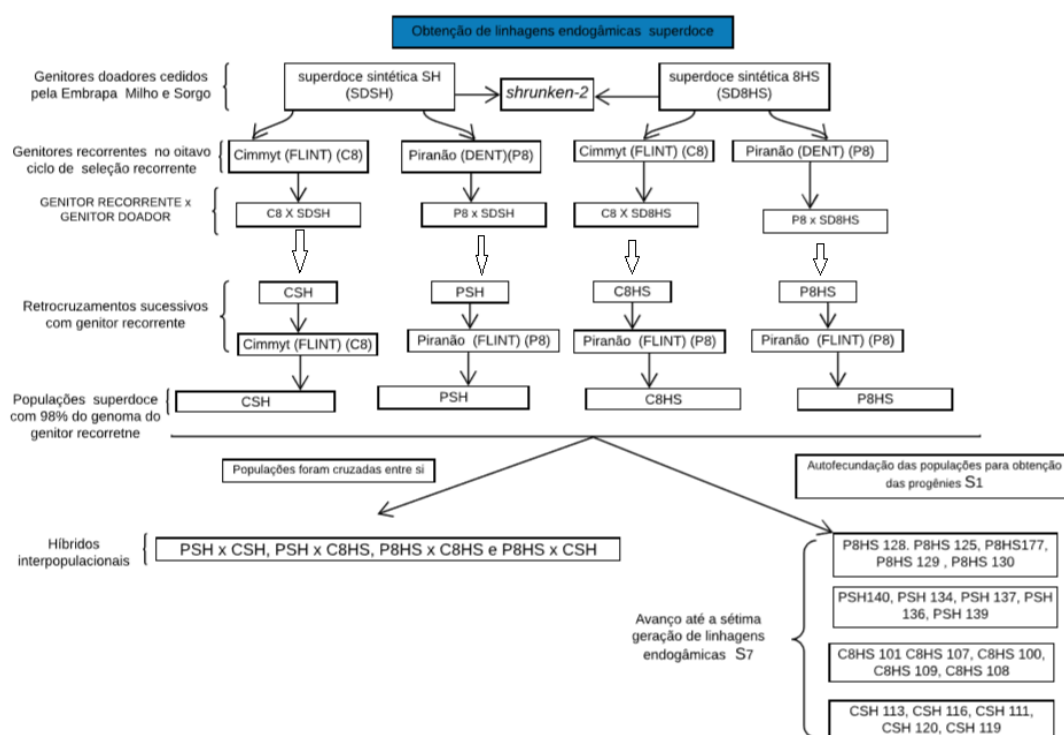


Figura 4. Esquema de obtenção de genótipos de milho superdoce.

De posse do conjunto de linhagens endogâmicas provenientes das quatro populações superdoce, realizou-se o cruzamento em esquema dialélico entre as mesmas visando à obtenção de híbridos simples.

Foram avaliados 100 genótipos de milho superdoce, entre híbridos simples, populações de polinização aberta e híbridos interpopulacionais (Apêndice A).

Para verificar o desempenho dos genótipos obtidos, foram realizados ensaios de avaliação em delineamento látice simples duplicado, com quatro repetições, no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes (Norte Fluminense), e na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara (Noroeste Fluminense), caracterizados pelas coordenadas geográficas: 21° 24' 48" S, 41° 44' 48" W e 14 m de altitude, e 21° 40' 09" S, 42° 04' 34" W e 60 m de altitude, respectivamente. A distância entre as localidades é de 117 km. Os testes de avaliação foram implantados em setembro de 2015. Cada parcela experimental foi composta por uma fileira de 3,0 m por 1,0 m, com densidade de plantio de 33,333 plantas ha⁻¹.

Em ambos os ensaios, a adubação foi realizada de acordo com a análise de solo. Foram aplicados 400 Kg ha⁻¹ do formulado 8-28-16 e duas adubações de cobertura, aos 30 dias, com 300 Kg ha⁻¹ do formulado 20-00-20 e, aos 45 dias, com 200 Kg ha⁻¹ de ureia. O manejo e a condução dos demais tratos culturais foram os habituais na cultura do milho (Embrapa, 2006).

3.2.3.2 Genótipos avaliados e caracterização geral do experimento

A colheita manual ocorreu entre os estádios R3 e R4, aproximadamente 23 dias após a floração. Avaliaram-se as seguintes características:

- Número de espigas (NE) – número total de espigas colhidas na parcela por ocasião da colheita;
- Porcentagem de rendimento de espigas (RE) – relação entre a produtividade de espigas sem palha, pela produtividade de espigas com palha, multiplicada por 100;
- Produtividade de espigas com palha (PRocp) – peso total da parcela em quilogramas por metro quadrado, posteriormente convertido em ton.ha⁻¹;
- Produtividade de espigas sem palha (PRosp) – peso total da parcela sem palha em quilograma por metro quadrado, posteriormente convertido em ton.ha⁻¹.

- Diâmetro médio de espigas (DE) – média do diâmetro de cinco espigas sem palha, em mm;
- Diâmetro médio de sabugos (DS) – média do diâmetro de cinco sabugos, em mm;
- Comprimento médio de espigas com palha (CCP) – média do comprimento de cinco espigas com palha, em cm;
- Comprimento médio de espiga sem palha (CSP) – média do comprimento de cinco espigas sem palha, em cm;
- Número de fileira de grãos (NFG) – número médio de fileiras de grãos em cinco espigas, em unidades.

Ressalta-se que as características DE, DS, CSP, CCP e NFG foram mensuradas com o auxílio de *scanner* digital modelo BenQ 5000. Para tanto, foram retiradas de cada parcela cinco espigas comerciais, que tiveram suas imagens processadas e analisadas pelo software ImageJ (versão 1,50c).

3.2.3.3 Análises estatístico-genéticas

As análises de variância foram realizadas para cada ambiente e, depois de verificada a homogeneidade das variâncias residuais, realizou-se a análise conjunta. Foram estimados parâmetros genéticos, que constataram a existência de variabilidade genética, o que permite o melhoramento e o sucesso com a seleção.

3.2.3.4 Análise de Fatores

Para a execução da AF, utilizou-se a matriz de dados originais de médias, dos 100 genótipos e das nove características. A análise envolveu as seguintes etapas: 1º) verificação da adequabilidade do padrão de correlação entre as características; 2º) estabelecimento do número de fatores comuns a ser usado; 3º) cálculo das cargas iniciais desses fatores; 4º) rotação das cargas iniciais, obtendo-se as cargas finais, que permitiram a definição dos supercaracteres; e 5º) estimação dos escores fatoriais associados a cada supercaractere, que foram submetidos a uma nova análise de variância.

A avaliação da adequação da matriz de dados e a validação para aplicação da AF foram realizadas a partir dos testes de Kaiser-Meyer-Ollin (KMO) e de Bartlett (Hair Jr. et al., 2009; Malhotra, 2001).

Para a definição do número de fatores extraídos, dois critérios complementares foram considerados: o método de Guttman-Kaiser, que tem como base o número de fatores igual ao número de autovalores maior ou igual à unidade, sendo o mais utilizado nas análises de fatores para as ciências agrárias (Guttman, 1954; Kaiser, 1960); e o método gráfico de escarpa (*scree test*) (Cattell, 1966).

Para a extração dos fatores, optou-se pelo método de componentes principais (Hair Jr. et al., 2009). Após a extração das cargas fatoriais iniciais, os fatores foram submetidos ao método de rotação ortogonal *Varimax* para a obtenção das cargas fatoriais finais (Cruz e Carneiro, 2003), com as quais foram definidos os supercaracteres.

A partir dos fatoriais finais, calcularam-se os escores fatoriais segundo o modelo de Castoldi (1997): $F^* = [(G'G)^{-1}G'X]$, no qual F^* é o vetor de dimensão $m \times 1$ de escores fatoriais, G é a matriz de dimensões $v \times m$ das cargas fatoriais rotacionadas finais, em que cada uma das m colunas corresponde a um fator, e X é o vetor de dimensão $v \times 1$ das características ou caracteres do k -ésimo genótipo (Cruz, 1997).

Os valores dos escores fatoriais, que correspondem a valores observados para os supercaracteres, foram submetidos à análise de variância. Previamente, foi verificada a normalidade dos supercaracteres por meio do teste de Shapiro-Wilks (1965), adotando-se um valor de α de 0,05. Foi observado que o terceiro fator não seguiu as pressuposições de normalidade e de independência dos erros, sendo submetido a uma transformação $\sqrt{x + 0,5}$.

Com os resultados da análise de variância, estimaram-se os parâmetros genéticos e os ganhos preditos baseados no diferencial de seleção (Cruz, 1997) e por índices de seleção. Os índices de seleção utilizados foram: Índice de Seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), Índice baseado na soma de "ranks" de Mulamba e Mock (1978) e Índice de Seleção de Williams (1962).

Os pesos econômicos adotados foram: coeficiente de variação genético (CVg); herdabilidade (h^2); e valores atribuídos por tentativas (PT) de magnitudes 300, 300 e 100 para Fator combinado (FTcomb), Fator produção (FTpro) e Fator

qualidade (FTqua), respectivamente, os quais se referem aos valores ótimos para a obtenção de ganhos para totalidade das características. Foram obtidos de forma aleatória, após atribuição de diversas grandezas.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio dos programas estatísticos R versão 3.4.0 (R Core Team, 2016) com os pacotes “psych” (Revelle, 2016), “GPArotation” (Bernaards e Jennrich, 2005), “nFactors” (Raiche, 2010) e “corrgram” (Friendly, 2002); Genes (Cruz, 2013); e do programa SAS *Statistical Analysis System* (Littel et al. 2006).

3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1 Adequação da matriz de dados e validação da Análise de Fatores

O teste KMO resultou em um valor acima de 0,5, indicando que o modelo fatorial possui um nível aceitável de adequação e que as características estão devidamente correlacionadas. O teste de esfericidade de Bartlett teve resultado menor do que o do nível de significância de $\alpha = 5\%$, o que permite concluir que os fatores poderão explicar grande proporção da variabilidade dos dados (Tabela 11).

Tabela 11. Testes de KMO e Bartlett para a amostra.

Medida da adequação da amostra (Kaiser –Meyer- Olkin)		0,881
Teste de Esfericidade de Bartlett	Aprox. Qui-quadrado	3327,79
	Df	21
	Significância	0,000

Fonte: dados da pesquisa, 2015.

Planejava-se obter dois fatores que relacionassem separadamente características associadas à produtividade e à qualidade de espigas. No entanto,

o critério de dois fatores explicou menos de 60 % da variação total dos dados, e o agrupamento das características não ocorreu conforme o planejado. O número de três fatores foi definido conforme a metodologia proposta por Guttman-Kaiser (Guttman-1954; Kaiser-1958), que tem como base o número de fatores igual ao número de autovalores maior ou igual à unidade. O *scree plot* corrobora a retenção dos três fatores, como demonstrado na Figura 5.

Toma-se como número de fatores comuns o número de autovalores à esquerda do “ponto de cotovelo”, ou seja, o ponto onde ocorre uma forte mudança da inclinação da linha que une as representações dos autovalores (Aranha, 2008). O modelo com três fatores mostrou-se adequado para o agrupamento das características, explicando 73,26 % da variância dos dados originais, valor considerado suficiente para a interpretação dos dados com acurácia (DoVale et al., 2011).

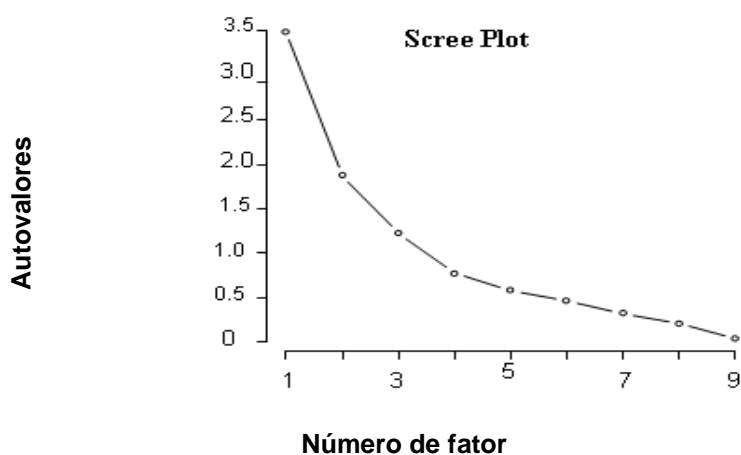


Figura 5. Scree plot para o modelo.

3.2.4.2 Análise de fatores

Os resultados obtidos para as cargas fatoriais iniciais e finais após a rotação pelo método *Varimax*, e suas comunalidades, são apresentados na Tabela 12. Com tais resultados, buscou-se identificar pelas magnitudes e pelos sinais das cargas fatoriais quais características mais influenciam cada fator (Cruz e Carneiro, 2003). As cargas finais que apresentaram valores absolutos acima de 0,5 foram entendidas como satisfatórias no estabelecimento das associações

biológicas e funcionais entre as características originais e os fatores (Acquaah et al., 1992; Ferreira et al., 2010).

Tabela 12. Cargas fatoriais iniciais, comunalidades e cargas fatoriais finais, obtidas pela AF. Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/RJ, 2015.

¹ Variáveis	Cargas fatoriais iniciais			Comunalidades	Cargas fatoriais finais		
	Fator 1	Fator 2	Fator 3		² FTcomb	FTpro	FTqua
NE	-0,110	0,803	0,177	0,927	-0,137	0,915	
RE	0,262		0,723	0,649	0,562	0,129	-0,492
Procp	0,185	0,973		0,935	0,176	0,933	0,146
Prosp	0,274	0,902	0,225	0,958	0,342	0,900	
DE	³ 0,842	0,140	0,200	0,878	0,853	0,102	
DS	0,711	0,121	0,233	0,818	0,841		
CCP			-0,605	0,545	-0,247		0,829
CSP	0,204	0,311		0,783	0,294	0,304	0,602
NFG	0,371	0,142	0,486	0,764	0,650	0,189	-0,301

¹NE – número de espigas por parcela; RE – % rendimento de espigas; PROcp – produtividade de espigas empalhadas em ton.ha⁻¹; PROsp – produtividade de espigas despalhadas em ton.ha⁻¹; DE – diâmetro de espigas em mm; DS – diâmetro de sabugo em mm; CCP – comprimento de espigas empalhadas em cm; CSP – comprimento de espigas despalhadas em cm; NFG – número de fileiras de grãos, ² FTcomb, FTpro e FTqua correspondem ao primeiro, ao segundo e ao terceiro fatores, respectivamente. ³ valores em negrito se referem às cargas fatoriais das características que compõem os respectivos fatores e suas comunalidades.

Em sequência, procurou-se denominar os fatores gerados de acordo com sua composição. Observou-se que o primeiro fator apresentou pesos de magnitude superior para as características RE, DE, DS e NFG e foi denominado de fator combinado (FTcomb), por apresentar características associadas à produtividade e à qualidade de espigas. O segundo possui pesos mais altos nas características NE, PROcp e PROsp e foi denominado fator produção (FTpro); já o terceiro fator, por sua vez, apresentou pesos superiores para as características CCP e CSP e foi interpretado como fator qualidade (FTqua).

As comunalidades representam a proporção da variância total explicada pelo fator, avaliando assim o quanto a variância em uma dada característica é explicada pela solução fatorial (Ebrahimnejadi et al., 2016). Como apresentado na Tabela 12, os valores das comunalidades ficaram acima de 0,54 para a maioria das características, o que, segundo Cruz e Carneiro (2003), podem ser classificadas como razoáveis, por representarem uma correlação próxima a 0,80 entre a variável padronizada e a parte comum, que explica a característica.

Os sinais observados nas cargas fatoriais devem refletir o interesse sobre determinada característica levando em conta o objetivo do programa de melhoramento (Ferreira et al., 2010). Nesse sentido, as cargas fatoriais da maioria das características apresentaram sinal positivo e concordante com o propósito do melhoramento. No entanto, o sinal positivo para DS indica resultado contrário ao desejado dentro dos programas de melhoramento de milho verde, cujo foco é promover a sua redução (Pereira Filho et al., 2003).

A partir dos fatores finais, calcularam-se os escores fatoriais segundo o modelo (Castoldi, 1997), que correspondem aos novos supercaracteres, identificados com as siglas dos respectivos fatores. As análises de variância dos supercaracteres e das características originais indicam a existência de variabilidade genética ($p < 0,01$), o que permite inferir sobre a possibilidade de sucesso com a seleção (Cruz et al., 2004), embora as herdabilidades tenham sido medianas (Tabela 13).

As estimativas dos coeficientes de variação experimental e genético dos supercaracteres são indicativos de boa qualidade experimental (Tabela 13) e demonstram que a interferência do ambiente moderada, o que indica relativa facilidade na seleção de cultivares superiores, conforme relatado por Mendes et al. (2012) e Silva et al. (2014) ao avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos de milho no Brasil.

Confirmada a presença da variabilidade genética, fez-se uso das estimativas da relação CVg / CVe , que foi empregada como um indicativo do grau de facilidade de seleção, uma vez que revela a magnitude real do incremento de uma característica no grupo de indivíduos avaliados (Ferreira et al., 2010). A avaliação dos supercaracteres mostra situação pouco favorável à seleção, já que a situação se torna favorável quando a relação CVg / CVe atinge valores próximos ou superiores a 1 (Tabela 13). Apesar disso, o fato das estimativas de CVg / CVe terem sido calculadas com base na média de ambientes, normalmente leva a estimativas inferiores quando comparados a avaliação com base em apenas um ambiente, no qual é mais comum encontrar valores bem próximos ou superiores a 1 (Faluba et al., 2010).

Tabela 13. Resumo da análise de variância conjunta, estimativas de parâmetros genéticos dos supercaracteres (FTpro), (FTcomb) e (FTqua) e das nove características originais avaliadas. Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/RJ, 2015.

Fontes de variação	Quadrados médios				
	^{1/} supercaracteres	^{2/} características originais			
	FTcomb	RE	DE	DS	NFG
Genótipo	4,63**	138,88**	43,90**	23,57**	13,67**
Resíduo	1,77	26,01	6,14	2,83	0,67
Média geral	3,46	72,61	46,07	22,48	13,42
CVe (%)	38,45	7,0	5,38	7,48	6,09
h ² (%)	62	81,00	86,00	88,00	95,00
CVg (%)	17,27	16,23	14,38	20,54	9,50
CVg/CVe (%)	0,45	2,30	2,67	2,88	0,82
	FTpro	NE	PRocp	PRosp	-
Genótipo	3,99**	49,40**	40,25**	23,07**	-
Resíduo	1,70	10,65	7,21	3,29	-
Média geral	7,17	17,37	14,83	10,25	-
CVe (%)	18,18	24,40	18,10	17,69	-
h ² (%)	57,5	78,00	82,00	86,00	-
CVg (%)	7,45	12,67	13,71	15,34	-
CVg/CVe (%)	0,40	0,51	0,76	1,46	-
	FTqua	CCP	CSP	-	-
Genótipo	0,45**	14,69**	7,58**	-	-
Resíduo	0,21	3,13	1,03	-	-
Média geral	1,38	27,74	19,87	-	-
CVe (%)	33,20	6,37	5,06	-	-
h ² (%)	55,00	79,00	86,00	-	-
CVg (%)	12,55	4,33	4,55	-	-
CVg/CVe (%)	0,38	0,68	0,89	-	-

** significativo a 1% probabilidade pelo teste F. ^{1/} FTcomb, FTpro e FTqua correspondem ao primeiro, ao segundo e ao terceiro fatores, respectivamente; ^{2/}NE – número de espigas por parcela; RE – % rendimento de espigas; PROcp – produtividade de espigas empalhadas em ton/ha⁻¹; PROsp – produtividade de espigas despalhadas em ton/ha⁻¹; DE – diâmetro de espigas em mm; DS – diâmetro de sabugo em mm; CCP – comprimento de espigas empalhadas em cm; CSP – comprimento de espigas despalhadas em cm; NFG – número de fileiras de grãos; coeficiente de variação ambiental (CVe), herdabilidades na média de genótipos (h²), coeficiente de variação genético (CVg) e índice de variação (CVg/CVe).

A criação dos supercaracteres permitiu reunir as características sobre as quais se pretende exercer a seleção, facilitando a interpretação dos resultados, uma vez que não é necessário se preocupar em interpretar simultaneamente nove características; o melhorista poderá se concentrar somente em três. Para tanto, é necessário que, em cada supercaractere formado, as correlações entre as características originais que o compõem sejam de média a alta magnitude (DoVale et al., 2011).

Pesquisas utilizando a AF na cultura do milho apontam sua utilidade para a predição de ganhos genéticos por seleção e de forma complementar às técnicas de seleção simultânea baseada em índices de seleção (Castoldi, 1997). Também afirmam sua importância em estudos genéticos, porque permite o conhecimento das relações biológicas e funcionais entre as características mensuradas, o que possibilita uma escolha adequada das características sobre as quais se deverá exercer a seleção, uma vez que, reunidas em cada fator, são as que melhor explicam cada um dos referidos fenômenos biológicos (Acquaah et al., 1992; Granate et al., 2011).

Nos programas de melhoramento de milho, ganhos em algumas características que proporcionam aumento das médias são desejáveis. Mas em outras características, o ideal é que ocorra a redução das médias, a exemplo do diâmetro de sabugo, que é indesejável, pois reduz o rendimento do material e deprecia seu valor comercial. Nesse sentido, a seleção deve ser coerente com os objetivos do programa e o processo de seleção empregado de forma que resulte em melhores ganhos simultâneos (Ferreira et al., 2005).

A seleção direta e indireta nos supercaracteres permitiu ganhos adequados nas características que eram explicadas por eles e ganhos que foram próximos dos ganhos preditos por seleção direta nas características, por exemplo, para NE, que teve um ganho por seleção direta de 15% (acréscimo), e na seleção do supercaractere, de 13,90% (acréscimo) (Tabela 14).

A seleção por resposta correlacionada sobre os supercaracteres FTcomb e FTpro proporcionou ganhos simultâneos para quase todas as características consideradas nesse estudo. O mesmo não pode ser dito sobre FTqua, em que os ganhos positivos só ocorreram entre as características originais que o compõem (Tabela 14), evidenciando sua forte correlação negativa com as demais características, dificultando, assim, os propósitos do melhoramento. Por essa razão, os supercaracteres FTcomb e FTpro podem ser empregados nos programas de melhoramento de milho para a seleção de plantas produtivas, com espigas de alta qualidade, atendendo ao mercado de milho verde para o consumo *in natura* e para a indústria de conservas.

Tabela 14. Ganhos preditos em percentuais, baseados na seleção direta e indireta dos supercaracteres, apresentação dos ganhos por seleção direta em todas as características estimativas dos ganhos percentuais baseados nos índices de seleção.

Seleção		Porcentagem predita de ganho de seleção direta e indireta								
		¹ NE	PRocp	PRosp	DE	DS	RE	NFG	CCP	CSP
Fator combinado - (FTcomb)	Supercaractere	0,52	3,40	5,40	2,48	3,21	1,76	4,75	-2,15	1,06
	Direta	0,45	2,24	5,00	1,92	2,13	2,44	8,30	-1,27	1,42
Fator produção - (FTpro)	Supercaractere	12,71	12,71	13,92	2,14	2,12	1,61	3,30	-0,77	1,60
	Direta	13,90	13,93	14,73	0,65	0,91	0,16	1,97	-0,28	0,63
Fator qualidade - (FTqua)	Supercaractere	-2,89	-1,40	-5,67	-1,70	-4,21	-3,98	-5,66	3,61	0,27
	Direta	-3,39	-0,21	-3,57	-0,71	-1,51	-2,90	-5,08	2,27	0,16
		Ganhos por seleção direta nas características sem aplicação de fatores								
		15,03	15,66	17,70	3,69	-6,22	4,90	12,78	4,94	2,73
		Seleção para aumento Fator combinado, Fator produção e Fator qualidade								
² Smith e Hazel - herdabilidade (h ²)		12,09	14,04	15,39	1,22	1,28	0,79	2,83	0,18	0,89
Smith e Hazel - pesos atribuídos ³ (pt)		11,91	12,74	14,80	1,34	1,38	1,36	4,95	-0,52	1,01
Smith e Hazel- coeficiente de variação genético (CVg)		12,09	14,04	15,39	1,22	1,28	0,79	2,83	0,18	0,89
Mulamba e Mock – herdabilidade (h ²)		5,43	8,64	7,93	1,24	1,21	-1,26	0,71	0,94	0,64
Mulamba e Mock - pesos atribuídos (pt)		3,59	7,34	7,89	1,82	2,19	0,09	2,81	0,16	1,18
Mulamba e Mock- coefic. de variação genético (CVg)		4,38	7,98	6,52	0,76	-0,33	-1,79	-2,35	1,56	0,33
Base de Willians – herdabilidade		10,12	12,44	14,19	1,53	1,50	0,98	4,41	-0,29	0,87
Base de Willians - pesos atribuídos		7,54	10,99	11,97	1,35	1,33	0,48	3,23	-0,08	1,29
Base de Willians – coefic. de variação genético (CVg)		10,10	12,83	14,11	1,63	1,58	0,53	3,70	0,10	0,88
		Seleção para diminuição Fator qualidade e aumento Fator combinado e Fator produção								
Smith e Hazel – herdabilidade (h ²)		12,36	13,22	15,61	0,90	1,01	1,24	3,36	-0,77	0,79
Smith e Hazel - pesos atribuídos (pt)		11,91	12,67	15,04	0,96	1,15	1,24	4,50	-0,82	0,80
Smith e Hazel - coeficiente de variação genético (CVg)		9,69	10,63	13,22	1,07	1,30	1,31	4,69	-1,20	0,90
Mulamba e Mock – herdabilidade (h ²)		8,28	7,47	11,25	0,95	1,00	2,31	2,21	0,36	0,55
Mulamba e Mock - pesos atribuídos (pt)		7,16	10,53	11,91	1,42	1,46	0,55	3,65	-0,38	1,46
Mulamba e Mock- coefic. de variação genético (CVg)		8,50	7,75	8,66	1,20	1,31	1,73	0,59	-0,28	0,65
Base de Willians – herdabilidade		10,12	12,44	14,19	1,53	1,50	0,98	4,41	-0,29	0,87
Base de Willians - pesos atribuídos (pt)		8,77	10,39	13,20	1,50	1,59	1,90	5,48	-0,75	1,26
Base de Willians – coefic. de variação genético (CVg)		3,54	5,60	8,08	1,73	1,98	2,19	7,13	-1,51	1,36

¹NE – número de espigas por parcela; RE – % rendimento de espigas; PRocp – produtividade de espigas empalhadas em ton.ha⁻¹; PRosp – produtividade de espigas despalhadas em ton.ha⁻¹; DE – diâmetro de espigas em mm; DS – diâmetro de sabugo em mm; CCP – comprimento de espigas empalhadas em cm; CSP – comprimento de espigas despalhadas em cm; NFG – número de fileiras de grãos. ² Índices de seleção utilizados. ³Pesos por tentativas (pt) 300, 300 e 100, para FTcomb, FTpro e FTqua, respectivamente.

Embora os ganhos da seleção dos supercaracteres tenham sido adequados para a maioria das características, algumas considerações devem ser feitas quanto ao DS e CCP (Tabela 14). Para essas características, os resultados não foram satisfatórios, já que busca-se um ideótipo cujo desempenho abranja, além de outras características, baixo diâmetro de sabugo e aumento do comprimento de espigas. Esses resultados se justificam quando se observa o correlograma entre as características envolvidas na análise de fatores (Figura 6).

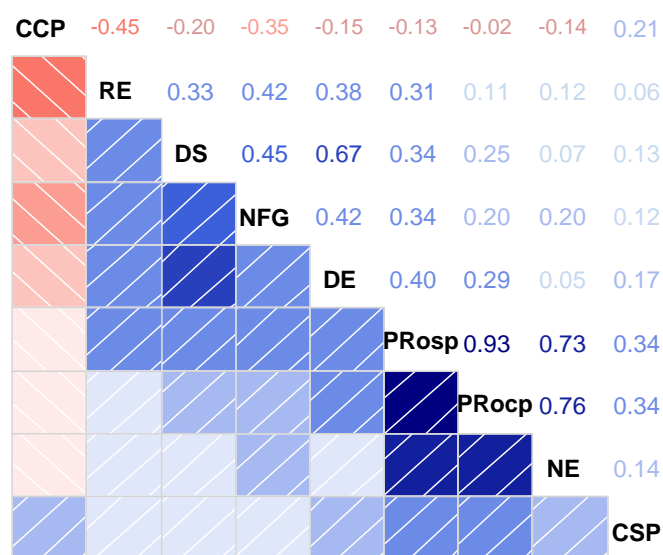


Figura 6. Gráfico das correlações de Pearson das nove características referentes aos municípios de Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/RJ, safra 2015.

Ainda na Figura 6, o correlograma procura descrever as correlações bivariadas de forma mais interpretativa, em que as correlações positivas estão em azul, com tons mais fortes para as correlações mais altas. De acordo com a coloração e as respectivas correlações, nota-se maior associação entre as características NE e PRocp, NE e PRosp, PRocp e PRosp, e entre o DS e DE, DS e NFG (correlações fortes e positivas). Já as correlações negativas estão em cor de rosa, com tons mais fortes para as correlações mais altas. Para estas, os valores das correlações são baixos, sendo as características menos correlacionadas CCP e RE (correlação muito forte e negativa).

A estrutura da correlação dos dados, além de confirmar a adequação das características originais em seus respectivos supercaracteres, também justifica os

ganhos positivos para o DS dentro dos supercaracteres FTcomb e FTpro e os negativos dentro do FTqua. A mesma interpretação pode ser aplicada à característica CCP, uma vez que a correlação negativa com a maioria das características avaliadas resulta em ganhos negativos da característica nos FTcomb e FTpro e positivos somente no FTqua.

Obviamente, o interesse em selecionar genótipos com os maiores valores fenotípicos (escores fatoriais) para os supercaracteres FTcomb e FTpro é válido no sentido de obter ganhos de seleção favoráveis para as demais características que o compõem e são inevitavelmente positivamente correlacionadas com o DS e negativamente correlacionadas com o CCP. Nesse sentido, recomenda-se selecionar genótipos com base nos supercaracteres FTcomb e FTpro, mesmo que ocorra elevação e redução indesejáveis das características DS e CCP, respectivamente.

Em virtude de os resultados não terem sido adequados para a seleção simultânea, utilizaram-se os índices de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978) e Willians (1962) nos escores fatoriais dos supercaracteres para se alcançar ganhos adequados para todas as características avaliadas, incluindo a redução do DS e o aumento do CCP. O número de 25 genótipos foi determinado como o número mínimo de genótipos a serem selecionados em todas as predições de ganhos.

Os ganhos preditos por índices de seleção foram inicialmente estimados, sendo a seleção praticada para o aumento de todos os supercaracteres, e posteriormente para a diminuição do FTqua e o aumento do FTcomb e do FTpro (Tabela 14). Verificou-se que, para o índice de Smith e Hazel, a diminuição do FTqua beneficiou as características NE e Prosp utilizando pesos arbitrários por tentativas e herdabilidade. Os resultados também evidenciaram que o índice de Mulamba e Mock apresentou os piores resultados, principalmente quando foi analisada a redução do FTqua e nas mesmas condições o índice base de Willians quando peso econômico o CVg foi empregado.

Com base no correlograma apresentado (Figura 6), a diminuição dos escores FTqua permitiu a obtenção de ganhos mais acentuados para RE e NFG, devido às suas correlações negativas com as características que compõem o FTqua. Ainda na Figura 3, a diminuição do FTqua ocasionou como esperado estimativas negativas para CCP e redução moderada para CSP para quase todos

os pesos econômicos atribuídos. Essa forte redução do CCP em relação ao CSP pode ser justificada ao observar os valores de adequação das características no FTqua, enquanto o ajuste da característica CCP foi de 0,829 no FTqua para a característica CSP foi de 0,602 (Tabela 12).

Entre os índices de seleção utilizados, os resultados indicaram que Smith e Hazel proporcionou os maiores ganhos para as características que compõem o supercaractere FTpro. O índice de Mulamba e Mock não foi tão eficiente quanto o índice base de Willians, tendo alcançado um ganho predito mais baixo para as características de todos os supercaracteres; no entanto, a predição de redução do DS só ocorreu mediante a utilização do índice de Mulamba e Mock, utilizando o CVg como peso econômico (Tabela 14).

A utilização dos escores fatoriais obtidos com AF para FTcomb e FTpro e FTqua para a predição de ganhos por seleção simultânea das características forneceu predições superiores e relacionadas. Dessa forma, os índices de seleção podem ser considerados mais eficientes do que a resposta correlacionada para a obtenção de ganhos simultâneos em diversas características. Esses resultados concordam com os obtidos por Granate et al, (2001), que conseguiram predizer ganhos simultâneos nas características produtividade e capacidade de expansão, em famílias de milho pipoca, usando índices de seleção, o que não foi eficiente usando resposta correlacionada.

Considera-se que a análise de fatores é uma técnica alternativa viável para a obtenção de escores que são utilizados na seleção como se fossem os valores de uma nova característica relacionada aos fatores obtidos.

3.2.5 CONCLUSÃO

1. Houve ganhos genéticos preditos, em sentido desejado, nas características formadoras dos supercaracteres FTcomb e FTpro. Por conseguinte, podem ser utilizados na seleção simultânea de características relacionadas à produtividade e à qualidade de espigas de milho verde superdoce.
2. Os índices de seleção foram mais eficientes do que a resposta correlacionada na obtenção de ganhos simultâneos para a maioria das características.

3. O índice de Smith e Hazel proporcionou maiores ganhos para o FTpro.
4. A análise de fatores foi considerada uma ferramenta útil para a predição de ganhos por seleção, em substituição do método tradicional, ou para a complementação das técnicas de seleção simultânea de características baseadas em índices de seleção.

3.3 CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO VERDE SUPERDOCE VIA MODELAGEM MISTA(REML/BLUP) E ABORDAGEM MULTIVARIADA

3.3.1 INTRODUÇÃO

Ao longo dos anos, a pesquisa aplicada ao melhoramento de plantas vem passando por profundas mudanças e desafios. As novas necessidades do mercado, o aparecimento de barreiras como novas doenças e pragas e a capacidade de adaptação a novas condições ambientais são bons exemplos.

Até bem pouco tempo atrás, os melhoristas tinham limitações quanto às técnicas e aos processos de seleção. Eles basicamente dependiam do acesso à diversidade genética e de seu olho treinado para achar, dentre inúmeras plantas, aquelas que reunissem as características desejadas e, dessa forma, avaliá-las em diferentes ambientes para observar a manifestação de determinada característica de interesse e, com base nisso, selecioná-las ou não.

Entretanto, devido à natureza dinâmica do melhoramento de plantas, novas ferramentas surgiram com o intuito de melhorar a eficiência do processo de seleção e facilitar os métodos de avaliação (Cruz et al., 2014).

Em programas de melhoramento de milho superdoce, sabe-se que regiões produtoras almejam híbridos de alta capacidade produtiva. Por outro lado, as indústrias requerem híbridos que, além de produtivos, sejam uniformes quanto à maturação, ao tamanho e ao formato de espigas (Teixeira, 2001). Dessa forma,

os programas de melhoramento genético têm atuado no sentido de satisfazer as exigências de agricultores, indústrias e consumidores (Barbieri et al., 2005).

Nesta perspectiva, o principal objetivo é a identificação de híbridos que associem características relacionadas à alta produtividade e à qualidade de espigas (Pereira Filho et al., 2003; Couto et al., 2017). Assim, a seleção deve ser baseada em um conjunto de características que possibilitem ganhos genéticos satisfatórios e que atendam às exigências do mercado consumidor de milho verde superdoce (Pereira Filho et al., 2015; Couto et al., 2017).

A identificação de genótipos superiores é um processo contínuo e necessário, e requer o emprego de metodologias de seleção mais acuradas (Andrade et al., 2016). Logo, recursos adicionais, além daqueles pertinentes à escolha de delineamentos genéticos, métodos de seleção e boa experimentação agrícola fazem parte de uma tendência recente, que é o emprego de procedimentos estatísticos mais refinados para o estudo mais detalhado dos componentes da média e da variância de cada característica, maximizando o ganho genético em relação às características de interesse (Maia et al., 2009)

Atualmente, os avanços dos softwares computacionais e a aplicação de metodologia multivariada e de modelagem mista (REML/BLUP) têm ganhado grande importância e espaço nos estudos genéticos, sendo aplicados em diversas pesquisas (Dallastra et al., 2014; Vianna et al., 2013; Santi et al., 2012), envolvendo adaptabilidade e estabilidade (Machado et al., 2010; Oliveira et al., 2017), e na estimação de valores genotípicos e no estudo de parâmetros genéticos (Fritsche Neto et al., 2012; Mendes et al., 2012).

Para a cultura do milho, Fritsche Neto (2012) cita que a metodologia REML/BLUP pode ser considerada uma ferramenta muito útil ao melhorista atuando de forma eficiente na seleção de linhagens, híbridos e variedades promissoras com alta acurácia (Arnhold et al., 2012; Silva et al., 2014).

Dentre os métodos multivariados existentes, a análise de componentes principais tem sido adotada no sentido de facilitar o processo de seleção, proporcionando a redução do número de características que necessitam ser consideradas a um menor número (componentes principais), os quais são combinações lineares das características originais e permitem julgar a importância das características originais escolhidas, ou seja, aquelas que apresentam maior peso e são mais importantes do ponto de vista estatístico (Leite et al., 2016).

Considerando-se os aspectos positivos dos modelos mistos e das análises multivariadas, o presente estudo teve por objetivo caracterizar e selecionar genótipos de milho superdoce, procedendo, conjuntamente, aos métodos REML/BLUP e de componentes principais, para características associadas à produção e à qualidade de espigas de milho superdoce.

3.3.2 REVISÃO DE LITERATURA

3.3.2.1 Procedimento REML/BLUP na seleção de plantas anuais

Inferências sobre a performance de genótipos em ensaios de campo, a fim de ordenar candidatos a seleção, não é uma tarefa simples, pois tais inferências devem recair sobre os verdadeiros valores genotípicos, ou seja, estes devem ser fundamentados em função das médias genéticas e não fenotípicas, pois assim refletirão verdadeiramente as futuras médias quando as cultivares forem plantadas (Borges et al., 2010).

A estruturação dos procedimentos de seleção constituem o cerne dos programas de melhoramento de plantas, sendo os principais responsáveis pelo sucesso ou fracasso do programa (Resende et al., 2001). Tais procedimentos, baseiam-se na estimação dos componentes de variância e na predição dos valores genéticos dos candidatos a seleção.

Conforme Resende e Duarte (2007), a análise de variância (ANOVA), desde sua criação, junto à análise de regressão foram, por muito tempo, o pilar da análise e modelagem estatística. No entanto, o desenvolvimento dos métodos BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), por Henderson, na década de 1940 (Bernardo, 2002), e REML (*Restricted Maximum Likelihood*), por Patterson e Thompson, em 1971 (Rodrigues et al., 2013), fez com que estes se constituíssem, hoje, como modelos de precisão experimental superior, substituindo, com vantagem, o método ANOVA na estimação dos componentes de variância, especialmente nos casos de experimentos desbalanceados.

Nessa metodologia, estruturas de covariâncias biologicamente conhecidas (a exemplo, genótipos relacionados por origem e/ou parentesco) passam a ser levadas em consideração não somente nos testes estatísticos, mas também na estimação e predição de efeitos de implicação direta na classificação e na seleção de genótipos (Duarte et al., 2002), garantindo uma acurada predição do desempenho genotípico. Essa metodologia tem-se tornado mais acessível aos usuários graças à incorporação de algoritmos eficientes em programas estatísticos computacionais de ampla divulgação (Wolf et al., 2008).

Essa técnica já é extensivamente aplicada no melhoramento animal e em espécies florestais e perenes (Silva et al., 2014; Rodrigues et al., 2013; Vayego et al., 2008). Contudo, pesquisas com dados desbalanceados em espécies anuais ainda estão sendo exploradas (Fritsch-Neto et al., 2010; Pimentel et al., 2014; Pereira et al., 2016). No milho, a metodologia já tem apresentado resultados significativos e eficientes na seleção de cultivares promissoras (Fritsche-Neto et al., 2012; Mendes et al., 2012). Além disso, trabalhos desenvolvidos por Arnhold et al. (2012) e Silva et al. (2014) mostram a importância de se estudar a interação GxE nas regiões de cultivo de milho no Brasil, em razão da grande diversidade edafoclimática de suas condições bem como da diversidade de cultivares de milho disponíveis no mercado.

3.3.2.2 Análise multivariada de componentes principais

A análise multivariada, de uma forma bem generalizada, refere-se aos métodos estatísticos que analisam simultaneamente múltiplas medidas em cada indivíduo ou objeto sob investigação (Hongyu et al., 2015). Neste sentido, entre as técnicas multivariadas, a análise de componentes principais (ACP) é a técnica estatística mais abordada na análise de dados em diversas áreas do conhecimento, atuando na modelagem da estrutura da variância e covariância.

A análise de componentes principais foi descrita por Pearson em 1901, no entanto, a aplicação em métodos computacionais práticos veio muito mais tarde, com Hotelling (1933, 1936), que a usou com o propósito determinado de construir um novo conjunto de características, menos numeroso que o original e que resumisse, de forma adequada, a informação contida nas características originais (Hongyu et al., 2016).

A ACP possui como objetivo a transformação linear de conjunto de dados, inicialmente correlacionados entre si, em um menor número de caracteres de mesma dimensão denominados de componentes principais, mantendo o máximo de informação existente nas características originais (Barbosa et al., 2013). Assim esta análise também pode ser vista como uma maneira de destacar as relações lineares existentes entre as características.

Os componentes principais apresentam propriedades importantes, entre elas a de que o número de componentes principais é igual ou menor ao número de características originais, sendo que cada componente principal é uma combinação linear de todas as características originais, não correlacionadas entre si, obtida com o propósito de concentrar o máximo de informação no que se refere à variância total acumulada nos dados (Hongyu, 2015).

Na técnica de ACP, cada característica tem seu poder medido no seu respectivo componente, sendo que o primeiro componente principal apresenta a maior variância possível (ou seja, é responsável pelo máximo de variabilidade nos dados), e cada componente principal seguinte, por sua vez, tem a máxima variância sob restrição ortogonal aos componentes anteriores, o que permite diminuir a estrutura das características originais em uma estrutura menor do que a inicial (Ferraudo, 2014).

Os resultados de ACP são geralmente discutidos em termos de pontuações ou escores e normalmente as observações (indivíduos) são agrupadas de acordo com a sua variação, isto é, os indivíduos são agrupados de acordo com as suas variâncias e o seu comportamento dentro da população, ou seja, a técnica agrupa os indivíduos de uma população segundo a variação de suas características (Barbosa et al., 2013). Na maioria dos casos, os agrupamentos gerados pela ACP são distribuídos em gráficos bidimensionais, em que os eixos ortogonais são os componentes principais (Dallastra et al., 2014; Vianna et al., 2013).

3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1 Genótipos avaliados, condições experimentais e características avaliadas

O presente estudo foi realizado por meio da avaliação de 100 genótipos obtidos de acordo com esquema descrito na Figura 7. Entre os genótipos, 92 são híbridos simples resultantes do cruzamento dialélico parcial entre 20 linhagens endogâmicas milho superdoce, de quatro populações braquíticas de milho dos grupos heteróticos FLINT e DENT, das quais as linhagens foram extraídas, e de quatro híbridos interpopulacionais (Apêndice A). Todos os genótipos avaliados são portadores do gene *shrunken-2* (*sh₂*) e provenientes do programa de melhoramento da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/UENF.

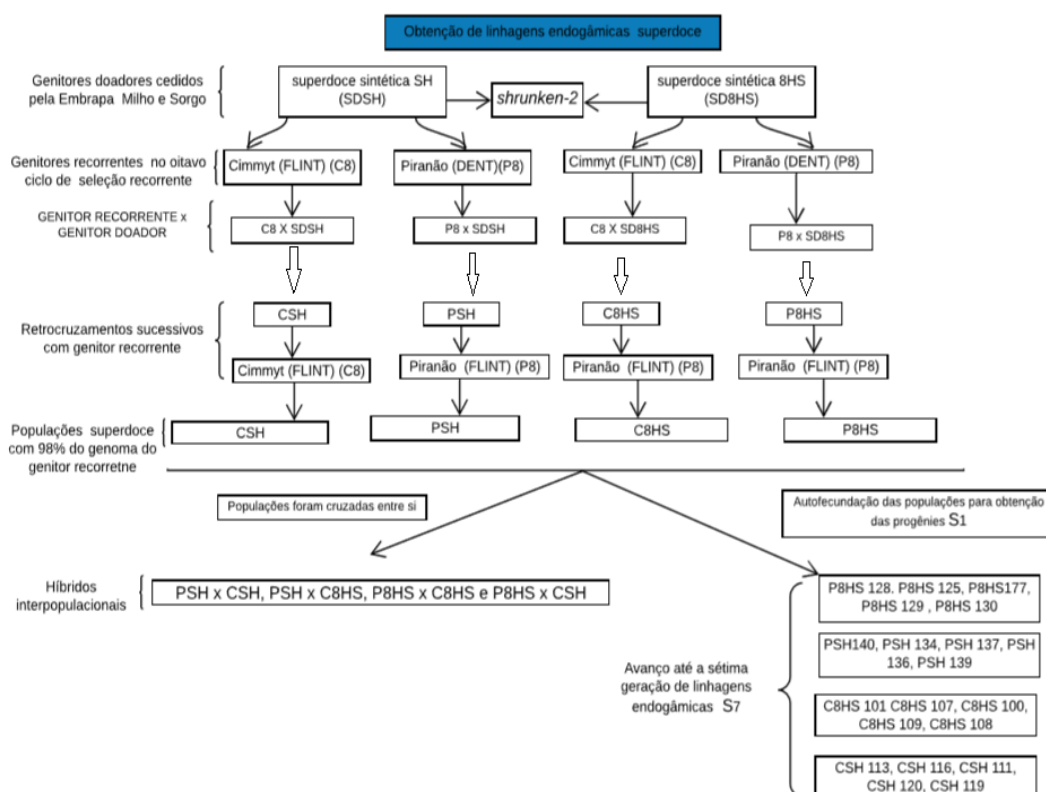


Figura 7. Esquema de obtenção de genótipos de milho superdoce.

3.3.3.2 Condições experimentais

Os experimentos foram conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/RJ, localizados nas coordenadas geográficas: 21° 24' 48" S, 41° 44' 48" W e 14 m de altitude e 21° 40' 09" S, 42° 04' 34" W e 60 m de altitude, respectivamente, durante a safra de 2015. O delineamento experimental empregado foi um látice simples duplicado 10x10, com 4 repetições. Em ambos os experimentos, a unidade experimental constou de uma fileira de 3 m de comprimento, no espaçamento de 1,0 m entre as fileiras e 0,30 m entre plantas na fileira, com um total de 11 plantas.

De acordo com a análise de solo, foi realizada a adubação com 400 Kg/ha¹ do formulado 8-28-16 e duas adubações de cobertura, aos 30 dias, com 300 Kg/ ha¹ do formulado 20-00-20 e, aos 45 dias, com 200 Kg ha⁻¹ de ureia. Após 15 dias de emergência, foi realizado desbaste para manutenção de estande de 33,333 plantas/ ha⁻¹. Os demais tratos culturais, controle de plantas indesejáveis e pragas foram feitos de acordo com as recomendações técnicas e indicações mínimas de cultivo.

3.3.3.3 Características avaliadas

No período de condução e desenvolvimento da cultura, foram avaliados:

- Florescimento feminino (FLOR) – número de dias decorridos da semeadura até o dia em que 50% das plantas da área útil de cada parcela apresentaram estilo-estigma emitidos;
- Altura de plantas (ALT) – medição do solo até a inserção da folha bandeira, em cm;
- Altura da espiga (INS) – mensurada do solo até a inserção da primeira espiga viável, em cm.

A colheita foi realizada quando as espigas apresentaram o ponto de colheita adotado pela indústria, com aproximadamente 23 dias após a floração, sendo avaliados:

- Prolificidade (PROL) – relação entre o número de espigas colhidas e o número de plantas na área útil da parcela;
- Peso de espigas com palha (PCP) – peso médio de espigas com palha contidas na área útil, em gramas;
- Peso de espigas sem palha (PSP) – peso médio de espigas sem palha contidas na área útil, em gramas;
- Produtividade de espigas empalhadas (TONCP) – produtividade de espigas empalhadas, em ton.ha⁻¹;
- Produtividade de espigas despalhadas (TONSP) – produtividade de espigas despalhadas, em ton.ha⁻¹;
- Rendimento de espigas (RE) – relação entre a produtividade de espigas sem palha, pela produtividade de espigas com palha, multiplicada por 100;
- Diâmetro da espiga (DE) – em mm;
- Diâmetro do sabugo (DS) – em mm;
- Comprimento da espiga com palha (CCP) – em cm;
- Comprimento de espiga sem palha (CSP) – em cm;
- Número de fileira de grãos (NFG);
- Número de espigas(NE) – número total de espigas colhidas na parcela por ocasião da colheita.

3.3.3.4 Análises estatístico-genéticas

3.3.4.1 Estimativas de parâmetros genéticos por meio de modelos mistos (REML/BLUP)

Os parâmetros genéticos foram estimados via REML (máxima verossimilhança restrita), sendo as médias genóticas preditas pelo procedimento BLUP (melhor preditor linear não viesado).

Procedeu-se ao teste de razão de verossimilhança (LRT), análise deviance (ANADEV), para todas as características avaliadas no experimento, sendo a significância testada pelo teste de Qui-quadrado a 5% e 1% de probabilidade (Nelder; Wedderburn, 1972).

Considerando-se o delineamento de blocos incompletos (látice), os dados foram analisados matricialmente com o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xa + Zg + Wb + Ti + e$$

Em que:

y : vetor de observações da característica avaliada;

a : vetor dos efeitos de ambiente assumidos como fixos somados à média geral;

g : vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

b : vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);

i : vetor dos efeitos da interação genótipo x ensaios (considerados aleatórios);

e : vetor de erros ou resíduos (também considerados aleatórios); e

X, Z, W, T : matrizes de incidência para os efeitos de a, g, b e i , respectivamente.

As análises estatísticas para modelos mistos foram realizadas utilizando-se o procedimento para análise linear *proc mixed* (Sas Institute, 2011).

3.3.3.4.2 Seleção e caracterização de genótipos por meio de análises multivariadas

Inicialmente foram realizadas análises bivariadas de correlação simples de Pearson e teste t para as correlações entre as características avaliadas para verificar o grau de associação entre elas.

A ACP foi realizada para gerar os autovalores e autovetores e um gráfico biplot para verificar a relação entre cada indivíduo e as variáveis avaliadas, seguindo as recomendações de Hair Júnior et al. (2009). As variáveis utilizadas no cálculo dos autovalores e autovetores foram padronizadas com média=0 e variância=1, portanto, para esse caso, a matriz de covariância foi igual à matriz de correlação na ACP (Statsoft, 2004), sendo \mathbf{A} uma matriz canônica que representa um operador linear T . O elemento \mathbf{A} é uma matriz de correlação ou covariância com dimensão $n \times n$, sendo n o número de variáveis avaliadas na análise de componentes principais.

$$A = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{bmatrix}$$

Portanto, tem-se: autovalores λ de T ou de **A**, que são as raízes da equação, ou seja, as variâncias dos componentes principais.

$$\det (A - \lambda I) = 0$$

Em que:

det: determinante da matriz; **A**: matriz avaliada; λ : autovalores; e **I**: matriz identidade de ordem n.

Os autovetores **v** de T ou de **A** para cada λ são as soluções da equação, ou seja, os autovetores fornecem os coeficientes das características.

$$Av = \lambda v \text{ ou } (A - \lambda I)v = 0$$

Para se encontrar os autovetores, foi necessário substituir o valor do autovalor na equação original e encontrar o autovetor. O autovalor foi, então, associado ao autovetor encontrado (Boldrini et al., 1980).

Para a seleção dos genótipos pela ACP, estabeleceu-se um critério, em que foram pré-determinadas as escalas nos eixos gráficos por meio de círculos e elipses para melhor discriminação dos indivíduos com base nas diferentes características, conforme Dallastra et al. (2014) e Vianna et al. (2013).

O círculo menor do biplot e menos rigoroso compreendeu em seu eixo X valores de 2,5 a -2,5 e, no eixo Y, valores de 2,5 a -2,5. O círculo maior do biplot foi mais rigoroso, compreendeu valores no eixo X de 4,5 a -4,5 e, no eixo Y, valores de 4,5 a -4,5, seguindo este padrão para todos os gráficos biplot. Com relação a rigor de seleção, o círculo menor do biplot indica intervalo de confiança da média \pm um desvio-padrão (em média 68,26% dos dados estão contidos nesse intervalo), ao passo que o círculo maior representa a média \pm dois desvios-padrão (em média 95,44% dos dados estão contidos nesse intervalo).

A análise de componentes principais foi realizada para cada um dos ambientes, de modo que é possível identificar os indivíduos superiores em cada ambiente.

As análises estatísticas envolvendo as análises de componentes principais foram realizadas com o auxílio do programa estatístico R *Development Core Team* (2016), utilizando os pacotes lme4 (Bates et al., 2014) e Meta (Schwarzer, 2007).

3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.4.1 Análise deviance

A análise de deviance detectou efeito significativo de genótipos pelo teste do Qui-quadrado (LRT), a 1% de probabilidade, para todas as características (Tabela 15). Portanto, os respectivos componentes de variância, coeficientes de determinação e de herdabilidade foram significativamente diferentes de zero, o que mostra a existência de variabilidade genética (Resende, 2007) e revela a possibilidade de sucesso com a seleção.

As características NFG, PSP e FLOR se destacaram por apresentarem as maiores variações (LRT= 154,35; LRT=128,83; e 113,41, respectivamente).

Os efeitos da interação G x A foram significativos somente para INS, TONSP, CCP, CSP e NFG, o que confirma a influência do ambiente no desempenho dessas características (Tabela 15).

Tabela 15. Análise de deviance (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) referentes à análise conjunta dos municípios de Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara /RJ, 2015.

¹ Características	Efeito	² Deviance	³ LRT (X ²)	¹ Características	Efeito	² Deviance	³ LRT (X ²)
FLOR	Genótipo	3455,7 ⁺	113,41 ^{**}	TONSP	Genótipo	3565,8 ⁺	57,55 ^{**}
	Genótipo x Ambiente	3345,1 ⁺	2,80		Genótipo x Ambiente	3551,7 ⁺	7,52 [*]
ALT	Genótipo	-193,1 ⁺	23,76 ^{**}	DE	Genótipo	381,9 ⁺	76,84 ^{**}
	Genótipo x Ambiente	-216,2 ⁺	0,70		Genótipo x Ambiente	306,6 ⁺	1,56
INS	Genótipo	-486,1 ⁺	14,58 ^{**}	DS	Genótipo	-197,0 ⁺	91,58 ^{**}
	Genótipo x Ambiente	-480,3 ⁺	20,32 ^{**}		Genótipo x Ambiente	-288,2 ⁺	0,40
PROL	Genótipo	402,7 ⁺	27,51 ^{**}	CCP	Genótipo	3464,9 ⁺	37,97 ^{**}
	Genótipo x Ambiente	378,6 ⁺	3,37		Genótipo x Ambiente	3432,4 ⁺	5,48 [*]
PCP	Genótipo	8556,3 ⁺	75,05 ^{**}	CSP	Genótipo	2635,0 ⁺	55,67 ^{**}
	Genótipo x Ambiente	8481,4 ⁺	0,13		Genótipo x Ambiente	2589,2 ⁺	9,86 ^{**}
PSP	Genótipo	7699,3 ⁺	128,833 ^{**}	NFG	Genótipo	2439,3 ⁺	154,35 ^{**}
	Genótipo x Ambiente	7573,4 ⁺	2,92		Genótipo x Ambiente	2288,7 ⁺	3,78 [*]
RE	Genótipo	-2194,2 ⁺	51,24 ^{**}	NE	Genótipo	4424,8 ⁺	47,46 ^{**}
	Genótipo x Ambiente	-2242,9 ⁺	2,54		Genótipo x Ambiente	4378,0 ⁺	0,65
TONCP	Genótipo	4144,4 ⁺	56,51 ^{**}	-	-	-	-
	Genótipo x Ambiente	4089,3 ⁺	1,39	-	-	-	-

¹FLOR – número de dias para o florescimento; ALT – altura média de plantas (cm); INS – altura média da inserção da primeira espiga (cm); PROL – número médio de espigas por planta; PCP – peso médio de espigas com palha contidas na área útil (g); PSP – peso médio de espigas sem palha contidas na área útil (g); RE – porcentagem de rendimento de espigas; TONCP – produtividade de espigas empalhadas (ton.ha⁻¹); TONSP – produtividade de espigas despalhadas (ton.ha⁻¹); DE – diâmetro de espigas (mm); DS – diâmetro de sabugo (mm); CCP – comprimento de espigas empalhadas (cm); CSP – comprimento de espigas despalhadas (cm); NFG – número de fileiras de grãos e NE – número total de espigas colhidas na parcela, ²/⁺ Deviance ajustado sem os efeitos correspondentes; ³LRT (teste de razão de verossimilhança); * e **: X² (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade.

Pela estimativa dos parâmetros genéticos e das médias genotípicas das características avaliadas, via REML/BLUP, pode-se observar elevada herdabilidade na média de genótipos para todas as características avaliadas, oscilando entre 77,00% a 95% (Tabela 16). Esses valores indicam confiabilidade na seleção dos genótipos de milho, com base nos valores genotípicos preditos, com acurácia seletiva acima de 77% para a maioria das características, recebendo classificação alta, de acordo com Resende e Duarte (2007). Ressalta-se que os resultados expressivos de acurácia e de herdabilidade na média de genótipos demonstram elevada variabilidade aditiva, precisão na identificação e reafirmam sucesso de seleção.

Os coeficientes de variação genotípica (CV_g) e o índice de variação genético (IV_g) complementam as informações sobre a magnitude da variabilidade dos genótipos. O CV_g quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são desejáveis. Em condições tropicais, diversos autores consideram que, para o milho, valores do CV_g acima de 7% indicam um bom potencial genético para melhoramento (Rodrigues et al., 2011). Notou-se que os CV_g foram elevados para a maioria das características e variaram muito em suas magnitudes (3,40% a 14,98%), não acompanhando os valores da V_g (Tabela 16).

Outro parâmetro genético de importante relevância em pesquisas envolvendo o melhoramento de plantas é o IV_g , cujo valor pode atuar como um indicativo de situação favorável à seleção, se superior à unidade (Leite et al., 2015). Nota-se que somente as características FLOR, PSP e NFG atingiram valores superiores a 1 (Tabela 16). No entanto, Resende e Duarte (2007) sugerem que cada experimento tenha o seu valor particular de IV_g , e que esse valor não seja generalizado. Nesses casos, o ideal é levar-se em conta o número de repetições do experimento e a acurácia seletiva. Resende (2007) sugere que, nas diferentes fases dos programas de melhoramento genético, a acurácia seja no mínimo igual a 70%. Nesse sentido, valores abaixo da unidade podem ser considerados adequados para a seleção ser eficiente.

Um ponto importante a ser considerado nos processos de seleção de genótipos superiores é a qualidade experimental, indispensável para uma análise estatística adequada, que proporcione boas estimativas dos componentes de variância (Ramalho et al. 2013).

Tabela 16. Média geral, estimativas dos componentes de variância, coeficientes de determinação e parâmetros genéticos estimados para 15 características avaliados pelo procedimento REML/BLUP, utilizando a análise conjunta dos municípios de Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/ RJ, na safra 2015.

^{1/} Características	FLOR	ALT	INS	PROL	PCP	PSP	RE	TONCP	TONSP	DE	DS	CCP	CSP	NFG	NE
^{2/} Componentes de variância															
V _g	4,06	0,009	0,134	0,023	1338,6	947,3	14,10	4,17	2,457	4,72	2,59	1,44	1,70	1,62	4,82
V _{ga}	0,19	0,001	0,373	0,006	26,20	36,50	0,49	0,30	0,401	0,03	0,01	0,35	4,15	0,09	0,47
V _{bloc}	0,11	0,008	0,026	0,005	36,10	29,70	0,74	0,06	0,050	0,02	0,04	0,14	0,18	0,05	0,07
V _e	2,58	0,033	0,002	0,070	1819,5	481,6	1,77	7,54	3,412	6,14	2,83	3,16	0,13	0,67	10,80
^{3/} Coefficientes de determinação															
c ² _{ga}	0,027	0,019	0,648	0,055	0,420	0,024	0,045	0,025	0,065	0,025	0,017	0,067	0,673	0,009	0,029
c ² _{bloc}	0,016	0,153	0,045	0,047	0,010	0,019	0,023	0,005	0,008	0,017	0,050	0,026	0,029	0,005	0,004
c ² _{res}	0,371	0,630	0,003	0,651	0,560	0,322	0,590	0,630	0,550	0,512	0,470	0,610	0,021	0,825	0,663
^{4/} Parâmetros genéticos															
CV _g	3,40	4,14	6,49	10,56	11,16	12,91	5,14	13,79	14,98	5,73	7,94	4,33	4,51	9,42	12,65
IV _g	1,44	0,52	0,63	0,56	0,99	1,40	0,72	0,74	0,83	0,93	0,96	0,66	0,89	1,55	0,67
h ²	93,98	69,00	78,00	74,63	83,00	93,00	82,00	81,00	84,72	86,00	88,00	77,00	86,00	95,00	78,00
r _{gg}	96,94	67,00	76,00	86,39	84,00	93,00	81,00	82,00	86,00	55,79	88,00	79,00	86,00	85,78	79,00
r _{g(A)}	0,95	0,90	0,26	0,79	0,98	0,96	0,88	0,93	0,85	0,94	0,97	0,81	0,29	0,94	0,91
μ	59,33	2,29	1,70	1,44	327,92	238,21	73,00	14,81	10,24	40,61	20,25	27,74	20,77	13,50	17,35

^{1/} Descrito na Tabela 1, ^{2/} V_g = variância genotípica; V_{ga} = variância da interação genótipo x ambiente; V_{bloc} = variância ambiental entre blocos; V_e = variância ambiental; ^{3/} c²_{ga} = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; c²_{bloc} = coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; c²_{res} = coeficiente de determinação dos efeitos residuais; ^{4/} CV_g = coeficiente de variação genotípica entre genótipos, em %; IV_g = índice de variação genética (relação entre CV_g/CV_e), em %; h² = herdabilidade com base na média de genótipos, em %; r_{gg} = acurácia seletiva, em %; r_{g(A)}, correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; μ = Média geral de cada característica.

Além da acurácia seletiva anteriormente mencionada, o coeficiente de determinação dos efeitos de blocos (c^2_{bloc}) também pode ser considerado como uma medida da qualidade experimental, usado para indicar o quanto há de heterogeneidade ambiental entre as parcelas dentro do bloco. Valores altos de c^2_{bloc} significam alta variabilidade entre blocos, dentro de cada ambiente, e, portanto, alta correlação ambiental entre as observações (Sturion e Resende, 2004; Pimentel et al., 2014). No presente estudo, as estimativas do c^2_{bloc} foram baixas, com exceção da característica ALT (15,30%), indicando que o delineamento em látice foi eficiente e a capacidade de teste foi adequada, isto é, houve boa homogeneidade entre parcelas dentro do bloco, e os genótipos aproveitaram muito bem as condições ambientais a que foram submetidos (Tabela 16).

Apesar da confiabilidade apresentada pelos resultados da acurácia seletiva e c^2_{bloc} , é preciso considerar que a medida de uma característica se refere ao seu valor fenotípico, constituído do efeito genético, do efeito do ambiente e da interação desse genótipo em um ambiente específico. Ou seja, o somatório das variâncias genotípica e residual entre as parcelas e da interação G x E resulta na variância fenotípica individual (Torres et al., 2015). Assim, os efeitos da interação G x E (V_{ge}) e os seus c^2_{ge} foram altos, confirmando o efeito da interação G x E em diversas características de milho. Para as demais características, o c^2_{ge} variou de 0,09 a 0,067.

Segundo Resende (2007), é possível avaliar a influência do ambiente por meio da identificação do tipo de interação que está ocorrendo mediante a correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes. A $r_{g(A)}$ fornece a confiabilidade do quão constante será o “ranqueamento” dos genótipos de milho ao longo dos ambientes testados. Estimativas iguais ou maiores que 0,70 indicam interação do tipo simples ao passo que, em estimativas menores que 0,70, a interação é do tipo complexa. Neste estudo, 13 características apresentaram valores de $r_{g(A)}$ inferiores a 0,70 (Tabela 16), mostrando que a interação, neste caso, é simples, o que resulta em menor prejuízo no processo de seleção.

No geral, o que se observou no presente estudo foi a presença de alta variabilidade genética entre todas as características avaliadas bem como estimativas de herdabilidade altas. Consequentemente, o que se espera são ganhos genéticos altos, o que torna fácil a escolha de genótipos.

Com relação às correlações de Pearson, as maiores correlações positivas e significativas pelo teste t ($p < 0,05$) foram entre: FLOR x CCP; ALT x INS; PROL x NE; PROL x TONCP; PROL x TONSP; PCP x PSP; PCP x DE; PCP x DS; PCP x CSP; PCP x TONCP; PCP x TONSP; PSP x RE; PSP x DE; PSP x DS; PSP x CSP; PSP x TONCP; PSP x TONSP; RE x DE; RE x DS; RE x NFG; DE x DS; DE x NFG; DE x TONSP; DS x NFG; DS x TONSP; NE x TONCP; NE x TONSP; e TONCP x TONSP. As maiores correlações negativas e significativas pelo teste t ($p < 0,05$) foram entre: FLOR x RE; FLOR x DE; FLOR x DS; FLOR x NFG; e RE x CCP (Figura 8).

Neste contexto, confirmada a existência de variabilidade entre os genótipos, a possibilidade de sucesso com seleção, e observadas diferenças significativas entre as características avaliadas, a aplicação de testes multivariados torna-se viável, uma vez que têm maior poder discriminatório e podem detectar diferenças não captadas pela análise *deviance*, ampliando a possibilidade de identificar genótipos específicos e importantes para o programa de melhoramento (Rao et al., 1987).

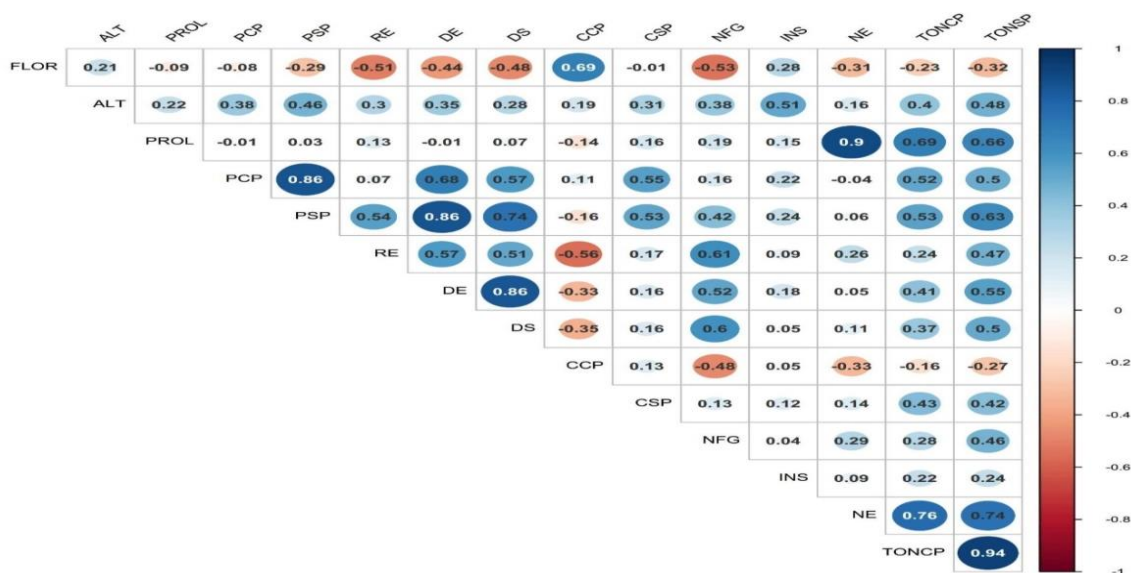


Figura 8. Correlação entre as das características avaliadas, Correlações maiores que 0,14 ou -0,14 são significativamente diferentes de zero com $P \leq 0,05$ pelo teste t , FLOR – número de dias para o florescimento; ALT – altura média de plantas (cm); INS – altura média da inserção da primeira espiga (cm); PROL – número médio de espigas por planta; PCP – peso médio de espigas com palha contidas na área útil (g); PSP – peso médio de espigas sem palha contidas na área útil (g); RE – porcentagem de rendimento de espigas; TONCP – produtividade de espigas empalhadas ($\text{ton} \cdot \text{ha}^{-1}$); TONSP – produtividade de espigas despalhadas ($\text{ton} \cdot \text{ha}^{-1}$); DE – diâmetro de espigas (mm); DS – diâmetro de sabugo (mm); CCP – comprimento de espigas empalhadas (cm); CSP – comprimento de espigas despalhadas (cm); NFG – número de fileiras de grãos e NE – número total de espigas colhidas na parcela.

3.3.4.2 Componentes principais

A técnica multivariada de ACP foi realizada para gerar os autovalores e autovetores, e os seus resultados, visualizados utilizando-se um gráfico biplot. Os CPs foram selecionados como proposto por Kaiser (1958), também citado por Hair et al., (2009), em que apenas os autovalores maiores que um foram levados em consideração, pois são capazes de gerar componentes que explicam uma quantidade relevante de informação das características originais (Dallastra et al., 2014).

Na ACP, três autovalores foram superiores a 1 e, cumulativamente, explicaram 73,37% da variância contida nas 15 características originais (Tabela 17). O quarto componente principal, embora com autovalor acima da unidade, não foi considerado, uma vez que não acrescentou informação relevante.

Tabela 17. Autovalores, porcentagem de variância explicada para cada componente principal e porcentagem de variância acumulada para 15 características de milho superdoce.

Componente principal	Autovalor	(%) da variância	(%) acumulada
CP1	6,00	40,02	40,02
CP2	2,52	16,83	56,85
CP3	2,48	16,52	73,37
CP4	1,23	8,23	81,60
CP5	0,78	5,22	86,82
CP6	0,65	4,36	91,17
CP7	0,41	2,74	93,91
CP8	0,27	1,79	95,70
CP9	0,23	1,53	97,23
CP10	0,16	1,04	98,27
CP11	0,13	0,88	99,15
CP12	0,06	0,38	99,53
CP13	0,04	0,26	99,79
CP14	0,02	0,14	99,93
CP15	0,01	0,07	100,00

A Figura 9 representada por círculos azuis e vermelhos expõem a ordem de importância entre as características avaliadas. Quanto maiores e mais escuros os círculos mais a característica é importante para componente principal. A cor branca indica que a característica não é importante para o componente principal.

O autovalor do CP1 foi 6,00, que é um valor significativo ao considerar que a soma de todos os autovalores foi de 15 (Tabela 17). A porcentagem da variância retida pela CP1 foi de 40,02% da variância compartilhada. As principais características que explicaram essa retenção da variância foram PSP, RE, DE, DS, NFG, TONCP e TONSP. Características de mesmo sinal atuam de forma direta, ou seja, quando o valor de uma aumenta, o valor da outra aumenta, ou vice-versa, e aquelas com sinais contrários atuam de forma inversa, ou seja, quando o valor de uma aumenta, o valor da outra diminui (Tossi et al., 2015). Assim, a característica FLOR atua de forma direta com CCP e inversamente com as demais características (Figura 9). O autovalor do CP2 foi de 2,52, o que reteve 16,83% da variância total, explicada pelas características FLOR, ALT, CCP, CSP e INS. O CP3 reteve 16,52 % da variância total, explicada principalmente pelas características PROL, PCP e NE (Figura 5).

Autovalores maiores que 0,14 ou -0,14 foram considerados significativos. Todas as características apresentaram forte correlação (direta ou inversa) com os escores dos três CPs que explicam a maior variabilidade do conjunto de dados, o que reforça que a análise multivariada foi apropriada.



Figura 9. Autovalores as características avaliadas e os componentes principais (CP1, CP2 e CP3) dos genótipos de milho superdoce.

É importante informar que, dos 100 genótipos avaliados, 92 são híbridos simples (G1 a G92); quatro, populações braquíticas (G93 a G97); e quatro, híbridos interpopulacionais (G98 a G100) (Apêndice A). Nota-se, na Figura 10A, que as características RE e NFG apresentaram contribuições similares, o que foi verificado pelo fato de as características terem seus vetores de comprimento semelhantes e próximos aos eixos CP1 e CP2. As características FLOR, CCP, TONCP e TONSP apresentaram vetores de maior comprimento e de maior

contribuição para CP1, e as características FLOR e CCP, de maior contribuição para CP2. As características FLOR e CCP formaram um ângulo próximo de 90 graus com as características NFG e RE, indicando baixa correlação entre elas.

O plano bidimensional formado pelos CP1 e CP2 reteve no total 56,85 % da variância original (Figura 10A).

Os genótipos são influenciados pela proximidade de cada característica ao eixo de cada componente principal. O genótipo (G1), tanto em Campos como em Itaocara, com localização à esquerda do CP1, na parte externa da elipse maior, possui produtividade superior (TONCP e TONSP), contrastando com os genótipos (G83, G94, G95 e G96), localizados à direita, que são menos produtivos e apresentam valores acima da média geral para FLOR e CCP.

Na região compreendida entre as duas elipses, localizada na região esquerda do CP1, os genótipos G4, G5, G8, G10, G19, G20, G21, G22, G23, G24, G25, G30, G48, G50 (vista superior-Campos dos Goytacazes) e G2, G3, G4, G9, G11, G12, G13, G14, G21, G23, G24, G25, G56, (vista inferior- Itaocara) apresentaram valor médio igual e/ou pouco acima da média para NFG, RE, DS, DE, PCP, ALT, e valores significativamente acima da média para TONCP e TONSP. Destaca-se que sete dos vinte e seis genótipos citados correspondem a híbridos simples, que tem como parental comum a linhagem CIMMYT SH₂ 113 (G2, G3, G4, G5, G8, G9, G10). Cabe destacar que o G1, anteriormente citado como o genótipo destaque para TONCP e TONSP, corresponde também a um híbrido simples, que tem a linhagem CIMMYT SH₂ 113. Esse mesmo raciocínio pode ser aplicado aos genótipos G20, G21, G22, G23, G24 e G25, que, de forma análoga, tem em comum a linhagem CIMMYT SH₂111 (Apêndice A).

O mesmo padrão não foi detectado entre linhagens do grupo heterótico Piranão. Esses resultados podem estar relacionados à presença de maior variabilidade entre os dois grupos. Durães et al. (2017), trabalhando com linhagens endogâmicas de milho superdoce, observaram maior variabilidade do grupo heterótico CIMMYT (“FLINT”) sobre o grupo heterótico Piranão (“DENT”).

Os genótipos G36, G61, G81, G85 e G91 (Campos dos Goytacazes) e G36, G61 e G64 (Itaocara), localizados entre as duas elipses, no lado direito, apresentaram valores significativamente acima da média para comprimento de espiga com palha e florescimento, contrastando com as demais características devido à distância com os seus respectivos vetores.

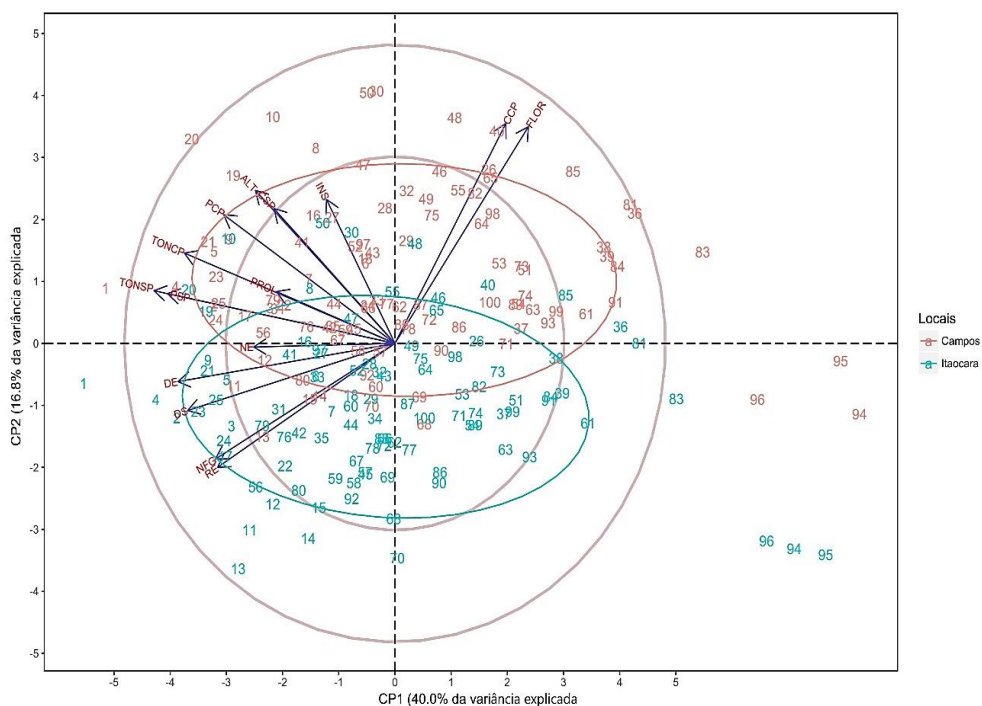


Figura 10A. Gráfico Biplot com dispersão dos 100 genótipos de milho superdoce em função dos componentes principais: CP1 x CP2 (A), contendo as projeções dos vetores das características: FLOR – florescimento; ALT – altura média de plantas; INS – altura média da inserção da primeira espiga; PROL – média de espigas por planta; PCP – peso médio de espigas com palha contidas na área útil; PSP – peso médio de espigas sem palha contidas na área útil; RE – porcentagem de rendimento de espigas; TONCP – produtividade de espigas empalhadas; TONSP – produtividade de espigas despalhadas; DE – diâmetro de espigas; DS – diâmetro de sabugo; CCP – comprimento de espigas empalhadas; CSP – comprimento de espigas despalhadas; NFG – número de fileiras de grãos e NE – número total de espigas colhidas na parcela, nos ambientes de Campos dos Goytacazes/RJ e Itaocara/RJ, na safra 2015.

O plano bidimensional formado pelos CP1 e CP3 explicou 56,50% da variância remanescente (Figura 10B). Houve maior coincidência entre os genótipos selecionados em ambos os ambientes, devido ao posicionamento cruzado dos círculos elípticos. As características CCP e FLOR apresentaram vetores com comprimentos reduzidos, e as características TONCP, TONSP, NE, PROL, PSP e DE apresentaram maiores contribuições para o eixo CP1 e CP3.

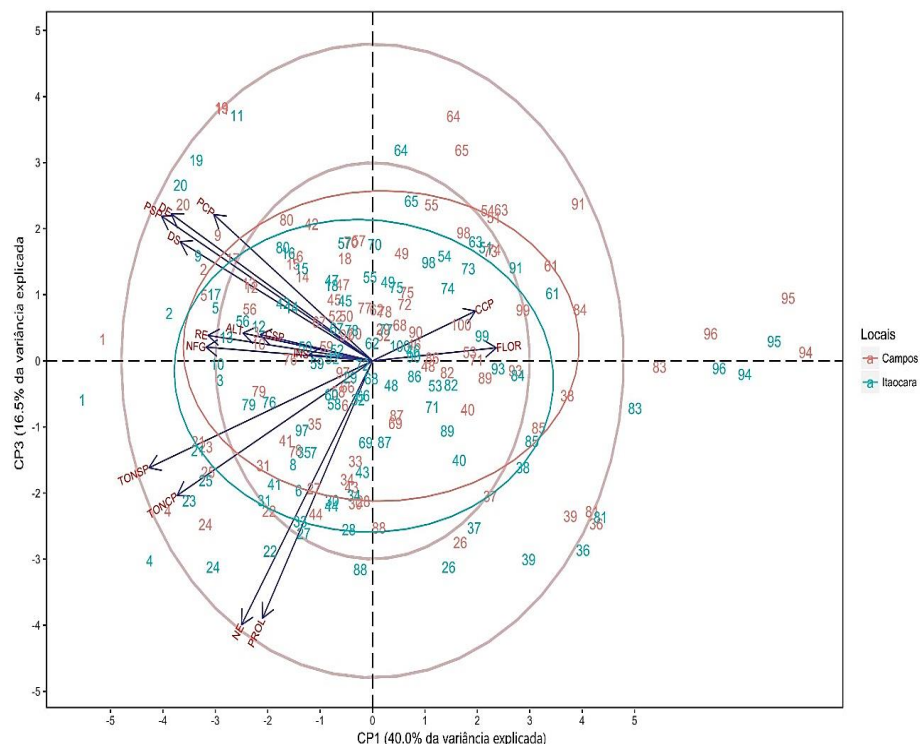


Figura 10B. Gráfico Biplot com dispersão dos 100 genótipos de milho superdoce em função dos componentes principais: CP1 x CP3 (B), contendo as projeções dos vetores das características descritas na Figura 6B.

Os genótipos que se localizaram entre as delimitações das escalas destacadas são específicos para as características que os influenciam (Figuras 10A e 10B). Por sua vez, para os genótipos que se localizaram nas extremidades, pode-se inferir que apresentaram diferenças bem significativas dos demais, isto porque possuem caracteres muito específicos. Dessa forma, os genótipos G1(Campos e Itaocara) e 4 (Itaocara) possuem padrão específico para TONCP e TONSP por terem maiores valores fenotípicos para estas características. De acordo com a projeção dos vetores das características TONCP e TONSP (Figura 10B), os genótipos G23, G24 e G25 (dois ambientes), além das maiores produtividades com e sem palha, caracterizaram-se também por apresentarem especificamente maior NE e PROL.

Um grupo grande de genótipos ficou localizado no centro, no plano dos gráficos, o que significa que possui valores médios para as características, não apresentando diferenças significativas. Sendo assim, os valores para essas características estão dentro de uma conformidade e não podem ser caracterizados como superiores, demonstrando homogeneidade dentro desse grupo (Figuras 10A e 10B).

Com base nas Figuras 10A e 10B, considerando a projeção dos vetores, é possível notar que as características associadas à produtividade e à qualidade de espigas estão muito próximas e se encontram voltadas para a esquerda em CP1, exceto CCP. Este resultado sugere que as características ALT, PCP, CSP, DE, NFG, RE, PROL e DS sejam os principais componentes da produtividade de espigas, diferindo dos resultados obtidos por Belasque Júnior et al. (2000), para milho comum, e concordando com os de Barbieri et al. (2005) e Albuquerque et al. (2008), para as características NFG, DE, CSP.

Como citado anteriormente, apesar da rentabilidade do produtor estar associada à obtenção de alta produtividade (TONCP e TONSP), deve ser considerada também a necessidade da escolha de um produto adequado do ponto de vista industrial (maiores DE, CCP, CSP, NFG e menor DS). Contudo, corre-se o risco de selecionar genótipos com características ruins, principalmente devido à alta e à baixa correlação entre DS e CCP, respectivamente, com as demais características. Por isso, a utilização conjunta entre a metodologia de modelos mistos e componentes principais se mostrou promissora na seleção de genótipos de milho superdoce.

A utilização conjunta da metodologia Blups com os componentes principais evidenciou de forma clara, por meio da formação das Figuras 10A e 10B, a superioridade dos híbridos simples (G1 a G92) em relação aos demais genótipos nos dois ambientes. Para os dois ambientes, as médias significativamente maiores para TONCP e TONSP são as dos híbridos simples, que, conseqüentemente, apresentaram maiores ALT, PCP, CSP, DE, NFG, RE, PROL e DS, a exemplo dos G1, G4, G9, G21, G23, G24, em Itaocara, e G1, G4, G5, G19, G20, em Campos. Houve coincidência na discriminação dos genótipos devido à interação do tipo simples, confirmada anteriormente para a maioria das características (Tabela 15).

Por outro lado, as populações braquíticas (G93 a G96) e os híbridos interpopulacionais (G97 a G100) apresentaram diferenças significativas para as características CCP e FLOR (a exemplo dos genótipos G94, G95, G96 em ambos os ambientes).

Dessa forma, a utilização conjunta da metodologia de modelos mistos com os componentes principais se mostrou promissora na seleção de genótipos de milho superdoce.

3.3.5 CONCLUSÕES

1. Todas as características apresentaram elevada variabilidade genética; as estimativas de herdabilidade ficaram acima de 80% para a maioria das características, propiciando acurácia seletiva variando de 55 a 97 %, o que revela excelentes possibilidades de seleção.
2. O efeito da interação G x E ocorreu de forma pronunciada para INS, PCP e CSP, sendo verificada interação do tipo complexa.
3. Foram identificados três CPs indicados na seleção de genótipos, permitindo a identificação de genótipos.
4. Houve associação das características associadas à produtividade e à qualidade de espigas, exceto para comprimento de espiga com palha.
5. A estratégia de seleção contendo as características TONCP e TONSP permitiu a seleção de genótipos de milho superdoce mais altos, prolíferos, de maior diâmetro e comprimento de espigas sem palha, e maior número de fileiras de grãos.
6. Os híbridos simples apresentaram melhor desempenho em relação às populações braquíticas e os híbridos interpopulacionais.
7. Os híbridos simples que tiveram as linhagens CIMMYT SH₂ 113 e CIMMYT₂ SH11 como parentais se destacaram para as características NFG, RE, DS, DE, PCP e ALT.
8. A utilização conjunta da metodologia de modelos mistos e de componentes principais se mostrou promissora na seleção de genótipos de milho superdoce.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABRASEM - Dados do setor pesquisa de mercado de sementes de hortaliça:
<http://www.abcsem.com.br/dadosdosegmento.php> em 07/09/2018 pagina mantida pela ABRASEM.
- Aguiar, C. G., Scapim, C.A., Pinto, R.J.B., Amaral Júnior, A.T., Silvério, L., Andrade, C.A.B. (2003) Análise dialéctica de linhagens de milho na safrinha. *Ciência Rural*, Santa Maria, 34(6): 1731–1737.
- Albuquerque, C. J. B., Von Pinho, R.G., Borges, I.D., Filho, A.X.S., Fiorini, I.V.A. (2008) Desempenho de híbridos experimentais e comerciais de milho para produção de milho verde. *Ciência e agrotecnologia*, Lavras, 32(3): 768-775.
- Allard, R.W. (1971) *Princípios do melhoramento genético das plantas*. 1. ed. São Paulo: Edgard Blüchne, 381 p.
- Andrade, A. C. B., da Silva, A.J., Ferraudo, A. S. E., Uneda-Trevilsoli, S.H., DI Mauro, A.O. (2016) Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. *African Journal of Agricultural Research*, Ebène, 11(1): 23-31.

- Aragão, C.A., (2002) Avaliação de híbridos simples braquíticos de milho super doce (*Zea mays*) portadores do gene *shrunken* (*sh2sh2*) utilizando esquema dialélico parcial. Tese (doutorado em melhoramento genético) - Botucatu –SP, Universidade Estadual Paulista - UNESP, 101p.
- Aranha, F., Zambaldi, F. (2008) *Análise Fatorial em Administração*. São Paulo: CENGAGE Learning.
- Arnhold, E., Mora, F., Pacheco, C.A.P., Carvalho, H.W.L. de. (2012) Prediction of genotypic values of maize for the agricultural frontier region in northeastern Maranhão, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12:151-155.
- Baldissera, J.N.C., Valentini, G., Coan, M.M.D., Almeida, C.B., Guidalin, A.F., Coimbra, J.L.M. (2012) Capacidade combinatória e efeito recíproco em características agrônômicas do feijão. *Semina: Ciências Agrárias*. 33(2): 471-480.
- Barbieri, R. L., Leite, D.L. (2005) Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. *Ciência Rural*, Piracicaba, 35(2): 303-308.
- Barbieri, V.H.B. (2010) Mapeamento de QTL em testecrosses de milho doce com diferentes testadores e ambientes. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Piracicaba- SP, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”- USP, 129p.
- Barbosa, A.M., Brown, J.A., Real, R. (2013) *modEvA – an R package for model evaluation and analysis*. Beta version, available upon request.
- Bartlett, M.S. (1937) Properties of sufficiency and statistical test. *Proceedings of the Royal Society of London (Series A)*. 160: 318-335.
- Belasque Júnior, J., Farinelli, R., Bordin, L., Penariol, F.G., Fornasieri Filho, D. (2000) Estudo comparativo dos componentes de rendimento e da

produtividade de diferentes cultivares de milho (*Zea mays* L.). Anais do Congresso Nacional de Milho e Sorgo, Uberlândia. *Anais...* Uberlândia.

Bernaards, C.A., Jennrich, R.I. (2005) Gradient Projection Algorithms and Software for Arbitrary Rotation Criteria in Factor Analysis. *Educational and Psychological Measurement*, 65: 676–696.

Bernardo, R. (2002) *Breeding for quantitative traits in plant*. Woodbury: Stemma Press, 400p.

Boldrini, J. L., Costa, S. I. R., Figueiredo, V. L., Wetzler, H. G. (1980) *Algebra Linear*. 3. ed. São Paulo: Harper & Row do Brasil.

Borges, V., Ferreira, P. V., Soares, L., Santos, G. M., Santos, A. M. M. (2010) Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Scientiarum: Agronomy, Maringá*, 32(4): 643-649.

Bottini, P.R., Tsunehiro, A., Costa, F.A.G da. (1995) Viabilidade da produção de milho verde na "safrinha". *Informações Econômicas, São Paulo*, 25(3): 49-53.

Bordallo, P.N., Pereira, M.G., Amaral Junior, A.T., Gabriel, A.P.C. (2005) Análise dialética de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. *Horticultura Brasileira*. 23(1): 123-127.

Boyer, C.D., Shannon, J.c. (1983) the use of endosperm genes for sweet corn improvement. In: *PLANT breeding reviews*. West Lafayette: USA Purdue University, 1:139-161.

Brito, M.E.B., FILHO, G.D.A., WANDERLEY, J.A.C., MELO, A.S., COSTA, F.B., FERREIRA, M.G.P. (2013) Crescimento, fisiologia e produção do milho doce sob estresse hídrico. *Bioscience Journal*, 29(9): 1244-1254.

- Camilo, J.S., Barbieri, V.H.B., Rangel, R.M., Bonnas, D.S., Luz, J.M.Q., Oliveira, R.C. (2015) Aceitação sensorial de híbridos de milho doce e híbridos de milho verde em intervalos de colheita. *Rev. Ceres, Viçosa*, 62(1): 001-008.
- Cardoso, F.F., Cardellino, R.A., CAMPOS, L.T. (2001) Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros Angus criados no Estado do Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 30(1): 41-48.
- Castoldi, F. L. (1997) Estudo comparativo de diversos métodos de seleção multivariada em milho (*Zea mays* L.). Tese (Doutorado em Melhoramento Genético) – Viçosa-MG, Universidade Federal de Viçosa-UFV, 150p.
- Cattell, R.B. (1966). The scree test for the number of factors. *Multivariate Behavioral Research*, 1(2): 245-276.
- CEASA - Informativo de mercado:
http://www.ceasa.rj.gov.br/ceasa_portal/view/informativoMar%C3%A7o2014.pdf
em 21/05/2017 pagina mantida pela CEASA-RJ.
- Cochran, W.G., Cox, C.M. (1957) *Experimental designs*. 2. ed. New York: John Wiley & Sons.
- Couto, C.A do. Silva, E.M da., Silva, A.G da; Oliveira, M.T. P., Vasconcelos, J.C de., Silva, A.R., Sobreira, E. de Albuquerque., Moura, J. B de. (2017) Desempenho de Cultivares de Milho Destinado para Produção de Milho Verde e Silagem. *Journal of Social, Technological and Environmental Science*, 6(1): 232-251.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa: Ed. da UFV, 668p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2001. Lopes, A. C. A., Freire-Filho, F. R., Silva, R. B. Q., Campos, F. L., Rocha, M. M. (2001) Variabilidade e correlações entre

caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). Pesquisa Agropecuária Brasileira, 36(30): 515-520.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: Ed. da UFV, 514p.

Cruz, C.D., Carneiro, P.C. (2003) Modelos biométricos: VII. 1.ed.Viçosa: Ed. da UFV, 623p.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J. (1997) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: Ed. da UFV, 390 p.

Cruz, C. D. Genes (2013) a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. Acta Scientiarum Agronomy, Viçosa, 35: 271-276.

Cunningham, E.P., Moen, R.A., Gjedrem, T. (1970) Restriction of selection indexes. Biometrics. 26(1):67-74.

Dallastra, A., Unêda-Trevisoli, S. H., Ferraudo, A.S., Mauro, A.O. (2014) Abordagem multivariada na seleção de progênies de soja superiores e portadoras do gene RR. Ciência Agronômica, Fortaleza, 45(3): 588-597.

Douglas, S.K., Juvick, J.A., Splitoesser, W.E. (1993) Sweet corn seedling emergence and variation in kernel carbohydrate reserves. *Seed Science and Technology*, 21(3): 433-445.

Durães, N. N. L., Crevelari, J. A., Vettorazzi, J. C. F., Junior Ferreira, J. A., Santana, F. A., Pereira, M. G. (2017) Combining ability for traits associated with yield and quality in super sweet corn (*Zea mays* L. *saccharata*). Australian journal of crop Science, 11(09):1188-1194.

Duarte. J.M.C. (2002) Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos da produção e constituintes do leite em bubalinos. Dissertação (Mestrado)-

Jaboticabal- SP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, UNESP, 55p.

Elston, R. C. (1963) A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. *Biometrics*, Alexandria, 19(1): 85-97.

Entringer, G.C., Santos, P.H.A.D., Vettorazzi, J.C., Cunha, K.S., Pereira, M.G. (2014) Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. *Revista Ceres*, Viçosa, 61 (3):356-361.

Entringer, G.C., Vettorazzi, J.C., Santos, E.A., Pereira, M.G., Vianna, A.P. (2016) Genetic gain estimates and selection of S1 progenies based on selection indices and REML/ BLUP in super sweet corn. *Australian Journal of crop Science*. 10(3): 411-417.

Faluba, J.S., Miranda, G.V., Lima, R.O., Souza, L.V., Oliveira, A.M.C. (2010) Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. *Ciência Rural*, 40:1250-1256.

Fehr WR. (1987) *Principles of cultivars development*. 1. ed. New York: Mac Millan, 536p.

Ferraudo, A. S., (2014) *Técnicas de análise multivariada – uma introdução*. Treinamento. Jaboticabal, SP.

Ferreira, A., Cecon, P.R., Cruz, C.D., Ferrão, R.G., Silva, M.F., Fonseca, A.F.A., Ferrão, M.A.G. (2005) Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 40:1189-1195.

Ferreira, F.M., Neves, L.G., Bruckner, C.H., Vianna, A.P., Cruz, C.D., Barelli, M.A.A. (2010) Formação de supercaracteres para seleção de famílias de maracujazeiro amarelo. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, 32(2):247-254.

- Freitas, I. L. de J., Amaral Júnior, A. T., Vianna, A. P., Pena, G. F., Cabral, P. S., Vittorazzi, C., Silva, T. R. C. (2013), Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48 (11):1464-1471.
- Friendly, Michael. (2002). "Corrgrams: Exploratory Displays for Correlation Matrices." *The American Statistician*56.
- Frische-Neto, R., Gonçalves, M. C., Vencovsky, R., Souza Júnior, C. L. de. (2010) Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10:32-39.
- Freitas Júnior, S.P., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Cruz, C.D., Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória de milho pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 41(11):1599-1607.
- Fritsche-Neto, R., Vieira, R. A., Scapim, C. A., Miranda, G. V., Rezende, L. M. (2012) Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, 34(1): 99-101.
- Fuzatto, S.R., Ferreira, D.F., Ramalho, M.A.P., Ribeiro, P.H.E. (2002) Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. *Ciência e Agrotecnologia*, 26:22-32.
- Fuzatto, S. R., (2003) Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.): efeito do número (s) de cruzamentos. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Piracicaba- SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP, 131p.
- Garbuglio, D.D., Gerage, A.C., Araújo, P.M., Fonseca Junior, N.S., Shioga, P.S. (2007) Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42:183-191.

- Godshalk, E. B., Timothy, D. H. (1988) Factor and principal component analyses as alternatives to index selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 76(3): 352-360.
- Gomes, M.S., Von Pinho, E.V.R., Von Pinho, R.G., Vieria, M.G.C. (2000) Estimativas da capacidade de combinação de linhagens de milho tropical para qualidade fisiológica de sementes. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 24:41–49.
- Guttman, L. (1954). Some necessary conditions for common factor analysis. *Psychometrika*, 19(2):149-162.
- Granate, M.J., Cruz, C.D., Cecon, P.R., Pacheco, C.A.P. (2001) A análise de fatores na predição de ganhos por seleção em milho (*Zea mays* L.). *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, 23:1271-1279.
- Granate, M.J., Cruz, C.D., Pacheco, C.A.P. (2002) Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. *Pesquisa Agropecuária Brasília*, 37:1001-1008.
- Griffing, A.R. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*. 9: 463-493.
- Hair, F. J., Black, W. C., Babin, B. J., Anderson, R. E., Tatham, R. L. (2009) *Análise Multivariada de Dados*. 6. ed. Porto Alegre, editor Bookman, 688p.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (2010) *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 1. ed. New York, editora Springer, 459p.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. (1995) *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 2. ed. Ames, Iowa State University Press, 468 p.
- Hallauer, A.R. (1985) Compendium of recurrent selection methods and their application. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 3:01-33.

- Hazel L. N., Lush J. L. (1942). The efficiency of three methods of selection. *J. Hered.* 33: 393- 399.
- Hazel, L.N., Lush, J.L. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, Ames, 28(6): 476-490.
- Hayman, B.I (1954) The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, Ames, 39:789- 809.
- Hongyu, K. (2015). Comparação do GGEbiplot ponderado e AMMI-ponderado com outros modelos de interação genótipo x ambiente. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Piracicaba- SP, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, USP, 155p.
- Hongyu, K., Sandanielo, V. L. M., De Oliveira Junior, G. J. (2016). Análise de Componentes Principais: Resumo Teórico, Aplicação e Interpretação. *E&S Engineering and Science*, 5(1): 83-90.
- Hotelling, H. (1933). Analysis of a complex of statistical variables into principal components. *The Journal Educational Psychology*, Cambridge, 24: 498-520.
- Hotelling, H. (1936). Simplified calculation of principal components. *Psychometrika*, Williamsburg, 1: 27-35.
- Jinks, J. L., Hayman, B. I. The analysis of diallel crosses. (1953) *Maize Genetics Cooperation Newsletter*, Columbia, 27:48-54.
- Juvik, J. A., Jangulo, M. C., Headrick, J. M., Pataky, J. K., Tracy, W. F. (1993) Kernel changes in a shrunken 2 maize population associated with selection for increased field emergence. *Journal of the American Society for Horticulture Science*, 118(1): 135-140.
- Kaiser, Henry F. (1958) the varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. *Psychometrika*, Williamsburg, 23 (3): 187-200.

- Kaukis K., Davis, D.W. (1986) Sweet corn breeding. In: BASSETT MJ (ed). Breeding vegetable crops. 1. ed. Connecticut: The Avi Publishing Company, p. 477-512.
- Keshavarzpour, F., Achakzai, A.K.K. (2013) Fruit Shape Classification in Cantaloupe Using the Analysis of Geometrical Attributes. World Engineering & Applied Sciences Journal 4(1): 01-05.
- Kwiatkowski, A., Clemente, E., (2007) Características do milho doce (*Zea mays*) para industrialização. Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial, 1: 93-103.
- Leite, W. de S. Seleção de genótipos de soja portadores ou não do gene RR por meio de análise multivariada e desempenho agrônômico (2016) Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Genética e Melhoramento de Plantas), Jaboticabal-SP, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, 66p.
- Leite, W. S., Pavan, B. E., Matos filho, C. H. A., Feitosa, F. S., Oliveira, C. B. (2015) Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. Nativa, 3(4): 241-245.
- Lemos, M.A., Gama, E.E.G., Menezes, D., Santos, V.F dos. Tabosa, J.N. (2002) Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialelo completo. Horticultura Brasileira. 20(2): 167-170.
- Littel, R.C. (2006). SAS for mixed models. 2.ed. educar: SAS Instituto, 813p.
- Locatelli, A.B., Federizzi, L.C., Napolini, V.Fo.(2002) Capacidade combinatória de nove linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) em dois ambientes. Ciência Rural. 32: 365-370.
- Luz, J.M.Q., Camilo, J.S., Barbieri, V.H.B., Rangel, R.M., Oliveira, R.C. (2014) Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita. Horticultura Brasileira, 32: 163-167.

- Machado, J.C., Souza, J.C. de. Ramalho, M.A.P., Lima, J.L. (2009) Stability of combining ability effects in maize hybrids. *Science Agricultural* 66(4): 494-498.
- Machado, C.F., Nunes, G.H.S., Ferreira, D.F., Santos, J.B. (2002) Genetic divergence among genotypes of common bean through of multivariate techniques. *Santa Maria. Ciência Rural*, 32 (2): 251-258.
- Maia, M. C. C., Resende, M. D. V., Paiva, J. R., Cavalcanti, J. J. V., Moura Barros, L. (2009) Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 39(1):43-50.
- Malhotra, N.K. (2001). *Pesquisa de marketing: uma orientação aplicada*. Porto Alegre: Bookman.
- Manly, B. (2005) *Multivariate Statistical Methods: A Primer*. 3. ed. [s.l.] Chapman and Hall/CRC.
- Mendes, F.F., Guimarães, L.J.M., Souza, J.C., Guimarães, P.E.O., Pacheco, C.A.P., Machado, J.R. de A., Meirelles, W.F., Silva, A.R. da; Parentoni, S.N. (2012) Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12(1):111-117.
- Miranda Filho, J.B., Gorgulho, E.P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: Nass, L.L., Valois, A.C.C., Melo, I.S. de, Valadares-Ingliš, M.C. (2001), *Recursos Genéticos e Melhoramento – Plantas*. Rondonópolis: Fundação MT: 649-670.
- Mulamba, N.N., Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, Alexandria, 7: 40-51.
- Nelder, J. A., Wedderburn, R. W. M. (1997) Generalized Linear Models. *Journal of the Royal Statistical Society*, 135(3): 370-384.

- Oliboni, R., Faria, M.V., Neumann, M., Resende, J.T.V., Battistelli, G.M., Tegoni, R.G., Oliboni, D.F. (2013). Análise dialéctica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. *Semina: Ciência Agrárias*. 34: 7-18.
- Oliveira, L.A.A.; Yutra, F.R.R.; Groszmann, A. (1990) Produção de milho verde em diferentes épocas de semeadura, sob irrigação. Niterói: PESAGRORIO, (PESAGRO-RIO. Comunicado Técnico. 5p.
- Oliveira Junior, L.F.G., Deliza, R., Bressan-Smith, R.; Pereira, M.G., Chiquiere, T.B., (2006). Seleção de genótipos de milho mais promissores para o consumo *in natura*. *Ciências Tecnologia Alimentos*, 26(1):159-165.
- Paiva Junior, M.C., Pinho, R.G., Pinho, E.V.R., Resende SG. (2001) Desempenho de cultivares para a produção de milho verde em diferentes épocas e densidades de semeadura em Lavras-MG. *Ciência Agro técnica*, 25: 1235-1247.
- Paiva, P.M.P. (2014) Cruzamentos entre linhagens tropicais de milho doce e testadores com introgressão de germoplasma tese (Mestrado em Agronomia) - Botucatu –SP, Faculdade de Ciências Agrônômicas- UNESP, 54p.
- Parentoni, S.N., Gama, E.E.G., Magnavaca, R., Reischneider, F.J.B., Villas Boas, G.L. (1990) Milho doce. *Informe Agropecuário*, 14:17-22.
- Pereira Filho, I. A., Cruz, J. C., Silva, A. R. da; Costa, R. V. da., Cruz, I. Milho verde. (2015) Agência Embrapa de Informação Tecnológica <http://www.agencia.cnptia.embrapa/milho/arvore> em 25/05/2017 pagina mantida pela EMBRAPA.
- Pereira Filho, I. A., Cruz, J. C. Gama, E. E. G. (2003) Cultivares para o consumo verde. In: PEREIRA FILHO, I. A. O cultivo do milho verde. Brasília. DF: EMBRAPA informação tecnológica, 204p.

- Pereira Filho I A, Cruz JC, Costa RV da (2013) Milho doce. In: Cruz J C (Ed.). Milho.
<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONT000fy779fnk02wx5> em 23/05/2017 mantido pela EMBRAPA.
- Pereira, T. C. V., Schimit, R., Haveroth, E. J., Melo, R. C., Coimbra, J. L. M., Guidolin, A. F., Backers, R. L. (2016) Reflexo da interação genótipo x ambiente sobre o melhoramento genético de feijão. *Ciência Rural*, Santa Maria, 46(3): 411-417.
- Pesek, J., Baker, R. J. (1969) Desired improvement in relation to selected indices. *Canadian Journal of Plant Sciences*, Ottawa, 49(6): 803-804.
- Pimentel, A.J.B., Ribeiro, G., Souza, M.A. de, Moura, L.M., Assis, J.C. de, Machado, J.C. (2013) Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. *Bragantina*, 72: 113-121.
- Pimentel, A.J.B., Guimarães, J.F.R., Souza, M.A. de, Resende, M.D.V. de; Moura, L.M.; Rocha, J.R. do A.S. de C.; RIBEIRO, G. (2014) Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 49:882-890.
- Pfann A.Z., Faria, M.V., Andrade, A.A., Nascimento, I.R., Faria, C.M.D.R., Bringhentti RM (2009) Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. *Ciência Rural*, 39(3): 128-134.
- Raiche, G. (2010). nFactors: a n R package for parallel analysis and non-graphical solutions to the Cattell scree test. R package version 2.3.3.

- Ramalho, M.A.P., Carvalho, B.L., Nunes, J.A.R. (2013) Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. *ISRN Genetics*, v.2013, article ID 718127.
- Ramalho, M.A.P.; Santos, J.B. dos; Zimmermann, M.S. de O. Interação dos genótipos x ambientes. In: RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; Zimmermann, N.S. de O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação no melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: Editora UFG, 131-169p.
- Resende, M.D.V. de. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Embrapa Florestas, Colombo. 435 p.
- Resende, M.D.V.; Duarte, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. (2007) *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, 37(3):182-194.
- Resende, M. D. V., Furlani Júnior, E., Morães, M. L. T., Fazuoli, L. C. (2001) Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. *Bragantia*, 60 (3):185-193.
- Rezende, J.C., Coelho, C.E., Oliveira, A.C.B., Silva, F.L., Carvalho, G.R., Pereira, A.A. (2014) Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. *Coffee Science* 9: 347-353.
- Revelle, W. (2016). *psych: Procedures for Personality and Psychological Research*. Northwestern University, Evanston, Illinois, USA. Recuperado de <http://CRAN.R-project.org/package=psychVersion=1.6.4>
- Ribeiro, R.M., Amaral Júnior, A.T. do. Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Silva, T.R., PENA, G.F. (2012) Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. *Genetics and Molecular Research*, 11:1417-1423.

- Rodrigues, F., Pinho, R.G.V., Albuquerque, C.J.B., Faria Filho, E.M., Goulart, J. de C. (2009) Capacidade de combinação entre linhagens de milho visando à produção de milho verde. *Bragantia*. 68(1): 75-84.
- Rodrigues, F., Pinho, R. G. V., Albuquerque, C. J. B., Pinho E. V. R. V. (2011) Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. *Ciência agrotecnica*, Lavras, 35(2): 278-286.
- Rodrigues, W.P., Vieira, H.D., Barbosa, D.H., Souza Filho, G.R., Candido, L.S. (2013) Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 2: 2391-2399.
- Santi, A. L., Amado, T.J.C., Cherubin, M.R., Martin, T.N., Pires, J.L., Flora, L.P. D., Basso, C.J. (2012) Análise de componentes principais de atributos químicos e físicos do solo limitantes à produtividade de grãos. *Pesquisa agropecuária brasileira*. Brasília, 47(9): 1346-1357.
- Santos, C.A.F., OLIVEIRA, V.R., RODRIGUES, M.A., RIBEIRO, H.L.C., SILVA, G.O. (2011) Similaridade genética entre cultivares de cebola de diferentes tipos e origens, baseada em marcadores AFLP. *Horticultura Brasileira* 29: 32-37.
- Sas institute. (2011) SAS 9.3 Output Delivery System: User's Guide. Cary, NC: SAS institute.
- Scapim, C.A., Carvalho, C.G.P., Cruz, C.D. (1995) Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30, 683-686.
- Scott, A., Knott, M. (1974) Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. *Biometrics*. 30(3): 507-512.

- Shapiro, S. S., WILK, M. B. (1965) an analysis of variance test for normality (complete sample). *Biometrika*, Great Britain, 52(3): 591-611.
- Silva, P.R. da., Bisognin, D.A., Locatelli, A.B., Storck, L. (2014) Adaptability and stability of corn hybrids grown for high grain yield. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 36: 75-181.
- Smith, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7,240-250.
- Solomon, K.F., Martin, I., Zeppa, A. (2012) Genetic effects and genetic relationships among shrunken (*sh2*) sweet corn lines and F1 hybrids. *Euphytica*. 185: 385-394.
- Souza, R.S., Vidigal Filho, P.S., Scapim, C.A., Marques, O.J., Queiroz, D.C., Okumura, R.S., Reche, D.L., Cortinove, V.B., (2013). Qualidade e produtividade do milho-doce em diferentes populações de plantas. *Semina: Ciências Agrárias*, 34(3): 995-1010.
- Sprague, G.F., Tatum, L.A. (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of the American Society of Agronomy*. 34(10): 923-932.
- Spearman, C. (1904). "General intelligence" objectively determined and measured. *American Journal of Psychology*, 15: 201-293.
- Statsoft, inc. Statistica (data analysis software system), version 7. São Caetano do Sul: copyright statsoft, 2004.
- Steel, R. G. D., Torrie, J. H. (1980) Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 2. ed. New York: McGraw-Hill, 633 p.

- Sturion, J. A., Resende, M.D.V. (2004) Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo,50: 3-10.
- Teixeira, F. F., Mianda, R., Paes, M. C. D., De Sousa, S. M., Gama, E. E. G. (2013) Melhoramento do milho-doce. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo.
- Teixeira, F.F., Sousa, I.R.P., Gama, E.E.G, Pacheco, C.A.P., Parentoni, S.N., Santos, M.X., MEIRELLES, W.F. (2001) Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce. Ciência e Agrotecnologia 25: 483-488.
- Torres, F.E., Teodoro, P.E., Sagrilo, E., Ceccon, G., Correa, A.M. (2015) Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. Bragantia, 74: 255-260.
- Tosse, D.E.T.; Calstodi, R.; Candido, W. D. S.; Ferraudo, A.S.; Charlo, H. C.O.; Braz, L.T.(2015) Caracterização de genótipos de soja-hortaliça por análise de componentes principais. Ciência Rural, 45(7).
- Tracy, W.F., (2001) Sweet corn. In: Hallauer AR (ed) Specialty corn. Boca Raton,155-198.
- Tracy, W.F. Sweet Corn. In: Hallawer, A. R. (1994) New York: Specialtry Corns. CRC Press, 147-187.
- Tracy, W.F. Sweet Corn. In: Hallawer, A. R. (1994) New York: Specialtry Corns. CRC Press, 147-187.
- Troyer, A.F. (1996) Breeding widely adapted, popular maize hybrids. Euphytica. 92:163-174.
- USDA. United States Department of Agriculture. (2010) <http://usda.mannlib.cornell.edu/MannUsda/viewDocumentInfo> em 15/10/2017.

- Vayego, S. A., Dionello, N. J. L., Figueiredo, E. A. P. (2008) Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Piracicaba, 37(7):1230-1235.
- Vianna, V. F., Unêda-Trevisoli, S. H., Desidério, J. A., Santiago, S., Charnai, K., Ferreira Júnior, J. A., Ferraudo, A. S., Mauro, A. O. (2013) The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. *Afr. J. Agric. Res*, 8: 4162-4169.
- Willians, J.S. (1962) the evaluation of a selection index. *Biometrics*, North Carolina, 8: 375-393.
- Wolf, J., Duchateau, L., Schrevers, E. (2008) Dealing with source of variability in the data-analysis of phenotyping experiments with transgenic Rice. *Euphytica*, 160: 325-337.
- Worrajinda, J., Lertrat, K., Suriharn, B. (2013) Combinig ability of super sweet corn inbred lines with diferente ear sizes for ear number and whole ear weight. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*. 45(3): 468-477.

APÊNDICE

Tabela 1A. Descrição dos 92 híbridos simples dialélicos, quatro populações e dos quatro híbridos interpopulacionais nos experimentos quanto à base genética, Campos dos Goytacazes e Itaocara - RJ, safra 2015.

Identificação	Cruzamento	Base Genética	Identificação	Cruzamento	Base Genética
1	SH ₂ 113 X SH ₂ 140	Híbrido simples	51	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 140	Híbrido simples
2	SH ₂ 113 X SH ₂ 134	Híbrido simples	52	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 134	Híbrido simples
3	SH ₂ 113 X SH ₂ 137	Híbrido simples	53	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 137	Híbrido simples
4	SH ₂ 113 X SH ₂ 136	Híbrido simples	54	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 136	Híbrido simples
5	SH ₂ 113 X SH ₂ 139	Híbrido simples	55	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 139	Híbrido simples
6	SH ₂ 113 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples	56	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples
7	SH ₂ 113 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples	57	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples
8	SH ₂ 113 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples	58	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples
9	SH ₂ 113 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples	59	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples
10	SH ₂ 113 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples	60	SH ₂ 8HS 101 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples
11	SH ₂ 116 X SH ₂ 140	Híbrido simples	61	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 140	Híbrido simples
12	SH ₂ 116 X SH ₂ 134	Híbrido simples	62	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 134	Híbrido simples
13	SH ₂ 116 X SH ₂ 137	Híbrido simples	63	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 137	Híbrido simples
14	SH ₂ 116 X SH ₂ 136	Híbrido simples	64	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 136	Híbrido simples
15	SH ₂ 116 X SH ₂ 139	Híbrido simples	65	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 139	Híbrido simples
16	SH ₂ 116 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples	66	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples
17	SH ₂ 116 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples	67	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples
18	SH ₂ 116 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples	68	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples
19	SH ₂ 116 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples	69	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples
20	SH ₂ 116 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples	70	SH ₂ 8HS 107 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples
21	SH ₂ 111 X SH ₂ 140	Híbrido simples	71	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 140	Híbrido simples

Tabela 1A. Cont.

Identificação	Cruzamento	Base Genética	Identificação	Cruzamento	Base Genética
22	SH ₂ 111 X SH ₂ 134	Híbrido simples	72	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 134	Híbrido simples
23	SH ₂ 111X SH ₂ 137	Híbrido simples	73	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 137	Híbrido simples
24	SH ₂ 111 X SH ₂ 136	Híbrido simples	74	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 136	Híbrido simples
25	SH ₂ 111 X SH ₂ 139	Híbrido simples	75	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 139	Híbrido simples
26	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples	76	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples
27	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples	77	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples
28	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples	78	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples
29	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples	79	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples
30	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples	80	SH ₂ 8HS 100 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples
31	SH ₂ 111 X SH ₂ 136	Híbrido simples	81	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 140	Híbrido simples
32	SH ₂ 111 X SH ₂ 139	Híbrido simples	82	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 134	Híbrido simples
33	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples	83	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 137	Híbrido simples
34	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples	84	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 136	Híbrido simples
35	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples	85	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 139	Híbrido simples
36	SH ₂ 111 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples	86	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples
37	SH ₂ 120 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples	87	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples
38	SH ₂ 120 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples	88	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples
39	SH ₂ 120X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples	89	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples
40	SH ₂ 120 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples	90	SH ₂ 8HS 109 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples
41	SH ₂ 119 X SH ₂ 140	Híbrido simples	91	SH ₂ 8HS 108 X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples
42	SH ₂ 119 X SH ₂ 134	Híbrido simples	92	SH ₂ 8HS 108 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples
43	SH ₂ 119X SH ₂ 137	Híbrido simples	93	SDS SH2 CIMMYT	População

Tabela 1A. Cont.

Identificação	Cruzamento	Base Genética	Identificação	Cruzamento	Base Genética
44	SH ₂ 119 X SH ₂ 136	Híbrido simples	94	SDS SH2 PIRANÃO	População
45	SH ₂ 119X SH ₂ 139	Híbrido simples	95	SDS SH2 8HS CIMMYT	População
46	SH ₂ 119 X SH ₂ 8HS 128	Híbrido simples	96	SDS SH2 8HS PIRANÃO	População
47	SH ₂ 119 X SH ₂ 8HS 125	Híbrido simples	97	SDS SH28HS CIMMYT x SDS SH2 8HS PIRANÃO	Híbrido interpopulacional
48	SH ₂ 119 X SH ₂ 8HS 177	Híbrido simples	98	SDS SH28HS CIMMYT x SDS SH2 PIRANÃO	Híbrido interpopulacional
49	SH ₂ 119X SH ₂ 8HS 129	Híbrido simples	99	SDS SH2 CIMMYT x SDS SH2 PIRANÃO	Híbrido interpopulacional
50	SH ₂ 119 X SH ₂ 8HS 130	Híbrido simples	100	SDS SH2 CIMMYT x SDS 8HS PIRANÃO	Híbrido interpopulacional