

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**REML/BLUP PARA PREDIÇÃO DE VALORES
GENOTÍPICOS DE TOPCROSSES E SELEÇÃO DE
TESTADORES EM MILHO**

Flávia Alves Marques da Silva

Engenheira Agrônoma

2016

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**REML/BLUP PARA PREDIÇÃO DE VALORES
GENOTÍPICOS DE TOPCROSSES E SELEÇÃO DE
TESTADORES EM MILHO**

Flávia Alves Marques da Silva

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Mouro

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de plantas).

2016

Silva, Flávia Alves Marques da
S586r REML/BLUP para predição de valores genotípicos de topcrosses e
seleção de testadores em milho / Flávia Alves Marques da Silva. --
Jaboticabal, 2016
iii, 57 p. : ; 29 cm

Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016
Orientador: Gustavo Vitti Môro
Banca examinadora: Sandra Helena Uneda-Trevisoli, Ivana Marino
Barbaro-Torneli
Bibliografia

1. *Zea mays* L. 2. Modelos mistos. 3. Linhagens endogâmicas. 4.
Estrutura genética. 5. Híbridos. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.15

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação – UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

FLÁVIA ALVES MARQUES DA SILVA – Filha de Darlene Alves da Silva e Walter Marques da Silva Júnior, nasceu em 06 de setembro de 1990, em Ribeirão Preto-SP. Ingressou no curso de Agronomia na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias UNESP Câmpus de Jaboticabal (FCAV/UNESP), no ano de 2009. Durante a graduação participou de vários cursos complementares e congressos na área de agronomia. Estagiou no Departamento de Produção Vegetal da FCAV na área de Fitotecnia, onde realizou trabalhos com culturas de cereais, principalmente milho e arroz, e desenvolveu o trabalho de conclusão de curso defendido no ano de 2013. Cumpriu o estágio curricular obrigatório na FMC Química do Brasil, em Piracicaba-SP, no segundo semestre de 2013, trabalhando com a cultura da cana-de-açúcar. Obteve o título de Engenheira Agrônoma em fevereiro de 2014, e no mesmo semestre atuou como auxiliar administrativo safrista para a Cargill Agrícola, na cidade de Jaboticabal-SP. Ingressou em Agosto de 2014 no curso de Pós-Graduação, nível de Mestrado, em Agronomia no programa de Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias UNESP Câmpus de Jaboticabal (FCAV/UNESP), trabalhando na área de melhoramento clássico com a cultura do milho, sendo bolsista da CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e tendo como orientador o Prof. Dr. Gustavo Vitti Mouro. Em 2015 elaborou e ministrou o minicurso intitulado Melhoramento Clássico de Alógamas no XI Curso de Inverno de Genética, sendo uma das autoras do capítulo de mesmo título, no livro Tópicos Especiais em Genética Aplicada – volume 2. No mesmo ano participou do projeto de extensão Genética na Escola, que visa transmitir através de aulas conceitos de genética a alunos do ensino médio, aproximando a comunidade e a universidade. Ainda em 2015 foi uma das palestrantes do VIII SEAGRO no Centro Universitário da Fundação Educacional de Barretos (UNIFEB) com a apresentação intitulada Melhoramento Clássico de Alógamas. Finalizou a dissertação em Fevereiro de 2016, obtendo o título de Mestre em Agronomia com ênfase em Genética e Melhoramento de Plantas.

DEDICATÓRIA

Aos meus pais Darlene Alves da Silva e Walter Marques da Silva Júnior

Aos meus avós Eunice Amadeu Alves da Silva e Dirceu Alves da Silva

A meu tio Dirceu Alves da Silva Júnior

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por guiar meu caminho, sempre indicando a melhor direção a ser seguida.

Aos meus pais, Darlene e Walter, minha gratidão e amor eterno, por toda a dedicação, carinho e confiança.

Aos meus avós, Eunice e Dirceu, e ao meu tio, Dirceu Jr., por todo apoio e compreensão. Aos demais familiares pelas boas energias.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro, por toda a atenção, ensinamentos e competência.

À Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus de Jaboticabal, e ao Departamento de Produção Vegetal, em especial ao Setor de Melhoramento, pelas oportunidades e experiências proporcionadas.

Aos funcionários do Departamento, pelo auxílio na execução dos experimentos e dos processos administrativos.

Aos professores do programa de Genética e Melhoramento de Plantas, por toda instrução e conhecimento transmitidos.

Aos membros da banca examinadora, pela disponibilidade e pelas valiosas contribuições para esse trabalho.

Aos amigos do Departamento de Produção Vegetal e demais colegas da pós-graduação pelo companheirismo durante esses anos em Jaboticabal.

Aos membros do Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Milho (NEGEMM), Camila, Lucas, Sophia, Marcela, Rodolfo, Gustavo, Carlos G., Carlos C., Kian, Kauê e Eduardo, pela amizade e crescimento profissional. À Elba.

Aos meus grandes amigos Leonardo, Maryna, Marina, Juliana, Mariana, Luis Affonso e Mirela por estarem sempre presentes nas horas boas e ruins.

Às minhas eternas vizinhas Jaqueline, Leticia, Flávia, Daniela, Denise e Juliana por todos os momentos de alegria e risos soltos.

Às amigas e conterrâneas Ana, Stephanie, Mara, Maria Clara, Claudia e Carolina, pela sincera amizade.

A todos que de alguma maneira contribuíram para que essa fase da vida fosse tão abençoada e especial.

MUITO OBRIGADA!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	ii
ABSTRACT	iii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Importância Econômica do Milho	3
2.2. O Melhoramento Genético e o Milho Híbrido	4
2.3. Obtenção e Avaliação de Linhagens.....	8
2.4. Seleção de Testadores	10
2.5. Modelos Mistos e o Método REML/BLUP	13
3. MATERIAL E MÉTODOS	16
3.1. Material Genético	16
3.2. Desenvolvimento Experimental.....	16
3.3. Caracteres Avaliados	17
3.4. Análises Estatísticas	18
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	22
4.1. Análises de Variância Individuais.....	22
4.2. Análises de Variância Conjuntas.....	23
4.3. Médias Fenotípicas e Predição dos Valores Genotípicos	25
4.4. Avaliação da confiabilidade do Método REML/BLUP.....	29
5. CONCLUSÕES	48
6. REFERÊNCIAS.....	49

REML/BLUP PARA PREDIÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS DE TOPCROSSES E SELEÇÃO DE TESTADORES EM MILHO

RESUMO – Nos programas de melhoramento de milho, a avaliação das linhagens em cruzamentos é uma etapa de alto custo, sendo que o uso e a escolha dos testadores mais adequados podem reduzir a demanda de recursos. Assim, o objetivo desse trabalho foi utilizar a abordagem REML/BLUP de modelos mistos para predição de valores genotípicos de topcrosses, combinando testadores com estruturas genéticas diversificadas. Foram avaliados 234 topcrosses (39 linhagens x 6 testadores), no ano agrícola 2012/13, no delineamento experimental de blocos ao acaso para o caráter produtividade de grãos de milho ($t\ ha^{-1}$), altura de plantas (cm) e acamamento e quebramento de plantas (%). Foram realizadas análises de variância e, com as médias fenotípicas dos topcrosses, obteve-se os valores dos BLUPs considerando diferentes níveis de eliminação de testadores. Para verificar a eficiência dos BLUPs foram estimadas as correlações entre as médias fenotípicas e os valores genotípicos preditos com diferentes números e combinação de testadores, bem como os coeficientes de determinação, a coincidência no ordenamento dos topcrosses para seleção e descarte, com 10 e 20% de intensidade, e classificações dos topcrosses quanto à média fenotípica. O método de REML/BLUP se mostra adequado na predição dos valores genotípicos dos topcrosses nas situações com todos os testadores e com diferentes níveis de eliminação de testadores, com resultados variados em função das diversas combinações obtidas, para todos os caracteres avaliados. É possível estipular um padrão quanto à origem e estrutura genética dos testadores mais recomendados para cada caráter e, considerando todos, é observada uma boa precisão experimental a partir do nível com conjuntos formados por 3 testadores, independente da origem dos constituintes. A predição genotípica, através do REML/BLUP, auxilia na seleção de testadores, sendo que o número de testadores utilizados tem maior influência do que a origem e estrutura dos mesmos.

Palavras-chave: Estrutura genética, híbridos, linhagens endogâmicas, modelos mistos, *Zea mays* L.

REML/BLUP FOR THE PREDICTION OF TOPCROSS GENOTYPIC VALUES AND SELECTION OF TESTERS IN CORN

ABSTRACT – In maize breeding programs the evaluation of lines at crosses is a costly step, and the use and the choice of the most appropriate testers can reduce the demand for resources. The objective of this work was to use the REML/BLUP approach of mixed models to predict genotypic values of topcrosses using testers with diverse genetic structures. Were evaluated 234 topcrosses (39 lines x 6 testers) in the agricultural year of 2012/13, under the experimental design of randomized blocks for the traits as grain yield ($t\ ha^{-1}$), plant height (cm) and lodging and breakage of plants (%). Analyses of variance were conducted, and with the phenotypic means of topcrosses were obtained BLUPs values considering different levels of elimination of the testers. In order to check the efficiency of BLUPs, the correlations were estimated between the average phenotypic and the genotypic predicted values with different numbers and combination of the testers, as well as the coefficients of determination, the coincidence in the ranking of topcrosses for selection and discard, with 10 and 20% of intensity, and the classification of the topcrosses as to the phenotypic average. The method of REML/BLUP shown adequate to predict the genotypic values of topcrosses in situations with all testers and with different levels of testers elimination, with varying results depending on the various combinations obtained for all traits. Is possible to set a standard as to the origin and genetic structure of the most recommended testers for each trait, and considering all, a good experimental precision is observed from level with joint formed by three testers, regardless of the origin of the constituents. The genotype prediction, by REML/BLUP, assists in the selection of testers, and the number of testers used has greater influence than the origin and structure of the same.

Keywords: Genetic structure, hybrids, inbred lines, mixed models, *Zea mays* L.

1. INTRODUÇÃO

Nos últimos 50 anos, o melhoramento genético de plantas contribuiu com mais da metade do incremento na produtividade das principais culturas de importância agrônômica (BORÉM; MIRANDA, 2009). Essa contribuição também ocorreu para o milho, cultura de destaque entre as espécies graníferas no Brasil por apresentar a segunda maior produção (83 milhões de toneladas) e área cultivada (15 milhões de hectares), com um aumento expressivo de seu rendimento devido à utilização de híbridos (CONAB, 2016). O milho híbrido expressa seu máximo potencial quando são combinadas linhagens endogâmicas que produzem cruzamentos com elevada heterose (GUIMARÃES et al., 2012), assim, a escolha adequada das linhagens parentais leva ao sucesso dos programas de melhoramento.

O principal desafio da etapa de avaliação de linhagens é o grande número de cruzamentos a ser avaliado em campo. Na tentativa de solucionar esta dificuldade, o método de topcross foi proposto, para a otimização deste processo e redução de tempo e recursos (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000; SCAPIM et al., 2008). Este método consiste no cruzamento de um conjunto de linhagens com um testador comum, posterior avaliação das progênes em experimentos comparativos e, com base nestes resultados, descarte das linhagens que originaram os cruzamentos menos promissores. Apesar das facilidades que a avaliação das linhagens em topcross propicia, a escolha correta dos testadores a serem utilizados é um tema bastante discutido (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000; ALVES, 2006; LI, et al., 2006; LÜDERS, et al., 2007; BARRETO, et al., 2012; RODOVALHO, et al., 2012; GUIMARÃES et al., 2012; CLOVIS, et al., 2015).

A seleção do testador ideal depende dos objetivos dos programas de obtenção de híbridos, e a escolha geralmente é feita considerando: a base genética, a capacidade de combinação, o número de testadores utilizados, o rendimento per se, o grau de parentesco com as linhagens utilizadas e a frequência de alelos favoráveis (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000; DUARTE; FERREIRA; NUSS, 2003; SCAPIM et al., 2008; GUIMARÃES et al., 2012). Contudo, independentemente dos

objetivos específicos do programa, todo testador deve combinar simplicidade de uso, geração de informações que classifiquem de forma correta as linhagens e maximização do ganho genético (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988, SCAPIM, et al., 2008). Em uma mesma população o uso de diferentes testadores resulta em diferentes médias dos cruzamentos e, quando se escolhe testadores que sejam adequados, estes resultados passam a ser utilizados como uma importante ferramenta na seleção de linhagens contrastantes (LI et al., 2006; BERNARDO, 2010).

O elevado número de possíveis cruzamentos entre as linhagens resulta em uma grande quantidade de genótipos para serem avaliados em campo, o que pode ser inviável. Trabalhos com dados desbalanceados são uma alternativa eficiente na tentativa de otimizar os recursos dos programas, e os métodos REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction*) de modelos mistos propiciam bons resultados nesse contexto (BORGES et al., 2010; FRITSCHÉ-NETO et al., 2010). O método gera estimativas da variância genética e predição dos valores genotípicos, contornando a execução de cruzamentos, permitindo ainda a exploração dos dados dos parentais na comparação de genótipos (BERNARDO, 2010). Essa técnica já é amplamente utilizada no melhoramento animal, em espécies florestais e perenes, contudo, pesquisas com dados desbalanceados em culturas anuais ainda estão sendo explorados (FRITSCHÉ-NETO et al., 2010; REGITANO NETO et al., 2013; PIMENTEL et al., 2014; PEREIRA et al., 2016).

Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi utilizar a abordagem de REML/BLUP para a predição de valores genotípicos dos topcrosses com diferentes combinações de testadores quanto à origem e número, com o intuito de reduzir a quantidade de testadores e otimizar a avaliação de linhagens de milho no processo de produção de híbridos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância Econômica do Milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma planta pertencente à família *Poaceae*, originado nas Américas, tendo o país do México como seu principal centro de origem. Acredita-se que o milho tenha sido cultivado por antigas civilizações americanas desde o ano 5.000 a. C. e, com o tempo, foi elevando seu grau de domesticação, sendo atualmente uma cultura que não se reproduz em condições naturais, ou seja, sem a interferência humana. No período das grandes navegações a cultura foi disseminada para os demais continentes e passou a ser desenvolvida nos mais diversos ambientes, devido principalmente à alta variabilidade genética que possui (BORÉM, 2013).

Os diversos usos deste cereal, que serve de matéria prima para obtenção de mais de 3.500 subprodutos, consiste em um dos indicativos de sua importância para o mercado a nível mundial. A maior parte dos grãos é destinada à nutrição animal, com ênfase no setor de monogástricos, principalmente suínos e aves, contudo, o milho possui diversos outros usos como produção de compostos químicos para as indústrias, biocombustíveis e é também a base para alimentação humana em alguns países (USDA, 2016; FORNASIERI FILLHO, 2007). O grão é considerado altamente energético, devido ao predomínio de carboidratos e lipídios em sua composição, entretanto há uma grande variação de genótipos, de decorrência natural e devido às técnicas de melhoramento, que propicia alterações nos níveis dos componentes nutricionais (PAES, 2006).

Diante da diversidade de usos e alta demanda para suprir o mercado, o milho é atualmente o cereal mais produzido no mundo. Dentre os principais produtores os Estados Unidos assume primeira posição com cerca de 361 milhões de toneladas, seguido pela China com 216 milhões de toneladas e, em terceiro no rank, o Brasil com 85 milhões de toneladas de grãos. O Brasil também se encontra como segundo maior país exportador da cultura, sendo ultrapassado apenas pelos Estados Unidos, que em termos de área cultivada com milho possui uma extensão duas vezes maior que a nacional (USDA, 2016). Dos aproximados 15 milhões de hectares esperados para a safra brasileira de 2015/16, 36% são destinados à primeira safra e os 64%

restantes à segunda safra, que vêm apresentando ao longo dos anos menor e maior produção nacional, respectivamente (CONAB, 2016).

No Brasil a produção de milho segunda safra vem superando a de primeira safra no ano agrícola de 2015/16, com valores próximos a 54 milhões de toneladas e 28 milhões de toneladas, respectivamente. Os estados mais produtivos variam de acordo com o tipo de safra avaliada, sendo, em ordem decrescente, os maiores produtores de milho primeira safra Rio Grande do Sul, Minas Gerais e Paraná e de milho segunda safra Mato Grosso, Paraná e Mato Grosso do Sul. Na região sudeste, o estado de São Paulo assume a posição de segundo maior produtor, sendo que a produção da primeira safra é de aproximadamente 2 milhões de toneladas e é superior a segunda safra, com 1,7 milhões de toneladas, o que contradiz o cenário da cultura a nível nacional. Considerando a produção total de milho, dada pela soma dos volumes obtidos na primeira e segunda safra, estima-se que o estado de São Paulo também detenha a segunda maior produtividade da região sudeste, na safra 2015/16. (CONAB, 2016).

Previsões para a safra 2015/16 indicam que o consumo de grãos seja superior a sua produção e, apesar do grande potencial produtivo da cultura, que chega a uma média de 10 toneladas por ha⁻¹ nos Estados Unidos, a média brasileira ainda é considerada baixa, sendo em torno de metade da americana (CONAB, 2016; FAO, 2016). Na tentativa de aumentar a produtividade, os programas de melhoramento esforçam-se para desenvolver genótipos com características mais favoráveis e com melhores desempenhos. A cada ano são lançados no mercado novos materiais, com intuito de aumentar o volume produzido e atingir a demanda da cultura. Para Santos et al. (2002) o uso de sementes híbridas proporciona avanços no segmento, contudo, a recomendação de híbridos mais adequados a cada sistema de cultivo e ambiente é de suma importância para os produtores obterem bons resultados.

2.2. O Melhoramento Genético e o Milho Híbrido

O melhoramento genético de plantas tem por objetivo o desenvolvimento de cultivares que atendam as necessidades do homem, em certo momento e local. Para Carrer, Barbosa e Ramiro (2010) as estimativas de crescimento populacional

indicam que, até o ano de 2050, a população mundial passará a nove bilhões de habitantes, tornando um grande desafio o desenvolvimento de tecnologias capazes de prover alimentos para todos, com máxima conservação dos recursos naturais. Juntamente com as práticas culturais o melhoramento busca maximizar a produtividade, com o uso de cultivares melhoradas. O desenvolvimento de cultivares híbridas, ou híbridos de milho, que apresentam superioridade na produtividade em relação às variedades, vem sendo uma forma de incrementar essa variável. Para Bueno, Mendes e Carvalho (2006) o sucesso do milho híbrido pode ser considerado como a mais importante contribuição ao bem estar da humanidade, até agora produzida.

No início do século XX os estudos desenvolvidos por Shull (1908, 1909, 1910), demonstraram a existência do vigor híbrido e a conceituação de endogamia e heterose. Nos resultados obtidos pelo autor o cruzamento de linhagens com elevado número de locos em homozigose dava origem a plantas mais uniformes e produtivas, num processo de recuperação de vigor. O método sugere a obtenção de sementes híbridas para produção comercial através de autofecundação de populações, obtenção de linhagens puras, cruzamento das linhagens e avaliação dos cruzamentos superiores para seleção dos melhores genótipos. Contudo, foram necessários quase 10 anos após estas descobertas, para que o trabalho desenvolvido por Jones (1918), na obtenção do milho híbrido duplo, permitisse maior viabilização do processo de produção de sementes e aceitação do uso de híbridos por parte dos produtores. A adoção de híbridos simples ocorreu posteriormente, com maiores progressos em relação à tecnologia agrícola, uma vez que os híbridos simples possuem maior custo de sementes, mas são extremamente responsivos a condições ideais de cultivo.

A heterose é a expressão genética dos efeitos da hibridação, ou seja, é a capacidade de um indivíduo desenvolver em alto grau suas funções vitais, com desempenho superior em relação aos parentais. A endogamia é o processo contrário, que leva à perda de vigor, por cruzamentos entre indivíduos aparentados ou pela autofecundação, que resultam em aumento de locos em homozigose e exposição dos alelos deletérios (RAMALHO et al., 2012; BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). Segundo Môro (2011) a descoberta do complexo endogamia-

heterose é considerada, ainda na atualidade, como a essência dos programas de melhoramento que visam à produção de sementes de milho híbrido.

No Brasil os trabalhos pioneiros no desenvolvimento de híbridos ocorreram por volta da década de 30, onde pesquisadores do Instituto Agronômico de Campinas, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz e Universidade Federal de Viçosa, como Krug, Paterniani e Viegas, criaram os primeiros híbridos nacionais e destinados à comercialização. A partir deste momento os avanços nos estudos com híbridos não pararam mais e as companhias particulares passaram a atuar não só no segmento produção como também no de desenvolvimento de sementes de milho híbrido no país (BORÉM, 2013). Nas últimas décadas, houve um aumento elevado na adoção de híbridos pelas principais regiões produtoras no Brasil (SANTOS et al., 2002). Segundo um levantamento realizado por Galvão et al. (2014), apenas 7,3% das cultivares de milho disponíveis no mercado são variedades de polinização aberta, o restante (92,7%) são híbridos simples (61%), triplos (21,5%) e duplos (10,2%). A hibridação é um método no melhoramento de plantas de extrema importância para o milho, pois permitiu progressos significativos para a cultura, em relação aos materiais anteriormente utilizados (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Além das vantagens que os híbridos proporcionam, a utilização de ferramentas da biotecnologia, como a transgenia, possibilitam um maior incremento do desempenho das cultivares, adicionando características específicas de forma rápida e eficiente (PARENTONI; MIRANDA; GARCIA, 2013). Define-se como transgênico um organismo que foi geneticamente modificado, através da tecnologia do DNA recombinante e que contém um gene pertencente a outro organismo diferente do seu (RAMALHO et al., 2012). Embora a adoção desta tecnologia seja relativamente recente no Brasil, desde 2008, seu impacto foi grande no mercado de sementes. Só nos primeiros cinco anos, 76% da área cultivada de milho já possuía materiais com algum evento transgênico e os principais são, em ordem de maior ocorrência: resistência a insetos, resistência combinada a insetos e herbicidas e resistência isolada a herbicidas (GALVÃO et al., 2014). Nos últimos anos há uma tendência dos materiais transgênicos serem, em maioria, híbridos simples de milho (Cruz; Pereira Filho; Queiroz, 2013).

Os híbridos são, por definição, progênies resultantes do cruzamento entre dois genitores geneticamente distintos, os quais podem ser variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas e até clones. Os híbridos, segundo Miranda Filho e Viégas (1978), podem ser classificados de acordo com o tipo de parentais envolvidos, podendo ser:

- a) Híbrido Simples: obtido do cruzamento de duas linhagens endogâmicas distintas, sendo mais produtivo e uniforme que os demais. O híbrido simples possui maior custo para produção de sementes e maiores exigências de cultivo
- b) Híbrido Simples Modificado: obtido do cruzamento de uma linhagem com um híbrido simples resultante do cruzamento de duas linhagens aparentadas. O híbrido simples modificado é um pouco menos uniforme e produtivo, porém tem menor custo de produção uma vez que o parental feminino é mais produtivo.
- c) Híbrido triplo: obtido do cruzamento de uma linhagem com um híbrido simples, formado por linhagens distintas. O híbrido triplo é um intermediário em termos de produção, uniformidade, exigências de cultivo e custo de sementes, sendo inferior ao híbrido simples e superior ao duplo.
- d) Híbrido triplo modificado: obtido do cruzamento de um híbrido simples com outro proveniente de linhagens aparentadas, de forma a tornar o parental masculino mais eficiente.
- e) Híbrido duplo: obtido do cruzamento de dois híbridos simples, ou seja, são utilizadas quatro linhagens distintas. É o de menor produtividade e uniformidade, mas apresenta baixo custo de produção de sementes e menores exigências de cultivo.
- f) Híbrido intervarietal: obtido do cruzamento de duas variedades, sendo o de maior variabilidade genética em relação aos demais, mas de menor uso devido a grande desuniformidade.

Tabela 1. Esquema de cruzamentos para obtenção dos diferentes tipos de Híbridos

Tipos de Híbridos	Parental feminino		Parental Masculino	Híbridos
Híbrido Simples	Linhagem _A	X	Linhagem _B	HS _{AB}
Híbrido Simples Modificado	Híbrido _(AA')	X	Linhagem _B	HSM _{(AA')B}
Híbrido triplo	Híbrido _(AB)	X	Linhagem _C	HT _{(AB)C}
Híbrido triplo modificado	Híbrido _(AB)	X	Híbrido _(CC')	HTM _{(AB)(CC')}
Híbrido duplo	Híbrido _(AB)	X	Híbrido _(CD)	HD _{(AB)(CD)}
Híbrido intervarietal	Variedade _A	X	Variedade _B	HV _{AB}

Na utilização de linhagens para produção de híbridos, a transmissão das características depende de fatores como a herança do caráter que está sendo transferido. Caracteres qualitativos, regulados por poucos genes e que apresentam alta herdabilidade, possuem maior correlação entre o desempenho das linhagens *per se* e de seus híbridos, do que os caracteres quantitativos que, por serem complexos e com reduzida herdabilidade geral, apresenta reduzida e até ausente correlação. Assim, para os caracteres com esse tipo de herança, é mais adequada a seleção das linhagens superiores com base nas avaliações de seus cruzamentos (MÔRO, 2011; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

2.3. Obtenção e Avaliação de Linhagens

Os métodos de obtenção de híbridos geram novas combinações, a partir de alelos já existentes na população, desta forma são extraídos os genótipos superiores existentes nesta. Assim, para obter híbridos de melhor desempenho, é preciso realizar o melhoramento das populações, com o intuito de aumentar a frequência de alelos favoráveis na mesma (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). São vários os métodos de melhoramento populacional, e após esta etapa as plantas da população são conduzidas à homozigose, por sucessivas autofecundações, dando origem às linhagens. Os genótipos das linhagens são facilmente reproduzidos, por meio de autofecundação e, desta forma, pode-se reproduzir o híbrido indefinidamente por meio do cruzamento das linhagens parentais (ALLARD, 1971).

A etapa de obtenção de linhagens é o processo mais oneroso e demorado dentro de um programa de melhoramento, que visa a produção de híbridos de milho. Os principais métodos de obtenção de linhagens são: o método padrão ou genealógico, método SSD (*Single Seed Descendent*) e o método de duplo haploides

(BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). Independente do método, a seleção de linhagens segregantes ocorre de forma que são descartadas as menos promissoras, a cada ciclo de cultivo. Já o potencial dos híbridos é avaliado apenas quando são obtidas as linhagens, ou seja, quando estas se encontram em elevado grau de homozigose, que pode demorar de seis a oito ciclos para acontecer (CANCELLIER, 2015).

As linhagens podem ser alocadas em grupos heteróticos de acordo com suas características. Os grupos heteróticos são conjuntos de plantas semelhantes, onde cruzamentos de plantas dentro de um mesmo grupo resultam em pouca heterose, porém cruzamentos de plantas entre grupos distintos apresentam elevada heterose. Assim, a máxima expressão de um híbrido, é verificada quando são utilizados parentais pertencentes a grupos heteróticos distintos e, quanto maior a divergência entre os grupos a que pertencem as linhagens, maior o vigor apresentado (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; FERREIRA et al., 1995).

Os programas de melhoramento, com foco no processo de hibridação, utilizam como critérios de seleção das linhagens as performances *per se* e os resultados dos cruzamentos que produzem híbridos com melhor rendimento. Essa aptidão das linhagens em transmitir caracteres superiores aos híbridos é chamada de capacidade combinatória e indica a quantidade de alelos favoráveis de uma linhagem para determinada característica (GIORGENON, 2015). A capacidade de combinação pode ser geral (CGC), quando se mede o comportamento médio de uma linhagem em uma série de combinações híbridas, ou específica (CEC), quando se trata de um cruzamento específico entre duas linhagens, sendo a CEC um desvio do comportamento esperado na CGC (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). A CGC é geralmente avaliada quando as linhagens se encontram em S_2 e S_3 , com a finalidade de descartar as linhagens com desempenho inferior, e a CEC é realizada quando se tem um maior avanço das gerações, e linhagens mais homozigóticas. A determinação da capacidade combinatória orienta os trabalhos para as linhagens que resultem em melhores híbridos, diminuindo de forma potencial os custos do programa de melhoramento (CANCELLIER, 2015).

As principais dificuldades na seleção das linhagens são depressão por endogamia acentuada, sendo necessário haver um nível mínimo de produtividade

para a utilização da linhagem como parental, e a falta de correlação entre a performance das linhagens e híbridos. Desta forma o principal desafio da avaliação de linhagens é o grande número de cruzamentos em campo que devem ser observados, sendo muitas vezes inviável a obtenção e avaliação de todos os híbridos (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000). Essa etapa se torna bastante demorada e onerosa para os programas de melhoramento, o que contribui para um aumento no valor agregado das sementes híbridas e, ao final do processo, redução da escolha destes materiais por parte de produtores menos técnicos (RAPOSO; RAMALHO, 2004; PATERNIANI et al., 2010).

Na tentativa de reduzir o trabalho com a seleção de linhagens, Davis (1927) propôs o método de topcross, no qual as linhagens obtidas são cruzadas com um testador comum e são avaliadas as progênies em experimentos comparativos com repetições. Guimarães et al. (2012) descreve como principais vantagens dessa metodologia a avaliação e identificação de híbridos superiores e separação das linhagens em grupos heteróticos. O topcross é um procedimento simples e menos trabalhoso que auxilia na escolha das linhagens eliminando as menos promissoras, resultando em racionalização de recursos e mão de obra e aumento da eficiência dos programas de desenvolvimento de híbridos. O método de topcross envolve a etapa de obtenção dos mesmos, em campos isolados, e avaliação desses híbridos em ensaios de competição (ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000).

2.4. Seleção de Testadores

Alves (2006) descreve que os cruzamentos dialélicos empregados para avaliação de linhagens tem reduzida praticidade, conforme maior a quantidade de materiais a serem avaliados. Assim, não é possível avaliar todas as combinações híbridas considerando um elevado número de linhagens, e estas passam a ser avaliadas por sua capacidade de combinação relativa, fazendo com que os melhoristas optem pelos cruzamentos com o uso de um testador comum. Com o método topcross, baseado na avaliação dos cruzamentos linhagem x testador, é possível simplificar o processo e minimizar dificuldades experimentais, sem que haja perdas das informações dos componentes de variância (BARRETO et al., 2012, DUARTE; FERREIRA; NUSS, 2003).

Contudo, apesar das facilidades que o método proporciona, a escolha dos testadores mais adequados é ainda uma tarefa árdua. A decisão varia de acordo com os objetivos do programa e considera aspectos que variam como: a frequência de alelos favoráveis, amplitude da base genética, capacidade de combinação geral ou específica, rendimento per se, número de testadores e grau de parentesco com os materiais avaliados (LI et al., 2006; DUARTE; FERREIRA; NUSS, 2003). Os testadores são normalmente linhagens elites, ou representados por híbridos simples, simples modificados e triplos, devido ao alto desempenho destes, possibilitando a obtenção de materiais com potencial de mercado e proporcionando predição do comportamento de possíveis híbridos triplos e duplos. As variedades de polinização aberta e híbridos duplos também são opções utilizadas, sem direcionar diretamente ao potencial da produção comercial.

De forma similar, Hallauer e Miranda Filho (1988) classificam os diferentes tipos de testadores conforme as descrições abaixo:

- a) Testador de base ampla: quando se utiliza a própria população, em que se obtêm estimativas da capacidade geral de combinação.
- b) Testador de base estreita: em que são utilizadas linhagens, sendo úteis para estimação da capacidade específica de combinação.
- c) Testador não elite: quando são utilizadas variedades em desuso ou locais.
- d) Testador elite: quando se utilizam materiais de elevado comportamento.
- e) Testador não correlacionado: quando se refere à população ou grupo diferente.
- f) Testador correlacionado: quando pertence à mesma população ou grupo de genótipos testados.

De forma geral, para serem considerados ideais, os testadores devem apresentar simplicidade de uso, geração de informações que classifique de forma correta o potencial relativo das linhagens e maximização do ganho genético, independente das intenções de cada programa (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; DUARTE; FERREIRA; NUSS, 2003). Contudo, há divergências nos estudos de seleção de testadores, quanto à escolha dos mais promissores para situações específicas e de acordo com o estágio de desenvolvimento do programa.

Quanto às capacidades de combinação, Vencovsky (1978) definiu que o uso de testadores de base genética ampla estima a CGC e de base restrita a CEC. Os testadores de base ampla são geneticamente heterogêneos e podem ser representados pelas variedades, tanto de polinização aberta como sintéticas. Os testadores de base restrita são populações mais selecionadas, portanto mais homogêneas, como é o caso das linhagens e híbridos simples (GIORGENON, 2015).

Para Smith (1986) e Hallauer, Carena e Miranda Filho. (2010) o melhor testador é aquele que possui menor frequência de alelos favoráveis. Esses resultados corroboram com Guimarães et al. (2012), que descrevem os genótipos homozigotos recessivos ou populações com maior concentração de alelos deletérios, como mais promissores na identificação das linhagens com maior frequência de alelos favoráveis. Em contra partida, o uso de testadores com elevada frequência de alelos favoráveis auxilia na identificação dos melhores cruzamentos, que apresentam alta CEC com os testadores.

O número de testadores a serem utilizados também é uma variável. Quanto maior o número de testadores, melhor é a precisão das estimativas de capacidade de combinação e, portanto, maiores os ganhos genéticos obtidos (CANCELLIER, 2015). Contudo, um maior número de testadores implica em um maior número de híbridos a serem testados, sendo preciso analisar o quão relevante são os ganhos obtidos em relação ao trabalho dispendido com a avaliação de um maior número de cruzamentos em campo. Li et al. (2006) comentam que são necessários pelo menos dois testadores para as avaliações de linhagens, considerando os principais caracteres de importância agrônômica. O uso de um número reduzido de testadores, nas análises iniciais e aumento destes conforme os progressos da seleção, é uma alternativa descrita por Cancellier (2015) para se obter maior precisão com menores quantidades de cruzamentos a serem avaliados a cada geração.

2.5. Modelos Mistos e o Método REML/BLUP

Os modelos lineares podem ser fixos, quando apresentam somente fatores de efeito fixo ou aleatório quando apresentam apenas fatores de efeito aleatório, excetuando-se a média que é sempre considerada fixa e o erro que é sempre aleatório. Assim, são chamados de modelos mistos aqueles que apresentam tanto fatores considerados fixos como aleatórios, além da média e do erro (FRITSCHENETO et al., 2010; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Na análise de modelos mistos, em relação à parte fixa, são estimados os valores dos efeitos fixos enquanto que na parte aleatória, são realizadas previsões dos efeitos dos mesmos (FRITSCHENETO, 2008).

O uso de modelos mistos já é uma técnica bastante difundida nos programas de melhoramento animal e também de espécies vegetais perenes (SILVA et al., 2014; RODRIGUES et al., 2013; VAYEGO; DIONELLO; FIGUEIREDO, 2008; COSTA et al., 2001; RESENDE; DIAS, 2000). Contudo, os estudos envolvendo essa modelagem para as espécies anuais, sobretudo em abordagens com dados desbalanceados, ainda estão em desenvolvimento (BORGES et al., 2010; FRITSCHENETO et al., 2010; PIMENTEL et al., 2014; PEREIRA et al., 2016). Os principais fatores que melhor explicam a adoção de modelos mistos, nos programas de melhoramento, são as situações de desbalanceamento causadas por limitações econômicas, redução do número de ambientes e recursos para avaliação de genótipos, perdas de indivíduos por parcela, diferenças nas quantidades de sementes utilizadas, número de repetições e os diversos tipos de delineamentos experimentais. A importância dos estudos utilizando dados desbalanceados é ressaltada por Marcelino e Lemma (2000), visto que os trabalhos na área de melhoramento vêm utilizando, em maioria, modelos que consideram unicamente os fatores de efeitos fixos com dados em situação de balanceamento.

O método conhecido como BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction* - melhor previsão linear não-viesado) foi proposto por Henderson (1975) como uma forma de previsão dos efeitos aleatórios, ajustando os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações por meio de modelos mistos. É uma alternativa com elevada acurácia para os trabalhos que envolvem conjuntos de dados desbalanceados, sendo, no entanto, aplicada também para dados em nível

balanceado (RESENDE, 2002). Cruz e Carneiro (2003) relatam que o BLUP é a união de dois outros métodos anteriores, o BP (*Best Prediction* – melhor predição) e BLP (*Best Linear Prediction* – melhor predição linear).

Outras vantagens que o método BLUP apresenta para o melhoramento vegetal são a estimação e predição não-viesada em único método, consideração dos efeitos da seleção e endogamia ao longo das gerações quando conhecidos os parentescos dos indivíduos, predição dos valores genéticos dos indivíduos com base ou não em observações, e redução de variâncias e erros em relação a outros métodos (WHITE; HODGE, 1989). No entanto, para uma boa eficiência, é necessário ter conhecimentos dos valores de variância e covariância dos efeitos aleatórios. Mas estes valores são, na prática, desconhecidos. Assim, na tentativa de sanar essa dificuldade o método REML (*Restricted Maximum Likelihood* - máxima verossimilhança restrita) estima os componentes da variância, considerados pelo BLUP, de forma fiel e sendo o mais recomendado para situações de desbalanceamento (BERNARDO, 2010). O uso de REML/BLUP passa a apresentar vantagens como melhor estimação e predição dos parâmetros genéticos e maior poder de discriminação entre genótipos (RESENDE, 2002).

O REML foi baseado no método de verossimilhança, mantendo as características de não ser viesado e de impor restrições de não negatividade, mas houve alterações realizadas com o intuito de utilizá-lo em qualquer tipo de análise de variância, fornecendo estimativas separadas para os efeitos fixos e aleatórios, o que possibilitou bons resultados em trabalhos com dados desbalanceados (BERNARDO, 2010). O método proposto por Patterson e Thompson (1971) apresenta como principais vantagens a estimação dos parâmetros genéticos de maneira não tendenciosa, consideração da covariância genética entre as observações e ponderação dos genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações. Devido as suas qualidades o REML é considerado mais eficaz que os métodos dos mínimos quadrados para a seleção de genitores, clones e famílias, com uso de informação do indivíduo e sua genealogia.

Nos trabalhos de Fritsche-Neto et al. (2010), Guimarães et al. (2010) e Arnhold et al. (2009) com a cultura do milho, assim como para Pinheiro et al. (2013) e Carvalho et al. (2000) utilizando como objeto de pesquisa a soja, os resultados

obtidos foram bastante favoráveis quanto ao uso do REML/BLUP. O método apresenta como uma das principais vantagens permitir bons resultados em trabalhos que apresentam heterogeneidade da variância, o que ocorre com frequência quando se utilizam dados desbalanceados (VALENTE, 2010). O REML/BLUP caracterizam modelos de alta precisão para diversas aplicações, sendo uma alternativa para substituição do método ANOVA, além de permitir trabalhos tanto em situação de dados balanceados como em desbalanceamento, auxiliando os estudos no melhoramento de culturas anuais (BORGES et al., 2010).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material Genético

Os topcrosses em estudo foram obtidos no ano agrícola 2011/12 pelo cruzamento de 39 linhagens endogâmicas (S_7) com 6 testadores distintos, em lotes isolados, com despendoamento manual das linhagens no momento do florescimento, totalizando um conjunto de 234 híbridos. As 39 linhagens endogâmicas foram utilizadas como genitores femininos e os testadores como genitores masculinos, na proporção de 4 linhas de fêmeas para 1 linha de macho, sendo respeitado nos campos o isolamento mínimo de 500 metros ou 30 dias do plantio entre os campos de testadores. Os 6 testadores utilizados foram denominados de A, B, C, D, E e F e diferem quanto à origem e estrutura genética. O testador B é uma variedade de polinização aberta, com base genética ampla e, os demais, são linhagens, com base genética restrita. Dos testadores de base restrita os testadores A, C, D e E foram obtidos de uma mesma população, enquanto F pertence a uma população diferente. Dos testadores de base restrita obtidos da mesma população, D e E foram originados da mesma planta inicial, divergindo apenas na geração seguinte de seleção com a abertura da genealogia, enquanto A e C foram obtidos de duas plantas diferentes da que originou D e E. O campo de avaliação dos topcrosses, para seleção das melhores linhagens, foi instalado no ano agrícola 2012/13.

3.2. Desenvolvimento Experimental

Os experimentos foram conduzidos na área experimental da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Câmpus de Jaboticabal – SP. O ambiente é situado na latitude de 21° 15' 22" S, longitude de 48° 18' 58" W, com altitude média de 615 m em área com Latossolo Vermelho-Escuro Eutrófico, A moderado e de textura muito argilosa. O clima da região, segundo classificação de Köppen, é considerado como Aw, tropical úmido com estação chuvosa no verão e seca no inverno.

O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com duas repetições de cada tratamento e parcelas constituídas de duas linhas de 5m de comprimento, com

espaçamento de 0,5 entre linhas e 36 plantas por parcela, correspondendo a uma população de aproximadamente 70.000 plantas ha⁻¹. A semeadura foi realizada mecanicamente e os tratos culturais como controle de insetos, doenças e adubação foram realizados conforme recomendado para a cultura do milho na região (CRUZ et al., 2009).

3.3. Caracteres Avaliados

Para todas as análises, o desempenho das linhagens foi avaliado com base nos resultados obtidos de seus cruzamentos, os híbridos topcrosses. Nas parcelas foram avaliados os seguintes caracteres:

Estande: obtido pela contagem do número de plantas por parcela na época de colheita.

Altura de plantas (cm): obtido pela distância mensurada entre o solo e a inserção da folha bandeira, avaliada em 10 plantas por parcela.

Acamamento e quebramento de plantas (%): obtido pela soma do número de plantas acamadas (inclinação menor que 45° em relação ao solo) e quebradas (colmo quebrado abaixo da espiga principal), com transformação para $\sqrt{X\% + 0,5}$ e correção para o estande por covariância.

Produtividade de grãos (t ha⁻¹): obtido pelo peso médio dos grãos em quilos por parcela, com posterior conversão em toneladas por hectare, corrigido para 13% de umidade e para o estande por covariância.

Umidade (%): obtida de uma amostra de grãos de cada parcela, utilizando medidor de umidade mini GAC®.

Os caracteres de estande e umidade foram utilizados apenas para a padronização dos dados, não sendo, portanto, considerado para as análises. Os caracteres produtividade de grãos e altura de plantas foram avaliados considerando

os 6 testadores, enquanto para acamamento e quebramento de plantas houve avaliação para 5 testadores, não sendo avaliados os cruzamentos com o testador D. Para este último caráter os valores da avaliação foram, em maioria, baixos e até mesmo nulos, sendo que os cruzamentos com o testador D não apresentaram valores relevantes de acamamento e quebramento de plantas para a obtenção dos BLUPs e demais análises, sendo portanto descartado.

3.4. Análises Estatísticas

Análises de Variância

Com os dados obtidos no experimento foram realizadas as análises de variância individuais, para cada um dos testadores, e conjunta, agrupando as médias de todos os testadores. Nos modelos estatísticos das análises individuais e conjunta, o efeito da linhagem foi considerado como aleatório e o dos testadores como fixo.

Para as análises de variância individuais foi adotado o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = m + l_{i(k)} + t_j + r_k + e_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} - valor da linhagem i no testador j e na repetição k ;

m - média geral do experimento;

$l_{i(k)}$ - efeito da linhagem i na repetição k ;

t_j - efeito do testador j ;

r_k - efeito da repetição k ;

e_{ijk} - erro experimental médio.

Para a análise de variância conjunta, foi utilizado o modelo matemático:

$$Y_{ij} = m + l_i + t_j + (lt)_{ij} + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} - valor da linhagem i no testador j ;

m - média geral ajustada dos experimentos;

l_i - efeito da linhagem i ;

t_j - efeito do testador j ;

$(lt)_{ij}$ - efeito da interação da linhagem i com o testador j ;

e_{ij} - erro associado à observação Y_{ij} .

Médias Fenotípicas e Predição dos Valores Genotípicos

Para a predição dos valores genotípicos dos topcrosses, o método REML/BLUP foi utilizado, baseado em Bernardo (2010), considerando os dados tanto das análises individuais para cada testador quanto da análise conjunta, pelo modelo:

$$y = Zg + Wt + e$$

Em que:

y - vetor de dados fenotípicos médios, de dimensão $n \times 1$, em que n é o número de observações que variou de 78 (4 testadores eliminados) até 234 (todos os testadores);

Z - matriz de incidência dos efeitos genotípicos, formada por valores 0 e 1, de dimensões $n \times 39$;

g - vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), de dimensões 39×1 ;

W - matriz de incidência, formada por valores de 0 e 1, de dimensões $n \times 6$;

t - vetor dos efeitos dos testadores (fixos), de dimensões 6×1 ;

e - vetor de erro de dimensões $n \times 1$.

Para o caráter acamamento e quebramento de plantas as alterações no modelo devido ao número de testadores foram em:

n , no número de observações que variou de 78 (3 testadores eliminados) até 195 (todos os testadores);

W , matriz de incidência formada por valores de 0 e 1, de dimensões $n \times 5$;

t , vetor dos efeitos dos testadores (fixos), de dimensões 5×1 .

Na análise conjunta foram considerados todos os testadores, mas também foram estimados os valores de BLUP para os conjuntos de dados com combinações de testadores diferentes, considerando em cada nível de eliminação de testadores, todas as combinações possíveis entre os testadores que permaneceram. Para os caracteres produtividade de grãos e altura de plantas, os níveis de eliminação de 1, 2, 3 e 4 testadores e, para o caráter acamamento e quebramento de plantas com eliminação de 1, 2 e 3 testadores.

Avaliação da Confiabilidade do Método REML/BLUP

Após a obtenção dos BLUPs, em todas as situações descritas anteriormente, foi realizada uma análise de correlação (r), por Pearson, comparando-se as médias fenotípicas obtidas nas análises de variâncias com os valores genotípicos estimados por REML/BLUP para todos os possíveis conjuntos, considerando todos os testadores e os diferentes níveis de eliminação destes. As correlações obtidas tiveram suas significâncias estimadas pelo teste t . A partir destas correlações foram obtidos os coeficientes de determinação (R^2), que consistem no quadrado dos coeficientes de correlação em cada situação.

Para confirmar a eficiência do REML/BLUP, foram obtidas as porcentagens de coincidências no ordenamento dos topcrosses comparando as médias fenotípicas obtidas na análise conjunta e os valores estimados dos BLUPs para todos os testadores e nos diferentes níveis de eliminação de testadores, verificando-se a coincidência tanto na seleção dos topcrosses superiores como no descarte dos inferiores. Foram utilizadas duas intensidades, de 10% e 20%, que correspondem à seleção ou descarte de 4 e 8 topcrosses, respectivamente. Com 10% de intensidade as porcentagens possíveis de coincidência dos topcrosses são 100%, 75%, 50%, 25% e 0%, equivalendo, respectivamente, a 4, 3, 2, 1 e 0 coincidentes e, para 20% de intensidade, as porcentagens possíveis são 100%, 88%, 75%, 63%, 50%, 38%, 25%, 13% e 0%, correspondendo a 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 1 e 0 topcrosses coincidentes, respectivamente. Adicionalmente, os topcrosses foram ordenados pela média fenotípica da análise conjunta, identificando-se os topcrosses de maior e menor

média. Posteriormente, nos diferentes níveis de remoção de testadores verificou-se o rank que esses dois topcrosses ocuparam pela estimativa do BLUP.

A seleção foi realizada no sentido de se obter aumento da produtividade de grãos e redução na altura de plantas e no acamamento e quebramento de plantas. Este critério foi estipulado com base na tendência dos programas de melhoramento de milho atuais, que desde as últimas décadas vêm buscando genótipos compactos, com menor número de plantas acamadas e quebradas e, também, maiores produtividades (SANGOI, 2000).

Todas as análises foram realizadas utilizando o software Statistical Analysis System (SAS) versão 9.3 (SAS INSTITUTE, 2011). Para a análise de variância foi utilizado o GLM procedure (PROC GLM), para a obtenção dos valores estimados por REML/BLUP o MIXED procedure (PROC MIXED) e, para a correlação, o CORR procedure (PROC CORR).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de Variância Individuais

Nas análises individuais os resultados obtidos pelo teste F foram diferentes para cada caráter avaliado (Tabelas 2, 3 e 4). Para a produtividade de grãos as diferenças das linhagens não foram significativas, com exceção dos testadores C ($p \leq 0,01$) e F ($p \leq 0,05$), que foram significativos. Para o caráter altura de plantas foram constatadas diferenças altamente significativas (A, B, C, E e F) e significativa (D), indicando que pelo menos uma linhagem diferiu das demais nos cruzamentos com cada testador. No caráter acamamento e quebramento de plantas houve, para as linhagens, diferenças altamente significativas para os testadores A e B, diferença significativa para C e F e não significativa para E.

Considerando as médias dos topcrosses para cada um dos testadores, o caráter produtividade de grãos apresentou variação entre as médias de $9,45 \text{ t ha}^{-1}$ (E) a $11,19 \text{ t ha}^{-1}$ (B), sendo que nos testadores A, B e C esses valores foram superiores à média da análise conjunta. Para altura de plantas a variação dentre as médias foi de $218,72 \text{ cm}$ (F) a $246,69 \text{ cm}$ (B), com os testadores A, E e F apresentando média dos topcrosses inferior à da análise conjunta. O caráter acamamento e quebramento de plantas apresentou, entre os testadores, médias que variaram de $1,20\%$ (B) a $1,72\%$ (C), sendo que os testadores A, B e F obtiveram valores inferiores à média da análise conjunta. Com base nesses dados foi constatado que os topcrosses, referentes aos cruzamentos com o testador A, apresentaram simultaneamente médias de maior produtividade de grãos, menor altura de plantas e acamamento e quebramento de plantas, em comparação com a média obtida na análise de variância conjunta (Tabelas 2, 3 e 4). Para Sangoi (2000) há uma tendência nos programas de melhoramento em desenvolver genótipos com plantas de menor estatura, que permitam cultivos mais adensados, reduzindo o número de plantas tombadas e aumentando a produtividade de grãos.

Os coeficientes de variação experimental, do caráter produtividade de grãos, foram inferiores a 15% para todos os testadores, variando entre $8,80\%$ (B) a $14,51\%$ (E). Como o caráter é bastante complexo, existe maior influência dos fatores não controlados, ainda assim os valores obtidos do coeficiente de variação se mostraram

adequados (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). O caráter altura de plantas apresentou coeficientes de variação experimental entre 2,24% (E) e 3,54% (D), classificado por SCAPIM, CARVALHO e CRUZ (1995) como um valor baixo, estando adequado à característica, que tem menor complexidade e foi, portanto, a que apresentou os menores valores deste parâmetro. Para o acamamento e quebramento de plantas, os coeficientes de variação experimental variaram de 29,82% (B) a 45,63% (C), sendo este um caráter complexo muito influenciado pelos fatores genéticos e ambientais. Lima et al. (2006) relatam que a magnitude do coeficiente pode estar relacionada com médias baixas, formadas por valores reduzidos ou até mesmo nulos apresentados pelo caráter. Em função da natureza do caráter, tem-se uma variação drástica nos resultados e essa desuniformidade das médias contribuem para maiores coeficientes de variação. Gomes et al. (2010) relatam que a avaliação por contagem de plantas é um método que pode ainda contribuir para aumentar o coeficiente de variação. Contudo, trabalhos com relação ao caráter indicam que os fatores mais influentes são as rajadas de vento e chuvas, que apresentam inconstância de ocorrências e, portanto, também contribuem para os elevados valores obtidos (EASSON; WHITE; PICKLES, 1993; BUENO et al., 2011).

4.2. Análises de Variância Conjuntas

Na análise conjunta, pelo teste F, foram detectadas diferenças significativas para as fontes de variação linhagens e testadores para todos os caracteres avaliados. Essas diferenças significativas indicam a existência de variabilidade genética das linhagens e diferença de pelo menos um dos testadores em relação aos demais. A interação linhagem x testador não foi significativa para produtividade de grãos, mas teve diferença significativa tanto para altura de plantas como para acamamento e quebramento de plantas. A não significância da interação indica que para o caráter produtividade de grãos o desempenho das linhagens foi semelhante nos cruzamentos com os diferentes testadores, enquanto a existência de significância indica diferença no comportamento de pelo menos uma das linhagens nos diferentes cruzamentos (Tabelas 2, 3 e 4).

A produtividade de grãos apresentou média geral de 10,43 t ha⁻¹ e coeficiente de variação experimental de 11,34% (Tabela 2). Para a altura de plantas a média geral foi de 233,07 cm e o coeficiente de variação foi de 2,90% (Tabela 3). Para acamamento e quebramento de plantas a média geral foi de 1,41% e o coeficiente de variação foi de 39,72% (Tabela 4). Para todos os caracteres, como descrito anteriormente, os valores obtidos indicam adequada precisão do experimento, pois estão classificados como valores medianos e baixos, dentro dos padrões encontrados na literatura para classificação do coeficiente (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988, SCAPIM; CARVALHO; CRUZ, 1995).

Tabela 2. Quadrados médios (QM), coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais e conjuntas dos cruzamentos das 39 linhagens com os 6 testadores para o caráter produtividade de grãos de milho (t ha⁻¹).

FV ¹	GL ²	QM						Conjunta
		A ³	B ³	C ³	D ³	E ³	F ³	
Linhagem	38	1,75 ^{ns}	1,26 ^{ns}	2,26 ^{**}	2,53 ^{ns}	2,45 ^{ns}	2,69 [*]	5,53 ^{**}
Testador	5	-	-	-	-	-	-	14,83 ^{**}
Linhagem x Testador	190	-	-	-	-	-	-	1,53 ^{ns}
Erro	233	1,16	0,97	0,90	1,82	1,88	1,35	1,40
CV %		10,21	8,80	8,95	12,98	14,51	11,22	11,34
Média		10,57	11,19	10,60	10,41	9,45	10,36	10,43

¹fonte de variação; ²graus de liberdade; ³para cada testador (A, B, C, D, E e F) o GL do erro é 38; teste F, não significativo (^{ns}), significativo a 5% (*) e 1% (**) de probabilidade.

Tabela 3. Quadrados médios (QM), coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais e conjuntas dos cruzamentos das 39 linhagens com os 6 testadores distintos para o caráter altura de plantas (cm).

FV ¹	GL ²	QM						Conjunta
		A ³	B ³	C ³	D ³	E ³	F ³	
Linhagem	38	133,09 ^{**}	119,55 ^{**}	171,14 ^{**}	144,10 [*]	179,75 ^{**}	30,47 ^{**}	567,35 ^{**}
Testador	5	-	-	-	-	-	-	9663,41 ^{**}
Linhagem x Testador	190	-	-	-	-	-	-	60,83 ^{**}
Erro	234	48,32	48,24	47,21	74,67	24,81	123,90	45,62
CV %		3,00	2,82	2,93	3,54	2,24	2,52	2,90
Média		231,82	246,69	234,79	243,77	222,63	218,72	233,07

¹fontes de variação; ²graus de liberdade; ³para cada testador (A, B, C, D, E e F) o GL do erro é 39; teste F, não significativo (^{ns}), significativo a 5% (*) e 1% (**) de probabilidade.

Tabela 4. Quadrados médios (QM), coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais e conjuntas dos cruzamentos das 39 linhagens com os 5 testadores distintos para o caráter acamamento e quebramento de plantas (%).

FV	GL	QM					Conjunta
		A	B	C	E	F	
Linhagem	38	0,90**	0,42**	1,14*	0,45 ^{ns}	0,38*	1,47**
Testador	4	-	-	-	-	-	3,24**
Linhagem x Testador	152	-	-	-	-	-	0,49**
Erro	194	0,35	0,13	0,62	0,28	0,20	0,31
CV %		42,82	29,82	45,63	36,16	34,43	39,72
Média		1,37	1,20	1,72	1,45	1,31	1,41

¹fontes de variação; ²graus de liberdade; ³para cada testador (A, B, C, E e F) o GL do erro é 38; teste F, não significativo (^{ns}), significativo a 5% (*) e 1% (**) de probabilidade.

4.3. Médias Fenotípicas e Predição dos Valores Genotípicos

Entre as médias fenotípicas do caráter produtividade de grãos das análises individuais foram obtidos para os testadores A, B, C, D, E, e F os valores mínimos de 8,18, 9,24, 8,06, 7,95, 6,82 e 4,91 t ha⁻¹ e máximos de 13,16, 13,19, 12,30, 12,29, 11,60 e 12,10 t ha⁻¹, respectivamente (Tabela 5). Para altura de plantas, considerando os mesmo testadores, os valores mínimos foram de 211,57, 231,57, 214,69, 229,38, 201,88 e 204,07 cm e os máximos de 246,88, 262,50, 252,51, 263,44, 241,26 e 233,75 cm (Tabela 6). O caráter acamamento e quebramento de plantas apresentou para todos os testadores o valor mínimo de 0% e máximos de 12,90, 4,98, 11,33, 8,50 e 5,95%, correspondendo aos testadores A, B, C, E e F, respectivamente (Tabela 7). A maior média fenotípica do caráter produtividade de grãos foi obtida em um cruzamento com o testador B, a menor média fenotípica de altura de plantas foi obtida pelo cruzamento envolvendo o testador E e para acamamento e quebramento de plantas todos os testadores apresentaram cruzamentos com a menor média fenotípica observada, que foi de zero.

Na análise conjunta a variação entre os valores extremos foi menor em relação a estes números quando comparados aos das análises individuais. Para produtividade de grãos o máximo e o mínimo foram de 11,50 t ha⁻¹ e 8,23 t ha⁻¹, respectivamente (Tabela 5). O mesmo ocorreu para altura de plantas, cujos valores máximo e mínimo foram de 248,65 cm e 219,38 cm (Tabela 6). Por sua vez, para o caráter acamamento e quebramento de plantas, a variação da análise conjunta apesar de reduzida não foi a menor, estando acima apenas da encontrada no

testador B, ainda assim, os valores máximo e mínimo desta análise conjunta foram de 5,31% e 0,08% (Tabela 7).

Tabela 5. Médias fenotípicas e valores de BLUPs dos topcrosses obtidos nos cruzamentos das 39 linhagens com os 6 testadores distintos para o caráter produtividade de grãos de milho ($t\ ha^{-1}$).

L ¹	A		B		C		D		E		F		Conjunta	
	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP
1	9,12	-0,51	10,37	-0,19	9,50	-0,54	8,96	-0,52	9,05	-0,13	9,35	-0,60	9,39	-0,75
2	11,47	0,32	11,93	0,17	9,70	-0,44	9,02	-0,50	9,72	0,09	10,89	0,32	10,45	0,02
3	11,24	0,24	10,11	-0,25	9,41	-0,58	9,99	-0,15	7,76	-0,55	10,77	0,24	9,88	-0,40
4	9,60	-0,35	11,11	-0,02	10,73	0,06	11,62	0,44	9,64	0,06	10,77	0,24	10,58	0,11
5	8,92	-0,58	11,42	0,05	11,09	0,24	11,51	0,40	8,37	-0,35	9,61	-0,44	10,16	-0,20
6	8,18	-0,85	11,48	0,07	10,18	-0,20	9,83	-0,21	10,25	0,26	11,31	0,57	10,21	-0,16
7	11,26	0,24	10,50	-0,16	10,32	-0,14	10,75	0,12	9,03	-0,13	8,27	-1,24	10,02	-0,30
8	11,58	0,36	11,79	0,14	11,60	0,49	10,83	0,15	10,36	0,30	9,39	-0,58	10,92	0,36
9	11,23	0,24	10,62	-0,13	11,06	0,22	11,28	0,31	8,67	-0,25	10,80	0,27	10,61	0,13
10	11,24	0,24	11,27	0,02	11,17	0,28	12,29	0,68	10,47	0,33	11,70	0,80	11,36	0,67
11	10,75	0,06	9,24	-0,44	10,35	-0,12	10,38	-0,01	6,82	-0,85	12,10	1,04	9,94	-0,35
12	10,10	-0,17	11,39	0,05	10,21	-0,19	11,97	0,57	10,71	0,41	10,86	0,30	10,87	0,32
13	10,19	-0,13	11,50	0,07	12,03	0,70	10,88	0,17	8,40	-0,34	10,45	0,06	10,58	0,11
14	9,59	-0,35	10,68	-0,11	12,30	0,83	10,32	-0,03	9,97	0,17	10,93	0,34	10,63	0,15
15	9,02	-0,55	11,26	0,02	8,06	-1,24	9,40	-0,36	8,51	-0,30	10,44	0,05	9,45	-0,71
16	11,92	0,48	11,21	0,01	11,79	0,58	11,65	0,45	7,65	-0,58	12,01	0,99	11,04	0,44
17	9,41	-0,41	9,38	-0,41	10,07	-0,26	10,61	0,07	7,81	-0,53	10,41	0,03	9,62	-0,59
18	10,13	-0,15	11,89	0,16	11,28	0,33	11,51	0,40	8,74	-0,23	11,21	0,51	10,80	0,27
19	10,30	-0,10	11,61	0,10	9,08	-0,74	9,95	-0,16	8,51	-0,30	11,00	0,38	10,07	-0,26
20	12,22	0,59	11,69	0,11	10,88	0,14	11,01	0,22	11,19	0,57	11,69	0,80	11,45	0,74
21	9,07	-0,53	10,29	-0,21	8,71	-0,92	8,42	-0,72	7,96	-0,48	4,91	-3,25	8,23	-1,60
22	10,11	-0,16	10,69	-0,11	8,25	-1,15	10,38	-0,01	10,21	0,25	9,54	-0,49	9,86	-0,41
23	9,95	-0,22	13,19	0,45	12,17	0,77	10,97	0,20	9,92	0,15	9,49	-0,52	10,95	0,38
24	13,16	0,92	11,43	0,05	11,34	0,36	10,48	0,03	9,57	0,04	10,80	0,26	11,13	0,51
25	12,27	0,61	10,20	-0,23	10,40	-0,10	8,35	-0,75	10,17	0,24	9,85	-0,30	10,21	-0,16
26	10,57	0,00	11,59	0,09	10,69	0,04	11,59	0,43	10,58	0,37	10,72	0,22	10,96	0,38
27	11,19	0,22	12,70	0,34	11,68	0,53	11,67	0,46	11,15	0,55	10,62	0,16	11,50	0,78
28	11,60	0,37	12,02	0,19	12,30	0,83	10,87	0,17	10,80	0,44	11,07	0,42	11,44	0,74
29	10,79	0,08	12,20	0,23	10,75	0,07	11,66	0,45	10,86	0,46	10,15	-0,13	11,07	0,46
30	10,24	-0,12	11,76	0,13	9,68	-0,45	9,17	-0,45	10,04	0,19	10,67	0,19	10,26	-0,12
31	10,71	0,05	11,69	0,11	10,35	-0,12	9,76	-0,24	10,39	0,30	9,82	-0,32	10,45	0,02
32	10,41	-0,06	11,48	0,07	10,80	0,10	11,57	0,42	8,83	-0,20	10,82	0,28	10,65	0,16
33	10,68	0,04	11,39	0,05	10,62	0,01	10,71	0,11	11,60	0,70	11,20	0,50	11,03	0,44
34	10,51	-0,02	10,67	-0,12	10,43	-0,08	7,95	-0,89	10,38	0,30	11,22	0,52	10,19	-0,17
35	10,09	-0,17	10,40	-0,18	10,90	0,15	10,39	-0,01	8,28	-0,38	10,02	-0,20	10,01	-0,30
36	11,49	0,33	10,97	-0,05	11,97	0,67	10,07	-0,12	10,58	0,37	11,47	0,66	11,09	0,48
37	10,91	0,12	10,92	-0,06	10,59	-0,01	8,06	-0,85	7,91	-0,50	7,03	-1,99	9,24	-0,87
38	11,00	0,15	11,37	0,04	9,81	-0,39	8,87	-0,56	8,47	-0,32	9,84	-0,31	9,89	-0,39
39	9,97	-0,21	10,98	-0,05	11,13	0,26	11,17	0,28	9,12	-0,11	10,77	0,25	10,52	0,07
Mín.	8,18	-0,85	9,24	-0,44	8,06	-1,24	7,95	-0,89	6,82	-0,85	4,91	-3,25	8,23	-1,60
Máx.	13,16	0,92	13,19	0,45	12,30	0,83	12,29	0,68	11,60	0,70	12,10	1,04	11,50	0,78

¹linhagens.

Tabela 6. Médias fenotípicas e valores de BLUPs dos topcrosses obtidos nos cruzamentos das 39 linhagens com os 6 testadores distintos para o caráter altura de plantas (cm).

L ¹	A		B		C		D		E		F		Conjunta	
	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP
1	232,51	0,52	242,19	-2,64	245,32	8,13	241,88	-1,15	232,82	8,74	220,00	0,98	235,78	2,46
2	246,88	11,54	252,19	3,22	234,69	-0,08	241,26	-1,53	225,94	2,84	211,88	-5,25	235,47	2,18
3	227,19	-3,55	240,63	-3,56	228,76	-4,67	231,88	-7,24	209,38	-11,38	214,69	-3,09	225,42	-6,95
4	239,07	5,55	244,69	-1,17	240,63	4,51	245,94	1,32	224,38	1,50	216,88	-1,41	235,26	1,99
5	228,76	-2,35	241,26	-3,19	235,32	0,40	234,69	-5,53	218,44	-3,60	215,01	-2,85	228,91	-3,78
6	243,13	8,67	247,19	0,29	249,07	11,03	254,38	6,46	227,19	3,91	220,00	0,98	240,16	6,44
7	229,69	-1,63	243,44	-1,91	233,44	-1,05	242,19	-0,96	232,51	8,48	209,07	-7,40	231,72	-1,23
8	231,88	0,04	244,38	-1,36	233,13	-1,29	239,38	-2,67	220,32	-1,99	205,63	-10,04	229,12	-3,59
9	233,76	1,48	245,63	-0,62	242,19	5,72	245,32	0,94	225,63	2,57	221,25	1,94	235,63	2,32
10	241,88	7,71	257,19	6,16	252,51	13,69	242,82	-0,58	221,57	-0,92	226,57	6,01	240,42	6,68
11	216,26	-11,93	231,57	-8,87	227,19	-5,88	229,38	-8,76	210,94	-10,04	211,26	-5,72	221,10	-10,88
12	225,00	-5,23	245,63	-0,63	226,88	-6,12	240,01	-2,29	217,19	-4,67	220,01	0,98	229,12	-3,59
13	231,57	-0,20	237,51	-5,39	231,57	-2,50	231,88	-7,24	215,01	-6,55	221,88	2,42	228,23	-4,40
14	244,69	9,87	250,01	1,94	238,44	2,82	260,32	10,07	236,88	12,23	231,26	9,61	243,60	9,56
15	227,82	-3,07	248,44	1,02	228,13	-5,15	236,25	-4,58	203,44	-16,48	222,82	3,14	227,82	-4,78
16	226,25	-4,27	258,13	6,71	251,57	12,96	246,88	1,89	228,13	4,72	231,57	9,85	240,42	6,68
17	230,63	-0,91	255,94	5,42	242,51	5,96	248,44	2,84	226,88	3,65	221,26	1,94	237,61	4,12
18	235,63	2,92	254,38	4,51	234,07	-0,56	241,88	-1,15	223,75	0,96	223,44	3,62	235,52	2,23
19	211,57	-15,53	238,75	-4,66	218,75	-12,40	235,63	-4,96	209,07	-11,65	211,26	-5,72	220,84	-11,12
20	245,94	10,82	261,57	8,72	252,19	13,45	257,19	8,17	241,26	15,99	233,75	11,52	248,65	14,15
21	224,69	-5,47	240,32	-3,74	221,25	-10,47	235,94	-4,77	220,63	-1,72	206,57	-9,32	224,90	-7,43
22	231,26	-0,43	236,57	-5,94	223,13	-9,02	246,57	1,70	220,00	-2,26	204,69	-10,76	227,03	-5,49
23	232,19	0,28	254,07	4,32	241,25	4,99	255,00	6,84	234,38	10,08	225,32	5,06	240,37	6,63
24	240,94	6,99	248,44	1,02	236,57	1,37	248,44	2,84	228,44	4,99	227,50	6,73	238,39	4,83
25	220,94	-8,34	232,51	-8,32	214,69	-15,54	229,38	-8,76	214,69	-6,82	204,07	-11,24	219,38	-12,44
26	238,76	5,32	245,63	-0,63	225,63	-7,09	248,44	2,84	227,19	3,91	216,88	-1,41	233,75	0,62
27	244,69	9,87	247,19	0,29	245,63	8,38	249,69	3,60	231,26	7,40	230,01	8,65	241,41	7,58
28	237,51	4,36	259,38	7,44	239,38	3,54	263,44	11,97	232,50	8,47	227,82	6,97	243,34	9,33
29	238,44	5,07	248,13	0,84	229,69	-3,95	245,63	1,13	230,94	7,13	216,25	-1,89	234,85	1,61
30	221,88	-7,63	243,44	-1,91	229,38	-4,19	243,44	-0,20	211,26	-9,77	213,44	-4,05	227,14	-5,39
31	238,13	4,84	262,50	9,27	233,75	-0,81	237,50	-3,82	224,38	1,50	213,75	-3,81	235,00	1,75
32	227,82	-3,07	253,75	4,14	237,19	1,85	252,51	5,32	235,00	10,62	218,44	-0,22	237,45	3,98
33	230,32	-1,16	247,50	0,47	224,38	-8,05	244,07	0,18	216,88	-4,94	217,19	-1,17	230,05	-2,74
34	225,94	-4,51	250,63	2,31	237,50	2,09	238,44	-3,24	225,32	2,30	219,69	0,74	232,92	-0,14
35	225,32	-4,99	249,07	1,39	237,82	2,34	254,69	6,65	224,07	1,23	220,63	1,46	235,26	1,99
36	230,63	-0,92	245,94	-0,44	234,38	-0,32	230,94	-7,81	208,44	-12,18	213,75	-3,81	227,35	-5,20
37	229,69	-1,63	235,00	-6,86	227,50	-5,64	240,94	-1,72	201,88	-17,81	212,51	-4,77	224,59	-7,71
38	226,88	-3,79	237,50	-5,39	226,57	-6,36	241,88	-1,15	214,38	-7,08	219,38	0,51	227,76	-4,82
39	225,00	-5,23	242,82	-2,27	245,01	7,89	252,51	5,32	230,32	6,60	232,82	10,81	238,08	4,55
Min.	211,57	-15,53	231,57	-8,87	214,69	-15,54	229,38	-8,76	201,88	-17,81	204,07	-11,24	219,38	-12,44
Máx.	246,88	11,54	262,50	9,27	252,51	13,69	263,44	11,97	241,26	15,99	233,75	11,52	248,65	14,15

¹linhagens.

Tabela 7. Médias fenotípicas e valores de BLUPs dos topcrosses obtidos nos cruzamentos das 39 linhagens com os 5 testadores distintos para o caráter acamamento e quebramento de plantas (%).

L ¹	A		B		C		E		F		Conjunta	
	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP	Média	BLUP
1	4,79	0,60	1,90	0,24	10,00	0,82	3,78	0,15	1,46	0,04	3,95	0,51
2	1,16	-0,05	0,99	0,02	4,30	0,25	2,29	0,06	0,80	-0,08	1,75	0,07
3	0,00	-0,43	3,50	0,55	11,33	0,93	2,29	0,06	0,80	-0,08	2,70	0,28
4	0,44	-0,26	1,16	0,06	8,68	0,71	2,00	0,03	0,00	-0,28	1,78	0,08
5	0,44	-0,26	2,49	0,36	6,79	0,53	2,49	0,07	3,00	0,27	2,74	0,28
6	0,00	-0,43	0,80	-0,04	7,74	0,62	2,49	0,07	0,44	-0,16	1,69	0,05
7	1,16	-0,05	1,46	0,14	3,78	0,19	2,49	0,07	2,49	0,20	2,19	0,17
8	6,05	0,76	0,00	-0,34	7,57	0,60	0,80	-0,08	1,16	-0,01	2,42	0,22
9	0,99	-0,09	1,46	0,14	1,49	-0,17	1,46	-0,01	0,00	-0,28	1,01	-0,13
10	0,99	-0,09	4,17	0,66	2,67	0,03	0,44	-0,12	3,00	0,27	2,06	0,14
11	2,16	0,17	4,98	0,78	2,92	0,07	2,29	0,06	2,00	0,13	2,78	0,29
12	4,47	0,56	2,00	0,26	5,31	0,37	2,29	0,06	1,84	0,10	3,03	0,35
13	0,99	-0,09	0,99	0,02	1,46	-0,17	0,00	-0,18	2,00	0,13	1,01	-0,13
14	0,00	-0,43	0,44	-0,16	0,00	-0,55	2,00	0,03	1,46	0,04	0,64	-0,25
15	2,00	0,14	0,00	-0,34	4,56	0,29	1,90	0,02	1,46	0,04	1,75	0,06
16	1,16	-0,05	3,99	0,64	6,47	0,50	3,95	0,16	1,90	0,11	3,26	0,39
17	4,47	0,56	0,99	0,02	2,92	0,07	2,46	0,07	2,67	0,23	2,60	0,26
18	0,44	-0,26	1,49	0,15	0,44	-0,41	1,49	-0,01	0,44	-0,16	0,82	-0,19
19	0,80	-0,15	0,44	-0,16	3,42	0,14	2,29	0,06	0,00	-0,28	1,16	-0,08
20	1,90	0,11	0,80	-0,04	0,00	-0,55	1,46	-0,01	1,46	0,04	1,04	-0,12
21	3,42	0,39	0,00	-0,34	1,46	-0,17	1,16	-0,04	1,46	0,04	1,35	-0,04
22	0,99	-0,09	0,99	0,02	3,34	0,13	0,80	-0,08	2,00	0,13	1,54	0,01
23	0,44	-0,26	0,44	-0,16	0,00	-0,55	2,49	0,07	0,00	-0,28	0,52	-0,29
24	2,92	0,31	0,80	-0,04	3,07	0,09	0,80	-0,08	0,00	-0,28	1,32	-0,05
25	0,80	-0,15	2,92	0,45	0,44	-0,41	1,46	-0,01	0,00	-0,28	0,96	-0,14
26	0,44	-0,26	0,00	-0,34	0,44	-0,41	1,46	-0,01	0,80	-0,08	0,58	-0,27
27	0,44	-0,26	0,99	0,02	1,90	-0,09	3,34	0,13	2,92	0,26	1,78	0,07
28	0,99	-0,09	0,00	-0,34	0,80	-0,31	0,80	-0,08	0,80	-0,08	0,64	-0,25
29	0,00	-0,43	0,00	-0,34	0,80	-0,31	0,44	-0,12	0,80	-0,08	0,36	-0,35
30	0,00	-0,43	0,00	-0,34	2,92	0,07	0,80	-0,08	0,80	-0,08	0,73	-0,22
31	0,00	-0,43	0,00	-0,34	0,00	-0,55	0,44	-0,12	0,00	-0,28	0,08	-0,48
32	0,00	-0,43	0,00	-0,34	0,44	-0,41	0,00	-0,18	0,44	-0,16	0,16	-0,44
33	0,00	-0,43	0,00	-0,34	0,00	-0,55	0,44	-0,12	0,80	-0,08	0,22	-0,41
34	1,49	0,03	1,46	0,14	0,00	-0,55	0,80	-0,08	0,44	-0,16	0,78	-0,21
35	0,00	-0,43	1,46	0,14	0,80	-0,31	0,44	-0,12	1,46	0,04	0,75	-0,21
36	2,49	0,23	0,44	-0,16	0,00	-0,55	0,44	-0,12	0,80	-0,08	0,71	-0,23
37	1,46	0,02	0,44	-0,16	3,34	0,13	4,38	0,19	2,67	0,23	2,29	0,19
38	12,90	1,48	0,44	-0,16	4,98	0,33	8,50	0,38	3,95	0,38	5,31	0,73
39	8,14	1,01	0,00	-0,34	3,42	0,14	0,80	-0,08	5,95	0,58	2,96	0,33
Min.	0,00	-0,43	0,00	-0,34	0,00	-0,55	0,00	-0,18	0,00	-0,28	0,08	-0,48
Máx.	12,90	1,48	4,98	0,78	11,33	0,93	8,50	0,38	5,95	0,58	5,31	0,73

¹linhagens.

Esses resultados, obtidos com base nas observações das análises de variância individuais e conjunta, indicam que a maior parte das linhagens avaliadas através dos topcrosses apresentaram níveis adequados de produtividades de grãos, estatura de planta e resistência a acamamento e quebramento de plantas. Também foi possível verificar que a média fenotípica para produtividade de grãos de milho,

obtida nas análises de variância tanto individuais como conjunta, foram superiores à média nacional e estadual da safra 2014/15, que equivalem aproximadamente a 5,18 t ha⁻¹ e 4,17 t ha⁻¹, respectivamente (CONAB, 2016).

Os valores dos BLUPs variaram de -3,25 a 1,04 entre todos os testadores nas análises individuais, sendo que nestas, os valores extremos foram obtidos nos cruzamentos com o testador F, e de -1,60 a 0,78 na análise conjunta para o caráter produtividade de grãos (Tabela 5). A variação dos BLUPs para o caráter altura de plantas foi maior para o testador E entre todos nas análises individuais, variando de -17,81 a 15,99, e na análise conjunta teve uma menor variação sendo de -12,44 a 14,15 (Tabela 6). Para acamamento e quebramento de plantas, os valores dos BLUPs variaram nas análises individuais de -0,55 a 1,48, sendo os extremos respectivos aos testadores C e A, e para a análise conjunta houve variação de -0,48 a 0,73 (Tabela 7). Os BLUPs estimados apresentaram valores máximos de correlação quando comparados com as médias fenotípicas para o conjunto com todos os testadores em todos os caracteres avaliados, indicando que o método pode ser uma opção na predição de valores genotípicos dos caracteres avaliados com a vantagem de permitir trabalhos em situações de desbalanceamento.

4.4. Avaliação da Confiabilidade do Método REML/BLUP

Independentemente dos caracteres avaliados, todas as estimativas dos coeficientes de correlações (r), obtidas entre as médias dos valores fenotípicos da análise conjunta e os valores preditos pelos BLUPs, foram significativas pelo teste t , para as situações com todos os testadores e para todos os conjuntos com remoção de testadores (Tabelas 8, 9 e 10). Entre os valores de correlações obtidos, os máximos e mínimos foram constatados nas situações com todos os testadores e no maior nível de eliminação de testadores para todos os caracteres, sendo respectivamente de 1,00 (ABCDEF) e 0,70 (BE) para produtividade de grãos, 1,00 (ABCDEF) e 0,87 (AB) para altura de plantas e 1,00 (ABCEF) e 0,72 (AF) para acamamento e quebramento de plantas.

Tabela 8. Coeficiente de correlação (r), coeficiente de determinação fenotípica (R^2), porcentagem de topcrosses selecionados (S) e descartados (D) em comum com intensidades de 10% e 20%, rank do topcross superior (*Rank S*) e inferior (*Rank I*) para o caráter produtividade de grãos de milho ($t\ ha^{-1}$).

Testadores	R	R ²	S 10%	S 20%	D 10%	D 20%	Rank S	Rank I
ABCDEF	1,00	1,00	4 (100)	8 (100)	4 (100)	8 (100)	1	1
BCDEF	0,97	0,94	4 (100)	5 (63)	4 (100)	7 (88)	1	1
ACDEF	0,99	0,97	4 (100)	7 (88)	4 (100)	7 (88)	4	1
ABDEF	0,98	0,96	4 (100)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	2	1
ABCEF	0,97	0,94	3 (75)	7 (88)	3 (75)	7 (88)	3	1
ABCDF	0,97	0,93	3 (75)	7 (88)	4 (100)	7 (88)	3	1
ABCDE	0,96	0,92	4 (100)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	1	1
CDEF	0,96	0,92	4 (100)	5 (63)	4 (100)	7 (88)	2	1
BDEF	0,93	0,87	3 (75)	5 (63)	3 (75)	5 (63)	1	1
BCEF	0,95	0,90	3 (75)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	2	1
BCDF	0,93	0,86	3 (75)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	1	1
BCDE	0,91	0,84	2 (50)	5 (63)	2 (50)	7 (88)	1	1
ADEF	0,95	0,91	4 (100)	6 (75)	4 (100)	6 (75)	3	1
ACEF	0,95	0,90	2 (50)	7 (88)	4 (100)	6 (75)	5	1
ACDF	0,92	0,85	3 (75)	7 (88)	4 (100)	6 (75)	6	1
ACDE	0,95	0,91	4 (100)	7 (88)	4 (100)	6 (75)	1	1
ABEF	0,92	0,84	3 (75)	6 (75)	3 (75)	4 (50)	2	1
ABDF	0,94	0,89	3 (75)	7 (88)	3 (75)	6 (75)	4	1
ABDE	0,92	0,86	3 (75)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	1	1
ABCF	0,94	0,88	2 (50)	7 (88)	3 (75)	6 (75)	5	1
ABCE	0,89	0,79	3 (75)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	2	1
ABCD	0,92	0,84	2 (50)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	1	1
ABC	0,84	0,71	2 (50)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	3	1
ABD	0,89	0,79	3 (75)	7 (88)	2 (50)	5 (63)	1	1
ABE	0,80	0,63	3 (75)	5 (63)	2 (50)	5 (63)	2	3
ABF	0,89	0,78	2 (50)	7 (88)	3 (75)	5 (63)	5	1
ACD	0,87	0,75	2 (50)	6 (75)	3 (75)	4 (50)	5	1
ACE	0,87	0,75	2 (50)	6 (75)	3 (75)	5 (63)	5	2
ACF	0,87	0,76	1 (25)	7 (88)	3 (75)	5 (63)	7	1
ADE	0,92	0,84	3 (75)	6 (75)	4 (100)	6 (75)	2	1
ADF	0,87	0,76	2 (50)	5 (63)	4 (100)	6 (75)	6	1
AEF	0,87	0,76	1 (25)	6 (75)	3 (75)	5 (63)	7	1
BCD	0,86	0,73	3 (75)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	2	1
BCE	0,85	0,72	2 (50)	5 (63)	1 (25)	6 (75)	1	2
BCF	0,92	0,85	2 (50)	6 (75)	2 (50)	7 (88)	3	1
BDE	0,85	0,73	1 (25)	4 (50)	2 (50)	6 (75)	1	2
BDF	0,88	0,77	2 (50)	6 (75)	3 (75)	5 (63)	2	1
BEF	0,87	0,77	3 (75)	6 (75)	2 (50)	5 (63)	2	1
CDE	0,92	0,84	3 (75)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	1	1
CDF	0,87	0,76	2 (50)	6 (75)	4 (100)	6 (75)	5	1
CEF	0,93	0,87	3 (75)	5 (63)	3 (75)	7 (88)	4	1
DEF	0,91	0,82	2 (50)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	5	1
AB	0,73	0,53	3 (75)	5 (63)	2 (50)	4 (50)	3	2
AC	0,75	0,56	1 (25)	6 (75)	2 (50)	5 (63)	7	2
AD	0,81	0,66	2 (50)	7 (88)	3 (75)	5 (63)	5	1
AE	0,74	0,55	2 (50)	5 (63)	2 (50)	4 (50)	5	1
AF	0,76	0,58	1 (25)	6 (75)	3 (75)	4 (50)	13	1
BC	0,80	0,64	2 (50)	3 (38)	2 (50)	6 (75)	2	2
BD	0,78	0,61	2 (50)	2 (25)	2 (50)	5 (63)	1	3
BE	0,70	0,49	1 (25)	2 (25)	1 (25)	4 (50)	1	4
BF	0,83	0,70	2 (50)	5 (63)	3 (75)	5 (63)	2	1
CD	0,80	0,64	3 (75)	4 (50)	3 (75)	6 (75)	3	1
CE	0,85	0,72	2 (50)	4 (50)	2 (50)	6 (75)	2	2
CF	0,84	0,71	1 (25)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	10	1
DE	0,85	0,71	2 (50)	5 (63)	2 (50)	6 (75)	1	2
DF	0,79	0,63	1 (25)	2 (25)	3 (75)	4 (50)	10	1
EF	0,83	0,69	2 (50)	5 (63)	2 (50)	5 (63)	6	1

Tabela 9. Coeficiente de correlação (r), coeficiente de determinação fenotípica (R^2), porcentagem dos topcrosses selecionados (S) e descartados (D) com intensidade de 10% e 20%, rank do topcross superior (Rank S) e inferior (Rank I) para o caráter altura de plantas (cm).

Testadores	R	R^2	S 10%	S 20%	D 10%	D 20%	Rank S	Rank I
ABCDEF	1,00	1,00	4 (100)	8 (100)	4 (100)	8 (100)	1	1
BCDEF	0,99	0,98	4 (100)	7 (88)	3 (75)	7 (88)	1	1
ACDEF	0,99	0,98	3 (75)	6 (75)	4 (100)	7 (88)	1	1
ABDEF	0,99	0,98	4 (100)	7 (88)	4 (100)	7 (88)	2	1
ABCEF	0,99	0,98	4 (100)	8 (100)	3 (75)	8 (100)	1	1
ABCDF	0,99	0,98	3 (75)	8 (100)	3 (75)	8 (100)	1	1
ABCDE	0,99	0,98	4 (100)	6 (75)	3 (75)	8 (100)	1	1
CDEF	0,97	0,95	4 (100)	6 (75)	3 (75)	7 (88)	1	1
BDEF	0,97	0,95	4 (100)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	1	1
BCEF	0,98	0,95	4 (100)	8 (100)	2 (50)	7 (88)	1	1
BCDF	0,97	0,94	3 (75)	7 (88)	3 (75)	7 (88)	1	1
BCDE	0,98	0,96	4 (100)	6 (75)	3 (75)	7 (88)	1	1
ADEF	0,97	0,95	3 (75)	7 (88)	4 (100)	6 (75)	3	1
ACEF	0,98	0,96	4 (100)	8 (100)	3 (75)	7 (88)	2	1
ACDF	0,98	0,95	3 (75)	7 (88)	4 (100)	7 (88)	1	1
ACDE	0,98	0,96	3 (75)	6 (75)	3 (75)	7 (88)	2	1
ABEF	0,98	0,97	4 (100)	8 (100)	4 (100)	7 (88)	3	1
ABDF	0,97	0,95	3 (75)	7 (88)	4 (100)	7 (88)	1	1
ABDE	0,96	0,93	4 (100)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	3	1
ABCF	0,96	0,92	3 (75)	7 (88)	2 (50)	7 (88)	1	1
ABCE	0,97	0,95	4 (100)	7 (88)	3 (75)	8 (100)	2	1
ABCD	0,98	0,97	3 (75)	6 (75)	2 (50)	8 (100)	1	1
ABC	0,94	0,89	3 (75)	7 (88)	2 (50)	6 (75)	1	1
ABD	0,95	0,90	3 (75)	6 (75)	3 (75)	7 (88)	2	1
ABE	0,94	0,89	4 (100)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	4	1
ABF	0,94	0,89	3 (75)	7 (88)	3 (75)	6 (75)	1	1
ACD	0,97	0,94	3 (75)	6 (75)	3 (75)	7 (88)	1	1
ACE	0,96	0,92	4 (100)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	2	1
ACF	0,94	0,89	3 (75)	8 (100)	3 (75)	7 (88)	1	1
ADE	0,93	0,87	3 (75)	6 (75)	4 (100)	6 (75)	3	1
ADF	0,95	0,91	3 (75)	5 (63)	4 (100)	7 (88)	1	1
AEF	0,97	0,94	4 (100)	7 (88)	4 (100)	7 (88)	3	1
BCD	0,97	0,94	3 (75)	6 (75)	2 (50)	7 (88)	1	1
BCE	0,96	0,93	4 (100)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	1	1
BCF	0,93	0,86	2 (50)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	1	1
BDE	0,95	0,90	3 (75)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	2	1
BDF	0,95	0,90	3 (75)	7 (88)	3 (75)	7 (88)	1	1
BEF	0,97	0,93	4 (100)	7 (88)	3 (75)	6 (75)	2	1
CDE	0,96	0,93	3 (75)	6 (75)	3 (75)	7 (88)	1	1
CDF	0,95	0,89	3 (75)	6 (75)	2 (50)	7 (88)	1	1
CEF	0,96	0,92	3 (75)	8 (100)	2 (50)	7 (88)	1	1
DEF	0,95	0,90	3 (75)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	1	1
AB	0,87	0,76	3 (75)	7 (88)	1 (25)	6 (75)	3	1
AC	0,91	0,82	3 (75)	6 (75)	2 (50)	5 (63)	2	1
AD	0,90	0,81	3 (75)	5 (63)	3 (75)	5 (63)	3	2
AE	0,90	0,80	3 (75)	6 (75)	3 (75)	5 (63)	6	1
AF	0,91	0,82	3 (75)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	2	1
BC	0,91	0,83	3 (75)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	1	1
BD	0,92	0,85	2 (50)	6 (75)	3 (75)	5 (63)	2	2
BE	0,92	0,85	4 (100)	5 (63)	2 (50)	5 (63)	3	1
BF	0,89	0,80	2 (50)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	1	1
CD	0,95	0,90	3 (75)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	1	1
CE	0,94	0,88	3 (75)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	2	1
CF	0,88	0,78	2 (50)	6 (75)	1 (25)	7 (88)	1	1
DE	0,89	0,80	1 (25)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	6	1
DF	0,90	0,81	2 (50)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	1	3
EF	0,94	0,89	3 (75)	7 (88)	3 (75)	6 (75)	2	1

Tabela 10. Coeficiente de correlação (r), coeficiente de determinação fenotípica (R^2), porcentagem dos topcrosses selecionados (S) e descartados (D) com intensidade de 10% e 20%, rank do topcross superior (Rank S) e inferior (Rank I) para o caráter acamamento e quebramento de plantas (%).

Testadores	r	R^2	S 10%	S 20%	D 10%	D 20%	Rank S	Rank I
ABCEF	1,00	1,00	4 (100)	8 (100)	4 (100)	8 (100)	1	1
BCEF	0,93	0,87	3 (75)	7 (88)	3 (75)	7 (88)	1	3
ACEF	0,94	0,89	4 (100)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	1	1
ABEF	0,89	0,80	4 (100)	7 (88)	2 (50)	6 (75)	1	1
ABCF	0,96	0,92	3 (75)	8 (100)	2 (50)	7 (88)	1	1
ABCE	0,96	0,92	4 (100)	7 (88)	3 (75)	7 (88)	1	1
ABC	0,93	0,86	3 (75)	8 (100)	2 (50)	6 (75)	1	1
ABE	0,88	0,78	4 (100)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	3	1
ABF	0,84	0,70	3 (75)	5 (63)	2 (50)	5 (63)	1	1
ACE	0,92	0,85	4 (100)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	1	1
ACF	0,92	0,84	3 (75)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	1	1
AEF	0,81	0,66	4 (100)	4 (50)	2 (50)	5 (63)	1	1
BCE	0,86	0,73	3 (75)	6 (75)	3 (75)	6 (75)	1	4
BCF	0,87	0,75	3 (75)	7 (88)	2 (50)	6 (75)	1	11
BEF	0,88	0,78	4 (100)	5 (63)	2 (50)	5 (63)	1	1
CEF	0,92	0,85	3 (75)	5 (63)	2 (50)	6 (75)	1	1
EF	0,83	0,70	2 (50)	4 (50)	1 (25)	5 (63)	1	1
CF	0,86	0,73	1 (25)	4 (50)	1 (25)	6 (75)	2	7
CE	0,84	0,70	3 (75)	4 (50)	2 (50)	5 (63)	1	3
BF	0,73	0,53	2 (50)	6 (75)	1 (25)	7 (88)	1	6
BE	0,78	0,61	4 (100)	5 (63)	3 (75)	6 (75)	3	1
BC	0,75	0,56	2 (50)	6 (75)	2 (50)	5 (63)	1	12
AF	0,72	0,52	3 (75)	6 (75)	2 (50)	6 (75)	3	1
AE	0,79	0,62	2 (50)	7 (88)	2 (50)	6 (75)	2	1
AC	0,88	0,78	4 (100)	4 (50)	2 (50)	4 (50)	3	1
AB	0,82	0,67	1 (25)	3 (38)	1 (25)	5 (63)	1	1

Para todos os caracteres, os coeficientes de determinação (R^2) apresentaram magnitude apropriada, indicando que os valores genotípicos estimados tiveram boa representatividade das médias fenotípicas e há, portanto, alta confiabilidade no modelo utilizado. Resultados promissores no uso do método REML/BLUP, como técnica de predição de valores genotípicos com culturas anuais, também foram observados por outros autores (FRITSCHÉ-NETO, 2008; ARNHOLD et al., 2009; BORGES et al., 2010; FRITSCHÉ-NETO et al., 2010; PINHEIRO et al., 2013). Os valores do coeficiente de determinação, máximo e mínimo, foram obtidos no conjunto considerando todos os testadores e com os maiores níveis de remoção de testadores, sendo estes valores referentes a 1,00 (ABCDEF) a 0,49 (BE) para produtividade de grãos, 1,00 (ABCDEF) e 0,76 (AB) para altura de plantas e 1,00 (ABCEF) e 0,52 (AF) para acamamento e quebramento de plantas (Tabelas 8, 9 e 10).

Com o aumento do número de testadores removidos houve uma redução, em escala proporcional, dos valores de coeficiente de determinação em todos os caracteres (Tabelas 8, 9 e 10). A amplitude da variação destes valores, em cada nível de remoção de testadores, foi maior conforme o aumento do mesmo. Para as situações em que houver maior e menor número de testadores eliminados, a variação entre os valores extremos foi de 0,05 e 0,24 para produtividade de grãos, 0,00 e 0,14 para altura de plantas e 0,12 e 0,26 para acamamento e quebramento de plantas.

Assim, como observado anteriormente, o aumento do número de testadores removidos leva a uma maior divergência de valores do coeficiente de determinação e estas alterações foram mais expressivas conforme a complexidade e precisão experimental de cada característica. Para os caracteres altura de plantas e produtividade de grãos, que apresentaram coeficientes de variação menores, foi possível alcançar bons níveis de precisão na predição de valores genotípicos dos topcrosses, mesmo nos conjuntos com menor número de testadores, em comparação com o caráter acamamento e quebramento de plantas, que apresentou elevado valor para o coeficiente. Estes resultados possibilitam indicar redução do número de testadores utilizados, considerando a complexidade e o coeficiente de variação dos caracteres, o que diminuirá, na prática, a quantidade de topcrosses a serem avaliados, contribuindo de forma direta para redução de custos nos programas de melhoramento. Fritsche-Neto (2008) comenta sobre a expectativa de se obter maior coincidência no ordenamento de híbridos quanto maiores forem os valores do coeficiente de determinação, assim os genótipos de melhor desempenho em uma situação também o serão em outras.

Para todos os caracteres a porcentagem de topcrosses coincidentes, considerando a média fenotípica da análise conjunta e os valores preditos pelos BLUPs, foi avaliada sob as intensidades de 10% e 20%, tanto para a seleção dos genótipos superiores como para o descarte dos inferiores (Tabelas 8, 9 e 10). De forma geral, a proporção de coincidentes foi próxima para a seleção e descarte, com pouca variação nos resultados. No entanto, para os caracteres altura de plantas e acamamento e quebramento de plantas, houve um aumento sensível no percentual de coincidentes nas intensidades de 20% de seleção e descarte, em relação à

intensidade de 10% de ambos. Todas as situações apresentaram diminuição dos valores percentuais de coincidentes conforme o aumento na remoção de testadores, de forma proporcional.

Para o caráter produtividade de grãos, a seleção, nas duas intensidades, apresentaram as porcentagens mínima e máxima de coincidentes de 25% e 100% e, para o descarte, essa variação diferiu dos valores observados na seleção apenas para a mínima na intensidade de 20%, que passou a ser 50% (Tabela 8). Para altura de plantas as porcentagens máximas de seleção e descarte foram de 100% independentemente da intensidade, já a mínima foi de 25% para as intensidades de 10% e 63% para as intensidades de 20% (Tabela 9). O caráter acamamento e quebramento de plantas também apresentou porcentagens máximas de 100% para todas as situações, mínimas de 25% para as intensidades de 10% e, para as de 20%, as mínimas foram de 38% e 50%, para seleção e descarte, respectivamente (Tabela 10).

Para produtividade de grãos, a seleção com intensidade de 10%, nas remoções de 4, 3, 2 e 1 testadores, os valores máximos das porcentagens de topcrosses coincidentes foram 75% para os dois maiores níveis de remoção e 100% para os dois menores. Os conjuntos dos testadores CD, CEF, CDEF e ACDEF, referentes a cada nível de remoção, apresentaram porcentagens máximas de coincidentes estabelecidas e, entre estas, foram também os de maior coeficiente de determinação (Tabela 11). Estes conjuntos apresentaram apenas testadores de base genética restrita, independentemente da quantidade de testadores considerados. Com 3 dos testadores removidos, o conjunto CDE, que foi o de maior coeficiente de determinação entre os que possuíam os testadores C e D, apresentou, para este, valor muito próximo ao do conjunto superior (CEF) formado com testadores de diferentes populações. Assim, o uso de testadores com a proximidade de D e E, ambos de base genética restrita e provenientes de uma mesma planta da população, foi tão adequado quanto o uso de testadores de mesma base genética, mas pertencentes a populações distintas. Esse resultado possibilita ampliação da escolha dos testadores, contudo vale ressaltar que entre as combinações, CEF foi a de melhor desempenho.

Para o caráter altura de plantas, na seleção com intensidade de 10%, o valor máximo da porcentagem de topcrosses coincidentes foi de 100%, para todos os padrões de eliminação considerados. Os conjuntos que apresentaram porcentagens máximas de coincidência, estabelecidas para cada situação de remoção, e simultaneamente maiores coeficientes de determinação foram BE, AEF e ABEF para os níveis de remoção de 4, 3 e 2 testadores, respectivamente, e ABCEF, ABDEF, ABCDE e BCDEF para o nível de remoção de 1 testador (Tabela 11). Com a eliminação de 4 testadores o conjunto BE foi o único que apresentou máxima porcentagem de coincidentes para o nível. A combinação também esteve presente nos demais conjuntos superiores, exceto ao nível de 3 testadores removidos, onde o conjunto superior possuía, dentre estes, apenas o testador E. Os conjuntos que continham um testador de base genética restrita e um de base ampla mostraram-se superiores àqueles que possuíam dois testadores de base genética restrita e originados de uma mesma planta, situação que só foi observada em alguns dos conjuntos superiores no nível de remoção de 1 testador. Guimarães et al. (2012) relatam em seus trabalhos bons resultados com o uso de testadores não relacionados para estudos de capacidade de combinação, na avaliação de linhagens.

Para o caráter acamamento e quebramento de plantas na seleção com intensidade de 10%, o valor máximo da porcentagem de topcrosses coincidentes foi de 100%, independentemente dos padrões de remoção de testadores. Para a eliminação de 3, 2 e 1 testadores, os conjuntos AC, ACE e ACEF apresentaram a porcentagem máxima estabelecida de coincidentes e, simultaneamente, maiores valores do coeficiente de determinação (Tabela 11). Todos os conjuntos superiores foram constituídos apenas por testadores de base genética restrita, e somente no nível de eliminação de 1 testador ocorreu o acréscimo de um testador restrito e pertencente a uma população distinta dos demais (F). A combinação AC estava presente em todos os conjuntos superiores, indicando maior adequação do uso de testadores de uma mesma população, nos casos de maior desbalanceamento.

Tabela 11. Conjuntos superiores de testadores para seleção com intensidade de 10%.

Caráter	Número de Testadores Removidos	Conjuntos	R ²	Coincidentes (S10%)
Produtividade de Grãos de Milho (t ha ⁻¹)	4	CD	0,64	3 (75)
	3	CEF	0,87	3 (75)
	2	CDEF	0,92	4 (100)
	1	ACDEF	0,97	4 (100)
Altura de Plantas (cm)	4	BE	0,85	4 (100)
	3	AEF	0,94	4 (100)
	2	ABEF	0,97	4 (100)
		ABCEF	0,98	4 (100)
	1	ABDEF	0,98	4 (100)
		ABCDE	0,98	4 (100)
Acamamento e Quebramento de Plantas (%)	3	AC	0,78	4 (100)
	2	ACE	0,85	4 (100)
	1	ACEF	0,89	4 (100)

Para produtividade de grãos, na seleção com intensidade de 20%, em todos os padrões de eliminação de testadores, o valor máximo da porcentagem de topcrosses coincidentes foi 88%. Os conjuntos AD, ABD, ACDE e ACDEF, apresentaram a porcentagem máxima estabelecida de coincidentes, e foram também os de maior coeficiente de determinação (Tabela 12). No maior nível de eliminação de testadores (4) o conjunto AD foi a única opção, entre este, que apresentou a máxima porcentagem de coincidência. Para os níveis de 4, 2 e 1 testadores eliminados os conjuntos superiores foram todos formados por testadores de base genética restrita, sendo mais adequados do que as combinações que continham um testador de base genética ampla. Apenas no nível de eliminação de 3 testadores, a melhor combinação (ABD) possuía um testador de base genética ampla (B).

Para a seleção do caráter altura de plantas com intensidade de 20% as máximas porcentagens de coincidentes foram de 88% para a situação que utilizou um menor número de testadores nas diferentes combinações, e de 100% para as demais. Os conjuntos EF, CEF e ABEF, referentes aos níveis de remoção de 4, 3 e 2 testadores, e os conjuntos ABCEF e ABCDF para o nível de 1 testador removido, foram os de maior coincidência e, simultaneamente, apresentaram maior valor de coeficiente de determinação (Tabela 12). Os conjuntos superiores dos dois maiores níveis de remoção de testadores (4 e 3) foram compostos apenas por testadores de

base genética restrita, com pelo menos um pertencente a cada população. Para os demais níveis acrescentou-se, nos melhores conjuntos, mais um testador de base restrita, de mesma população, mas proveniente de uma planta distinta (A) e um testador de base genética ampla (B). O testador F esteve presente em todos os conjuntos superiores observados, indicando que o uso de testadores de mesma base genética, mas provenientes de populações distintas foi mais adequado do que o uso de testadores de mesma base genética, mesma população e originado de uma mesma planta, situação que não ocorreu entre as combinações superiores em nenhuma circunstância.

Para o caráter acamamento e quebramento de plantas, na seleção com intensidade de 20%, os valores máximos da porcentagem de topcrosses coincidentes foram de 88% para os conjuntos com menor número de testadores e 100% para os demais. Os conjuntos que apresentaram porcentagens máximas de coincidência e maiores valores do coeficiente de determinação, para os níveis de remoção de 3, 2 e 1 testadores, foram respectivamente AE, ABC e ABCF (Tabela 12). Apenas no maior nível (3) o conjunto superior não continha um testador de base genética ampla. Os níveis de 3 e 2 testadores eliminados também não continham, entre os testadores de base genética restrita, testadores pertencentes a diferentes populações. Assim, o uso de testadores de base genética restrita, pertencentes a uma mesma população, e o uso apenas de testadores de base restrita foram mais indicados para situações com o menor número de testadores combinados. O estudo de Li et al., (2006) descreve que para avaliação de capacidade de combinação testadores de populações distintas são mais indicados para a obtenção de resultados satisfatórios.

Tabela 12. Conjuntos superiores de testadores para seleção com intensidade de 20%.

Caráter	Número de Testadores Removidos	Conjuntos	R ²	Coincidentes (S 20%)
Produtividade de Grãos de Milho (t ha ⁻¹)	4	AD	0,66	7 (88)
	3	ABD	0,79	7 (88)
	2	ACDE	0,91	7 (88)
	1	ACDEF	0,97	7 (88)
Altura de Plantas (cm)	4	EF	0,89	7 (88)
	3	CEF	0,92	8 (100)
	2	ABEF	0,97	8 (100)
	1	ABCEF	0,98	8 (100)
Acamamento e Quebramento de Plantas (%)	3	AE	0,62	7 (88)
	2	ABC	0,86	8 (100)
	1	ABCF	0,92	8 (100)

No descarte com 10% de intensidade, para o caráter produtividade de grãos, os níveis de remoção de 4, 3, 2 e 1 testadores, tiveram valores máximos da porcentagem de topcrosses coincidentes de 75% para a condição de maior eliminação de testadores e de 100% para as demais. Para cada um dos níveis de remoção os conjuntos CF, ADE, CDEF e ACDEF apresentaram as porcentagens máximas estabelecidas de coincidentes e, entre estas, foram também os de maior coeficiente de determinação (Tabela 13). Todos os conjuntos superiores foram formados por testadores de base genética restrita e apenas o conjunto ADE, no nível de eliminação de 3 testadores, não continha testadores de mesma base e de populações distintas. Contudo, a combinação neste nível foi superior a CDF que, entre as que possuíam os testadores C e F, foi a de maior valor de coeficiente de determinação. Assim, ainda neste nível (3), o uso de testadores de mesma base genética e mesma população se mostrou superior. Nas demais situações de eliminação de testadores as combinações de testadores de base genética restrita e de diferentes populações obtiveram os maiores coeficientes de determinação e também foram superiores às combinações contendo um testador de base genética ampla. A ocorrência de resultados positivos com o uso de testadores de base restrita é descrita por Santos (2012) como uma consequência da maior exploração da heterose por parte destes, sendo esta referente à metade da variância aditiva enquanto que os testadores de base ampla exploram $\frac{1}{4}$ da mesma.

Para altura de plantas, com o descarte a 10% de intensidade, as máximas porcentagens de coincidentes foram de 75% para o maior nível de remoção de

testadores e de 100% para os demais. Os conjuntos CD, AEF, ABEF, ABDEF e ACDEF, sendo os três primeiros referentes aos níveis de 4, 3 e 2 testadores eliminados e os dois últimos ao nível de 1 testador eliminado, respectivamente, foram os de maior porcentagem de coincidência e maiores valores de coeficiente de determinação (Tabela 13). Com um menor número de testadores combinados, o conjunto superior foi composto apenas por testadores de base genética restrita, assim como outros conjuntos (EF, AE, AF) que, dentre os de máxima coincidência, apresentaram valores do coeficiente de determinação muito próximos ao do conjunto superior. Para os níveis de 3, 2 e 1 testadores removidos, todos os conjuntos superiores continham a combinação AEF, indicando ser mais apropriado o uso de testadores de base genética restrita de diferentes origens e populações do que combinações com testadores muito semelhantes (D e E), o que apenas observou-se na situação de eliminação de 1 testador. O uso de testadores muito próximos pode gerar resultados bastante similares, e até mesmo redundantes, o que não é desejado para auxiliar na seleção de linhagens.

Para acamamento e quebramento de plantas, no descarte com intensidade de 10%, em todos os níveis de remoção, o valor máximo da porcentagem de topcrosses coincidentes foi 75%. Os conjuntos BE, BCE e ABCE, para cada nível, apresentaram a porcentagem máxima estabelecida de coincidentes e, foram também, os de maior coeficiente de determinação (Tabela 13). Todos os conjuntos superiores possuíam testadores de base genética ampla e restrita, sendo que nas combinações com mais de um testador de base restrita todos pertenciam à mesma população. A combinação BE esteve presente em todos os conjuntos superiores, independentemente do número de testadores utilizados. Esses resultados sugerem maior adequação no uso de testadores de bases distintas em relação a testadores de mesma base genética e diferentes populações.

Tabela 13. Conjuntos superiores de testadores para descarte com intensidade de 10%.

Caráter	Número de Testadores Removidos	Conjuntos	R ²	Coincidentes (D 10%)
Produtividade de Grãos de Milho (t ha ⁻¹)	4	CF	0,71	3 (75)
	3	ADE	0,84	4 (100)
	2	CDEF	0,92	4 (100)
	1	ACDEF	0,97	4 (100)
Altura de Plantas (cm)	4	CD	0,90	3 (75)
	3	AEF	0,94	4 (100)
	2	ABEF	0,97	4 (100)
	1	ABDEF	0,98	4 (100)
Acamamento e Quebramento de Plantas (%)	3	BE	0,61	3 (75)
	2	BCE	0,73	3 (75)
	1	ABCE	0,92	3 (75)

Para o caráter produtividade de grãos, o descarte com intensidade de 20%, teve nos níveis de 4, 3, 2, e 1 testadores removidos, os valores máximos da porcentagem de topcrosses coincidentes de 75% para o padrão de combinações com menor número de testadores e 88% para os demais. Os conjuntos CE, CEF, CDEF e ACDEF, para cada nível de remoção dos testadores, apresentaram a porcentagem máxima estabelecida de coincidentes e, simultaneamente, os maiores valores de coeficiente de determinação (Tabela 14). No maior nível de eliminação (4), o melhor conjunto foi formado por testadores de base genética restrita de uma mesma população, porém pertencentes a plantas distintas. Nos demais níveis, os conjuntos de maior porcentagem de coincidência e coeficiente de determinação também eram compostos apenas por testadores de base genética restrita, mas sempre com a presença de um testador pertencente a uma população distinta dos demais (F). Assim, as combinações superiores apresentaram apenas testadores de base genética restrita, sendo melhores que aquelas que continham um testador de base genética ampla.

Para altura de plantas no descarte com intensidade de 20%, as remoções de 4, 3, 2 e 1 testadores tiveram os valores máximos da porcentagem de topcrosses coincidentes de 88% para os dois maiores padrões de remoção de testadores e 100% para os dois menores. Os conjuntos CF (4), ACD, BCD e AEF (3), ABCD (2) e ABCEF, ABCDF e ABCDE (1), apresentaram as porcentagens máximas estabelecidas de coincidentes e, simultaneamente, maiores coeficientes de determinação (Tabela 14). Com 4 testadores eliminados, não houve, no conjunto

superior, presença de testadores de base genética ampla, os quais começaram a aparecer em um dos conjuntos superiores do nível de 3 testadores removidos e em todos com 2 e 1 testadores eliminados. O menor nível de eliminação de testadores (1) foi, também, o único que apresentou um conjunto superior composto por testadores muito semelhantes, de base genética restrita e originados de uma mesma planta. Assim, com o aumento do número de testadores removidos, foi observado superioridade nos resultados com o uso de conjuntos compostos de testadores de base genética restrita e principalmente originados de plantas distintas.

No descarte com 20% de intensidade para o caráter acamamento e quebramento de plantas, a remoção de 3 e 2 testadores tiveram valores máximos da porcentagem de topcrosses coincidentes igual a 88% e para a remoção de 1 testador esse percentual de coincidência foi de 75%. Os conjuntos BF, ABC, ABCE e ABCF referentes, os dois primeiros, a 3 e 2 testadores eliminados e os dois últimos a eliminação de 1 testador, apresentaram porcentagens máximas de coincidentes e, entre estas, foram também os de maior coeficiente de determinação (Tabela 14). Todos os conjuntos superiores, independentemente do nível a que pertencessem, continham um testador de base genética ampla. Apenas um dos conjuntos no menor nível de remoção de testadores (1) apresentou uma combinação contendo testadores de base genética restrita de diferentes populações, logo, a escolha de testadores de diferentes bases genéticas se destacou, quando comparada ao uso de testadores de mesma base genética, mas pertencentes a populações distintas.

Tabela 14. Conjuntos superiores de testadores para descarte com intensidade de 20%.

Caráter	Número de Testadores Removidos	Conjuntos	R ²	Coincidentes (D 20%)
Produtividade de Grãos de Milho (t ha ⁻¹)	4	CE	0,72	6 (75)
	3	CEF	0,87	7 (88)
	2	CDEF	0,92	7 (88)
	1	ACDEF	0,97	7 (88)
Altura de Plantas (cm)	4	CF	0,78	7 (88)
		ACD	0,94	7 (88)
	3	BCD	0,94	7 (88)
		AEF	0,94	7 (88)
	2	ABCD	0,97	8 (100)
		ABCEF	0,98	8 (100)
	1	ABCDF	0,98	8 (100)
	ABCDE	0,98	8 (100)	
Acamamento e Quebramento de Plantas (%)	3	BF	0,53	7 (88)
	2	ABC	0,86	6 (75)
	1	ABCE	0,92	7 (88)
	ABCF	0,92	7 (88)	

Para o caráter produtividade de grãos, com remoção 1 dos testadores, o conjunto ACDEF foi superior para todas as situações, indicando que a eliminação do testador de base genética ampla (B) do conjunto balanceado proporcionou resultados satisfatórios. No nível de 2 removidos, o conjunto CDEF foi superior para as situações de seleção a 10% de intensidade e ambos os descartes, assim a eliminação do testador A pode ser a mais indicada, para esse número de testadores. Com 3 testadores eliminados, o testador E aparece com maior frequência nos conjuntos superiores, seguido pelos demais testadores de base genética restrita (A, C, D e F) e o menos presente é o de base genética ampla (B). Para o nível de remoção de 4 testadores os conjuntos com porcentagem de coincidência máxima e maior coeficiente de determinação possuíam em comum a combinação de dois testadores de base genética restrita, contudo estes diferiam quanto às origens podendo ser de mesma população e plantas diferentes (CD, AD e CE) ou ainda de diferentes populações (CF). O testador C apareceu com maior frequência entre as combinações pertencentes aos conjuntos com melhor resultado, seguido pelo testador D (Tabelas 11, 12, 13 e 14).

Para o caráter altura de plantas com remoção de 1 testador, o conjunto ABCEF foi o mais frequente em todas as situações exceto no descarte a 10% de intensidade, o que indica uma adequada eliminação do testador D, que é de base genética restrita e muito similar a E (originados da mesma planta). No nível de 2

eliminados, houve maior frequência do conjunto ABEF, sendo este superior nas situações de descarte a 10% de intensidade e em ambas as seleções, indicando uma possível remoção do testador C. Para o nível de 3 removidos, os testadores que apareceram com maior frequência entre os conjuntos superiores foram A, E e F, na sequência o testador C seguido por D. Todos estes testadores são de base genética restrita e os testadores E e F foram concomitantemente os de maior frequência nos conjuntos superiores do nível que utilizou menos testadores nas combinações. Conseqüentemente, para este caráter, o uso de testadores de base genética restrita e originados de diferentes plantas é mais aconselhável para todas as situações, nos diferentes níveis, sendo que com o aumento destes, é preferível optar por conjuntos que combinem apenas testadores de base genética restrita (Tabelas 11, 12, 13 e 14).

Para o caráter acamamento e quebramento de plantas no nível de menor eliminação de testadores (1), os conjuntos mais frequentes foram ABCF, para 20% de intensidade de seleção e descarte, e ABCE, para ambos os descartes (10% e 20%). Com o nível de 2 eliminados, o testador C foi o de maior frequência entre os conjuntos superiores de todas as situações, seguido pelos testadores A e B. Nesse nível, o testador de base genética restrita pertencente a uma população distinta da dos demais restritos (F) não foi constatado em nenhum dos conjuntos superiores, indicando ser mais adequada a escolha de testadores de diferentes bases genéticas para formarem o conjunto. Os testadores A e B, juntamente com E, foram os mais frequentes nos conjuntos superiores com o nível de remoção de 3 testadores, o que reforça os resultados obtidos no nível acima (Tabelas 11, 12, 13 e 14).

Como visto anteriormente, o aumento do número de testadores removidos resultou em redução dos coeficientes de determinação, além de diminuição das porcentagens de topcrosses coincidentes, tanto para seleção como descarte, nas duas intensidades e considerando todos os caracteres avaliados. Contudo, mesmo nos maiores níveis de remoção de testadores, os valores de coeficiente de determinação dos conjuntos com máxima porcentagem de coincidentes para cada situação de seleção e descarte foram superiores a 0,50 (Tabelas 11, 12, 13 e 14), indicando ser possível a obtenção de valores genotípicos próximos às médias fenotípicas mesmo com um menor número de testadores em campo para a

avaliação das linhagens. Para Cargnelutti Filho & Storck (2009), é possível estipular uma adequada precisão ao experimento a partir do coeficiente de determinação, sendo que, neste trabalho, o valor obtido foi em torno de 0,60.

Considerando a variação entre os valores do coeficiente de determinação das combinações superiores, foi observado um aumento deste, a cada adição de um novo testador. As amplitudes máximas foram obtidas comparando os conjuntos superiores, dos níveis de maior e menor eliminação de testadores. Para as seleções, nas intensidades de 10% e 20%, essas amplitudes foram equivalentes a 51,99% e 46,36% (produtividade de grãos), 15,13% e 10,62% (altura de plantas) e 14,68% e 48,26% (acamamento e quebramento de plantas). Para os descartes, a 10% e 20%, as amplitudes máximas foram, respectivamente, de 36,62% e 35,09% (produtividade de grãos), 9,38% e 25,59% (altura de plantas) e 50,23% e 74,04% (acamamento e quebramento de plantas). As variações máximas, dos coeficientes de determinação, apresentaram um considerável efeito sobre a elevação dos mesmos. Contudo observou-se para todos os caracteres, de uma forma geral, que destes totais os aumentos mais expressivos foram obtidos quando passou-se a utilizar conjuntos com 3 testadores ao invés de 2, ou seja, quando foram utilizados conjuntos dos níveis de eliminação de 3 testadores, para produtividade de grãos e altura de plantas, e 2, para acamamento e quebramento de plantas. Acima destes níveis, a adição de cada testador aos conjuntos existentes teve um pequeno efeito na elevação do valor do coeficiente de determinação e, assim, o trabalho para a avaliação adicional de topcrosses, obtidos utilizando-se mais de 3 testadores, pode não justificar tais aumentos.

Com base na análise da seleção e do descarte, nas diferentes intensidades (10% e 20%), foi observado para cada característica diferenças no comportamento do número, origem e estrutura dos testadores a serem removidos. Contudo, foi possível estabelecer um padrão para cada um dos caracteres, na escolha dos testadores que compunham os conjuntos de melhores resultados. Para produtividade de grãos os resultados superiores foram obtidos com conjuntos compostos por apenas testadores de base genética restrita, independentemente da população a que pertencessem. Para altura de plantas os resultados mais promissores foram obtidos tanto em conjuntos com testadores de diferentes bases

genéticas, como nos que continham somente base restrita, contanto que as combinações não apresentassem testadores muito próximos, de mesma população e originados na mesma planta. Para acamamento e quebramento de plantas os conjuntos mais eficientes foram aqueles compostos tanto por testadores de diferentes base genéticas, como de mesma base, sendo condição para o último caso que os testadores não pertencessem a populações distintas (Tabelas 11, 12, 13, 14).

Os testadores A, C e E, foram os mais frequentes entre os componentes dos conjuntos superiores, considerando todas as situações de seleção e descarte estudadas (Tabelas 11, 12, 13, 14). Estes testadores ainda atendem a cada um dos critérios estabelecidos para os caracteres, sendo, portanto, mais indicados na escolha de testadores. As fases iniciais dos programas de melhoramento fornecem maior ênfase na avaliação da capacidade geral de combinação, que utiliza testadores de base ampla, e ao longo das gerações a preferência passa a ser pelas avaliações quanto a capacidade específica de combinação, que utiliza os testadores de base restrita (RODOVALHO et al., 2012). Este processo leva à maior eficiência na seleção, pois a CGC tem como finalidade eliminar precocemente linhagens com desempenho desfavorável e a CEC é avaliada quando há maior homozigose das linhagens, permitindo sua alocação em grupos heteróticos (CANCELLIER, 2015). Os testadores A, C e E são todos de base genética restrita, fator que os tornam adequados para a fase de avaliação das linhagens. Duarte, Ferreira e Nuss (2003) relatam em seu trabalho, com testadores de base restrita e de diferentes origens, uma dificuldade em se obter melhores resultados em diversos caracteres utilizando-se um único testador.

Analisando o rank do topcross superior (Rank S) e inferior (Rank I), de acordo com a classificação da média fenotípica da análise conjunta, foi observada para todos os caracteres avaliados uma maior variação no ordenamento dos posicionamentos, conforme houve aumento da remoção de testadores (Tabelas 8, 9 e 10).

Para a produtividade de grãos o topcross superior, de maior média fenotípica, ao nível de 1 testador removido, não sofreu alteração no rank com a remoção dos testadores A e F e, no nível de 2 removidos, os mesmos testadores foram os que

apresentaram maior frequência nas combinações retiradas (AC, AE, AF, BF, CF e EF) que conservaram os posicionamentos. Para o nível de 3 removidos, os testadores que não alteraram o rank, em ordem decrescente de frequência, foram F, A e C, sendo que para o nível de 4 testadores removidos os mesmos estavam presentes em todas as possíveis combinações retiradas que não alteraram o rank (ACEF, ACDF e ABCF). Para os diferentes números de testadores utilizados, o testador B, de base genética ampla, estava presente na maioria (80%) dos conjuntos que não sofreram alterações do posicionamento do melhor topcross e a combinação dos testadores D e E, ambos com origem na mesma população e mesma planta, foi frequente em 60% dos conjuntos sem alteração de colocação (Tabela 8).

Para o caráter altura de plantas o rank do topcross superior, de menor média fenotípica, não foi alterado com a remoção dos testadores A, B, D, E e F no nível de 1 testador eliminado. Com 2, 3 e 4 testadores removidos, A e E foram os que apareceram com maior frequência entre as combinações removidas que não influenciaram o posicionamento do topcross de menor média fenotípica, sendo que no maior nível (4) esta combinação estava presente em todos os conjuntos que não alteraram o rank. Em todos os níveis, os testadores C, F e D foram, respectivamente, os de maior frequência (75%, 69% e 63%) nos conjuntos que não tiveram alteração de posicionamento. Os testadores citados acima são todos de base genética restrita, contudo C e D pertencem a uma mesma população diferente da qual provêm F (Tabela 9).

Para o caráter acamamento e quebramento de plantas o topcross superior, com menor média fenotípica, não teve o rank alterado no nível de remoção de 1 testador, independentemente da escolha do testador a ser retirado. Com o nível de 2 eliminados, os testadores A, B e E apareceram com maior frequência entre as combinações que quando retiradas não alteraram o posicionamento do melhor topcross. O testador A também foi o de maior frequência entre as combinações removidas para o nível 3 removidos. De forma geral, considerando todos os diferentes níveis, os testadores B, C e F foram os mais presentes nos conjuntos que não apresentaram alteração de posicionamento, estando cada um presente nestes conjuntos com frequência equivalente a 63% (Tabela 10).

A variação do rank do topcross considerado inferior foi menor em relação a do topcross superior, para todos os caracteres avaliadas, considerando os diferentes números de testadores que compunham os conjuntos. Para produtividade de grãos o topcross inferior foi o de menor média fenotípica, que apresentou variação de rank em apenas 19% dos conjuntos, considerando todos os diferentes níveis (Tabela 8). Para o caráter altura de plantas o topcross inferior, de maior média fenotípica, só teve alteração de posicionamento no nível de eliminação de 4 testadores, sendo os conjuntos com variação de posicionamento equivalentes a 5% do total de conjuntos possíveis nos diferentes níveis (Tabela 9). Para acamamento e quebramento de plantas o topcross inferior, de maior média fenotípica, apresentou alteração do rank em apenas 28% do total de conjuntos possíveis, considerando todos os níveis, sendo esta a característica que apresentou maior quantidade de alterações do rank (Tabela 10). Assim, independentemente dos caracteres avaliados e dos testadores que foram removidos, o rank do pior topcross sofreu pequenas alterações, quando comparado com o rank do topcross considerado superior.

5. CONCLUSÕES

É possível estabelecer um padrão, para cada um dos caracteres, para orientação na escolha dos testadores mais adequados, quanto à origem e estrutura.

Os testadores A, C e E atendem todas as exigências de cada um dos caracteres e são frequentes nos conjuntos com melhor desempenho, sendo, portanto, potenciais escolhas na seleção de testadores quanto à origem.

O número de testadores utilizados apresenta maior influência nos resultados das avaliações de cada um dos caracteres, do que a origem e estrutura dos testadores que compõem os conjuntos.

A utilização de conjuntos formados por 3 testadores é indicado para obtenção de informações precisas, sendo que, a partir deste nível, o acréscimo de mais testadores não leva à grandes variações dos resultados, podendo não justificar o trabalho e custo envolvidos na avaliação de um conjunto adicional de topcrosses no campo.

6. REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blüchner, 1971. 381p.

ALVES, G. F. **Relações entre seleção de testadores de milho e suas divergências genéticas**. 2006. 145p. Tese (doutorado em Agronomia) – Universidade de São Paulo: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2006.

ARNHOLD, E.; MORA, F.; SILA, R. G.; GOOD-GOD, P. I. V.; RODOVALHO, M. A. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean Journal of Agricultural Research**, Chillán, v. 69, n. 1, p. 46-53, 2009.

BARRETO, R. R.; SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RODOVALHO, M. A.; VIEIRA, R. A.; SCHUELTER, A. R. Avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho-pipoca por meio de diferentes testadores. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 3, p. 873-890, 2012.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Stemma Press: Woodbury, 2010. 400p.

BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2013. 969p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV, 2009. 529p.

BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum: Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2006. 319p.

BUENO, R. C.; CARVALHO, L. G.; VIANELLO, R. L.; MARQUES, J. J. G. S. M. Estudo de Rajadas de Vento e Direções Predominantes em Lavras, Minas Gerais, Por Meio da Distribuição Gama. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 4, p. 789-796, 2011.

CANCELLIER, L. L. **Seleção de progênies S₂ de milho com abordagem de modelos mistos**. 2015. 76p. Tese (doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.

CARGNELUTTI FILHO, A; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n. 2, p.111-117, 2009.

CARRER, H.; BARBOSA, A. L. and RAMIRO, D. A. **Biotecnologia na agricultura**. Estudos avançados. [online]. ISSN 0103-4014, vol. 24, n. 70, p. 149-164, 2010.

CARVALHO, H. W. L. de; CARDOSO, M. J.; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos; TABOSA, J. N. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n. 6, p.1115-1123, 2000.

CLOVIS, L. R.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; BOLSON, E.; SENHORINHO, H. J. C.; Avaliação de linhagens S3 de milho por meio de testadores adaptados à safrinha. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 28, n.1, p. 109-120, 2015.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos – Safra 2015/2016 – Milho**, Disponível em: < http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_02_04_11_21_34_boletim_graos_fevereiro_2016_ok.pdf >. Acesso: 22/02/2016, 2016.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; FERREIRA, M. S.; FERREIRA, J. S. **Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos para o caráter germinação em Leucena pelo procedimento REML/BLUP**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, Colombo: Embrapa Florestas, n. 7, 2001, 20p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

CRUZ, J. C.; GARCIA, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; PINTO, L. B. B.; QUEIROZ, L. R. **Caracterização dos sistemas de produção de milho para altas produtividades**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 15 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular técnica, 124), 2009.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; QUEIROZ, L. R. **Quatrocentas e sessenta e sete cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2013/14**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/>>. Acessado em: 07/03/2016, 2013.

DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agricultural Experimental Station Annual Report**, p.14-15, 1927.

DUARTE, I. de A.; FERREIRA, J. M.; NUSS, C. N. Potencial discriminatório de três testadores em “topcrosses” de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 3, p. 365-372, 2003.

EASSON, D. L.; WHITE, E. M.; PICKLES, S. J. The effects of weather, seed rate and cultivar on lodging and yield in winter wheat. **Journal of Agricultural Science**, v. 121, n. 2, p.145-156, 1993.

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 6, p. 1135-1142, 2000.

FAO – Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura. **Produção mundial de milho**. Disponível em: <<https://www.fao.org.br>>. Acessado em: 07/01/2016, 2016.

FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C.; SANTOS, M. X.; RAMALHO, M. A. P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 9, p. 1189-1194, 1995.

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

FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M. C.; VENCOVSKY, R.; SOUZA JUNIOR, C. L. de. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 32-39, 2010.

FRITSCHÉ-NETO. **Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes**. 2008. 71p. Dissertação (mestrado em Agronomia) – Universidade de São Paulo: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2008.

GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V.; TROGELLO, E.; FRITSCHÉ-NETO, R. Sete décadas de evolução do sistema reprodutivo da cultura do milho. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, Suplemento, p. 819-828, 2014.

GIORGENON, C. H. B. **Capacidade de combinação para seleção de genótipos de milho**. 2015. 54p. Dissertação (mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2015.

GOMES, L. S.; BRANDÃO, A. M.; BRITO, C. H.; MORAES, D. F.; LOPES, M. T. G. Resistência ao acamamento de plantas e ao quebramento do colmo em milho tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 2, p. 140-145, 2010.

GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; MACHADO, J. R. A.; MEIRELLES, W. F.; PARENTONI, S. N.; SILVA, A. R.; MENDES, F. F. Avaliação de híbridos de milho em múltiplos ensaios utilizando modelos mistos. In: XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 2010. Goiânia. **Anais eletrônicos...** Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/25055/1/0100.pdf> Acessado em: 19/06/2015, 2010.

GUIMARÃES, L. J. M.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; MAIA, C.; OLIVEIRA, L. R. de; SOUZA, L. V. de. Performance of testes with different genetic structure for evaluation of maize inbred lines. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 5, p. 770-776, 2012.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.D. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 664p.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, New Haven, v. 207, p.5-100, 1918.

LI, M. S.; LI, X. H.; DENG, L. W.; ZHANG, D. G.; BAI, L.; ZHANG S. H. Comparisons of four testers in evaluating 27 CIMMYT and Chinese maize populations. **Maydica**, v. 52, p. 173-179, 2006.

LIMA, M. L. A.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; BENTO, D. A. V.; SOUZA, A. P.; CARLINI GARCIA, L. A. Mapping QTL for grain yield and plant traits in a tropical maize population. **Molecular Breeding**, Wageningen, v. 17, n. 3, p. 227-239, 2006.

LÜDERS, R. R.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P. B.; SILVA, R. M. Combining ability of maize lines in top crosses with narrow genetic base testes. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 6, n. 2, p. 186-198, 2007.

MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 4, p. 643-652, 2000.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: Paterniani, E.; Viégas, G.P. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p.122-195.

MÔRO, G. V. **Uso da seleção genômica e fenotípica em linhagens para a predição de testecrosses em milho**. 2011. 116p. Tese (doutorado em Agronomia) – Universidade de São Paulo: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2011.

PAES, M.C.D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**. Circular Técnica 75. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 6p.

PARENTONI, S. N.; MIRANDA, R. A.; GARCIA, J. C. Implications on the introduction of transgenics in Brazilian maize breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 9-22, 2013.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, 1987, p.217-264.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; FERREIRA, E. A.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B. Potencial de híbridos top cross de milho no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 9, n. 2, p. 163-176, 2010.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, Washington, v. 58, p. 545-554, 1971.

PEREIRA, T. C. V.; SCHMIT, R.; HAVEROTH, E. J.; MELO, R. C.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; BACKES, R. L. Reflexo da interação genótipo x ambiente sobre o melhoramento genético de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 46, n. 3, p. 411-417, 2016.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PINHEIRO, L. C. de M.; GOD-GOOD, P. I. V.; FARIA, V. R.; OLIVEIRA, A. G.; HASUI, A. A.; PINTO, E. H. G.; ARRUDA, K. M. A.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína de soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 9, p. 1246-1253, 2013.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 2012. 566p.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 3, p. 402-413, 2004.

REGITANO NETO, A.; RAMOS JUNIOR, E. U.; GALLO, P. B.; FREITA, J. G.; AZZINI, L. E. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 44, n. 3, p. 512-519, 2013.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H.; SOUZA FILHO, G. R.; CANDIDO, L. S. Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.12, n. 3, p. 2391-2399, 2013.

RODOVALHO, M. A.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; BARRETO, R. R.; FERREIRA, F. R. A.; CLÓVIS, L. R. Comparação de Testadores em Famílias S₂ Obtidas do Híbrido Simples de Milho-Pipoca IAC-112. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p.145-154, 2012.

SANGOI, L. Understanding plant density effects on maize growth and development: an important issue to maximize grain yield. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.31, n. 1, p.159-168, 2000.

SANTOS, P. G.; JULIATTI, F. C.; BUIATTI, A. L.; HAMAWAKI, O. T. Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 5, p. 597-602, 2002.

SANTOS, P. H. A. D. **Capacidade combinatória em linhagens de milho estimada por testadores e monitorada por marcadores microssatélites**. 2012. 73p. Dissertação (mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2012.

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT software 9.3**. SAS Institute Inc. Cary, NC, USA, 2011.

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

SCAPIM, C. A.; ROYER, M. R.; PINTO, R. J. B.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; PACHECO, C. A. P.; MOTERLE, L. M. Comparação de testadores na avaliação da capacidade de combinação de famílias S₂ de milho-pipoca. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 7, n. 1, p. 83-91, 2008.

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

SHULL, G. H. A pure line method of corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 5., p. 51-59, 1909.

SHULL, G. H. Hybridization methods in corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 6., p. 63-72, 1910.

SILVA, B.; POLETI, M. D.; MONCAU, C. T.; ROSA, A. F.; SILVA, A. de L.; BALIEIRO, J. C. C. Características endócrinas, metabólicas e indicadoras da qualidade da carne em bovinos Nelore castrados e não castrados. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 5, p. 904-910, 2014.

SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, v.26, n. 3, p.540-543, 1986.

SOUZA JR., C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos & Melhoramento** – Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 159-199.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Production, Supply and Distribution Online**. Disponível em: <www.fas.usda.gov>. Acesso: 04/01/2016, 2016.

VALENTE, M. S. F. **Emprego do BLUP/REML na avaliação genética de linhagens elites de milho-pipoca**. 2010. 38p. Dissertação (mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

VAYEGO, S. A.; DIONELLO, N. J. L.; FIGUEIREDO, E. A. P. 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, v.37, n.7, p.1230-1235, 2008.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p.122- 195.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 486 p.

WHITE, T.; HODGE, G. **Predicting breeding values with application in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 367p.