

RAFAEL RECCANELLO BARRETO

**AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE FAMÍLIAS S₂
DE MILHO PIPOCA**

**MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
FEVEREIRO – 2008**

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

RAFAEL RECCANELLO BARRETO

**AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE FAMÍLIAS S₂
DE MILHO PIPOCA**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração Produção Vegetal, para obtenção do título de Mestre.

**MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
FEVEREIRO – 2008**

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por tudo.

À CAPES, pelo auxílio financeiro.

À Universidade Estadual de Maringá.

Aos Professores orientadores e amigos, Dr. Carlos Alberto Scapim e Dr. Ronald José Barth Pinto, pela ajuda, amizade e paciência que tiveram durante este período em que estivemos juntos.

Aos colegas de Curso de Mestrado, Marcos de Araújo Rodovalho e Marcelo Fracaró, pelo auxílio, e momentos de companheirismo e alegria.

Aos estagiários do Programa de Melhoramento de Plantas Alógamas, pelo auxílio e amizade.

Aos funcionários da Fazenda Experimental de Iguatemi.

Aos meus pais, Osvaldo Barreto e Nelide Reccanello Barreto, aos meus irmãos, Rodrigo e Gabriela Reccanello Barreto e minha querida noiva, Lígia Maria da Freiria, que acreditaram nos meus sonhos de realizar uma pós-graduação e, principalmente, pela amizade e incentivo em todos momentos. O curso de Mestrado não teria nenhum valor para mim se eu não pudesse sentir a satisfação desta conquista com vocês.

Enfim, meus mais sinceros agradecimentos a todas pessoas que realizaram comigo esta pesquisa.

BIOGRAFIA

Rafael Reccanello Barreto, nascido em Apucarana, Estado do Paraná, no dia 22 de dezembro de 1981, filho de Osvaldo Barreto e Nelide Reccanello Barreto, concluiu o ensino médio no Colégio Estadual Polivalente de Apucarana, Estado do Paraná, no ano de 1999. Ingressou no curso de Agronomia na Universidade Estadual de Maringá, em 2001 e concluiu em 2005. Em março de 2006, ingressou no curso de Pós-graduação em Agronomia (PGA) da Universidade Estadual de Maringá e defendeu a Dissertação em fevereiro de 2008.

ÍNDICE

LISTA DE TABELAS	vi
RESUMO	viii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 OBTENÇÃO DE LINHAGENS	4
2.2 AVALIAÇÃO DE LINHAGENS	5
2.3 ESCOLHA DE TESTADORES	8
2.4 MILHO HÍBRIDO	11
2.5 CRUZAMENTOS DIALÉLICOS	14
2.6 HETEROSE	15
2.7 MILHO PIPOCA	16
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1 LOCAIS DE CULTIVO	19
3.2 MATERIAL VEGETAL	19
3.3 MÉTODOS	19
3.4 OBTENÇÃO DOS HÍBRIDOS TOPCROSSES	20
3.5 AVALIAÇÃO DOS HÍBRIDOS TOPCROSSES E FAMÍLIAS S2 PER SE	20
3.5.1 Delineamento experimental	20
3.5.2 Preparo do solo e semeadura	21
3.5.3 Caracteres avaliados	21
3.5.3.1 Rendimento de grãos	21
3.5.3.2 Capacidade de expansão	22
3.5.4 Análise estatística e genética dos dados	22
3.5.4.1 Análise de variância	22

3.5.4.2 Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos	23
3.5.4.3 Capacidade de discriminação dos <i>topcrosses</i>	24
3.5.4.4 Correlação de Spearman	25
3.5.4.5 Análise em dialelo parcial	26
3.5.4.6 Estimativa da heterose relativa de cada <i>topcross</i>	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
4.1 ANÁLISES DE VARIÂNCIAS	28
4.2 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS	29
4.3 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO	32
4.4 CAPACIDADE DE DISCRIMINAÇÃO DOS TESTADORES	38
4.5 ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES ENTRE MÉDIAS DE FAMÍLIAS S2	44
4.6 ESTIMATIVAS DE HETEROSE NOS HÍBRIDOS TOPCROSSES	47
4.7 ESCOLHA DO TESTADOR	54
5. CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS	61

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Esquema de análise de variância para o delineamento em látice em cada experimento	23
Tabela 2	Componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos para cada experimento de avaliação de <i>topcrosses</i> e famílias S2 <i>per se</i>	24
Tabela 3	Expressões utilizadas para cálculo dos intervalos de confiança das estimativas da herdabilidade	24
Tabela 4	Tabela dialélica parcial constituindo cruzamentos entre p famílias S2 (Grupo-1) e q testadores (Grupo-2)	26
Tabela 5	Esquema da Análise de Variância em nível de médias para o dialelo parcial, segundo o método de Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988)	27
Tabela 6	Análises de variância para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (CE) (mL L^{-1}) dos híbridos <i>topcrosses</i> Ângela e Linhagem 3.3	29
Tabela 7	Análises de variância para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (CE) (mL L^{-1}) do híbridos <i>topcrosses</i> IAC 125 e das famílias S2 <i>per se</i>	29
Tabela 8	Parâmetros genéticos e fenotípicos para híbridos <i>topcrosses</i> com os testadores Ângela e Linhagem 3.3 para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (mL g^{-1})	30
Tabela 9	Parâmetros genéticos e fenotípicos para híbridos <i>topcrosses</i> como o testador IAC 125 e famílias S2 <i>per se</i> para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (mL g^{-1})	30
Tabela 10	Análise do dialelo parcial das médias dos tratamentos de rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (mL g^{-1}) no estudo das capacidades geral e específica de combinação	32
Tabela 11	Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação \hat{g}_i e \hat{g}_j associados aos grupos I (famílias S2) e II (Testadores) para as variáveis rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (mL g^{-1})	33

Tabela 12	Estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (CEC) de cada cruzamento entre família S ₂ (Grupo I) x testador (Grupo II) e estimativas do erro-padrão de rendimento de grãos (kg ha ⁻¹)	35
Tabela 13	Estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (CEC) de cada cruzamento entre família S ₂ x testador e estimativas do erro-padrão da capacidade de expansão (mL g ⁻¹)	36
Tabela 14	Capacidade de discriminação dos testadores, de acordo com o índice D e índice de performance P (Fasoulas, 1983), para rendimento médio de grãos (kg ha ⁻¹) dos híbridos <i>topcrosses</i> , fundamentado no teste de comparações de comparações múltiplas de Duncan (0,05)	39
Tabela 15	Capacidade de discriminação dos testadores, de acordo com o índice D e índice de performance P (FASOULAS, 1983), para capacidade de expansão (mL g ⁻¹) dos híbridos <i>topcrosses</i> , fundamentado no teste de comparações de comparações múltiplas de Duncan (0,05)	40
Tabela 16	Correlação de Sperman entre <i>topcrosses</i> para rendimento de grãos (kg ha ⁻¹) e capacidade de expansão (mL g ⁻¹)	44
Tabela 17	Correlações de Spearman entre as famílias S ₂ e híbridos <i>topcrosses</i> para rendimento de grãos (kg ha ⁻¹) e capacidade de expansão (mL g ⁻¹)	44
Tabela 18	Estimativa do percentual de heterose (h) em relação aos testadores e média dos híbridos <i>topcrosses</i> em cada cruzamento, para rendimento (Rend) médio de grãos (kg ha ⁻¹)	49
Tabela 19	Estimativa do percentual de heterose (h) em relação aos testadores e média dos híbridos <i>topcrosses</i> em cada cruzamento, para capacidade de expansão (CE) (mL g ⁻¹)	51
Tabela 20	Ordem classificatória das famílias S ₂ com relação aos respectivos valores de capacidade geral de combinação (CGC) e os oito cruzamentos <i>topcrosses</i> de maiores índices com os testadores para o caráter rendimento de grãos	54
Tabela 21	Ordem classificatória das famílias S ₂ com relação aos respectivos valores de capacidade geral de combinação (CGC) e os sete cruzamentos <i>topcrosses</i> de maiores índices com os testadores para o caráter capacidade de expansão	55

RESUMO

BARRETO, Rafael Reccanello, MS, Universidade Estadual de Maringá, fevereiro de 2008. **Avaliação da capacidade de combinação de famílias S₂ de milho pipoca.** Orientador: Dr. Carlos Alberto Scapim. Co-orientador: Dr. Ronald José Barth Pinto.

O desenvolvimento do milho híbrido está fundamentado na avaliação e obtenção de linhagens. Esta avaliação realizada por meio do método *topcross*, embora aceita e utilizada por muitos pesquisadores, ainda traz dúvidas acerca da escolha do testador mais apropriado. O objetivo deste trabalho foi comparar três testadores para a discriminação e avaliação da capacidade combinatória de 49 famílias S₂, oriundas do híbrido *topcross* de milho pipoca IAC 125 (*Zea mays* L.). As famílias foram avaliadas por seu desempenho *per se* e em seus cruzamentos com os testadores, sendo um de base genética ampla (BRS Ângela) e dois de base genética estreita (Linhagem 3.3 e IAC 125). O experimento foi conduzido por meio de delineamento experimental látice simples, instalado e conduzido na Fazenda Experimental de Iguatemi da Universidade Estadual de Maringá, em Maringá, Estado do Paraná, durante o ano agrícola 2007/2008. Os parâmetros genéticos e fenotípicos de capacidade de expansão e rendimento de grãos foram obtidos e comparados entre si por meio das estimativas procedentes das progênies obtidas, isto é, dos *topcrosses* com cada testador e das famílias S₂ *per se*. As capacidades geral e específica de combinação foram estimadas segundo o modelo dialélico parcial de Griffing (1956) adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988). Foram avaliadas também as heteroses dos *topcrosses* em relação aos testadores *per se*, a capacidade de discriminação dos testadores comparada por meio do índice de diferenciação e desempenho proposto por Fasoulas (1983) e as correlações entre o desempenho das famílias e dos seus respectivos *topcrosses*. O testador mais adequado para avaliar as 49 famílias S₂, em relação do rendimento de grãos e capacidade de expansão, foi linhagem 3.3.

Palavras-chave: *Zea mays* L., cruzamento dialélico, rendimento de grãos e expansão

ABSTRACT

BARRETO, Rafael Reccanello, MS, Universidade Estadual de Maringá, February 2008. **Evaluation of the combined ability of the S₂ families of pop corn.** Adviser: Carlos Alberto Scapim. Co-adviser: Ronald José Barth Pinto.

The development of the hybrid corn is based on development and evaluation of inbred lines. The evaluation can be done by the *topcross* method, which even though, is accepted and used by many breeders researchers, still brings doubts about the choice of the most appropriated tester, related to the groups of families that the breeder wants to evaluate. The objective of this present work was to compare three testes for discrimination and evaluation of the combinatory ability of 49 S₂ families of pop corn that came from the pop corn *topcross* hybrid IAC 125(*Zea mays* L.). The families were evaluated by their “*per se*” performance and their crosses with the testers (*topcrosses* or *testcross*), which one of them owns a broad genetic base (BRS Ângela) and two, a restrict genetic base (inbred line 3.3 and IAC 125). The experimental design was incomplete blocks, using simple lattice. The experiment was set up at the Experimental Farm in Iguatemi, which belongs to the Universidade Estadual de Maringá, in the city of Maringá-PR, during the harvest time at 2007/2008. The phenotypic and genetic parameters of popping expansion and yield of grains were reached and compared with each other through their originated estimates from the reached progenies, which means, from the *topcrosses* with each testers and the “*per se*” families. The general and specific combination ability were estimated according to the partial diallel design of Griffing (1956), adapted by Geraldi and Miranda Filho (1988). The heterosis from the *topcrosses* were also evaluated related to the “*per se*” families, the discrimination ability of the testers compared to the differentiation index and the performance proposed by Fasoulas (1983) and the correlations between the families performances and their respective *topcrosses*. It was concluded that the inbred line 33 is the most appropriated tester to evaluate the 49 S₂ families related to either the yield of grains as the popping expansion.

Keywords: *Zea mays* L., diallel crosses, yield and popping expansion

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento vegetal de plantas tem sido definido como “a ciência e arte de modificar as plantas em benefício da sociedade” (PATERNIANI, 2003). Na verdade, o melhoramento genético iniciou com o próprio surgimento da agricultura, há cerca de dez mil anos, através da domesticação de plantas e animais e da gradual adaptação de modelos e processos de produção (CASTRO, 2006).

No século XIX, certos conhecimentos sobre nutrição de plantas estavam disponíveis, porém progressos substanciais sobre a herança dos caracteres e sobre o material genético só ocorreram no século 20, marcado por descobertas que tiveram profundo impacto sobre o melhoramento de plantas. No início do século XX, houve a redescoberta das leis de Mendel; por volta de 1910, aconteceu a descoberta da heterose e, na década de 1920, foram desenvolvidas as bases dos métodos clássicos de melhoramento. A década de 1930 foi marcada pela descoberta da metagênese e da aplicação dos métodos estatísticos ao melhoramento genético, seguidos, na década seguinte, pelos grandes avanços na genética quantitativa. A segunda metade do século 20 foi marcada pelos avanços na fisiologia, bioquímica e cultura de tecidos, verificados na década de 1980 e 1990 (PATERNIANI, 2003; BORÉM, 1998; BORÉM; MILACH, 1999).

A eficiente aplicação dos princípios e conhecimentos fundamentais na genética e outros campos do conhecimento, associadas às demais técnicas agronômicas, conduziu ao desenvolvimento sem precedentes da agricultura moderna. Um dos maiores exemplos disso foi a introdução do milho híbrido na década de 1920. Desde então, tal cultura tem sofrido imensuráveis esforços na obtenção de cultivares comerciais cada vez mais produtivas.

Existem algumas etapas a serem cumpridas na obtenção de uma cultivar híbrida. A primeira delas é a escolha do germoplasma para a extração das linhagens. Na etapa seguinte, são feitas as autofecundações necessárias à

obtenção de homozigose. Na terceira etapa, são avaliadas as capacidades de combinação das linhagens obtidas.

A escolha das melhores linhagens é feita principalmente pelo método-padrão, na qual a seleção é efetuada visualmente entre e dentro de progênies endogâmicas, durante as várias gerações de autofecundação, até que seja atingida a homozigose desejada. O sucesso de um programa de melhoramento está na obtenção de linhagens superiores e na capacidade destas em transmitir as características desejáveis aos híbridos.

Inicialmente, a avaliação das linhagens era efetuada diretamente, comparando-se as $n(n-1)/2$ combinações híbridas não-recíprocas possíveis. Entretanto, à medida que aumentou o número de linhagens utilizadas, tornou-se inviável a avaliação pela maneira usual.

Para superar a dificuldade experimental decorrente da avaliação de um elevado número de linhagens, sugeriu-se inicialmente que as mesmas fossem avaliadas em *topcross* (DAVIS, 1927; JENKINS; BRUNSON, 1932; LINDSTRON, 1931). O método *topcross* tem por objetivo avaliar o mérito relativo das linhagens em cruzamento com um testador, eliminando, desta forma, as que não apresentam bom desempenho, tornando mais racional e eficiente o programa de melhoramento para o desenvolvimento de híbridos e permitindo substancial descarte de progênies durante as primeiras gerações de endogamia.

O emprego do método *topcross*, apesar de ser amplamente aceito, ainda não está totalmente definido. Uma das decisões mais importantes e difíceis para a aplicação deste método é a escolha do testador adequado para o grupo de linhagens que se quer testar. Assim, trabalhos têm discutido, por exemplo, o número ou tipo de testadores (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). No entanto, apesar de importantíssimos como auxílio aos melhoristas de milho na escolha do testador mais adequado, esses trabalhos não têm esclarecido todas as incógnitas acerca do assunto.

Para o melhoramento do milho pipoca, podem ser aplicados praticamente todos métodos utilizados para o milho comum. Contudo, existem dificuldades

adicionais, pois o melhoramento deve ser concomitante para a produção e a capacidade de expansão (ZINSLY; MACHADO, 1987).

O objetivo do presente trabalho é avaliar comparativamente três testadores de bases genéticas distintas na discriminação de 49 famílias S_2 , oriundas do híbrido *topcross* de milho pipoca IAC-125, e verificar o grau de associação do desempenho das famílias *per se* em combinações híbridas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

A seleção de testadores é um dos processos mais importantes na escolha de linhagens endogâmicas para a identificação de combinações híbridas superiores. Geralmente, as melhores combinações híbridas estão diretamente relacionadas com o grau de divergência genética dos parentais envolvidos. Porém, esta divergência não tem determinado necessariamente a máxima expressão da heterose. Assim, a seleção de genitores e a utilização de métodos que identifiquem as melhores combinações são etapas de grande importância.

2.1 OBTENÇÃO DE LINHAGENS

Atualmente, existem inúmeros métodos para a obtenção de linhagens endogâmicas. Miranda Filho e Viégas (1987) e Hallauer (1990) apresentaram descrição de tais métodos.

O método-padrão tem por base a seleção de caracteres fenotípicos entre e dentro das progênies à medida que se processam os trabalhos de endogamia.

O método de cova única foi sugerido por Jones e Singleton em 1934 (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). Ele difere do método-padrão porque cada progênie é representada por uma única cova com três plantas, ao invés de uma linha com várias plantas. Assim se reduz a área, facilitando trabalhar em número maior de progênies e aumentando a possibilidade de seleção entre progênies.

O método genealógico consiste, primeiramente, na escolha e cruzamento de duas linhagens elite que se combinem bem. A partir do segundo ciclo resultante por endogamia, efetua-se, então, o isolamento de novas linhagens como no método-padrão.

O método do híbrido críptico corresponde, essencialmente, a um teste precoce de combinação por meio de cruzamentos entre plantas individuais. O

método baseia-se, portando, na avaliação de famílias de irmãos germanos obtidas pelo cruzamento de plantas individuais prolíficas. Ao mesmo tempo, as plantas envolvidas no cruzamento são autofecundadas, utilizando-se a segunda espiga de cada planta. As progênes de irmãos germanos são avaliadas em ensaios de produção, para a identificação dos melhores cruzamentos. As progênes S_1 correspondentes aos melhores cruzamentos são plantadas aos pares na geração seguinte, para novo ciclo. Este processo continua até que se consiga a endogamia desejada nas linhagens para a produção de novos híbridos.

A literatura descreve métodos que questionam o método-padrão quanto ao desenvolvimento de linhagens, por ocasião do longo tempo requerido para alcançar a condição homozigótica final. Um destes métodos propõe o desenvolvimento de linhagens homozigóticas por meio de duplicação do número de cromossomos em cultura de anteras. Esse método pode apresentar alguns problemas, pois a eficiência do processo pode ser baixa pelos distúrbios citogenéticos (HALLAUER, 1990). Entretanto, estes métodos são importantes e devem ser melhorados, pois possibilitam a obtenção de linhagens endogâmicas por meio de menos que 5-7 ciclos de autofecundação.

Uma vez obtidas, as linhagens endogâmicas podem apresentar alto valor genético e, mesmo assim, serem submetidas a processos de melhoramento, pois podem apresentar reações adversas a pragas e doenças, como por exemplo, a susceptibilidade a doenças foliares. Nestes casos, é comumente empregado o método dos retrocruzamentos, dada a sua eficiência na transferência de alelos específicos de um genótipo para outro.

Existem, ainda, outros métodos como a transgenia e a indução de mutações. O ponto comum é que todos visam obter e selecionar material endogâmico superior (PINTO, 1995).

2.2 AVALIAÇÃO DE LINHAGENS

Dois sistemas básicos são utilizados na avaliação de linhagens endogâmicas de milho: o primeiro corresponde seleção fenotípica ou seleção

visual. O segundo está calcado nas avaliações do desempenho das linhagens em cruzamentos para seleção baseada na capacidade combinatória, realizada em cruzamentos dialélicos ou em gerações precoces de endogamia, gerando os *topcrosses*.

Nas linhagens obtidas pelo método-padrão, uma considerável desvantagem do processo seria a aleatoriedade das combinações genéticas presentes nas linhagens obtidas. Sabe-se que o valor de uma linhagem consiste na sua capacidade de produzir bons cruzamentos híbridos. No método tradicional, essa capacidade é conhecida somente no final do processo de endogamia. Trata-se de um processo demorado e operoso, pois, além do tempo requerido (seis a sete gerações), o número potencial de híbridos produzidos em todas $n(n-1)/2$ combinações não-recíprocas de um conjunto de n linhagens torna-se extremamente grande à medida em que se aumenta o número de linhagens envolvidas (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Para tornar menos oneroso e mais racional o trabalho de obtenção de linhagens endogâmicas, Davis (1927) sugeriu o uso de *topcrosses* para avaliar a capacidade de combinação das linhagens, cruzando-as com variedades de polinização livre. Alguns pesquisadores como Payne e Hayes (1949) e Richey (1947) contestaram o método, e afirmaram que a seleção visual é suficiente para melhorar a capacidade de combinação nas primeiras gerações de autofecundação. Alegaram, ainda, que o método *topcross* pode eliminar linhagens que seriam de interesse no final do processo. Richey (1947) questionou o método *topcross* com base em dois argumentos: 1) primeiramente que o método *topcross* permitiria avaliar o comportamento de uma linhagem em qualquer estágio do programa de melhoramento, porém não existiriam bons indicadores da capacidade de combinação de uma linhagem antes que ela atinja razoável homozigose; 2) o comportamento de uma família autofecundada não é bom indicativo da capacidade de combinação antes de eliminar por seleção os alelos recessivos de maior efeito individual e menor frequência.

Por outro lado, Johnson e Hayes (1936) indicaram aumento na eficiência de seleção de linhagens para produção, avaliadas pelo método de *topcross*, por

ocasião do grande número de linhagens que seriam descartadas com base em teste preliminar, permitindo então a avaliação das linhagens selecionadas em combinações de híbridos simples ou duplos. Baktash et al. (1981), com base no cruzamento de dez linhagens, estimaram coeficientes de correlação entre *topcrosses* e cruzamentos dialélicos e concluíram que os *topcrosses* foram eficientes por apresentarem correlações positivas e significativas com os híbridos simples para a produção de grãos, número de grãos por espiga e comprimento da espiga.

Davis, em 1934, mostrou que a geração S_2 apresentava bom desempenho em *topcrosses* por possuir alguns caracteres fixados, mesmo nesta geração precoce. Martins (1986) também recomenda que o teste precoce seja aplicado na geração S_2 ou S_3 .

O teste precoce poderia ser aplicado em qualquer fonte de material endogâmico, eliminando-se a necessidade de avaliar muitas plantas S_0 genotipicamente inferiores, visto que a aparência fenotípica de uma planta S_0 não fornece indicação de seu potencial genético (LONNQUIST, 1949). Lonnquist e Rumbauch (1958) demonstraram que a capacidade de combinação permanecia relativamente estável nas diferentes gerações de autofecundação.

Pena Neto (1982) obteve *topcrosses* mais produtivos que os compostos parentais quando avaliou a viabilidade dos *topcrosses* de progênies S_2 de duas populações distintas, comprovando a eficiência do método para identificar cruzamentos superiores. Para a produção de grãos, Jensen et al. (1983) encontraram correlação fenotípica média de desempenho de 0,67 entre S_1 e S_4 , quando cruzadas com diferentes testadores. Hallauer e Lopes Perez (1979) obtiveram para cinco diferentes testadores correlação genética média de 0,34 entre *topcross* de famílias S_1 e linhagens S_8 , para produção de grãos.

Segundo Bernardo (1991), a seleção de linhagens em gerações precoces é eficiente. No entanto, ressaltam que, se o caráter a ser selecionado possui baixa herdabilidade, a pressão de seleção deve ser menor para que famílias com bom potencial não sejam eliminadas.

2.3 ESCOLHA DE TESTADORES

A seleção de testadores é um dos processos mais importantes na escolha de linhagens para a identificação de combinações híbridas superiores.

Geralmente, as melhores combinações híbridas estão diretamente relacionadas com o grau de divergência genética dos parentais envolvidos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Assim, na seleção de genitores, a utilização de métodos que identifiquem as melhores combinações constitui uma etapa de grande importância.

Os cruzamentos *topcrosses* têm sido adotados principalmente pela facilidade de execução e obtenção dos parâmetros de capacidade de combinação. Neste esquema, a capacidade de combinação é determinada pelo cruzamento entre um ou mais testadores, previamente selecionados, com um grupo de genótipos a serem avaliados.

A seleção do testador ideal dependerá dos objetivos de cada programa, podendo estar fundamentada na alta ou baixa frequência de alelos favoráveis, no uso de testadores de base genética ampla ou estreita, na capacidade geral (CGC) ou específica de combinação (CEC), no rendimento *per se*, no número de testadores utilizados, no grau de parentesco com os materiais avaliados e nos tipos de híbridos para os quais as linhagens em estudo serão usadas.

Rawlings e Thompson (1962) apresentaram discussão sobre a importância da frequência alélica de testadores. Cruzaram dez famílias heterozigotas (cruzamento de cinco pares de linhagens de alta CGC e cinco de baixa CGC) com seis linhagens, sendo duas de CGC alta, duas de CGC intermediária e duas de CGC baixa. Para interpretar os resultados, os autores usaram dois requisitos básicos. Primeiro, que o testador classificasse corretamente o mérito relativo das progênes em seleção, e segundo, que o bom testador discriminasse eficientemente os materiais em estudo. Assim, o melhor testador de um grupo de testadores deve classificar corretamente as entradas com o mínimo de teste. Essa exigência foi medida comparando o componente de variância entre linhagens para os diferentes testadores, para medir o poder

discriminatório dos testadores, quando o quadrado médio do erro era igual para todas entradas com testadores. A comparação da relação entre variâncias (teste F) foi relevante, pois esse método mede a diferença entre as entradas e a repetibilidade do método de medida. Além disso, a comparação da relação de variância para diferentes testadores fornece uma medida de sensibilidade relativa dos testadores. Foram procedidas comparações usando os híbridos simples como testadores e, depois, usando as famílias heterozigotas como testadores.

Lonnquist e Rumbauch (1958) avaliaram testadores de base genética ampla e estreita em cruzamentos com linhagens de milho. Concluíram que testadores de base genética ampla seriam adequados para selecionar linhagens com alta capacidade geral de combinação, sendo, posteriormente, feito o teste para capacidade específica de combinação entre as linhagens selecionadas.

Hallauer e Miranda Filho (1988) atribuem à composição da base genética dos testadores um papel importante nas diferenças entre capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação. Tais diferenças são atribuídas às frequências alélicas. Em um testador de base genética estreita, as frequências alélicas para os diferentes locos se limitam 0, 0,5 ou 1, nos híbridos simples, e 0 ou 1 para linhagens. Nos testadores de base genética ampla, as frequências alélicas se distribuem de 0 a 1. Tanto nos testadores de base genética estreita quanto nos testadores de base genética ampla a seleção leva a uma alteração na média da população como resultado da seleção para efeitos gênicos aditivos.

Para avaliar a importância do rendimento *per se*, Matzinger (1953) comparou três tipos de testadores na avaliação de linhagens endogâmicas de milho. Trabalhou com 16 linhagens, das quais oito eram testadores e oito a serem testadas. As linhagens testadoras foram avaliadas quanto ao desempenho *per se* e também nos cruzamentos simples e duplos. O interesse principal se prendia às estimativas dos componentes de variância da interação testador x linhagem. Essas estimativas foram de 17,22; 11,90 e 6,64, respectivamente, para cada tipo de testador (linhagens, cruzamentos simples e cruzamentos duplos). As interações testador x linhagem indicaram que, com o aumento da variação

genética dentro de um testador, o componente de interação testador x linhagem decresceu. Após cinco ciclos de seleção, as linhagens endogâmicas usadas como testadores foram superiores aos testadores de ampla base genética para melhorar a capacidade de combinação (HORNER et al., 1973).

Um testador com baixa frequência de alelos favoráveis pode não identificar híbridos superiores no início de avaliação de linhagens, mas provavelmente identificará linhagens com boa capacidade de combinação (RISSI; HALLAUER, 1991). O uso de dois diferentes testadores requer dois estágios de teste do programa: uso de um testador com baixa frequência de alelos favoráveis, no início do teste, visando identificar linhagens superiores, e uso de um segundo testador para identificar cruzamentos superiores específicos. Concluíram que os testadores das populações parentais forneceram discriminação consistente entre as linhagens. Observaram ainda que os testadores de base estreita, tanto os endocruzados como o de linhagem simples, podem ser usados para identificar linhagens que têm boa capacidade geral de combinação. Sugeriram também que qualquer tipo de testador pode ser usado para classificar 50% das linhagens com boa capacidade de combinação.

Smith (1986) comparou o desempenho de linhagens *per se* com o dos híbridos *topcrosses*, por meio de simulações computacionais com três tipos de testadores de diferentes bases genéticas. Mostrou que qualquer que seja o testador utilizado, para caracteres condicionados por um grande número de genes com dominância completa, as correlações entre o desempenho de linhagens e os *topcrosses* foram menores que 0,5, ou seja, o desempenho das linhagens avaliadas por diferentes tipos de testadores são muito baixos para se ter um valor preditivo.

Um bom testador, para qualquer programa de desenvolvimento de híbridos, deve oferecer simplicidade no uso, gerar informações que classifiquem corretamente o potencial relativo das linhagens em cruzamento e maximizar o ganho genético.

2.4 MILHO HÍBRIDO

A hibridação tem sido de interesse no melhoramento de grande parte das espécies cultivadas, tanto para a exploração do vigor de híbrido na geração F_1 como para promover o aparecimento de variabilidade genética em populações.

A cultura do milho é, sem dúvida, o exemplo mais notável da utilização do processo da hibridação pelo fenômeno da heterose. O milho híbrido pode ser conceituado como a primeira geração do cruzamento entre linhagens endogâmicas e/ou de variedades. Dessa forma, é explorado o máximo da heterose do cruzamento.

Em 1909, o botânico e geneticista norte-americano Shull mostrou que, ao fecundar a planta com o próprio pólen, produziam-se descendentes menos vigorosos. Repetindo-se o processo nas sete ou dez gerações seguintes, os descendentes fixavam características agrônomicas importantes. As plantas que geravam descendentes geneticamente semelhantes passaram a ser chamadas de linhas puras. Shull notou que duas linhas puras diferentes ao serem cruzadas entre si produziam descendentes com grande vigor, chamado de vigor híbrido ou heterose, dando origem ao milho híbrido (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

Em 1918, Jones sugeriu o uso de híbridos duplos, resultantes do cruzamento de dois híbridos simples. Este evento fez com que as desvantagens da produção de sementes de híbridos simples fossem superadas. A partir deste episódio, o uso comercial de sementes de milho híbrido foi aceito.

Os primeiros trabalhos de melhoramento com milho híbrido no Brasil tiveram início em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas – IAC, no Estado de São Paulo. Assim, o Brasil foi o segundo país a adotar o milho híbrido (SAWAZAKI; PATERNINANI, 2004). No IAC, KRUG e colaboradores produziram, em 1939, o primeiro híbrido duplo brasileiro.

Com o passar do tempo, a realidade econômica da agricultura do milho gerou a necessidade de se obter o máximo de produtividade por hectare, ainda que houvesse grande custo na compra de insumos em maior quantidade e

qualidade. Isso fez com que as companhias de sementes abandonassem os híbridos duplos, passando aos híbridos triplos, aos híbridos simples modificados e, finalmente, aos híbridos simples.

Segundo Paterniani e Miranda Filho (1987), as vantagens da utilização do vigor de híbrido ou heterose são: (1) associar características de parentais distintos no menor período de tempo possível; (2) obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto; (3) utilizar interações gênicas na geração híbrida; (4) produzir genótipos uniformes; (5) conseguir menor interação com o ambiente na geração F_1 e (6) produzir sementes de milho híbrido comercialmente, com reflexos favoráveis sobre a economia da região. Em contraposição, aponta as seguintes desvantagens: (1) somente partes dos genes úteis existentes no milho serão utilizadas, se não houver concurso de métodos que permitam aumentar a frequência dos genes favoráveis; (2) a heterose é explorada de modo aleatório, atingindo um teto difícil de ser ultrapassado; (3) é possível utilizar a heterose só em espécies em que a semente híbrida é produzida com facilidade; (4) a produção de sementes híbridas só é viável onde houver facilidade para seu processamento e distribuição.

De acordo com Miranda Filho e Viégas (1987), os tipos de híbridos que podem ser sintetizados são:

a) híbrido simples: obtido mediante o cruzamento de duas linhagens endogâmicas. Em geral, é mais produtivo do que outros tipos de híbridos, apresentando grande uniformidade de plantas e de espigas. A semente tem um custo de produção mais elevado porque o parental feminino de um híbrido simples é uma linhagem que exibe produtividade mais baixa.

b) híbrido simples modificado: segue o mesmo esquema do híbrido simples, utilizando como parental feminino o híbrido formado pelo cruzamento de duas linhagens aparentadas ($A \times A'$) e como parental masculino uma linhagem B, dando origem ao híbrido simples modificado $[(A \times A') \times B]$. Esse procedimento diminui o custo de produção de sementes, dependendo do vigor do híbrido empregado como parental feminino.

c) híbrido triplo: é obtido pelo cruzamento de um híbrido simples ($A \times B$) com uma terceira linhagem (C), dando origem ao híbrido triplo $[(A \times B) \times C]$. A linhagem polinizadora (C) deve ser suficientemente vigorosa para fornecer grande quantidade de pólen, suficiente para garantir boa polinização e produção de grãos satisfatória nas linhas femininas.

d) híbrido triplo modificado: obtido de maneira semelhante ao híbrido triplo, substituindo-se apenas a linhagem masculina (C) por um híbrido entre linhagens aparentadas ($C \times C'$). O cruzamento fica esquematizado da seguinte forma: $[(A \times B) \times (C \times C')]$.

e) híbrido duplo: resultante do cruzamento de dois híbridos simples $[(A \times B) \times (C \times D)]$, ou seja, proveniente do cruzamento entre quatro linhagens. Apresenta maior variabilidade genética que os outros híbridos, portanto, possui alta estabilidade, mas possui menos uniformidade de plantas, espigas, produtividade e no custo da semente.

f) híbrido *topcross*: obtido do cruzamento entre híbridos \times variedades e entre variedades \times linhagens. O termo *topcross* também é empregado nos cruzamentos entre linhagens com um testador, que pode ser uma variedade, linhagem ou híbrido, com a finalidade de avaliar a capacidade geral e específica de combinação das linhagens, dependendo se o testador for de base genética ampla ou estreita.

g) híbrido intervarietal: resultante do cruzamento de duas variedades. Apresenta as vantagens da utilização da heterose sem a necessidade de obtenção de linhagens, possui maior capacidade de adaptação, pela maior variabilidade genética em relação aos híbridos de linhagens. Possui como desvantagem maior desuniformidade das plantas sendo, por isso, pouco utilizados.

Segundo Hallauer (1990), entre as contribuições da ciência para a sociedade, desde o aparecimento do homem até os dias atuais, o milho híbrido se destaca, tendo contribuído para expressivos aumentos na produtividade de grãos dessa importante gramínea em todo mundo e com repercussão em todas espécies cultivadas.

2.5 CRUZAMENTOS DIALÉLICOS

A obtenção de linhagens e o seu comportamento em combinações híbridas (capacidade de combinação), bem como o potencial *per se* é um dos objetivos básicos num programa de melhoramento genético, pelo seu emprego na formação de híbridos comerciais (VIANA et al., 2007).

De acordo com Hallauer e Miranda Filho (1988), o esquema de cruzamentos dialélicos é extensamente empregado com a finalidade de se obter informações sobre o comportamento dos parentais em cruzamentos, além de permitir a identificação de grupos heteróticos.

A metodologia de cruzamentos dialélicos permite a escolha dos parentais promissores com base, principalmente, nos conceitos de capacidade geral de combinação, capacidade específica de combinação e heterose (GRIFFING, 1956).

Griffing (1956) definiu cruzamentos dialélicos como o conjunto de n^2 possíveis genótipos, obtidos a partir de n linhas puras. Nestas n^2 combinações, estariam contidas: a) as próprias linhas puras; b) os $n(n-1)/2$ híbridos F_1 e c) um conjunto de $n(n-1)/2$ híbridos F_1 recíprocos. Uma tabela dialélica é formada pelas n^2 médias obtidas dos cruzamentos dialélicos ou de gerações mais avançadas. Esse mesmo autor considerou quatro tipos de tabelas dialélicas. A tabela completa inclui os parentais, híbridos e recíprocos e as outras três derivaram desta pela supressão de alguns de seus elementos, como por exemplo, os parentais ou seus recíprocos.

Foi definida a metodologia de análise para cada uma das diversas situações, buscando extrair as informações sobre a capacidade combinatória dos parentais envolvidos. Mais tarde, o termo cruzamento dialélico foi estendido para o intercruzamento de linhagens com qualquer grau de endogamia ou mesmo para variedades (VENCOVSKY, 1987), ressaltando-se que anteriormente só era utilizado para linhagens puras, inclusive de espécies autógamas.

Na prática, os dialelos completos limitam o número de materiais a serem utilizados, requerendo muito esforço nas polinizações manuais para obtenção de

todos cruzamentos desejados. Outros esquemas dialélicos (parciais, circulante) foram apresentados para reduzir a quantidade de cruzamentos e permitir a obtenção de maiores quantidades de híbridos.

Os dialelos parciais envolvem dois grupos de parentais e seus respectivos cruzamentos. Segundo Cruz (1997), neste tipo de dialelo, as adaptações do modelo de Griffing (1956), de Gardner e Eberhart (1966) e de Hayman (1954) têm possibilitado maximizar as informações sobre os grupos estudados com número menor de cruzamentos. Segundo Geraldi e Miranda Filho (1988), o esquema de dialelo parcial é utilizado quando dispomos de dois grupos distintos de variedades ou de populações, por exemplo, milho tipo “*dent*” x tipo “*flint*”, ciclo precoce x ciclo tardio etc. Este modelo permite avaliar as análises de variância, estimar a variabilidade dentro dos grupos e verificar os efeitos da heterose resultante da hibridação entre os dois grupos distintos (MORELLO; MIRANDA FILHO; GORGULHO, 2001).

Já os dialelos ditos circulantes permitem obter informações sobre os parentais com um número menor de cruzamentos. Neste caso, ocorrem perdas de informações a respeito de certas combinações híbridas (CRUZ, 1997).

2.6 HETEROSE

O fenômeno heterose foi definido por Shull, em 1909, para designar o vigor híbrido manifestado em gerações heterozigotas derivadas de cruzamento entre indivíduos endogâmicos e geneticamente divergentes. De uma maneira mais simples, a heterose seria a superioridade do híbrido em relação à média dos parentais.

A heterose tem sido altamente explorada em programas de melhoramento de milho híbrido, identificando as populações divergentes que servirão de base para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas a serem, posteriormente, empregadas em cruzamentos (SILVA; MIRANDA FILHO, 2003).

Várias hipóteses têm sido propostas para explicar a ação gênica responsável pela manifestação da heterose. As duas principais teorias são: (1) dominância, que explica a heterose pelo acúmulo, no híbrido, de genes dominantes oriundos de ambos os pais. Nessa teoria, os alelos recessivos potencialmente deletérios ficariam ocultos nos heterozigotos obtidos em F_1 , sendo evitados os prejuízos decorrentes da homozigose para esses alelos (2) sobredominância, teoria que acredita que o vigor apresentado pelas plantas F_1 é pela elevada heterozigosidade. Nessa teoria, a união das duas formas alélicas do heterozigoto é superior à ação separada de qualquer um dos alelos em homozigose porque a variabilidade das formas protéicas em plantas heterozigotas as tornaria mais eficientes frente à variação de condições ambientais.

De acordo com Falconer (1996), a expressão da heterose depende de genes com algum grau de dominância (parcial, completa ou sobredominância).

2.7 MILHO PIPOCA

Assim como o milho comum, o milho pipoca é originário da América do Norte e se caracteriza por possuir grãos pequenos e duros que tem a capacidade de estourar quando aquecidos a temperaturas em torno de 180°C , diferenciando-se, desse modo, do milho comum, ainda que pertença à mesma espécie botânica (*Zea mays* L.).

O consumo nacional desse produto está em torno de 80 mil toneladas ano⁻¹, 75% desse mercado é proveniente do milho importado, principalmente da Argentina (SAWAZAKI, 2001). A produção de milho pipoca, proveniente de híbridos americanos, está se expandindo no Brasil, principalmente no Rio Grande do Sul e em Goiás.

As populações de milho pipoca, geralmente, se caracterizam por apresentarem plantas mais susceptíveis a pragas, doenças e aos efeitos ambientais, quando comparadas com populações de milho comum; apresentam menor porte, colmos mais finos, menor número de folhas e alta prolificidade, não sendo raro encontrar plantas com seis ou mais espigas. Uma característica dos

materiais não-melhorados seria a baixa capacidade de expansão, variando de oito a 12 vezes.

Uma grande dificuldade no melhoramento do milho pipoca é aliar as exigências de produtores e de consumidores, pois, para o produtor, é importante a produtividade, aliada a boas características agronômicas. Por outro lado, ao consumidor interessa a alta capacidade de expansão, definida como a relação entre o volume de grãos crus e estourados (mL mL^{-1}), ou, ainda, expressa pelo volume de grãos estourados para certo peso de grãos crus (mL g^{-1}).

O rendimento e a expansão podem estar negativamente correlacionados (ZINSKY; MACHADO, 1987). Neste contexto, o melhorista deve buscar estratégias que permitam a obtenção de um produto que satisfaça a ambas as partes. É válido ressaltar que, no melhoramento do milho pipoca, praticamente todos os métodos aplicáveis ao milho comum podem ser utilizados também.

O melhoramento de milho pipoca nos Estados Unidos está cerca de 60 anos adiantado em relação ao brasileiro. Os produtores americanos utilizam milhos híbridos de milho pipoca desde a década de 30 e são responsáveis pelo grande progresso da cultura, tanto em qualidade como em rendimento (SAWAZAKI, 1995). Neste contexto, quando as pipocas americanas são avaliadas no Brasil, demonstram superioridade em relação aos nossos materiais (HEIDRICH SOBRINHO; ZANETTE, 1979; MERLO; FORNASIERI FILHO; LAM-SANCHEZ, 1988) e se constituem em excelente fonte de germoplasma, especialmente para a melhoria da qualidade.

Ao contrário dos produtores americanos, os brasileiros em sua grande maioria cultivavam variedades de polinização aberta. Assim, grande parte dos produtores utiliza ainda sementes próprias e são poucas as variedades melhoradas.

As variedades exóticas com maior capacidade de expansão apresentam sérios problemas de susceptibilidade a doenças, pragas, mau empalhamento e baixa produtividade (SAWAZAKI, 1995).

Por outro lado, a escolha criteriosa de germoplasma e a aplicação de métodos apropriados de melhoramento contribuíram para a obtenção de

linhagens mais produtivas, permitindo que, em anos recentes, fossem criadas as primeiras cultivares híbridas no Brasil. Foi lançado, em 1996, o primeiro híbrido triplo de milho pipoca chamado Zélia (Pionner). Hoje, a empresa conta também com o híbrido triplo Jade. O Instituto Agronômico de Campinas possui, atualmente, o híbrido simples IAC 112 e o híbrido *topcross* IAC 125. O CNPMS (Embrapa) possui a variedade de milho pipoca Ângela (PACHECO et al., 2001).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 LOCAIS DE CULTIVO

As 49 famílias S_2 foram cruzadas com os três testadores no período 2006/2007, na Fazenda Experimental de Iguatemi – FEI, localizada numa latitude de 23° 25' S; 51° 57' O, a 550 m de altitude, sobre solo classificado como Latossolo Vermelho distrófico.

Os híbridos *topcrosses* sintetizados foram avaliados no ano agrícola 2007/2008, em delineamento experimental látice simples, na FEI. A avaliação da capacidade de expansão foi realizada no Laboratório do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura – Nupagri – UEM, Maringá, PR.

3.2 MATERIAL VEGETAL

Foram utilizadas 49 famílias S_2 provenientes da população IAC 125, obtidas no ano de 2005. A população IAC 125 é um híbrido *topcross* do Instituto Agrônômico de Campinas – IAC.

Como testadores, foram utilizados os seguintes materiais:

- BRS – Ângela – variedade desenvolvida pela Embrapa;
- IAC 125 - um híbrido *topcross*;
- Linhagem 3.3 – Linhagem S_7 , obtida da população de grãos amarelos CMS 42.

3.3 MÉTODOS

O desenvolvimento do trabalho ocorreu em duas etapas. A primeira foi a obtenção dos híbridos *topcrosses*, por meio do cruzamento entre as famílias S_2

com os três testadores. A segunda etapa consistiu na avaliação dos *topcrosses* e famílias S_2 *per se* em ensaios de campo.

3.4 OBTENÇÃO DOS HÍBRIDOS *TOPCROSSES*

Foram realizados cruzamentos manuais entre as 49 famílias S_2 e dois testadores, IAC-125 e Linhagem 3.3, em um esquema dialelo parcial.

Para a obtenção dos híbridos *topcrosses* do cruzamento das 49 famílias S_2 com o testador Ângela, foi utilizada a técnica do despendoamento das famílias S_2 , obtendo assim os híbridos *topcrosses*.

A semeadura foi realizada no dia 04 de outubro de 2006, na Fazenda Experimental de Iguatemi – FEI. As 49 famílias S_2 foram consideradas como femininas, sendo, portanto receptoras de pólen oriundo dos testadores. Foi utilizada no plantio a proporção de duas fileiras femininas para cada fileira masculina, semeada de forma intercalar.

Cada fileira foi semeada manualmente em uma linha contínua de 5 m de comprimento. Foi utilizada a densidade de cinco plantas por metro linear após o desbaste.

A adubação e tratos culturais foram realizados conforme recomendação técnica para a cultura do milho, combinada com experiência anterior na cultura da pipoca.

A colheita dos híbridos *topcrosses* foi realizada manualmente no início de março de 2007.

3.5 AVALIAÇÃO DOS HÍBRIDOS *TOPCROSSES* E FAMÍLIAS S_2 *PER SE*

3.5.1 Delineamento experimental

Foram conduzidos quatro experimentos em delineamento experimental látice simples, com duas repetições, três para avaliar os híbridos *topcrosses*, provenientes do cruzamento das 49 famílias S_2 com cada um dos testadores, e um

para avaliar as 49 famílias S₂ *per se*. Também foram avaliados os testadores como testemunhas adicionais.

Cada unidade experimental foi constituída por uma fileira de 5 m, com espaçamento de 0,20 m entre as plantas dentro da fileira e 0,90 m de espaçamento entre as fileiras.

3.5.2 Preparo do solo e semeadura

A área de plantio foi preparada com o auxílio de uma plantadora de sistema de plantio direto para marcar o espaçamento entre fileiras e realizar a adubação de semeadura. A semeadura foi realizada manualmente.

A adubação, segundo o resultado da análise de solo, efetuada no sulco de semeadura, utilizando o equivalente a 350 kg ha⁻¹ da fórmula 4-14-8 (N, P2 O5, K2O) + zinco. A adubação nitrogenada em cobertura foi realizada em duas etapas, aos 26 dias após a emergência, utilizando 80 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de uréia, e aos 43 dias após a emergência, com sulfato de amônio.

O controle das ervas daninhas foi efetuado com a aplicação de Atrazina, com a adição de 0,5% de óleo mineral na dose de 1500 g i.a. ha⁻¹ aos 20 dias e Paraquat na entrelinha na dose de 200 g i.a. ha⁻¹ aos 45 dias após a semeadura.

3.5.3 Caracteres avaliados

3.5.3.1 Rendimento de grãos

Para efetuar as análises na característica rendimento de grãos, foi utilizada a correção para a umidade de 14% por meio da seguinte expressão:

$$P_{14\%} = \left[\frac{\left(\frac{(100 - U)}{100} \right) * P_o}{0,86} \right]$$

em que:

$P_{14}(\%)$: massa de campo corrigido para 14% de umidade;

P_o : massa observada a campo;

U : umidade de colheita (%).

3.5.3.2 Capacidade de expansão

Para a obtenção do índice de capacidade de expansão (CE), foi utilizado o valor médio de duas amostras de 30 g de grãos de cada parcela, as quais foram expandidas com o auxílio de um pipocador elétrico com controle automático de temperatura, desenvolvido pelo Centro Nacional de Instrumentação Agrícola (Embrapa, São Carlos, SP). Cada amostra foi submetida a uma temperatura constante de 280°C, durante 2 minutos e 10 segundos. O volume da pipoca expandida foi aferido com o auxílio de uma proveta graduada de 2.000 mL.

3.5.4 Análise estatística e genética dos dados

3.5.4.1 Análise de variância

A análise de variância dos látices, para rendimento de grãos e capacidade de expansão, foi realizada utilizando-se o seguinte modelo linear:

$$Y_{ijk} = m + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado do tratamento i , no bloco k , dentro da repetição j ;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito aleatório do tratamento i , $i = 1, 2, \dots, 49$;

r_j : efeito aleatório da repetição j , $j = 1, 2$;

$b_{k(j)}$: efeito do bloco k , dentro da repetição j ;

e_{ijk} : erro experimental associado à observação Y_{ijk}

Também foram estimados os componentes da variância, considerando todos efeitos aleatórios, exceto a média. O esquema da análise de variância e as esperanças dos quadrados médios estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 – Esquema de análise de variância para o delineamento em látice em cada experimento.

Fontes de Variação	Graus de liberdade	E (QM)	
Repetição	$(r-1)$		Q1
Bloco/repetição (ajustado)	$(b-1)r$		Q2
Tratamento (ajustado)	$(t-1)$	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$	Q3
Erro efetivo	$r(t-1)-t+1$	σ_e^2	Q4
Total	$rt-1$		

$\hat{\sigma}_e^2$: variância do erro experimental; r: repetições; $\hat{\sigma}_p^2$: variância genética.

As análises dos dados foram realizadas com o auxílio do software Genes (UFV). Utilizou-se o quadrado médio do tratamento ajustado e o quadrado médio do erro efetivo para compor o teste F. Quando necessário, as médias obtidas foram ajustadas, levando-se em consideração a recuperação da informação interblocos.

3.5.4.2 Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos

A partir das esperanças dos quadrados médios, apresentados na Tabela 1, foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos (Tabela 2).

Tabela 2 – Componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos para cada experimento de avaliação de *topcrosses* e famílias S2 *per se*.

Estimativas	Individual (<i>topcrosses</i>)	Expressão para as estimativas
$\hat{\sigma}_p^2$	Variância genética entre <i>topcrosses</i>	$\frac{Q3 - Q4}{r}$
$\hat{\sigma}_F^2$	Variância fenotípica média entre <i>topcrosses</i>	$\frac{Q3}{r}$
h_i^2	Herdabilidade	$\frac{(Q3 - Q4)}{Q3}$
CV_{pi}	Coefficiente de variação genético entre as médias dos <i>topcrosses</i>	$\frac{\hat{\sigma}_p}{\bar{X}} * 100$

Q4: variância do erro experimental; $\hat{\sigma}_p$: desvio-padrão genético entre *topcrosses*; r: número de repetições; \bar{X} : média dos *topcrosses*.

Os intervalos de confiança, para as estimativas das herdabilidades, seus limites inferior e superior, foram calculados de acordo com as expressões propostas por Knapp, Stroup e Ross (1985), apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3 – Expressões utilizadas para cálculo dos intervalos de confiança das estimativas da herdabilidade.

LS	Limite superior de confiabilidade da h^2	$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_3}{Q_4} \right) \cdot F_{\left(\frac{\alpha}{2} \right), g_h^2, g_l^2} \right]^{-1} \right\}$
LI	Limite inferior de confiabilidade da h^2	$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_3}{Q_4} \right) \cdot F_{\left(1 - \frac{\alpha}{2} \right), g_h^2, g_l^2} \right]^{-1} \right\}$

3.5.4.3 Capacidade de discriminação dos *topcrosses*

A eficiência dos testadores foi avaliada inicialmente por meio da estimativa do índice de performance (P) e do índice de diferenciação (D) proposto por Fasoulas (1983). O índice P corresponde à porcentagem de médias superadas estatisticamente pela melhor média, ou pelo grupo das melhores médias, fundamentado em um teste estatístico de comparações múltiplas. O índice D corresponde à porcentagem de contraste entre duas médias, cuja

diferença tenha sido significativa em relação ao total de contrastes possíveis entre duas médias. Os índices são fornecidos pelas seguintes expressões:

$$P = \frac{mi}{n-1} * 100 \text{ e } D = \frac{\sum_{i=1}^n mi}{n(n-1)} * 200$$

em que:

D: índice de diferenciação;

mi: número de tratamentos *topcrosses* que a melhor média, ou grupo das melhores médias, superou estatisticamente;

n: número de médias envolvidas.

3.5.4.4 Correlação de Spearman

A estimativa da correlação classificatória de Spearman (STEEL; TORRIE, 1980) foi utilizada para verificar o grau de coincidência nas classificações das S_2 , em função do testador utilizado, de acordo com a seguinte expressão:

$$rs = \frac{6 \sum d^2 i}{(K-1)K(K+1)}$$

em que:

rs: coeficiente de correlação classificatória de Spearman;

k: número de diferenças (d's);

d: diferenças da ordem de classificação (posições); se o número de pares é grande, a estimativa deve ser testada usando critério da equação (t), apresentado a seguir:

$$t = r_s \cdot \sqrt{\frac{n-2}{1-r_s^2}}$$

3.5.4.5 Análise em dialelo parcial

A análise do dialelo parcial foi realizada por meio das médias dos tratamentos ajustados, utilizando modelo proposto por Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988) aos cruzamentos dialélicos parciais, e foram avaliadas pq combinações híbridas, sendo p famílias S₂ (Grupo 1) e q testadores (Grupo 2), conforme Tabela 4.

Tabela 4 – Tabela dialélica parcial constituindo cruzamentos entre p famílias S2 (Grupo-1) e q testadores (Grupo-2).

Grupo 1/Grupo 2	T1	T2	T3
1	Y _{1,1}	Y _{1,2}	Y _{1,3}
2	Y _{2,1}	Y _{2,2}	Y _{2,3}
3	Y _{3,1}	Y _{3,2}	Y _{3,3}
...
49	Y _{49,1}	Y _{49,2}	Y _{49,3}

O modelo estatístico a ser adotado é o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij},$$

em que:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida entre o i-ésimo genitor do grupo 1 e j-ésimo genitor do grupo 2;

μ : Média geral;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo 1 (famílias);

g_j : efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo 2 (testadores);

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação entre genitores de ordem i e j, dos grupos 1 e 2, respectivamente;

ε_{ij} : erro experimental médio.

O esquema da análise de variância em dialelo parcial em nível de médias, envolvendo famílias S_2 e testadores, para estudo da capacidade geral e específica de combinação, baseado apenas nos cruzamentos *topcrosses*, considerando o efeito das famílias S_2 como aleatório e efeito dos testadores como fixo, é mostrado na Tabela 5.

Tabela 5 – Esquema da Análise de Variância em nível de médias para o dialelo parcial, segundo o método de Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).

FV	GL	QM	F
Trat (cruzamentos)	pq-1		
CGC _(G1) Famílias	p-1	QMG ₁	QMG ₁ /QMR
CGC _(G2) Testadores	q-1	QMG ₂	QMG ₂ /QMR
CEC	(p-1)(q-1)	QMS	QMS/QMR
Resíduo	M	QMR	

QMR: quadrado médio do resíduo, já dividido pelo número de observações que deram origem às médias da tabela dialélica; M: graus de liberdade associados ao QMR.

3.5.4.6 Estimativa da heterose relativa de cada *topcross*

A estimativa da heterose relativa de cada híbrido *topcross*, obtida pela seguinte expressão:

$$h_{ij}(\%) = \frac{\bar{S}_{ij} - \bar{S}_j}{\bar{S}_j} * 100$$

em que:

h_{ij} : heterose do cruzamento da i-ésima família S_2 com o testador 'j';

\bar{S}_{ij} : média do *topcross* da família 'i' com o testador 'j';

\bar{S}_j : média de cada testador *per se*.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISES DE VARIÂNCIAS

Os coeficientes de variação para rendimento de grãos estão dentro dos limites aceitáveis para experimentação agrícola, de acordo com Scapim, Carvalho e Cruz (1995) (Tabelas 6 e 7). A característica capacidade de expansão não apresenta classificação própria. No entanto, apresentou-se dentro dos limites aceitáveis para a experimentação agrícola (C.V. = 12,5% e 13,8%), quando comparada com outros autores (VENDRUSCOLO, 1997; PACHECO et al., 1998; SIMON, 2000), ficando acima quando comparado com Sawazaki et al. (1996), que encontraram C.V. = 5,3%.

Foi constatado também que a utilização do delineamento látice foi eficaz aumentando o controle ambiental, dada a eficiência encontrada para rendimento de grãos e capacidade de expansão, excetuando apenas capacidade de expansão para as famílias S_2 , o qual não apresentou eficiência apreciável, porém, optou-se em manter as análises empregadas à outra variável e aos outros experimentos, análise em látice (Tabelas 6 e 7).

Ambas as características apresentaram diferenças significativas para tratamentos híbridos *topcrosses* e famílias S_2 , ($p < 0,05$) (Tabelas 6 e 7). Tal situação remete ao fato de que a variância genética é diferente de zero ($p < 0,05$) (Tabelas 6 e 7), porém, para capacidade de expansão nos híbridos *topcrosses* oriundos do testador Ângela, tal significância não foi constatada, indicando que Ângela não é um bom testador para esta característica, pois independente do potencial genético da família S_2 os coeficientes de expansão se mantiveram muito próximos não havendo liberação de variabilidade genética com o uso deste testador.

Tabela 6 – Análises de variância para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (CE) (mL L^{-1}) dos híbridos *topcrosses* Ângela e Linhagem 3.3.

FV	GL	QM			
		Ângela		3.3	
		Rendimento	CE	Rendimento	CE
Rep	1	212.596,71	29,59	1.892.910,38	185,89
Bloco/Rep (aj)	12	1.586.644,63	12,94	909.589,60	40,04
Tratamento (aj)	48	1.345.997,11**	15,72 ^{ns}	1.953.006,45**	82,97**
Erro Efetivo	36	474.392,66	12,22	468.391,65	22,80
Média Geral		3.873,63	32,78	3.339,52	29,61
CV (%)		17,78	10,66	20,49	16,13
Eficiência do Látice		146,80	100,14	114,53	110,67

** Significativo em nível de 5% de probabilidade, pelo teste F.

NS $p > 0,05$

Tabela 7 – Análises de variância para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (CE) (mL L^{-1}) do híbridos *topcrosses* IAC 125 e das famílias S2 *per se*.

FV	GL	QM			
		IAC 125		Famílias S2	
		Rendimento	CE	Rendimento	CE
Rep	1	1.560.569,02	23,20	758.143,07	64,70
Bloco/Rep (aj)	12	357.548,77	27,85	196.156,51	6,05
Tratamento (aj)	48	768.768,66**	22,62**	416.414,80**	35,52**
Erro Efetivo	36	250.971,21	12,19	107.332,66	11,35
Média Geral		2.280,17	33,06	1.097,23	28,94
CV (%)		21,97	10,56	29,86	11,64
Eficiência do Látice		104,50	122,06	112,13	88,32

** Significativo em nível de 5% de probabilidade, pelo teste F.

4.2 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS

Estão apresentadas, nas Tabelas 6 e 7, as médias de rendimento de grãos e de capacidade de expansão para todos grupos de materiais em estudo, e estas variaram de 1.097 a 3.874 kg ha^{-1} , para rendimento de grãos, e de 28,94 a 33,06 mL g^{-1} para capacidade de expansão e correspondem às famílias S₂ *per se* e híbridos *topcrosses* com o testador Ângela para rendimento de grãos, e novamente

das famílias S_2 *per se* para capacidade de expansão, mas agora a maior média encontrada para esta característica foi em relação aos híbridos *topcrosses* oriundos do cruzamento com o testador IAC 125. Assim, em média as famílias S_2 *per se* apresentaram as menores médias para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Os híbridos do testador Ângela foram, em média, superiores aos demais para rendimento de grãos, e, em média, os híbridos do testador IAC 125 foram os que apresentaram os maiores índices de capacidade de expansão.

Estão apresentadas, nas Tabelas 8 e 9, as estimativas de variância genética ($\hat{\sigma}_p^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$) herdabilidade (h_i^2), coeficiente de variação genético (CV_{pi}) e limites de confiabilidade das estimativas de herdabilidade dos híbridos *topcrosses* dos testadores Ângela, Linhagem 3.3 e IAC 125 e as famílias S_2 *per se* para rendimento de grãos e capacidade de expansão.

Tabela 8 – Parâmetros genéticos e fenotípicos para híbridos *topcrosses* com os testadores Ângela e Linhagem 3.3 para rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (mL g⁻¹).

Parâmetros	Ângela		Linhagem 3.3	
	Rendimento	CE	Rendimento	CE
$\hat{\sigma}_p^2$	435.802,22	-	742.307,40	30,09
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	672.998,56	-	976.503,23	41,48
h_i^2	0,65	-	0,76	0,73
CV_{pi}	17,04	-	25,80	18,52
Limites	81,30 – 35,40	-	87,27 – 56,04	85,42 – 49,63

Tabela 9 – Parâmetros genéticos e fenotípicos para híbridos *topcrosses* como o testador IAC 125 e famílias S_2 *per se* para rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (mL g⁻¹).

Parâmetros	IAC 125		S_2 <i>per se</i>	
	Rendimento	CE	Rendimento	CE
$\hat{\sigma}_p^2$	258.898,73	5,22	154.541,07	12,09
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	384.384,33	11,31	208.207,40	17,76
h_i^2	0,67	0,46	0,74	0,68
CV_{pi}	22,32	6,91	35,83	12,01
Limites	82,68 – 40,16	71,42 – 1,28	86,32 – 52,75	83,05 – 41,44

Em relação à variável rendimento de grãos, a maior variância genética ocorreu quando o testador utilizado foi a Linhagem 3.3, testador não-relacionado de base genética estreita, concluindo que este foi o testador que promoveu a maior liberação de variabilidade nos híbridos *topcrosses*, superando em aproximadamente cinco vezes a variância genética encontrada nas famílias S_2 *per se*, pois são materiais com expressivo grau de parentesco.

Este mesmo testador teve comportamento similar para capacidade de expansão, visto que também foi atribuído a ele o maior valor de variância genética. No entanto, os que apresentaram as menores variâncias genéticas para esta característica foram os híbridos *topcrosses* oriundos do testador IAC-125, testador relacionado de base genética estreita, o qual teve sua variância genética superada em aproximadamente seis vezes pelo testador Linhagem 3.3.

Foi constatada uma proporcionalidade entre a variância genética dos híbridos *topcrosses* e testador IAC 125, testador relacionado com a variância genética das famílias S_2 *per se*, para rendimento de grãos. Os híbridos *topcrosses* do testador IAC 125 superaram em aproximadamente uma vez as famílias S_2 *per se*.

Para a capacidade de expansão, as famílias S_2 *per se* foram superiores em aproximadamente duas vezes em relação à variância genética encontrada nos híbridos *topcrosses* do testador IAC 125. Vale ressaltar que as estimativas que envolvem as famílias S_2 *per se* e o testador IAC 125 estão relacionadas com a variância genética intrapopulacional, por se tratarem de indivíduos integrantes ou oriundos da mesma população (IAC 125).

Nas estimativas de herdabilidade, foi constatado que seus índices se mantiveram, em média, muito próximos independentemente do testador utilizado, excetuando-se o testador Ângela para capacidade de expansão, pois este não foi capaz de liberar variabilidade genética entre as famílias estudadas como pode ser observado na Tabela 6.

De acordo com estas avaliações, previamente, conclui-se que o testador Linhagem 3.3 pode ser o melhor testador, desta maneira, serão realizadas avaliações subsequentes a fim de confirmar esta expectativa.

4.3 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO

Para estimar as capacidades de combinação dos testadores e famílias S_2 *per se* testadas, foi utilizado o método do dialelo parcial proposto por Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).

Houve efeito significativo para as fontes capacidade geral e específica de combinação, conforme a Tabela 10.

Tabela 10 – Análise do dialelo parcial das médias dos tratamentos de rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (mL g^{-1}) no estudo das capacidades geral e específica de combinação.

F.V	G.L	Q.M.	
		Rendimento	CE
Cruzamentos	146	2.220.384,05**	44,81**
C.G.C. I Famílias	48	1.781.065,13**	47,68**
C.G.C. II Testadores	2	64.461.500,95**	359,86**
C.E.C.	96	1.143.353,57**	36,81**
Resíduo	36	198.959,25	7,87

** Significativo em nível de 5% de probabilidade, pelo teste F.

Na Tabela 11, estão apresentadas as estimativas de capacidade geral de combinação das famílias S_2 *per se* (grupo I) e testadores (grupo II). Houve expressiva variação entre as capacidades gerais de combinação das famílias S_2 *per se* para as características analisadas, das quais se podem destacar as famílias 23, 48, 35, 39, 41 e 31 para rendimento de grãos, e destas apenas a família 31 apresentou concomitantemente capacidade geral de combinação positiva para rendimento de grãos e capacidade de expansão. No entanto, o valor de capacidade geral de combinação para a variável capacidade de expansão da família em questão foi muito baixo.

Tabela 11 – Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação \hat{g}_i e \hat{g}_j associados aos grupos I (famílias S₂) e II (Testadores) para as variáveis rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (mL g⁻¹).

EFEITO DA C.G.C. ASSOCIADO AO GRUPO I					
Famílias	Variável		Famílias	Variável	
	Rendimento	CE		Rendimento	CE
1	-671,55	-0,46	26	330,68	1,41
2	-781,80	1,39	27	-545,55	0,26
3	58,62	-1,93	28	341,98	3,58
4	58,67	-1,97	29	-249,21	2,62
5	309,82	4,80	30	-867,41	3,67
6	-1.042,88	4,53	31	679,56	0,41
7	89,75	-1,81	32	338,12	4,75
8	-349,42	-1,02	33	130,88	-4,21
9	86,64	-5,59	34	196,43	1,42
10	292,85	2,43	35	1.101,03	-7,37
11	287,07	-2,00	36	-223,96	-1,03
12	-77,02	0,43	37	-317,41	3,30
13	-552,15	0,45	38	-679,44	2,04
14	244,30	-4,28	39	1.057,77	-4,07
15	-446,95	-1,00	40	-245,16	0,92
16	-540,68	2,32	41	788,26	-0,11
17	-279,46	0,95	42	114,94	2,82
18	-663,12	1,29	43	34,89	-0,64
19	-150,17	1,06	44	197,91	-0,48
20	226,46	1,75	45	-668,39	0,48
21	497,31	-4,38	46	487,61	-2,29
22	209,47	-2,60	47	-63,35	0,76
23	1.229,75	-3,83	48	1.149,16	-1,34
24	-790,59	2,19	49	48,87	-3,24
25	-383,13	3,63			
Erro-padrão (\hat{G}_i)	180,23	1,13	Erro-padrão ($\hat{G}_i - \hat{G}_j$)	257,53	1,62
EFEITO DA C.G.C. ASSOCIADO AO GRUPO II					
Testador	Variável				
	Rendimento	CE			
1. Ângela	709,19	0,97			
2. 3.3	175,08	-2,21			
3. IAC 125	-884,27	1,24			
Erro-padrão (\hat{G}_i)	36,79	0,23			
Erro-padrão ($\hat{G}_i - \hat{G}_j$)	63,72	0,40			

As famílias de melhor desempenho de capacidade geral de combinação para capacidade de expansão foram as 5, 32, 6, 30, 25 e 28, das quais, as famílias 5, 32 e 28 apresentaram capacidades gerais de combinação positivas tanto para rendimento de grãos quanto para capacidade de expansão, porém, nestes casos, os valores das estimativas de capacidade geral de combinação para rendimento foram 309,82, 338,12 e 341,98, respectivamente. Entre os testadores se destaca o testador Ângela

para capacidade geral de combinação de rendimento de grãos e o testador IAC 125 para capacidade de expansão.

A família 5, quando cruzada com o testador Linhagem 3.3 culminou em um bom híbrido. Esta família possui índices de capacidade geral de combinação para rendimento de grãos e capacidade de expansão na ordem de 309,82 e 4,80 *per se*, respectivamente. O híbrido deste cruzamento corresponde ao 10° na classificação entre os híbridos da Linhagem 3.3, com média de 3.986 kg ha⁻¹ para rendimento de grãos e o 1° para capacidade de expansão, com média equivalente a 41,10 mL g⁻¹ de capacidade de expansão. A família 32 apresenta rendimento médio de grãos com este testador na ordem de 3.711 kg ha⁻¹ (17°) e média de capacidade de expansão de 36,80 mL g⁻¹ (5°). A família 28 apresentou rendimentos na ordem de 3.237 kg ha⁻¹ (27°) e 35,61 mL g⁻¹ (8°) para rendimento de grãos e capacidade de expansão, respectivamente. Os valores foram apreciáveis para um material de milho pipoca.

Quando analisado o testador IAC 125 com a família 5 novamente, o híbrido correspondente a esse cruzamento está classificado como 1° para rendimento de grãos, com média de 3.306 kg ha⁻¹ e 20° para capacidade de expansão, com média de 34,46 mL g⁻¹. Note-se que mesmo esta família (S₂) possuir alta capacidade geral de combinação para capacidade de expansão, o testador IAC 125 não foi capaz de classificá-la entre as de maior índice para esta característica. A família 32 apresentou rendimento médio de grãos de 1.600 kg ha⁻¹ (41°) e índice médio de capacidade de expansão de 38,41 (2°), por sua vez a família 28 apresenta 2.811 kg ha⁻¹ (14°) e 35,84 mL g⁻¹ (11°).

Observando o comportamento da família 5 em cruzamento com o testador Ângela, averigua-se que a média de rendimento de grãos deste híbrido foi de 3.131 kg ha⁻¹ correspondendo ao 39° híbrido mais produtivo, e apresenta também média de 34,27 mL g⁻¹ de capacidade de expansão, correspondendo ao 19° melhor híbrido para esta característica, de acordo com os razoáveis índices de capacidade geral de combinação de rendimento de grãos e capacidade de expansão, e com a família 32 apresentando rendimento médio de grãos de 5.197 kg ha⁻¹ (5°) e 34,49 mL g⁻¹ (15°) para capacidade de expansão, a família 28 apresentou 4.471 kg ha⁻¹ (11°) e 34,73 mL g⁻¹ (11°) de rendimento médio de grãos e índice de capacidade de expansão respectivamente, de acordo com os razoáveis índices de capacidade geral de combinação para as duas características estudadas.

Na Tabela 12, podem ser observados os resultados de capacidade específica de combinação (CEC) para rendimento de grãos de cada cruzamento de cada família S_2 *per se* com os três testadores. De todos os cruzamentos possíveis os de melhores desempenhos de capacidade específica de combinação para o testador Ângela foram para com as famílias 47, 45, 24, 32, 21 e 22. As que se destacaram para capacidade específica de combinação com o testador Linhagem 3.3 foram para com as famílias 23, 40, 39, 17, 37 e 31. Já para o testador IAC 125, as famílias 6, 7, 5, 43, 14 e 9 expressaram maior capacidade específica de combinação para rendimento de grãos (Tabela 12).

Tabela 12 – Estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (CEC) de cada cruzamento entre família S_2 (Grupo I) x testador (Grupo II) e estimativas do erro-padrão de rendimento de grãos (kg ha^{-1}).

Grupo I	Grupo II			Grupo I	Grupo II		
	Ângela	3.3	IAC 125		Ângela	3.3	IAC 125
1	-189,64	-131,61	321,25	26	151,57	-360,49	208,93
2	-990,29	642,14	348,15	27	447,45	152,40	-599,84
3	-424,07	63,30	360,77	28	255,40	-444,21	188,81
4	159,47	-428,14	268,67	29	-377,53	385,37	-7,84
5	-1.052,09	336,47	715,62	30	59,13	-274,85	215,72
6	81,99	-1.891,36	1.809,37	31	-547,79	722,86	-175,07
7	-1,12	-926,90	928,02	32	984,95	33,51	-1.018,50
8	-500,40	186,06	314,35	33	-196,76	237,85	-41,09
9	-1.049,97	455,77	584,19	34	98,97	-471,86	372,89
10	-636,37	246,51	389,86	35	470,44	78,40	-548,84
11	-149,00	-231,47	380,47	36	-305,51	-278,40	583,92
12	-561,06	333,86	227,20	37	-332,02	752,85	-420,83
13	-965,84	521,63	444,21	38	91,877	84,63	-176,50
14	96,24	-692,16	595,92	39	127,79	1.029,91	-1.157,70
15	320,94	86,11	-407,05	40	-692,9	1.298,62	-605,72
16	-24,85	86,53	-61,68	41	-32,376	116,72	-84,34
17	-900,85	977,01	-76,16	42	188,86	-199,84	10,98
18	575,27	-527,96	-47,31	43	-117,73	-531,35	649,08
19	535,11	698,90	-1234	44	415,97	225,59	-641,56
20	542,90	316,09	-858,99	45	1.117,17	-1441,40	324,19
21	925,52	-168,22	-757,31	46	-19,97	213,51	-193,54
22	781,62	-743,35	-38,27	47	1.577,07	-1.181,30	-395,80
23	-979,81	1.523,92	-544,11	48	452,28	263,02	-715,30
24	1.104,31	-1.035,7	-68,63	49	31,66	-270,26	238,60
25	-556,03	161,23	394,80				
Erro-padrão (\hat{S}_{ij})			254,89				
Erro-padrão $(\hat{S}_{ij} - \hat{S}_{ik})$			441,47				
Erro-padrão $(\hat{S}_{ij} - \hat{S}_{kj})$			364,20				
Erro-padrão $(\hat{S}_{ij} - \hat{S}_{kl})$			358,58				

As estimativas de capacidades específicas de combinação de todos cruzamentos possíveis para capacidade de expansão estão contidas na Tabela 13.

Tabela 13 – Estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (CEC) de cada cruzamento entre família S_2 x testador e estimativas do erro-padrão da capacidade de expansão (mL g^{-1}).

Grupo I	Grupo II			Grupo I	Grupo II		
	Ângela	3.3	IAC 125		Ângela	3.3	IAC 125
1	-0,72	7,11	-6,39	26	0,24	2,11	-2,35
2	-0,70	0,21	0,49	27	0,25	-1,65	1,40
3	2,06	-0,01	-2,05	28	-1,63	2,42	-0,79
4	-2,30	5,91	-3,61	29	1,42	0,28	-1,70
5	-3,30	6,70	-3,40	30	-3,33	4,02	-0,69
6	-3,34	4,88	-1,54	31	0,21	5,24	-5,45
7	-0,89	-1,88	2,77	32	-3,04	2,44	0,60
8	0,66	2,06	-2,71	33	3,34	-4,38	1,04
9	-2,15	-2,76	4,91	34	-2,59	3,25	-0,66
10	-0,56	1,84	-1,29	35	1,31	-6,57	5,26
11	-4,03	0,32	3,70	36	-1,21	4,22	-3,00
12	-2,04	0,11	1,92	37	1,09	-0,66	-0,43
13	-2,35	3,19	-0,83	38	-0,37	2,23	-1,86
14	5,82	-13,52	7,70	39	2,16	-6,96	4,81
15	-1,01	3,47	-2,46	40	-0,40	2,77	-2,37
16	-0,54	0,76	-0,22	41	1,83	-3,76	1,93
17	1,61	-5,74	4,14	42	0,67	1,53	-2,20
18	-1,14	-0,88	2,02	43	4,65	0,38	-5,03
19	2,18	-2,41	0,23	44	0,29	-3,33	3,04
20	-6,14	2,16	3,98	45	1,61	1,50	-3,11
21	1,76	-4,49	2,73	46	0,31	-5,52	5,22
22	2,31	4,61	-6,93	47	3,35	-5,34	1,99
23	0,18	-1,38	1,20	48	0,81	-2,66	1,84
24	1,60	3,90	-5,50	49	3,16	-10,36	7,21
25	-1,09	4,66	-3,57				
Erro-padrão (\hat{S}_{ij})			1,60				
Erro-padrão ($\hat{S}_{ij} - \hat{S}_{ik}$)			2,78				
Erro-padrão ($\hat{S}_{ij} - \hat{S}_{kj}$)			2,29				
Erro-padrão ($\hat{S}_{ij} - \hat{S}_{kl}$)			2,25				

Entre as famílias S_2 *per se* cruzadas com o testador Ângela destacam-se para capacidade específica de combinação as famílias 14, 43, 47, 33, 49 e 22. As

famílias de melhor desempenho quando cruzadas com o testador Linhagem 3.3 para capacidade específica de combinação foram as 1, 5, 4, 31, 6 e 25. Já para o testador IAC 125, as famílias que melhor combinaram foram as 14, 49, 35, 46, 9 e 39 (Tabela 13).

Entre todas famílias, as nomeadas como 23, 39 e 31 se destacaram por revelarem capacidades gerais de combinação entre as seis de maiores valores, e combinadas ainda com as capacidades específicas de combinação também entre as seis mais elevadas, porém, somente para o testador Linhagem 3.3 para rendimento de grãos, e seus respectivos híbridos tiveram rendimentos médios de grãos na ordem de 6.093, 5.427 e 4.742 kg ha⁻¹ respectivamente, dos quais o híbrido família 23 x Linhagem 3.3 foi o de maior média entre todos outros híbridos de famílias S₂ x os três testadores, já os híbridos famílias 39 e 31 x Linhagem 3.3 foram o 4º e o 32º de maior média de rendimento. O híbrido família 39 x Linhagem 3.3 foi superado pelos híbridos das famílias 48 e 35 x Ângela, com médias para rendimento de grãos na ordem de 5.475 e 5.445 kg ha⁻¹, respectivamente.

Para capacidade de expansão, apenas as famílias 5, 6 e 25 apresentaram bons índices de capacidade geral de combinação aliados à capacidade específica de combinação, e também somente para o testador Linhagem 3.3 e seus híbridos obtiveram desempenhos médios de 41,10, 39,02 e 37,90 mL g⁻¹, respectivamente. Estes foram os três híbridos de maior capacidade de expansão com o testador Linhagem 3.3, porém o híbrido família 25 x Linhagem 3.3 foi apenas o sexto híbrido de maior índice para esta característica, entre todos os possíveis do cruzamento de famílias S₂ e testadores, este híbrido foi superado pelos híbridos famílias 20, 32 e 17 x IAC 125, com 38,79, 38,41 e 38,14 mL g⁻¹ de capacidade de expansão, respectivamente.

Das famílias com maiores índices de capacidades específicas de combinação para rendimento de grãos e capacidade de expansão, apenas as famílias 47 e 22 apresentaram bons índices concomitantemente para as características analisadas quanto à sua capacidade de combinação para o testador Ângela. Os híbridos correspondentes a estes cruzamentos classificam-se como 3º

com 5.387 kg ha⁻¹ e 7º com 4.865 kg ha⁻¹ para rendimento de grãos. Para capacidade de expansão em 2º com 36,89 mL g⁻¹ e 30º com 32,49 mL g⁻¹.

Das famílias de melhores índices de capacidade específica de combinação para rendimento de grãos e capacidade de expansão como o testador Linhagem 3.3, apenas a família 31 apresentou bom equilíbrio, seu respectivo híbrido possui rendimento médio de grãos de 4.742 kg ha⁻¹, correspondendo ao 4º na classificação deste testador e 35,26 mL g⁻¹ de capacidade de expansão, o 9º.

Para o testador IAC 125, as famílias 14 e 9 possuem boas estimativas para capacidade específica de combinação, estando entre as seis de melhores índices de capacidade específica de combinação, para as características estudadas. Os híbridos destes cruzamentos correspondem ao 3º e 9º para rendimento de grãos, 3.120 e 2.951 kg ha⁻¹, e em 5º e 32º para capacidade de expansão, 36,47 e 32,38 mL g⁻¹.

Entre as seis famílias de maiores estimativas de capacidades gerais e específicas de combinação para rendimento de grãos e capacidade de expansão, nenhuma coincidiu entre as melhores para as características e estimativas estudadas concomitantemente.

4.4 CAPACIDADE DE DISCRIMINAÇÃO DOS TESTADORES

Foi possível verificar que o testador que melhor discriminou as famílias S₂ foi a Linhagem 3.3, tanto para rendimento de grão como para capacidade de expansão, de acordo com o índice discriminatório D, de Fasoulas, 21,51 e 20,49, respectivamente (Tabelas 14 e 15). Pode ainda ser ressaltado que a diferença ou mérito da Linhagem 3.3 sobre os demais testadores, especialmente sobre o segundo colocado (IAC-125), foi maior para capacidade de expansão do que para rendimento de grãos.

Tabela 14 – Capacidade de discriminação dos testadores, de acordo com o índice D e índice de performance P (Fasoulas, 1983), para rendimento médio de grãos (kg ha^{-1}) dos híbridos *topcrosses*, fundamentado no teste de comparações de comparações múltiplas de Duncan (0,05).

Ordem	Ângela			Linhagem 3.3			IAC 125		
	S2	Média	P	S2	Média	P	S2	Média	P
1	48	5.475	44	23	6.093	94	5	3.306	42
2	35	5.445	42	39	5.427	71	7	3.298	42
3	47	5.387	40	48	4.752	38	14	3.120	31
4	21	5.296	40	31	4.742	35	6	3.047	25
5	32	5.197	35	35	4.519	23	41	2.984	25
6	39	5.059	35	40	4.393	17	23	2.966	25
7	22	4.865	23	41	4.245	17	43	2.964	25
8	20	4.643	15	46	4.041	13	10	2.963	25
9	41	4.630	15	17	4.037	13	9	2.951	25
10	44	4.488	6	5	3.986	13	11	2.948	25
11	28	4.471	6	19	3.888	13	34	2.850	19
12	26	4.356	4	20	3.882	13	35	2.832	19
13	46	4.341	4	9	3.882	13	26	2.820	17
14	45	4.322	4	10	3.879	13	28	2.811	17
15	19	4.259	4	37	3.775	8	31	2.785	15
16	14	4.214	4	44	3.763	6	48	2.714	13
17	24	4.187	4	32	3.711	6	3	2.700	13
18	42	4.177	4	33	3.708	6	36	2.640	4
19	34	4.169	4	21	3.669	6	4	2.608	4
20	23	4.124	4	12	3.596	6	46	2.574	4
21	4	4.092	4	29	3.476	6	49	2.568	4
22	11	4.012	2	3	3.461	6	22	2.451	4
23	31	4.005	2	11	3.395	6	12	2.430	4
24	7	3.962	2	26	3.310	6	42	2.406	4
25	49	3.954	2	13	3.309	6	33	2.370	4
26	33	3.808	2	42	3.255	6	25	2.292	2
27	43	3.791	0	28	3.237	6	8	2.245	2
28	18	3.786	0	2	3.200	6	39	2.180	2
29	27	3.776	0	8	3.176	4	13	2.172	2
30	15	3.748	0	49	3.118	4	29	2.023	0
31	10	3.530	0	25	3.118	4	21	2.020	0
32	3	3.508	0	34	3.064	4	45	1.936	0
33	36	3.344	0	15	2.979	4	1	1.930	0
34	16	3.308	0	4	2.970	4	17	1.925	0
35	38	3.286	0	27	2.946	4	2	1.847	0
36	29	3.247	0	14	2.892	4	44	1.837	0
37	12	3.236	0	16	2.885	4	47	1.821	0
38	37	3.224	0	43	2.843	2	16	1.678	0
39	5	3.131	0	36	2.837	2	20	1.648	0
40	30	3.065	0	22	2.806	2	30	1.628	0
41	8	3.024	0	38	2.745	2	32	1.600	0
42	1	3.012	0	1	2.536	2	18	1.570	0
43	40	2.936	0	7	2.502	2	37	1.542	0
44	25	2.934	0	30	2.197	2	40	1.429	0
45	9	2.920	0	18	2.148	2	15	1.426	0
46	6	2.913	0	47	2.095	2	38	1.424	0
47	17	2.693	0	24	1.513	0	24	1.421	0
48	13	2.356	0	45	1.230	0	27	1.135	0
49	2	2.102	0	6	405	0	19	896	0
D = 14,37			D = 21,51			D = 18,03			

Tabela 15 – Capacidade de discriminação dos testadores, de acordo com o índice D e índice de performance P (FASOULAS, 1983), para capacidade de expansão (mL g^{-1}) dos híbridos *topcrosses*, fundamentado no teste de comparações de comparações múltiplas de Duncan (0,05).

Ordem	Ângela			Linhagem 3.3			IAC 125		
	S2	Média	P	S2	Média	P	S2	Média	P
1	37	37,17	10	5	41,10	42	20	38,79	23
2	47	36,89	6	6	39,02	31	32	38,41	21
3	29	36,82	6	25	37,90	31	17	38,14	17
4	43	36,79	6	30	37,30	23	49	37,03	10
5	24	36,57	6	32	36,80	23	14	36,47	8
6	42	36,27	6	1	36,26	19	18	36,37	8
7	19	36,02	6	24	35,69	17	6	36,05	8
8	17	35,34	6	28	35,61	17	30	36,03	6
9	25	35,32	4	31	35,26	17	46	35,99	6
10	45	34,87	2	34	34,28	17	37	35,92	4
11	28	34,73	2	42	33,95	17	28	35,84	4
12	10	34,66	2	10	33,88	17	47	35,81	4
13	16	34,56	2	38	33,87	17	44	35,61	4
14	41	34,50	2	4	33,54	17	12	35,41	4
15	32	34,49	2	20	33,51	15	16	35,16	4
16	38	34,45	2	40	33,31	15	2	34,94	4
17	26	34,42	2	13	33,24	15	41	34,88	4
18	14	34,32	2	26	33,12	15	11	34,76	2
19	5	34,27	2	36	32,80	13	27	34,71	2
20	6	33,97	2	16	32,69	10	5	34,46	2
21	2	33,47	0	29	32,51	10	19	34,35	2
22	31	33,40	0	37	32,24	8	10	34,20	2
23	40	33,30	0	15	32,07	8	7	34,02	2
24	27	33,29	0	22	31,62	8	29	33,98	2
25	30	33,12	0	45	31,59	8	34	33,82	2
26	18	32,93	0	2	31,21	8	39	33,79	2
27	3	32,92	0	8	30,65	8	42	33,67	2
28	49	32,70	0	12	30,15	6	48	33,57	2
29	44	32,59	0	18	30,02	6	38	33,24	2
30	22	32,49	0	43	29,35	6	25	33,13	2
31	8	32,42	0	19	28,26	6	13	32,67	2
32	48	32,26	0	27	28,22	6	9	32,38	2
33	33	31,91	0	11	27,93	6	26	32,12	2
34	34	31,61	0	3	27,67	6	40	31,61	0
35	1	31,60	0	7	25,92	2	21	31,41	0
36	12	31,17	0	44	25,80	2	35	30,95	0
37	13	30,88	0	41	25,73	2	45	30,43	0
38	39	30,87	0	48	25,61	2	23	30,42	0
39	46	30,80	0	47	25,03	2	33	29,89	0
40	15	30,77	0	17	24,82	2	24	29,74	0
41	36	30,54	0	23	24,40	2	15	29,60	0
42	21	30,16	0	46	21,80	0	8	29,33	0
43	7	30,08	0	9	21,26	0	3	29,09	0
44	23	29,12	0	33	21,02	0	36	29,03	0
45	4	28,51	0	21	20,74	0	31	28,02	0
46	20	28,39	0	39	18,58	0	4	27,47	0
47	11	26,75	0	49	16,01	0	43	27,39	0
48	35	26,72	0	35	15,67	0	1	26,21	0
49	9	25,05	0	14	11,81	0	22	23,53	0
D = 3,32			D = 20,49			D = 7,14			

Para rendimento de grãos, é válido ressaltar que as famílias S_2 *per se*, com melhores capacidades gerais de combinação, compõem entre os melhores híbridos quando cruzadas com os testadores Ângela e Linhagem 3.3, e como já foram vistos, estes testadores têm alta e média capacidades gerais de combinação para esta característica, respectivamente (Tabela 11). Os híbridos oriundos do cruzamento das famílias S_2 x IAC 125 não apresentaram apreciáveis médias de rendimento de grãos. O mais produtivo aparece apenas como 60º híbrido entre todos possíveis, e é fruto do cruzamento da família 5 x IAC 125, que apesar dos genitores apresentarem baixa capacidade geral de combinação para esta característica, apresentam alta capacidade específica de combinação (Tabela 12), sendo o terceiro cruzamento de maior capacidade específica de combinação entre as famílias S_2 e o testador em questão.

Entre os primeiros 30 híbridos mais produtivos, destacam-se nove famílias S_2 cruzadas como a Linhagem 3.3 e 21 famílias cruzadas com Ângela. Figuram entre estas as seis famílias de maior capacidade geral de combinação no cruzamento com a Linhagem 3.3, e 5 no cruzamento com Ângela.

É necessário ressaltar que o testador Ângela não foi capaz de produzir bons híbridos apenas com as famílias S_2 de expressiva capacidade geral de combinação, mas também com famílias que, pelo contrário, apresentam desprezáveis índices de capacidades gerais de combinação, como as famílias 47, 45, 19 e 24 que apresentam capacidades gerais de combinação negativas. Este fato foi coerente com a maior capacidade geral de combinação de Ângela para rendimento de grãos.

Assim, seus híbridos expressam em alto grau o valor genético, conferido por Ângela, sendo então desaconselhável usá-la como testador para esta característica.

Além de selecionar famílias de baixo valor genético, Ângela ainda apresentou o menor valor do índice D de discriminação de Fasoulas (14,37; Tabela 14). É válido ressaltar, ainda, que as quatro famílias antes relacionadas possuem altas capacidades específicas de combinação com este testador para rendimento de grãos, e destas, as famílias 47, 45 e 24 estão entre as seis maiores

(1º, 2º e 3º lugares, respectivamente). Em média, estas famílias apresentam ainda os maiores índices de capacidade específica de combinação com o testador Ângela, quando comparados os seus índices entre os três testadores.

Com exceção da família 19, que o maior índice estimado foi com o testador Linhagem 3.3, e em segundo com o Ângela. Assim, esta família, quando cruzada com o testador Linhagem 3.3, apresenta seu híbrido em 11º com este testador, e em 36º entre todos híbridos possíveis de famílias S_2 x testadores.

Em contrapartida, o testador Linhagem 3.3 teve em seus híbridos mais produtivos os frutos dos cruzamentos com as famílias de maiores capacidades gerais de combinação para esta característica. É possível verificar que entre os sete híbridos mais produtivos para este testador, estão presentes as seis famílias de maiores capacidades gerais de combinação. Apenas uma família de baixa capacidade geral de combinação esteve entre os melhores híbridos, a família 40, a qual possui alta capacidade específica de combinação com o testador em questão, sendo a 2ª família de maior índice, concluindo assim que este testador foi o mais eficaz em avaliar as famílias S_2 para rendimento de grãos.

Com relação à característica capacidade de expansão, o testador Linhagem 3.3 foi o de maior valor do índice D de discriminação de Fasoulas, indicando que, como ocorrido para rendimento de grãos, este testador foi capaz de discriminar um número maior de contraste também para capacidade de expansão (Tabela15).

Estudando os 30 híbridos de maiores médias de capacidade de expansão, constata-se que 14 são oriundos de cruzamentos com 14 famílias S_2 que aparecem cruzadas com apenas um dos três testadores independentemente. Uma família apenas apresentou bons híbridos com os testadores Ângela e Linhagem 3.3 a família 24. Outras três apresentaram bons híbridos com os testadores Ângela e IAC 125 (37, 47 e 17). Para concluir, as famílias 6, 30, 32 e 28 tiveram bons desempenhos com os testadores Linhagem 3.3 e IAC 125.

Entre os oito melhores híbridos do testador Linhagem 3.3, estão presentes as seis melhores famílias com relação aos valores de capacidade geral de combinação. Destas, apenas a família 28 foi superada por outras de menores

capacidades gerais de combinação, as famílias que obtiveram este êxito foram 1 e 24. A família 1 expressou a maior estimativa de capacidade específica de combinação para capacidade de expansão com o testador em questão, e a família 24, apesar de não estar presente entre as seis de maiores estimativas, tem seu valor muito próximo a estas.

Deve-se ressaltar também que, apesar do testador Ângela apresentar bons híbridos para esta característica, as famílias de melhor desempenho com este testador não foram as de maior capacidade geral de combinação para a característica analisada, incluindo aqui a família 43 com capacidade geral de combinação negativa (Tabela 11) que por outro lado apresenta alta capacidade específica de combinação com o testador em questão (Tabela 13). Assim, conclui-se que, também para rendimento de grãos, o testador Ângela não foi eficiente em selecionar as famílias de maior mérito genético para capacidade de expansão.

O testador IAC 125, com alta capacidade geral de combinação para capacidade de expansão (Tabela 11), não apresentou bom desempenho quanto ao índice de discriminação D de Fasoulas (Tabela 15), indicando que este testador não foi eficiente em discriminar contrastes para ambas as características.

O testador IAC-125 apresentou bons híbridos para capacidade de expansão, porém dos 14 melhores, apenas quatro vieram de cruzamentos com famílias S_2 que expressaram índices de capacidades gerais de combinação entre as seis mais elevadas. As famílias citadas são a 32, 6, 30 e 28, de ordens 2°, 7°, 8° e 11°, respectivamente, entre os melhores híbridos de IAC 125. E estão classificadas em 4°, 19°, 20° e 24° entre todos híbridos possíveis entre os três testadores e as famílias S_2 *per se*. Assim como o testador Ângela, o testador IAC 125 produziu bons híbridos com famílias de índices de capacidades gerais de combinação negativas, como a família 6 para rendimento de grãos e as famílias 49, 14, 46 e 44 para capacidade de expansão. Concomitantemente, as famílias em questão apresentam altas capacidades específicas de combinação com o testador em questão. Portanto, estes híbridos são méritos dos testadores e não mérito da família S_2 *per se*.

Conclui-se assim, que o testador Linhagem 3.3 foi o mais eficaz em avaliar as famílias S_2 , por selecionar as famílias de melhores índices de capacidades gerais de combinação, tanto para rendimento de grãos como para capacidade de expansão.

4.5 ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES ENTRE MÉDIAS DE FAMÍLIAS S_2

Para estimar as correlações entre testadores e entre testadores e famílias S_2 *per se* foi utilizado o método de correlação de Spearman (Tabelas 16 e 17).

Tabela 16 – Correlação de Sperman entre *topcrosses* para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (mL g^{-1}).

Testador	Rendimento		Testador	CE	
	IAC 125	Linhagem 3.3		IAC 125	Linhagem 3.3
Ângela	-0,34	-0,08	Ângela	0,003	-0,01
Linhagem 3.3	0,08	-	Linhagem 3.3	-0,005	-

Tabela 17 – Correlações de Spearman entre as famílias S_2 e híbridos *topcrosses* para rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (mL g^{-1}).

Testador	r (Spearman)	
	Famílias S_2	
	Rendimento	CE
Ângela	0,16	-0,10
Linhagem 3.3	0,06	0,05
IAC 125	0,25	0,15

Os resultados das correlações entre *topcrosses* (Tabela 16) indicam que houve poucas coincidências entre estes em classificar as famílias S_2 . Exemplificando, os testadores Ângela e IAC 125 classificaram da mesma forma a família 30 (40°), já Ângela e Linhagem 3.3 coincidiram ao classificar a família 1 (42°) e, por sua vez, os testadores Linhagem 3.3 e IAC 125 classificaram a família 24 (47°) em mesma ordem para rendimento de grãos.

Entre os testadores os que classificaram de forma mais parecidas às famílias S₂ para rendimento de grãos foram a Linhagem 3.3 e o IAC 125, com índices de correlação muito baixos.

Por outro lado, várias famílias foram classificadas em ordens diferentes para rendimento de grãos, por exemplo, a família 21 classificada como 4°, 19° e 31°; 45 como 14°, 48° e 32°; e a família 47 como 3°, 46° e 37° ordens para os testadores Ângela, Linhagem 3.3 e IAC 125, respectivamente. Vale ressaltar que a família 21 possui capacidade geral de combinação média para a dada característica entre o grupo de famílias estudadas, e as famílias 45 e 47 possuem capacidades gerais de combinação baixas e negativas, e as três famílias listadas apresentam alta capacidade específica com o testador Ângela, baixas capacidades específicas de combinação com o testador Linhagem 3.3 e IAC 125.

Com relação à capacidade de expansão, os testadores mais similares na classificação foram Ângela e IAC 125, porém com poucos pontos de coincidência. Para exemplificar, tomamos como base a família 28 (11°) de mesma ordem para os testadores.

Para esta característica também ocorreram muitas famílias classificadas diferentemente entre os testadores, alguns exemplos são as famílias 14, 43 e 44.

A família 14 obteve a seguinte classificação, 18°, 49° e 5° com os testadores Ângela, Linhagem 3.3 e IAC 125, respectivamente. Esta família possui baixa capacidade geral e específica de combinação de combinação para esta característica com o testador Linhagem 3.3, e altas capacidades específicas de combinação com os testadores Ângela e IAC 125.

Outra família de destaque foi a 43, com as ordenações 4°, 30° e 47° com os testadores Ângela, Linhagem 3.3 e IAC 125. Essa possui baixa capacidade geral de combinação para esta característica, mas, quando cruzada com o testador Ângela, apresentou alta capacidade específica de combinação. Quando cruzada como testador Linhagem 3.3 apresentou capacidade específica de combinação média e com o testador IAC 125 apresentou capacidade específica de combinação baixa e negativa. Assim, dos testadores em questão, apenas a

Linhagem 3.3 apresentou comportamento aceitável de acordo com a capacidade geral de combinação da família em questão.

A família 44 foi classificada com 29°, 36° e 13° para os testadores Ângela, Linhagem 3.3 e IAC 125. Esta família possui baixa capacidade geral de combinação para a característica estudada. E possui média capacidade específica de combinação com o testador Ângela, baixa capacidade específica de combinação com o testador Linhagem 3.3 e alta com o testador IAC 125. Assim, mais uma vez o testador que melhor apresentou esta família foi a Linhagem 3.3.

Os testadores Ângela e IAC 125, para capacidade de expansão, em média classificaram famílias de baixas capacidades gerais de combinação entre os melhores híbridos.

De acordo com os resultados apresentados, o testador Ângela foi o que menos coincidiu em classificar as famílias S_2 entre os testadores estudados e classificou famílias de baixas capacidades gerais de combinação entre os seus melhores híbridos *topcrosses*.

Para a característica capacidade de expansão, os testadores Ângela e IAC 125 foram os que mais coincidiram em classificar as famílias S_2 . No entanto, em média, classificaram mais famílias S_2 de baixas capacidades gerais de combinação entre seus melhores híbridos *topcrosses*.

Portanto, conclui-se que o melhor testador tanto para rendimento de grãos, como para capacidade de expansão foi o testador Linhagem 3.3, quando estudadas as correlações de classificação das famílias S_2 entre os três testadores.

A correlação de Spearman revelou que o testador IAC 125 foi o que mais coincidiu com as classificações das famílias S_2 *per se* para rendimento de grãos e capacidade de expansão (Tabela 17). Entretanto, ainda assim, com valor de correlação baixo para indicar pouca coincidência nas classificações e relação às famílias S_2 *per se*. Porém, figuram entre seus melhores híbridos, famílias com baixas capacidades gerais de combinação, o mesmo vale para o testador Ângela.

Assim, quando estudadas as correlações das classificações de testadores entre as famílias S_2 , verifica-se que o testador Linhagem 3.3 foi o mais eficaz em classificar entre seus melhores *topcrosses* materiais de altas capacidades gerais

de combinação mesmo não sendo o testador que mais coincidiu em classificar as famílias S_2 . Isso demonstra que a adoção de um único conceito pode dar margem a erros na escolha do melhor testador.

4.6 ESTIMATIVAS DE HETEROSE NOS HÍBRIDOS *TOPCROSSES*

O quanto os testadores e as famílias S_2 se complementam pode ser aferido por meio do cálculo de heterose existente entre estes materiais. Esta complementaridade explicitará, em parte, a possibilidade de êxito no desenvolvimento de futuros híbridos oriundos dos cruzamentos de possíveis linhagens extraíveis dos testadores e de linhagens oriundas das famílias S_2 em questão.

A aferição de heterose é feita de maneira usual com a divisão do desvio por um referencial. Exemplificando, para cada característica avaliada neste estudo, pode-se calcular a diferença entre a média do híbrido *topcross* com a média da família S_2 *per se* correspondente e dividir este desvio novamente pela média da família em estudo. A interpretação desses resultados deve ser cuidadosa, para evitar que famílias de baixo valor genético chamem a atenção pela grande heterose de seus *topcrosses*. Isso é mais grave para rendimento de grão, por ocasião da depressão por endogamia. Para exemplificar, as famílias 1, 14 e 34 obtiveram razoável valor de heterose perante as demais, no cruzamento com os três testadores do estudo. Assim, seriam importantes famílias de alto valor genético, porém tal fato é duvidoso já que seus rendimentos *per se* estiveram entre os mais baixos, 313, 427 e 385 kg ha⁻¹ para rendimento de grãos dentre as famílias S_2 *per se* estudadas.

Em contrapartida, as famílias 21, 23, 31 e 35 obtiveram expressivos valores de heterose quando tal estimativa foi aferida de acordo com o desvio em relação ao testador *per se*, ou seja, suas estimativas vieram do desvio de rendimento do híbrido *topcross* com o testador correspondente dividido pelo valor médio de rendimento deste mesmo testador.

Esta forma de estudo da heterose promoveu valores de maior confiabilidade, já que, entre as estimativas de heterose mais elevadas estavam as famílias S₂, antes relacionadas com rendimentos médios de 1.649, 1.593, 1.354 e 1.599 kg ha⁻¹ de rendimentos médios.

Assim nas Tabelas 18 e 19 estão apresentados os dados referentes às estimativas de heterose em relação aos testadores *per se* para rendimento de grãos e capacidade de expansão, respectivamente.

Estudando o testador IAC 125, nota-se que as heteroses para rendimento de grãos foram todas negativas (Tabela 18), fato já esperado, uma vez que as famílias S₂ em estudo foram extraídas da população IAC 125, e muito provavelmente teriam seus rendimentos médios menores em relação ao rendimento médio da população original, por ocasião da depressão por endogamia. Cabe lembrar que a população em questão é um híbrido comercial e obteve rendimento médio de 3.471 kg ha⁻¹, no ano agrícola 2007/2008, conduzidos de forma adicional aos experimentos.

As heteroses positivas foram verificadas nos estudos dos híbridos *topcrosses* em relação aos testadores Ângela e Linhagem 3.3 para rendimento de grãos (Tabela 18).

Em relação ao testador Ângela, deve-se destacar as famílias S₂ 21, 35, 48 e 39, com altos índices de heterose, para rendimento de grãos e possuir altos índices de capacidades gerais de combinação, e as famílias 35, 48 e 39 estão entre as seis de maiores valores para este índice.

Das famílias que representam os maiores índices de heterose quando cruzadas com o testador Ângela, anteriormente citadas, as famílias 21 e 39 tiveram seus índices de heterose superados pela família 47, que apesar de apresentar rendimento *per se* não tão expressivo e capacidade geral de combinação negativo, apresenta o maior índice de capacidade específica de combinação com este testador. A família 39 foi superada ainda pela família 32. Esta família tem índice de capacidade geral de combinação médio, e maior rendimento médio *per se* e é o 4º maior índice de capacidade específica de combinação com o testador Ângela.

Tabela 18 – Estimativa do percentual de heterose (h) em relação aos testadores e média dos híbridos *topcrosses* em cada cruzamento, para rendimento (Rend) médio de grãos (kg ha⁻¹).

Famílias	Angela		Linhagem 3.3		IAC 125		S ₂
	Rend	h	Rend	h	Rend	h	Rend
1	3.012	-21,61	2.536	658,67	1.930	-44,40	313
2	2.102	-45,31	3.200	857,13	1.847	-46,80	1.181
3	3.508	-8,71	3.461	935,37	2.700	-22,23	1.251
4	4.092	6,48	2.970	788,39	2.608	-24,88	1.569
5	3.131	-18,51	3.986	1.092,22	3.306	-4,77	704
6	2.913	-24,20	405	21,23	3.047	-12,23	740
7	3.962	3,11	2.502	648,50	3.298	-4,99	407
8	3.024	-21,31	3.176	850,04	2.245	-35,32	546
9	2.920	-24,01	3.882	1.061,14	2.951	-14,99	1.457
10	3.530	-8,14	3.879	1.060,23	2.963	-14,64	1.936
11	4.012	4,39	3.395	915,53	2.948	-15,08	535
12	3.236	-15,80	3.596	975,72	2.430	-29,99	919
13	2.356	-38,70	3.309	889,77	2.172	-37,42	559
14	4.214	9,66	2.892	764,94	3.120	-10,11	427
15	3.748	-2,48	2.979	790,97	1.426	-58,91	1.307
16	3.308	-13,92	2.885	763,06	1.678	-51,67	803
17	2.693	-29,91	4.037	1.107,55	1.925	-44,56	1.745
18	3.786	-1,48	2.148	542,63	1.570	-54,78	1.151
19	4.259	10,82	3.888	1.063,03	896	-74,19	1.495
20	4.643	20,82	3.882	1.061,18	1.648	-52,53	1.229
21	5.296	37,83	3.669	997,34	2.020	-41,80	1.649
22	4.865	26,59	2.806	739,21	2.451	-29,38	1.271
23	4.124	7,31	6.093	1.722,57	2.966	-14,56	1.593
24	4.187	8,97	1.513	352,64	1.421	-59,06	466
25	2.934	-23,64	3.118	832,53	2.292	-33,98	1.132
26	4.356	13,35	3.310	889,98	2.820	-18,77	1.140
27	3.776	-1,75	2.946	781,30	1.135	-67,31	1.051
28	4.471	16,35	3.237	868,32	2.811	-19,02	1.027
29	3.247	-15,51	3.476	939,63	2.023	-41,72	1.694
30	3.065	-20,23	2.197	557,24	1.628	-53,09	383
31	4.005	4,23	4.742	1.318,38	2.785	-19,78	1.354
32	5.197	35,23	3.711	1.010,06	1.600	-53,91	2.058
33	3.808	-0,91	3.708	1.009,19	2.370	-31,73	1.890
34	4.169	8,49	3.064	816,52	2.849	-17,91	385
35	5.445	41,69	4.519	1.251,69	2.832	-18,40	1.599
36	3.344	-12,98	2.837	748,64	2.640	-23,94	1.314
37	3.224	-16,10	3.775	1.029,15	1.542	-55,58	1.089
38	3.286	-14,49	2.745	720,98	1.424	-58,97	774
39	5.059	31,65	5.427	1.523,36	2.180	-37,19	871
40	2.936	-23,61	4.393	1.214,01	1.429	-58,82	1.239
41	4.630	20,47	4.245	1.169,59	2.984	-14,03	859
42	4.177	8,71	3.255	873,50	2.406	-30,68	1.344
43	3.791	-1,35	2.843	750,41	2.964	-14,61	1.130
44	4.488	16,78	3.763	1.025,58	1.837	-47,09	836
45	4.322	12,48	1.230	267,85	1.936	-44,23	833
46	4.341	12,97	4.041	1.108,62	2.574	-25,84	1.706
47	5.387	40,19	2.095	526,62	1.821	-47,54	665
48	5.475	42,47	4.752	1.321,31	2.714	-21,81	800
49	3.954	2,90	3.118	832,68	2.568	-26,03	1.341
Média	3.874		3.340		2.280		1.097
Média per se	3.843		334		3.471		

O testador Ângela não apresentou boas estimativas de heterose com as famílias 23, 31 e 41, as quais possuem satisfatórios índices de rendimento de grãos *per se* e estão entre as seis famílias S₂ de maiores índices de capacidades gerias de combinação, fato explicado por estas famílias apresentarem índices de capacidades específicas de combinação negativas para rendimento de grãos.

As famílias que merecem destaque com o testador Linhagem 3.3 são 23, 39, 48, 31, 35, 40 e 41 sendo as sete famílias de maiores índices de heterose quando cruzadas com este testador, em ordem decrescente. Excetuando a família 40, as demais correspondem às seis famílias de maiores índices de capacidades gerias de combinação, e apresentam satisfatórias médias de rendimento de grãos *per se*.

Extrapolando as interpretações até o 18° híbrido de maior estimativa de heterose, serão encontradas apenas quatro famílias com capacidades gerais de combinação negativas, as famílias 40, 17, 19 e 37, estas, entretanto, apresentam satisfatórios índices de capacidades específicas de combinação com o testador em questão e, também bons rendimentos médios de grãos *per se*.

Os outros híbridos classificados entre o 7° e 18°, excetuando as quatro famílias de capacidades gerais de combinação negativas, apresentam índices de capacidades gerais de combinação positivos, e apenas a família 5 possui rendimento médio de grãos abaixo de 800 kg ha⁻¹.

No estudo de heterose para capacidade de expansão (Tabela 19), para os híbridos *topcrosses* oriundos dos cruzamentos das famílias S₂ com o testador IAC 125, em concordância com os resultados encontrados para rendimento de grãos, averiguou-se que a maioria dos materiais em estudo apresentou valores de heterose negativos e só alguns poucos valores de heteroses positivas, como o caso dos híbridos das famílias S₂ 14, 17, 20, 32 e 49, com a maior heterose encontrada para a família 20, na ordem de 6,61 em relação ao testador IAC 125. Esses resultados também já eram esperados, pois o testador em questão foi o de maior índice de capacidade de expansão para esta safra (36,38 mL g⁻¹) e dificilmente seria superado por híbridos *topcrosses* oriundos da mesma população.

Tabela 19 – Estimativa do percentual de heterose (h) em relação aos testadores e média dos híbridos *topcrosses* em cada cruzamento, para capacidade de expansão (CE) (mL g⁻¹).

Famílias	Angela		Linhagem 3.3		IAC 125		S ₂
	CE	h	CE	h	CE	h	CE
1	31,60	-7,32	36,26	47,67	26,21	-27,97	29,67
2	33,47	-1,82	31,21	27,10	34,94	-3,97	34,83
3	32,92	-3,45	27,67	12,68	29,09	-20,05	22,84
4	28,51	-16,38	33,54	36,60	27,47	-24,49	21,34
5	34,27	0,52	41,10	67,39	34,46	-5,29	33,50
6	33,97	-0,37	39,02	58,92	36,05	-0,90	32,00
7	30,08	-11,78	25,92	5,57	34,02	-6,50	29,84
8	32,42	-4,93	30,65	24,80	29,33	-19,39	35,34
9	25,05	-26,54	21,26	-13,43	32,38	-10,98	16,17
10	34,66	1,65	33,88	37,98	34,20	-5,98	34,67
11	26,75	-21,54	27,93	13,73	34,76	-4,46	28,17
12	31,17	-8,57	30,15	22,79	35,41	-2,66	27,50
13	30,88	-9,44	33,24	35,38	32,67	-10,19	29,34
14	34,32	0,65	11,81	-51,92	36,47	0,25	29,83
15	30,77	-9,76	32,07	30,62	29,60	-18,64	32,34
16	34,56	1,37	32,69	33,14	35,16	-3,36	26,33
17	35,34	3,65	24,82	1,07	38,14	4,85	33,17
18	32,93	-3,42	30,02	22,26	36,37	-0,04	29,67
19	36,02	5,66	28,26	15,08	34,35	-5,58	27,34
20	28,39	-16,73	33,51	36,48	38,79	6,61	29,50
21	30,16	-11,53	20,74	-15,54	31,41	-13,66	31,00
22	32,49	-4,70	31,62	28,77	23,53	-35,32	30,84
23	29,12	-14,58	24,40	-0,64	30,42	-16,37	29,84
24	36,57	7,25	35,69	45,36	29,74	-18,24	21,34
25	35,32	3,60	37,90	54,34	33,13	-8,95	22,00
26	34,42	0,96	33,12	34,89	32,12	-11,72	30,33
27	33,29	-2,37	28,22	14,92	34,71	-4,59	22,50
28	34,73	1,86	35,61	45,01	35,84	-1,49	28,00
29	36,82	7,99	32,51	32,41	33,98	-6,60	33,00
30	33,12	-2,87	37,30	51,89	36,03	-0,96	30,67
31	33,40	-2,05	35,26	43,58	28,02	-22,99	32,67
32	34,49	1,15	36,80	49,85	38,41	5,57	29,00
33	31,91	-6,41	21,02	-14,39	29,89	-17,84	24,50
34	31,61	-7,28	34,28	39,59	33,82	-7,03	30,00
35	26,72	-21,63	15,67	-36,18	30,95	-14,92	18,50
36	30,54	-10,42	32,80	33,56	29,03	-20,21	29,50
37	37,17	9,02	32,24	31,30	35,92	-1,26	35,17
38	34,45	1,03	33,87	37,93	33,24	-8,64	29,17
39	30,87	-9,46	18,58	-24,35	33,79	-7,11	27,50
40	33,30	-2,34	33,31	35,63	31,61	-13,11	26,50
41	34,50	1,19	25,73	4,78	34,88	-4,14	31,00
42	36,27	6,39	33,95	38,27	33,67	-7,44	28,84
43	36,79	7,92	29,35	19,53	27,39	-24,71	30,50
44	32,59	-4,40	25,80	5,06	35,61	-2,11	31,67
45	34,87	2,28	31,59	28,66	30,43	-16,35	32,00
46	30,80	-9,67	21,80	-11,23	35,99	-1,09	29,00
47	36,89	8,20	25,03	1,93	35,81	-1,58	27,00
48	32,26	-5,39	25,61	4,31	33,57	-7,74	30,34
49	32,70	-4,09	16,01	-34,79	37,03	1,78	32,50
Média	32,78		29,61		33,06		28,94
Média <i>per se</i>	34,10		24,56		36,38		

Cabe ressaltar que as famílias relacionadas, apesar de expressarem bons níveis de heterose não obtiveram bons índices de capacidade de expansão *per se* e apenas as família 17 e 49 ultrapassaram 30 mL g⁻¹.

As famílias 14 e 49 apresentaram capacidades gerais de combinação negativas para capacidade de expansão e capacidades específicas de combinação positiva para o testador IAC 125. Em contraste a esta situação, encontrou-se a família 32, com elevado índice de capacidade geral de combinação, porém, com valor negativo para a estimativa capacidade específica de combinação. Podendo concluir que as heteroses das famílias S₂ com o testador IAC 125 não traz resultados confiáveis.

Estimativas parecidas com as encontradas para o testador IAC 125 foram encontradas também para o testador Ângela, e, em sua grande maioria as estimativas de heterose se mostraram negativas, este fato também esperado, pelo alto índice médio de capacidade de expansão deste testador *per se*, 34,10 mL g⁻¹.

Entre os 20 híbridos de maiores estimativas de heterose para capacidade de expansão utilizando o testador Ângela, apenas o híbrido herdado do cruzamento deste testador com o família 6 apresentou heterose negativa, apesar de esta família ser a terceira de maior índice de capacidade geral de combinação, ela apresenta capacidade específica de combinação negativa com este testador.

Entre os 20 melhores híbridos, estão incluídas cinco famílias das seis de melhores índices para capacidade geral de combinação para capacidade de expansão, as famílias 25, 28, 32, 5 e 6, e seus híbridos correspondem ao 9°, 11°, 19° e 20° de maiores índices de heterose.

É necessário avaliar o caso das famílias 43, 41 e 14, as quais apresentam índices de capacidades gerais de combinação negativas, e mesmo assim estão entre os 20 melhores híbridos, classificados em 4°, 14° e 18°, respectivamente. Estas famílias, apesar de apresentarem estimativas negativas de capacidades gerais de combinação, possuem altos índices de capacidades específicas de combinação com o testador Ângela. Entretanto, outras famílias com altas estimativas de capacidade geral de combinação, apresentam capacidades específicas de combinação negativa.

Assim, o testador Angela produziu bons híbridos para capacidade de expansão com famílias de baixo valor genético.

As maiores estimativas de heterose encontradas para capacidade de expansão foram em relação ao testador Linhagem 3.3. A grande maioria das estimativas foi positiva, pelo baixo mérito deste material para capacidade de expansão, com índices médios de 24,56 mL g⁻¹.

Entre os 20 melhores híbridos das famílias S₂ cruzadas com o testador Linhagem 3.3, como ocorreu para o testador Ângela, três híbridos vieram de famílias com capacidade gerais de combinação negativa para capacidade de expansão – as famílias 1, 4 e 36; estas famílias possuem altas capacidades específicas de combinação com o testador em questão e destas a 1 e a 4 estão entre as seis de maiores capacidades para este índice.

O testador Linhagem 3.3 teve o mérito de entre seus oito melhores híbridos estarem as seis famílias de maiores índices de capacidades gerais de combinação, quando estudada a heterose em relação ao testador *per se*.

A família 28, de elevada capacidade geral de combinação, foi superada pela família 1, citada, esta última com satisfatórios índices de capacidade geral e específica de combinação.

A análise de heterose para capacidade de expansão em relação aos testadores *per se*, permite concluir que o melhor e mais eficiente testador em classificar famílias S₂ de alto valor genético foi o testador Linhagem 3.3.

É importante ressaltar que, por trás da simples análise dos níveis de heterose, está também a herança dos caracteres e a base genética dos testadores. Assim, testadores que proporcionam alta heterose para rendimento tendem a ser indesejáveis, pois provavelmente estejam transmitindo genes dominantes ao *topcross*, capazes de mascarar o mérito das famílias, reduzindo a variabilidade genética. Por outro lado, para capacidade de expansão, a predominância da ação aditiva no controle genético do caráter reduz o papel da natureza do testador (base ampla vs base restrita). Sendo importante, sobretudo, a frequência de genes favoráveis de efeito não-dominante (Capacidade Geral de Combinação).

4.7 ESCOLHA DO TESTADOR

A escolha do melhor testador está calcada na capacidade deste em produzir bons resultados com as famílias de alto valor genético. Tal atribuição pode ser dada à capacidade de combinação das famílias, no qual a capacidade geral de combinação seria a de primeiro grau na ordem de escolha, pois, esta permite aferir sobre a aditividade existente entre famílias e testadores utilizados.

Assim, para que se possam visualizar melhor os dados, e tomar a decisão para qual testador será atribuído o título de melhor para o grupo de famílias S_2 estudadas, foram construídos as Tabelas 20 e 21, os quais tratam de rendimento de grãos e capacidade de expansão, respectivamente.

Tabela 20 – Ordem classificatória das famílias S_2 com relação aos respectivos valores de capacidade geral de combinação (CGC) e os oito cruzamentos *topcrosses* de maiores índices com os testadores para o caráter rendimento de grãos.

Famílias S_2	Híbridos <i>topcrosses</i>			CGC S_2
	Angela	L3.3	125	
5			1°	
6			4°	
7			2°	
10			8°	
14			3°	
20	8°			
21	4°			
22	7°			
23		1°	6°	1°
31		4°		6°
32	5°			
35	2°	5°		3°
39	6°	2°		4°
40		6°		
41		7°	5°	5°
43			7°	
46		8°		
47	3°			
48	1°	3°		2°

Tabela 21 – Ordem classificatória das famílias S₂ com relação aos respectivos valores de capacidade geral de combinação (CGC) e os sete cruzamentos *topcrosses* de maiores índices com os testadores para o caráter capacidade de expansão.

Famílias S ₂	Híbridos <i>topcrosses</i>			CGC S ₂
	Angela	L3.3	IAC 125	
1		6°		
5		1°		1°
6		2°	7°	3°
14			5°	
17	8°		3°	
18			6°	
19	7°			
20			1°	
24	5°	7°		
25		3°		5°
28		8°		6°
29	3°			
30		4°	8°	4°
32		5°	2°	2°
37	1°			
42	6°			
43	4°			
47	2°			
49			4°	

Na Tabela 20, estão listadas as oito famílias S₂ de melhor rendimento de grãos para cada testador avaliado. Destas, apenas as famílias S₂ 23, 35, 39, 41 e 48 estiveram concomitantemente entre os oito melhores híbridos com mais de um testador. É válido ressaltar que nenhuma das famílias S₂ deferiu bom desempenho com o testador Ângela e IAC 125, concomitantemente. Das famílias antes relacionadas, apenas as famílias 23 e 41 figuraram entre as de melhores desempenhos com os testadores Linhagem 3.3 e IAC 125, as demais produziram bons híbridos com Ângela e Linhagem 3.3.

Foi apresentada também, na Tabela 20, a classificação das seis famílias S₂ de maiores índices de capacidade geral de combinação, a fim de elucidar qual o testador que promoveu os melhores híbridos com as famílias de melhores índices.

Entre os testadores utilizados, apenas a Linhagem 3.3 apresentou híbridos de apreciável rendimento de grãos com as seis famílias S₂ de maiores índices de capacidade geral de combinação, as famílias 23, 48, 35, 39, 41 e 31.

Destas, apenas o híbrido da família S₂ 41 foi superado por uma família S₂ que não está entre as seis de maiores índices de capacidade geral de combinação; o híbrido em questão é fruto do cruzamento da família S₂ 40 com o testador Linhagem 3.3. Esta família apresenta capacidade geral de combinação negativa (Tabela 11), porém, possui o segundo maior índice de capacidade específica de combinação com o testador em questão (Tabela 12). Para este testador, se tem ainda a família S₂ 46 que produziu o híbrido de 8ª ordem. A dada família S₂ possui valores intermediários de capacidade geral e específica de combinação.

Analisando o testador Ângela, observa-se que, entre os oito melhores híbridos deste testador, três não são oriundos dos cruzamentos com as famílias S₂ de maiores índices de capacidade geral de combinação, as famílias 20, 21, 22 e 32, as quais possuem baixos índices de capacidade geral de combinação para rendimento de grãos, porém com alta capacidade específica de combinação com o testador em questão. Este testador não foi capaz de classificar entre os seus oito melhores híbridos as famílias S₂ 23, 41 e 31, 1º, 5º e 6º de maiores índices de capacidade geral de combinação. O híbrido correspondente da família S₂ 41 é de apreciável rendimento, pois está classificado como 9º, em contrapartida o híbrido da família S₂ 23 e 31 aparece como 20º e 23º, sendo superado por híbridos como, por exemplo, os das famílias S₂ 45, 24 e 19 com capacidades gerais de combinação negativas e estimadas em -668,39, -790,59 e -150,17, respectivamente. Este fato pode ser explicado pelos altos índices de capacidades específicas de combinação destas famílias S₂ com o testador Ângela.

O testador IAC 125 só foi capaz de produzir bons híbridos com apenas duas das seis famílias de maiores índices de capacidade geral de combinação, as famílias 23 e 41, 1º e 5º ordem de capacidade geral de combinação, e apenas o 6º e 5º híbridos de melhores índices de rendimento de grãos, respectivamente, com este testador. Os híbridos correspondentes das outras famílias S₂ de altas capacidades gerais de combinação, 48, 35, 39 e 31, que correspondem às ordens de 2º, 3º, 5º e 6º na classificação, apresentaram desempenhos insatisfatórios quando cruzados com o testador IAC 125.

O híbrido que mais se aproximou da classificação entre os oito foi o oriundo do cruzamento do testador em questão com a família S₂ 35, e atingiu apenas o 12º lugar na classificação, apesar da família em questão apresentar a 3ª maior estimativa de capacidade geral de combinação ($\hat{g}_{35} = 1.101,03$), sendo superada, por exemplo, pela família S₂ 43 com capacidade geral de combinação baixa, de apenas 34,89, contudo, apresenta alta capacidade específica de combinação, 649,08, com o testador IAC 125, a 4ª maior entre as seis de maiores índices de capacidades gerais de combinação.

Os híbridos das famílias 48 e 31, 2º e 6º entres as famílias S₂ de maiores índices de capacidade geral de combinação, aparecem em 16º e 15º híbridos mais produtivos.

Assim, entre as famílias de altas capacidades gerais de combinação, a que teve seu híbrido correspondente com o pior resultado quando cruzada com o testador IAC 125, foi a família 39, que corresponde a 4ª de maior índice de capacidade geral de combinação e apenas o 28º híbrido em relação à característica rendimento de grãos; este híbrido foi superado por híbridos oriundos de famílias S₂ de capacidade geral de combinação baixas para esta característica, por exemplo, as famílias S₂ 36, 12, 25 e 8, com capacidades gerais de combinação de -223,93, -77,02, -383,13 e -349,42, respectivamente, em contrapartida, estas famílias S₂ apresentam índices apreciáveis de capacidade específica de combinação para este testador.

Dos oito melhores híbridos do testador IAC 125, estão inclusas seis famílias que possuem baixos índices de capacidades gerais de combinação, são as famílias 5, 7, 14, 6, 43 e 10, correspondendo ao 1º, 2º, 3º, 4º, 7º e 8º híbridos de maiores rendimentos de grãos. A família S₂ 6 se destaca por possuir estimativa de capacidade geral de combinação negativa, na ordem de -1.042,88. As famílias 5, 7, 14, 6 e 43 figuram entre as seis famílias de maiores índices de capacidade específica de combinação com o testador IAC 125, e a família 10, apesar de não estar inclusa entre as seis de maiores índices, apresenta apreciável índice de capacidade específica de combinação.

Assim, o testador que discriminou as famílias S_2 mais coerentemente, de acordo com seus méritos genéticos, foi a Linhagem 3.3 para rendimento de grãos.

Na Tabela 21, estão apresentadas as oito famílias S_2 que obtiveram os melhores resultados entre os oito melhores híbridos *topcrosses* para cada testador com relação à característica capacidade de expansão.

Verifica-se que a família 24 obteve bons híbridos para a característica capacidade de expansão tanto para o testador Ângela como para o testador Linhagem 3.3. As famílias 6, 30 e 32 apresentaram bons híbridos com os testadores Linhagem 3.3 e IAC 125, e apenas a família 17 apresentou satisfatório desempenho com os testadores Ângela e IAC 125, concomitantemente.

A classificação das seis melhores famílias S_2 quanto às estimativas das capacidades gerais de combinação para capacidade de expansão, também está listada na Tabela 21. Entre as 49 famílias S_2 estudadas, se destacam para este índice as famílias 5, 32, 6, 30, 25 e 28 listadas em ordem decrescente.

Entre os três testadores, em concordância com o que ocorreu para rendimento de grãos, o testador Linhagem 3.3 foi o único capaz de classificar entre os seus oito melhores híbridos *topcrosses* as seis famílias S_2 de elevados índices de capacidade geral de combinação, as famílias 5, 32, 6, 30, 25 e 28. Destas, as famílias 5, 6 e 25 estão entre as seis de maiores estimativas de capacidade específica de combinação, sendo a 2^a, 5^a e 6^a na ordem de classificação, respectivamente. E as famílias 32, 30 e 28, apesar de não estarem classificadas entre as seis melhores, apresentam índices satisfatórios de capacidade específica de combinação.

Das seis famílias de maiores índices de capacidade geral de combinação, apenas o híbrido *topcross*, oriundo do cruzamento do testador Linhagem 3.3 com a família S_2 28, 8^o híbrido de maior média de capacidade de expansão, foi superado por outros híbridos *topcrosses*, vindo de famílias de menores índices de capacidade geral de combinação. As famílias que conseguiram este êxito foram a famílias 1, com capacidade geral de combinação baixa, -0,46, para esta característica, mais que em contrapartida apresenta a maior capacidade específica

de combinação com o dado testador, e a família 24, que apresenta satisfatórios índices de capacidade geral e específica de combinação.

O testador Ângela foi o único que entre seus oito melhores híbridos, em relação à característica capacidade de expansão, não apresentou nenhum híbrido *topcross* oriundo de cruzamento com as seis famílias de alta capacidade geral de combinação para a característica analisada. O primeiro híbrido fruto do cruzamento com umas destas famílias aparece em 9º, respectivo à família 25, que é a 5ª maior estimativa de capacidade geral de combinação, e esta apresenta capacidade específica de combinação negativa para este testador. Outro exemplo é a família 5, de melhor índice de capacidade geral de combinação para capacidade de expansão, figura apenas em 19º, entre os híbridos *topcrosses* das famílias S_2 x testador Ângela. Esta família apesar de possuir alta capacidade geral de combinação, apresenta índice de capacidade específica de combinação negativa, e entre os menores valores para este testador.

Entre os melhores híbridos *topcrosses* do testador Ângela, se destacam as famílias 17 e 43, com capacidade geral de combinação de 0,95 e -0,64, respectivamente, porém estas apresentam valores expressivos de capacidade específica de combinação com o testador em questão.

O testador IAC 125 apresenta entre os oito melhores híbridos apenas três famílias que figuram entre as seis de maior índice capacidade geral de combinação em relação à capacidade de expansão. São as famílias 6, 30 e 32 que correspondem aos híbridos 7º, 8º e 2º de maiores médias para a característica estudada. Entre os melhores híbridos *topcrosses* do testador em questão, se destacam as famílias 14, com capacidade geral de combinação negativa, -4,28, entretanto esta apresenta a maior capacidade específica de combinação dentre todas as famílias S_2 com o testador avaliado, e a família 49 que também apresenta capacidade geral de combinação negativa para capacidade de expansão, -3,235, e é a segunda maior para capacidade específica de combinação com o testador IAC 125.

5. CONCLUSÕES

As conclusões a respeito do melhor testador para o grupo de famílias S_2 estudadas foram baseadas nas informações obtidas na análise da característica rendimento de grãos e do índice de capacidade de expansão. Para tanto, foram consideradas as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, as estimativas das capacidades gerais e específicas de combinação, a capacidade de discriminação de cada testador, as correlações entre testadores e de testadores e famílias S_2 *per se* e as estimativas de heterose dos híbridos *topcrosses* em relação ao testador *per se*.

O exame conjunto dos parâmetros permitiu concluir que o melhor testador na avaliação das 49 famílias S_2 em relação ao rendimento de grão e a capacidade de expansão foi a Linhagem 3.3.

Por outro lado, considerando que a Linhagem 3.3 é o melhor testador, o programa deve investir em quem se cruzou bem com ela.

REFERÊNCIAS

AGUILAR MORAN, J. F. **Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.)**. 1990. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)- USP/ESALQ, Piracicaba, 1990.

BAKTASH, F. Y.; YOUNIS, M. A.; AL-YOUNIS, A. H.; AL-ITHAWI, S. A. Correlation coefficient between top crosses and diallel crosses in corn. **Mesopotamia Journal of Agriculture**, Mosul, v. 15, n. 1, p. 51-58, 1981.

BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, p.17-21, 1991.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 22. ed. Viçosa, MG: UFV, 1998.

BORÉM, A.; MILACH, S. K. O melhoramento de plantas na virada do milênio. **Biotecnologia, Ciência & Desenvolvimento**, Brasília, DF, v. 2, n. 7, p. 68-72, jan./fev. 1999.

CASTRO, A. M. G. **O futuro do melhoramento genético vegetal no Brasil: impactos da biotecnologia e das leis de proteção de conhecimento**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnologia, 2006.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: UFV, 1997.

DAVIS, R. L. **Report of the plant breeder**. San Jose: Agricultural Experimental Station; Puerto Rico: Experimental Estation, 1927.

DAVIS, R. L. Maize crossing values in second generation lines. **Journal of Agricultural Research**, Lahere, v. 48, p. 339-359, 1934.

FASOULAS, A. C. Rating cultivars and trials in applied plant breeding. **Euphytica**, Dordrecht, v. 32, no.3, p. 939-943, 1983.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman, 1996.

GALVAO, J. C. C. ; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de produção do milho**. 1. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, London, v. 22, p. 439-452, 1966.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 2, p. 419-430, 1988.

GRIFFING, A. R. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal of Biological Science**, Victoria, v. 9, p. 463-493, 1956.

HALLAUER, A. R. Methods used in developing maize inbreds. **Maydica**, Bergamo, v. 15, p. 1-16, 1990.

HALLAUER, A. R.; LOPES PEREZ, E. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. **Proceeding of the Annual Hybrid Corn Industry Research Conference**, Washington, D.C., v. 34, p. 57-75, 1979.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 1988.

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

HEIDRICH SOBRINHO, E.; ZANETTE, V. A. Competição de híbridos e populações de milho-pipoca no Rio Grande do Sul. **Agronomia Sulriograndense**, Porto Alegre, v. 15, n. 1, p. 103-110, 1979.

HORNER, E. S. et al. Comparisons of three methods of recurrent selection in maize. **Crop Science**, Madison, v. 13, p. 485-489, 1973.

JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of testing inbred lines of corn in crossbreed combinations. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 24, p. 523-530, 1932.

JENSEN, S.D. Combining ability studies in elite U.S. maize germoplasm. **Proceeding of the Annual Hybrid Corn Industry Research Conference**, Washington, D.C., v. 38, p.87-96, 1983.

JOHNSON, I. J.; HAYES, H. K. The combining ability of inbred lines of Golden Bantam sweet corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v. 28, p. 246-252, 1936.

JONES, D. F. **The effect of inbreeding and crossbreeding upon development**. New Haven: Connecticut Agricultural Experimental Station, 1918. (Bulletin, 207).

KELLER, K. R. A comparison involving the number of and relationships between testers in evaluating inbred lines of maize. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, p. 323-331, 1949.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, no.1, p. 192-194, 1985.

LINDSTRON, E. W. Prepotency of inbred lines on comercial varieties of maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 23, p. 652-661, 1931.

LONNQUIST, J. H. The effect of selecting for combining ability within segregating lines of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 42, p. 503-508, 1949.

LONNQUIST, J. H.; RUMBAUCH, M. D. Relative importance of test sequence for general and specific combining in corn breeding. **Agronomy Journal**, Madison, v. 50, p. 541-544, 1958.

MARTINS, C. S. **Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico**. 1986. 143 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-USP/ESALQ, Piracicaba, 1986.

MATZINGER, D. F. Comparison of three types of testers for evaluation of inbred lines of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 45, p. 493-495, 1953.

MERLO, E.; FORNASIERI FILHO, D.; LAM-SANCHEZ, A. Avaliação de sete cultivares de milho-pipoca (*Zea mays* L.) em três densidades de semeadura. **Científica**, Jaboticabal, v. 16, n. 2, p. 245-251, 1988.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 277-340.

MORELLO, C. L.; MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Partial diallel cross between exotic and adapted maize populations evaluated in acid soil. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 2, p. 313-319, 2001

PACHECO, C. A. P. et al. **BRS Ângela: variedade de milho pipoca**. Sete Lagoas: CNPMS, 2001. (Comunicado técnico, 27).

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

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 277-340.

PATERNIANI, E. Melhoramento de plantas no século 21. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2., 2003, Porto Seguro. **Anais...** Porto Seguro: SBMP, 2003.

PAYNE, K. T.; HAYES, H. K. A comparison of combining ability in F₃ and F₂ lines of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, p. 383-388, 1949.

PENA NETO, A. M. **Avaliação da capacidade de combinação de progênies S₂ obtidas de compostos de milho (*Zea mays* L.)**.1982. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- USP/ESALQ, Piracicaba, 1982.

PINTO, R. J. B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. Maringá: EDUEM, 1995.

RAWLINGS, J. O.; THOMPSON, D. L. Performance level as criterion for the choice of maize testers. **Crop Science**, Madison, v. 2, p. 217-220, 1962.

RICHEY, F. D. Corn breeding gamete selection, the *Oenothera* method and relative miscellany. **Agronomy Journal**, Madison, v. 39, 1947.

RISSI, R.; HALLAUER, A. R. Evaluation of four testers for evaluating maize (*Zea mays* L.) lines in a hybrid development program. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 467-481, 1991.

SAWAZAKI, E. **Melhoramento de milho-pipoca**. Campinas: IAC, 1995. (Documentos IAC, 53).

SAWAZAKI, E. **Parâmetros genéticos em milho-pipoca**. 1996. 157 f. Tese (Doutorado)–Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", USP, Piracicaba, 1996.

SAWAZAKI, E. A cultura do milho pipoca no Brasil. **O Agrônomo**, Campinas, v. 53, n. 2, p. 11-13, 2001.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de produção do milho**. 20. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2004. v. 1, p. 13-53.

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

SILVA, R. M.; MIRANDA FILHO, J. B. Heterose em cruzamentos entre populações de milho: peso de espigas. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 60, n. 3, p. 519-524, 2003.

SIMON, G. A. **Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca (*Zea mays* L.)**. 2000. 53 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)–Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2000.

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

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2nd ed. New York: McGraw-Hill, 1980.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-274.

VENDRUSCOLO, E. C. G. **Comparação de métodos e avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho-pipoca (*Zea mays* L.) na região Centro-Sul do Brasil**. 1997. 79p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)–Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 1997.

VIANA, J. M. S. et al. Relative importance of *per se* and *topcross* performance in the selection of popcorn S3 families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 7, p. 74-81, 2007.

ZINSLY, J. R.; MACHADO, J. Milho-pipoca. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 413-421.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)