



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA

MAIKON GUERITH BAPTISTELLA DA SILVA

**ANÁLISE DIALÉTICA ENTRE LINHAGENS S6 DE MILHO
SUPERDOCE EM DIFERENTES AMBIENTES NO NORTE DO
PARANÁ**

Londrina
2017



Universidade Estadual de Londrina



Instituto Agronômico do Paraná



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

MAIKON GUERITH BAPTISTELLA DA SILVA

**ANÁLISE DIALÉLICA ENTRE LINHAGENS S₆ DE MILHO
SUPERDOCE EM DIFERENTES AMBIENTES NO NORTE DO
PARANÁ**

Londrina

2017

MAIKON GUERITH BAPTISTELLA DA SILVA

**ANÁLISE DIALÉLICA ENTRE LINHAGENS S₆ DE MILHO
SUPERDOCE EM DIFERENTES AMBIENTES NO NORTE DO
PARANÁ**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, da Universidade Estadual de Londrina, como requisito para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Josué Maldonado Ferreira

Londrina
2017

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UEL

SI586 Silva, Maikon Guerith Baptistella da.
Análise dialéctica entre linhagens S6 de milho superdoce em diferentes ambientes no norte do Paraná / Maikon Guerith Baptistella da Silva. - Londrina, 2017.
97 f. : il.

Orientador: Josué Maldonado Ferreira.
Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, 2017.
Inclui bibliografia.

1. Milho - Genética - Tese. 2. Milho - Resistência - Tese. 3. Milho - Capacidade combinatória - Tese. 4. Milho - Ação gênica - Tese. I. Ferreira, Josué Maldonado. II. Universidade Estadual de Londrina. Centro de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular. III. Título.

CDU 574

MAIKON GUERITH BAPTISTELLA DA SILVA

**ANÁLISE DIALÉTICA ENTRE LINHAGENS S₆ DE MILHO
SUPERDOCE EM DIFERENTES AMBIENTES NO NORTE DO
PARANÁ**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, da Universidade Estadual de Londrina, como requisito para a obtenção do título de Mestre.

BANCA EXAMINADORA

Orientador: Prof. Dr. Josué Maldonado Ferreira
Universidade Estadual de Londrina - UEL

Dra. Flavia França Teixeira
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária -
EMBRAPA

Dr. Deoclécio Domingos Garbuglio
Instituto Agrônomo do Paraná - IAPAR

Londrina, 20 de fevereiro de 2017.

A toda minha família

DEDICO

Aos agricultores brasileiros

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus, por tudo.

À Universidade Estadual de Londrina e o Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular e todo o corpo docente. Em especial a Dr. Ana Lúcia e ao Dr. Carlos Alberto Arrabal Arias.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

Ao meu orientador, e agora grande amigo, Dr. Josué Maldonado Ferreira, pela excelente orientação, ensinamentos e incentivos sempre presentes em nossa convivência.

Aos membros da banca, Dra. Flavia França Teixeira (Embrapa Milho e Sorgo) e Dr. Deoclécio Domingos Garbuglio (Instituto Agrônômico do Paraná), pelas excelentes contribuições dadas ao trabalho.

À Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina e ao José Carlos, proprietário da Sella Sementes em Astorga – PR, por terem disponibilizado as áreas onde foram instalados os experimentos, e a todos os funcionários que ajudaram, em especial ao Sr. Raimundo pelo seu comprometimento e auxílio.

Aos meus pais Ademar Pereira da Silva e Marilene Baptistella da Silva, meus irmãos Franciele Baptistella da Silva e Erick Bruno Baptistella da Silva por todo o apoio, incentivo e torcida.

Aos meus sobrinhos, Anthony e Luana, que nasceram ao longo deste trabalho e trouxeram ainda mais alegria para toda a família.

Aos amigos “da pensão” que com certeza sentirei muitas saudades, Bárbara Pupim, Daniela Nunes, Fabiana Ferreira, José Maria, Keven Mascarenhas, Lucas Kamakura, Páblo Santos, Régis Pacheco e Victória Bueno.

Aos amigos do Laboratório de Melhoramento Genético Alline Sekiya, Jéssica Kelly Pestana, Luis Fernando, Luigi Scolin, Matheus Krause, Rebecca Fuganti, Renan Pupim e Renato Gonçalves, pela imensa ajuda, alegrias e aventuras que passamos juntos.

Ao Dr. Jair Rogério Unfried, pelo incentivo, conselhos e amizade desde os tempos de estágio.

Aos meus amigos fisicamente distantes, porém sempre presentes, Danielle Paula de Oliveira, Filipe Bertagna, Mariana Telles e Talita Jumes pelo apoio desde a graduação, e Lucas Aramayo, Julio Betim, Mauro Narciso e Meiner Kenji pela amizade desde o ensino fundamental. A todos, os sinceros agradecimentos, e pela amizade também com as respectivas famílias.

A todos que contribuíram, mas que não foram citados... obrigado.

“O ensino deveria ser assim: quem o receba o recolha como um dom inestimável, mas nunca como uma obrigação penosa.”

Albert Einstein

“O impossível não é um fato. É uma opinião.”

Mario Sérgio Cortella

BIOGRAFIA

MAIKON GUERITH BAPTISTELLA DA SILVA, filho de Marilene Baptistella da Silva e Ademar Pereira da Silva, nasceu em Ivaiporã, Paraná, no dia 11 de janeiro de 1992.

Concluiu o ensino fundamental em dezembro de 2005 e o ensino médio em dezembro de 2008 pelo Colégio Panamericano em Ivaiporã-PR.

Ingressou no curso de Agronomia pela Universidade Estadual de Maringá em março de 2009, sendo titulado Engenheiro Agrônomo em janeiro de 2014.

Em março de 2015 ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular na Universidade Estadual de Londrina.

SILVA, Maikon Guerith Baptistella. **Análise dialéctica entre linhagens S₆ de milho superdoce em diferentes ambientes no norte do Paraná.** 2017. 97 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2017.

RESUMO

O milho superdoce, devido ao acúmulo de açúcar nos grãos, apresenta um sabor adocicado, além de possuir alto valor nutricional. A sua produção é destinada principalmente para as indústrias de conservas, entretanto, também pode ser utilizada para o consumo *in natura* na forma de milho verde. Em programas de melhoramento de milho superdoce, além de obter as linhagens com elevado desempenho individuais para produção de sementes, também é necessário identificar combinações destas que permitam a síntese de híbridos de alta produtividade. Os objetivos foram: determinar o potencial de dez linhagens S₆ de milho superdoce, cruzamentos em esquema dialéctico completo, por meio das estimativas de capacidade geral (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC); identificar as combinações híbridas com melhor potencial para exploração agrônômica; identificar os híbridos com resistência às principais doenças foliares e determinar o tipo de ação gênica predominante de diferentes características importantes para milho superdoce. Durante a safra 2015/2016, as 45 combinações híbridas, juntamente com as testemunhas Tropical Plus, Balu 01 e Balu 34, foram avaliadas em quatro ambientes, utilizando delineamento em blocos ao acaso com três repetições. As características avaliadas foram: produtividade de espigas com e sem palha; diâmetro e comprimento de espigas; florescimento; altura de plantas e de espigas e notas de severidade a Mancha Branca, Ferrugem Polissora, Mancha de Turcicum e Ferrugem Branca. As combinações H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₇₉ e H₇₁₀ apresentaram os melhores desempenhos, para produtividade de espigas com palha e sem palha para os diferentes ambientes, sendo que a primeira combinação se destacou também para diâmetro de espigas e a última combinação para precocidade e resistência para Ferrugem Branca. Dentre estes híbridos com melhores produtividades, todos apresentaram notas de severidade para Mancha Branca, Ferrugem Polissora e Mancha de Turcicum na faixa de resistente a moderadamente resistente, exceto os híbridos H₅₉ e H₃₅ para Mancha de Turcicum, sendo classificados como moderadamente suscetíveis. As linhagens L₅ e L₇ apresentaram as melhores estimativas de CGC para produtividade de espigas com palha e sem palha. Quanto à redução da severidade das doenças, as linhagens L₈, L₁₀, L₇ e L₃ apresentaram as melhores estimativas de CGC para Mancha Branca, Ferrugem Polissora, Mancha de Turcicum e Ferrugem Branca, respectivamente. As combinações H₁₁₀, H₃₄, H₅₉, H₇₉, e H₇₁₀ apresentaram as maiores estimativas de CEC para produtividade de espigas com palha em todos os ambientes. Houve correlação negativa entre produtividade de espigas sem palha e notas de severidade à Ferrugem Polissora para a segunda época do experimento em Londrina, e correlações positivas entre produtividade de espigas com palha e diâmetro e comprimento de espigas, e entre altura de planta e notas de severidade a Mancha de Turcicum. Os efeitos não aditivos foram predominantes para as produtividades e comprimento de espigas, enquanto os efeitos aditivos foram mais importantes para diâmetro, altura da espiga, dias para o florescimento e para a resistência Mancha Branca, Ferrugem Polissora, Mancha de Turcicum e Ferrugem Branca.

Palavras-chave: Capacidade combinatória. Ação gênica. Milhos especiais. Resistência.

SILVA, Maikon Guerith Baptistella. **Diallel analysis between S₆ inbred lines of super sweet corn in different environments in northern Paraná.** 2017. 97p. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Molecular Biology) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2017.

ABSTRACT

The super sweet corn, due to the accumulation of sugar in the grains, has a sweet flavor, besides having high nutritional value. Its production is mainly intended for the canning industry; however, it can also be used for *in natura* consumption in the form of green maize. In breeding programs of super sweet corn, in addition to obtaining the individual high-performance lineages for seed production, it is also necessary to identify combinations of between them to allow the synthesis of hybrids of high productivity. The objectives were: to determine the potential of ten S₆ inbred lines of super sweet corn incomplete diallel crosses, through estimates of general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA); Identify the hybrid combinations with the best potential for agronomic exploration; to identify the hybrids with resistance to the main foliar diseases and to determine the type of predominant gene action of different characteristics important for super sweet corn. During the 2015/2016 harvest, the 45 hybrid combinations, together with the Tropical Plus, Balu 01 and Balu 34 controls, were evaluated in four environments using a randomized block design with three replicates. The evaluated characteristics were: yield of spikes with and without straw; diameter and length of spikes; flowering; height of plants and ears and notes of severity to white spot, southern rust, northern corn leaf blight and white rust. The combinations H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₇₉ and H₇₁₀ presented the best performance for yield of straw and without straw for the different environments, with the first combination also being distinguished for ear diameter and the last combination for precocity and resistance to white rust. Among these hybrids with the best yields, all showed severity scores for white spot, southern rust and northern corn leaf blight in the range of resistant to moderately resistant, except the hybrids H₅₉ and H₃₅ for northern corn leaf blight, being classified as moderately susceptible. Inbred lines L₅ and L₇ presented the best GCA estimates for yield of spikes with straw and without straw. The L₈, L₁₀, L₇ and L₃ inbred lines presented the best GCA estimates for white spot, southern rust and northern corn leaf blight and white rust, respectively. The combinations H₁₁₀, H₃₄, H₅₉, H₇₉, and H₇₁₀ presented the highest SCA estimates for straw ear yield in all environments. There was a negative correlation between the yield of spikes without straw and notes of severity to southern rust, and positive correlations between the yield of spikes with straw and diameter and length of spikes, and between the height of plant and notes of severity the northern corn leaf blight. The non-additive effects were predominant for yields and ear lengths, while the additive effects were more important for diameter, ear height, days for flowering and for resistance to white spot, southern rust and northern corn leaf blight and white rust.

Keywords: Combining ability. Gene action. Specialty corns. Resistance.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Análise de variância individual, envolvendo os híbridos experimentais (H), a testemunha (T), o contraste híbridos experimentais versus testemunha (H vs T), capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) 40	40
Tabela 2 -	Análise dialélica conjunta envolvendo os híbridos experimentais (H), a testemunha (T), os contrastes H vs T, a interação de tratamentos x ambiente e seus respectivos desdobramentos. 41	41
Tabela 3 -	Quadrados médios e níveis de significância das análises de variância conjunta de médias de híbridos experimentais (H) do dialelo completo de dez linhagens S6, avaliadas em quatro ambientes (A), com desdobramentos para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) e as suas respectivas interações, médias e coeficientes de variação (CV%). 58	58
Tabela 4 -	Médias de desempenho dos híbridos experimentais (H_{ij}) e das testemunhas (T) avaliadas na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2) 59	59
Tabela 5 -	Correlações fenotípicas para as características: produtividade de espigas com palha (PECP); diâmetro de espigas (NF); comprimento de espigas (CE); florescimento (FLOR) e teor de sólidos solúveis (TSS) avaliadas nas 1ª (diagonal superior) e 2ª épocas (diagonal inferior) em Astorga e Londrina 61	61
Tabela 6 -	Estimativas das médias (m) dos cruzamentos das linhagens avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1) e 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2), com respectivas estimativas de CGC (g_i) 62	62
Tabela 7 -	Estimativas das médias e da CEC entre as linhagens i e i' ($s_{ii'}$) avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1) e 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2) 63	63

Tabela 8 -	Quadrados médios e níveis de significância das análises de variância conjunta de médias de híbridos experimentais (H) do dialelo completo de dez linhagens S_6 , avaliadas em quatro ambientes (A), com desdobramentos para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) e as suas respectivas interações, médias e coeficientes de variação (CV%)	81
Tabela 9 -	Médias de desempenho e de severidade de doenças foliares dos híbridos experimentais (H) e das testemunhas (T) avaliadas na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2).....	82
Tabela 10 -	Correlações fenotípicas para as características: produtividade de espigas sem palha (PESP); altura de plantas (AP) e mancha branca (MB); Ferrugem polissora (PP); Mancha de turcicum (MT) e Ferrugem Branca (FB) avaliadas nas 1ª (diagonal superior) e 2ª épocas (diagonal inferior) em Astorga e Londrina	84
Tabela 11 -	Estimativas das médias (m) dos cruzamentos das linhagens avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2), com respectivas estimativas de CGC (g_i)	85
Tabela 12 -	Estimativas das médias e da CEC entre as linhagens i e i' ($s_{ii'}$), avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2).....	86

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 -	Dados climatológicos referentes ao período experimental em Astorga e Londrina, Set.2015/Abr.2016.....	35
-------------------	---	----

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	17
2.	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	19
2.1	Milho Doce	19
2.2	Aspectos econômicos do milho doce e superdoce no mundo e no Brasil	21
2.3	Melhoramento genético de milho superdoce.....	24
2.3.1	Populações base	25
2.3.2	Híbridos de linhagens endogâmicas.....	26
2.3.3	Avaliação da capacidade combinatória das linhagens.....	28
3.	MATERIAL E MÉTODOS.....	32
3.1	Obtenção dos genótipos.....	32
3.2	Preparo e condução dos experimentos	33
3.3	Caracteres agronômicos avaliados.....	35
3.4	Análise estatística dos dados.....	38
3.4.1	Normalidade dos dados experimentais.....	38
3.4.2	Análise de variância individual.....	38
3.4.3	Análise de variância conjunta	40
3.4.4	Correlações fenotípicas	42
4.	RESULTADOS.....	43
4.1	Artigo 1.....	43
4.2	Artigo 2.....	65
5.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	88

1. INTRODUÇÃO

O milho superdoce (*Zea mays* L. var. *saccharata*) é um tipo de milho originado por mutações naturais que ocorreram em genes relacionados à síntese do amido, apresentando assim uma maior quantidade de açúcar nos grãos.

A produção de milho superdoce, no Brasil, é voltada para as indústrias de conservas, que exige uma uniformidade do produto para o processamento, além de alta produtividade, e características sensoriais e de aparência. Portanto, os híbridos de linhagens são as melhores alternativas de cultivares para esta finalidade.

Para o desenvolvimento de novos cultivares, o milho doce além de possuir caracteres que atendam às exigências por parte das indústrias, deve apresentar também, características agronômicas como, resistência a doenças e pragas, precocidade, porte adequado, e maturação uniforme das espigas.

Dependendo do manejo utilizado, a produção de milho superdoce pode ocorrer durante todo o ano, de maneira escalonada em uma mesma área de cultivo. Assim, a população de patógenos tende a aumentar, favorecendo o aumento da incidência e da taxa de severidade das doenças foliares, podendo impactar negativamente na produtividade da cultura. Portanto, o uso de cultivares geneticamente resistentes, é a melhor opção dentre as alternativas de manejo de doenças foliares para a cultura de milho superdoce.

Dentre as etapas básicas para o desenvolvimento de híbridos de linhagens de milho superdoce, como a escolha das populações base e extração de linhagens homozigóticas, é necessário identificar as melhores combinações para híbridos de alta produtividade e alto desempenho para diferentes características de interesse para a cultura. Para isto, o uso de dialelos permite estimar os efeitos das capacidades gerais e específicas de combinação, auxiliando na seleção das linhagens e dos híbridos, além de determinar o tipo de efeito genético das características, direcionando o programa de melhoramento genético da cultura.

Logo, os objetivos do presente trabalho foram: determinar o potencial de dez linhagens S_6 de milho superdoce portadoras do gene bt_2 em cruzamentos dialélicos completo, por meio das estimativas de capacidade geral e capacidade específica de combinação em diferentes ambientes; identificar as combinações híbridas com melhor potencial para exploração agrônômica; identificar os híbridos com resistência às principais doenças foliares e determinar o tipo de ação gênica predominante relacionada à resistência a estas doenças e na herança das características estudadas no melhoramento genético de milho superdoce.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Milho doce

A cultura do milho, devido ao seu emprego tanto na alimentação animal como humana, é uma das mais estudadas em todo o mundo. Na espécie *Zea mays* L. podemos encontrar diversos tipos de milho, dentre eles, os milhos especiais, destinados principalmente para o consumo humano (Reis, 2009).

O milho doce é um tipo de milho especial pertencente à espécie *Zea mays* L. ($2n = 20$ cromossomos), gênero *Zea*, família *Poaceae* e tribo *Maydeae*. Por apresentar sabor adocicado, devido ao acúmulo de açúcar nos grãos, é classificado no grupo saccharata (Aragão, 2002; Reis, 2009). De acordo com Parentoni et al. (1990), o milho doce apresenta alto valor nutricional e características próprias como pericarpo fino e endosperma com textura delicada. O baixo teor de amido destes milhos os tornam mais perecíveis que o milho comum e, para melhorar a conservação na forma de grão leitoso, se reduz a temperatura e a disponibilidade de oxigênio (Mamede et al., 2014).

Alguns trabalhos como os de Silva (2012) e Aragão (2002), citam que este tipo de milho teve origem entre 7000 a 10000 anos atrás e foi utilizado pelos povos antigos como fonte de açúcar, provavelmente no México.

A produção de milho doce apresenta uma grande diversificação de uso, podendo ser utilizada para o consumo *in natura* na forma de milho verde ou pelas indústrias de conservas: enlatados, congelados, desidratados e “Baby Corn” ou minimilho, colhido antes da polinização (Oliveira Jr et al., 2006). A colheita é realizada quando as espigas apresentarem umidade em torno de 75%, que ocorre em torno de 20 a 28 dias após o florescimento, e de preferência nas primeiras horas do dia. Após a colheita, a palhada pode ser utilizada para silagem (Camilo et al., 2015; Kwiatkowski & Clemente, 2007).

Com relação à botânica e a reprodução, o milho doce é idêntico ao comum (Aragão, 2002), diferindo para o teor de açúcar e amido presentes no endosperma. O caráter adocicado dos grãos de milho doce é controlado geneticamente pela ocorrência de genes mutantes em homozigose recessiva, presentes isoladamente ou em combinações, que promovem o bloqueio da conversão de açúcares em amido no endosperma do grão (Luz et al., 2014; Teixeira et al., 2013; Aragón, 2002; Parentoni et al., 1990). Quando seco, o grão é vítreo, devido à cristalização dos açúcares que estão em maior quantidade, e enrugado, devido à menor proporção de amido no endosperma (Stork & Lovato, 1992).

Já foram relatados quatorze genes relacionados ao caráter doce, e dentre eles, oito já foram usados comercialmente. Entre eles estão: o *sugary enhancer-1* (*se₁*), localizado no cromossomo 2; *shrunk-2* (*sh₂*) no cromossomo 3; *brittle-2* (*bt₂*) e *sugary-1* (*su₁*), ambos no cromossomo 4, *amylose extender* (*ae₁*) e *brittle-1* (*bt₁*), ambos no cromossomo 5; *waxy-1* (*wx₁*) no cromossomo 9 e *dull-1* (*du₁*) (Teixeira et al., 2013; Tracy, 2001).

De acordo com a composição do endosperma, Tracy (2001) classificou os milhos doces em duas classes: doce e superdoce. Os milhos superdoce são aqueles que possuem um dos seguintes genes mutantes *bt₁*, *bt₂* ou *sh₂*, onde apresentam uma maior quantidade de açúcares em detrimento da produção de amido e, portanto, um sabor mais adocicado. Por outro lado, os milhos classificados como doce, são aqueles que apresentam um dos genes *su₁*, *ae₁*, *wx₁* e *du₁*, resultando em um menor incremento de açúcar no endosperma. Assim, enquanto o milho comum tem em torno de 3% de açúcar e entre 60% e 70% de amido, o milho doce tem de 9% a 14% de açúcar e de 30% a 35% de amido e o superdoce tem em torno de 25% de açúcar e de 15% a 25% de amido (Luz et al., 2014). Contudo, as combinações de alguns genes da classe doce podem resultar em índices de açúcares semelhantes ao encontrado em milhos superdoce, como é o caso da combinação *ae*, *du* e *wx* (Tracy, 2001).

Genótipos *su₁su₁* apresentam em torno de 30% a menos de proteínas que os *sh₂sh₂*, e também um menor período de colheita (Oliveira Jr et al., 2006; Tracy, 2001). Porém, normalmente, os genótipos *su₁su₁* possuem uma melhor qualidade de sementes quanto à germinação e ao vigor, em relação ao grupo de milho superdoce (Tracy, 2001).

De um modo geral, devido às sementes de milho doce e superdoce conterem elevados teores de açúcares solúveis e menor reserva de carboidratos no endosperma em relação ao milho comum, apresentam uma menor qualidade de sementes, ocorrendo falhas de estande na emergência (Aragão et al., 2003). Como um exemplo, as sementes portadoras dos genes *sh₂*, normalmente, apresentam alta suscetibilidade ao *damping-off* em pré e pós-colheita e ao ataque de patógenos e pragas do solo (Aragão, 2002).

2.2. Aspectos econômicos do milho doce e superdoce no mundo e no Brasil

A Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura (FAO) apresenta os dados referentes à produção de milho verde, sem fazer distinção entre milhos comuns e doces ou superdoces. Dados de 2013, mostram que a produção mundial foi de, aproximadamente, 9,78 milhões de toneladas de milho verde em uma área colhida de 1,10 milhões de hectares. Dentre os três maiores produtores mundiais, dois encontram-se no continente americano e um no africano. Os Estados Unidos, como maior produtor mundial, obteve uma produção de milho verde de 3,8 milhões de toneladas em uma área de 224 mil hectares. Em segundo, a Nigéria com 788,36 mil toneladas produzidas em área de 205 mil hectares e, em terceiro, o México com 756,83 mil toneladas em 60,2 mil hectares (FAO, 2013).

Considerando apenas a produção de milho superdoce, no ano de 2008, o *United States Department of Agriculture* (USDA) relata que a área cultivada foi de aproximadamente 1,04

milhões de hectares, sendo os Estados Unidos o maior produtor, seguido de Nigéria, Guiné, Indonésia, Costa do Marfim e México (USDA, 2010).

Nos Estados Unidos e Canadá, o milho superdoce é um dos vegetais mais populares e é destinado para as indústrias de conservas e para consumo *in natura* (Bordallo et al., 2005; Tracy, 2001). Logo, segundo o USDA (2010), os Estados Unidos é o maior exportador mundial de milho superdoce, enquanto que o Canadá é o maior importador deste tipo especial de milho.

O Brasil possui aproximadamente 36 mil hectares da cultura de milho doce, o que corresponde a 14,4% da área ocupada com a mesma cultura nos Estados Unidos (Camilo et al., 2015; Barbieri et al, 2005). Os estados produtores são Rio Grande do Sul, São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Distrito Federal e Pernambuco, com destino basicamente ao processamento industrial como enlatados e congelados (Pereira Filho et al., 2009). Dentre os estados produtores, Goiás concentra 90% da área plantada, pois possibilita o cultivo o ano todo (Luz et al., 2014). Dados de 2010 da Associação Brasileira de Sementes e Mudas (ABRASEM) mostram que a área total de milho superdoce no ano de 2009 foi de aproximadamente 41,5 mil hectares. Entretanto, de acordo com Teixeira et al. (2013), a área plantada e a quantidade de sementes vendidas se mantiveram estáveis no período de 2003 a 2013.

Existe uma grande dificuldade de se conhecer os levantamentos estatísticos da cultura do milho superdoce no Brasil, muitas vezes devido à falta de discriminação adequada entre o milho verde comum e o milho doce e superdoce. O consumidor brasileiro, em sua maioria, desconhece o fato de que o milho verde industrializado é predominantemente oriundo de cultivares de milhos superdoce e são pouquíssimos os mercados que fornecem estes milhos *in natura*.

O cultivo de milho superdoce na forma de milho cozido é uma alternativa a mais para os agricultores aumentarem sua rentabilidade, visto que o caráter doce pode atribuir preços diferenciados no mercado (Luz et al., 2014; Pereira Filho et al., 2009).

Impulsionado pelas indústrias de conservas, o milho superdoce vem ganhando mais espaço no Brasil (Sousa et al., 2012). Além disso, o país apresenta grande potencial para a produção deste milho para a exportação a países europeus e da América do Norte, como Estados Unidos e Canadá (Camilo et al., 2015; Bordallo et al., 2005).

Segundo dados do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos, em 2009, a produção de milho superdoce movimentou em torno de 1,17 bilhões de dólares, sendo que o consumo *in natura* correspondeu a 71%, atingindo a marca de mais de 830 milhões de dólares. Portanto, em relação ao mercado de grãos do milho comum, o mercado do milho superdoce pode parecer insignificante, em termos absolutos, mas possui uma grande importância econômica (Teixeira et al., 2013).

No Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2016), constam apenas 58 cultivares de milho doce registradas, sendo quatro destas cultivares geneticamente modificadas e sete linhagens, número muito inferior aos apresentados para o milho comum. Nos últimos cinco anos houve o registro de 24 novas cultivares, sendo 33% destes desenvolvidos pela empresa Syngenta Seeds e 25% pela empresa Monsoy. Entretanto, devido ao crescente consumo, algumas empresas do setor de sementes mantêm programas de melhoramento genético visando à obtenção de híbridos comerciais de milho doce mais adaptados as condições ambientais brasileiras (Barbieri et al., 2005).

A cultivar híbrida Tropical Plus, pertencente à empresa Syngenta Seeds Ltda, vem liderando o mercado de sementes de milho superdoce para a produção de enlatados (Teixeira et al., 2013).

2.3. Melhoramento genético de milho superdoce

Devido à produção ser destinada ao consumo humano, um programa de melhoramento genético de milho superdoce deve ser considerado como um programa de melhoramento de hortaliças, pois o objetivo é desenvolver cultivares com características sensoriais e de aparência, que atendam às exigências das indústrias de conservas e dos consumidores *in natura*, além das características agrônômicas destinadas aos agricultores, como por exemplo, alta produtividade e tolerância a doenças e pragas, onde cada característica apresente um peso adequado de importância (Barbieri & Souza Jr, 2008).

O ideótipo de uma cultivar de milho superdoce apresenta características como: a) possibilidade de plantio durante o ano todo; b) uniformidade na altura das plantas e na maturação das espigas, que podem ser conseguidas pelo emprego de híbridos simples; c) uniformidade no teor de umidade nos grãos, apresentando valores entre 68% a 75%, pois auxilia na palatabilidade do produto e na manutenção do sabor; d) espigas com formato cilíndrico e grandes, em torno de 20 cm de comprimento e acima de 3 cm de diâmetro, com número de fileira de grãos maior ou igual a 14, para aumentarem a eficiência das máquinas industriais degranadoras; e) alta produção de grãos por espiga; f) apresentar grãos longos; g) teor de sólidos solúveis acima de 30; h) coloração amarelo-alaranjada dos grãos; i) espessura do pericarpo acima de 45 micras; i) ciclo variando entre 90 e 110 dias; j) resistência ao acamamento e ao quebramento; k) plantas de porte médio; l) produtividade em campo superior a 12 t ha⁻¹; m) longevidade no período da colheita; n) pedúnculo firme; o) rendimento industrial maior que 30%; p) adequada relação de palhas na espiga, para facilitar o processo de despalhamento na indústria, sem predispor as espigas ao ataque de pragas e doenças no campo; q) tolerância as principais doenças da cultura do milho superdoce: mancha branca, ferrugens, mancha de turcicum e enfezamento, e também das principais pragas: lagarta da

espiga e lagarta do cartucho (Marino, 2014; Souza et al., 2013; Pereira Filho, 2009; Kwiatkowski e Clemente, 2007; Teixeira et al., 2001).

De uma forma geral, as estratégias utilizadas para o melhoramento de milho são semelhantes às empregadas em milho comum, onde é introduzido o caráter doce pelo método de retrocruzamentos em germoplasma existente ou desenvolvendo novas populações base para a extração de linhagens homozigóticas (Barbieri & Souza Jr, 2008; Parentoni et al., 1990). No desenvolvimento de híbridos de linhagens de milho superdoce também são empregadas as etapas básicas: escolha das populações base; extração de linhagens homozigóticas; avaliar a capacidade combinatória destas linhagens e, por fim, testes experimentais com os híbridos formados, avaliando as características de interesse, em diferentes ambientes.

2.3.1. Populações base

A escolha das populações base a serem utilizadas no programa de melhoramento genético de milho superdoce é de extrema importância, pois elas devem concentrar alta frequência de alelos favoráveis para as características de interesse, resultando assim, na extração de linhagens superiores. Portanto, uma escolha errada na população, além de comprometer todo o trabalho de seleção, gera desperdício de tempo e de investimento financeiro (Oliboni et al., 2013).

Para maximizar a heterose e obter combinações híbridas com performances superiores, as populações são colocadas em grupos heteróticos distintos, de tal forma que dentro de um mesmo grupo, os cruzamentos entre as linhagens obtidas não manifestem heterose ou esta é baixa, enquanto que em grupos diferentes, os níveis de heterose são altos (Souza Jr, 2001).

As populações podem ser de base genética ampla, formada pelo intercruzamento de diversas populações, ou de base estreita, denominadas de sintéticos, produzidas pelo

intercruzamento de algumas linhagens homozigóticas, e também as populações formadas pelo cruzamento de duas linhagens homozigóticas (cruzamentos biparentais). Para se formar novas populações base, as linhagens e as populações utilizadas são escolhidas de acordo com as suas *performances per se* e em cruzamentos com outros grupos heteróticos, e também quanto à depressão por endogamia, sendo selecionadas as menos sensíveis a depressão (Souza Jr, 2001).

Atualmente, em programas de melhoramento genético de milho, as populações base obtidas são de base estreita, oriundas do intercruzamento de híbridos simples já adaptados e que apresentam alta frequência de alelos favoráveis. Da mesma maneira, utiliza-se linhagens elite como germoplasma, pois elas já passaram por intensos processos de seleção para as características de interesse. (Oliboni et al., 2013; Oliboni, 2009).

2.3.2. Híbridos de linhagens endogâmicas

Após a escolha das populações, iniciam-se as etapas mais morosas e onerosas de um programa de melhoramento genético, neste caso, a obtenção de linhagens endogâmicas e suas avaliações (Pena, 2015).

As linhagens de milho doce e superdoce têm sido obtidas por autofecundações sucessivas, onde o nível de heterozigose reduz pela metade a cada ciclo de autofecundação. Contudo, as tecnologias *in vitro* como a cultura de anteras (Chaikam, 2012; Spitko et al., 2006) e *in vivo* através da indução de haploidia por linhagens indutoras (Chaikam et al., 2012; Prasanna, 2012; Prigge et al., 2012; Pierre et al., 2011; Prigge et al., 2011) têm sido amplamente utilizados pelas empresas de melhoramento de milho comum e tem potencial para serem implementadas para a síntese de linhagens de milho superdoce.

Durante o avanço da homozigose das linhagens via autofecundação, as populações são conduzidas pelo método genealógico (Hallauer, 1990), realizando alta intensidade de seleção

para os caracteres de alta herdabilidade e descartando os genótipos com alta taxa de depressão por endogamia. Após seis ou sete ciclos de autofecundação, onde os *locis* estão praticamente homocigotos, realiza-se a seleção para os caracteres de baixa herdabilidade. Depois de selecionadas as melhores linhagens, estas devem ser avaliadas em cruzamentos com outras linhagens provenientes de populações de grupos heteróticos distintos, gerando os híbridos (Souza Jr, 2001).

O milho híbrido é o maior exemplo da exploração do fenômeno da heterose ou vigor híbrido (Ferreira, 2008), sendo expressa de três maneiras: heterose em relação à média dos pais, que é o desempenho do híbrido F_1 em relação à média dos pais; heterose em relação ao pai superior ou heterobeltiose, o qual é o desempenho do híbrido F_1 em relação ao genitor de maior média para a característica de interesse; e a heterose padrão, que merece maior atenção dos melhoristas que visam o desenvolvimento de híbridos superiores, pois é o desempenho do híbrido F_1 em relação a uma cultivar considerada padrão de mercado (Miranda Filho & Gorgulho, 2001).

O sistema de endogamia e heterose proposto por Shull nos anos de 1908 e 1909 para a produção comercial de sementes de milho híbrido ainda é o esquema mais importante para um programa de melhoramento de híbridos. Ele demonstrou que, ao autofecundar uma planta de milho, eram produzidos descendentes menos vigorosos e que, repetindo este processo por várias gerações, as progêneses fixavam características de interesse agrônomico. Contudo, ao cruzar duas destas linhas puras de caracteres distintos, são observados descendentes de grande vigor, sendo chamado assim heterose ou vigor híbrido. Após este trabalho, ele propôs o uso comercial de híbridos simples de milho, mas devido principalmente a baixa produtividade das linhagens e o custo elevado destas sementes, houve a necessidade de encontrar outras maneiras para viabilizar a produção de sementes de milho híbrido. Para solucionar este

problema, Jones (1918) sugeriu a utilização de híbridos duplos (Pena, 2015; Borem & Miranda, 2013).

Diversos tipos de híbridos podem ser sintetizados: a) híbridos simples, produzidos pelo cruzamento de duas linhagens ($L_A \times L_B$); b) nos híbridos simples modificados o genitor feminino é obtido pelo cruzamento de duas linhagens de mesma genealogia ($A \times A''$) e, como genitor masculino, é utilizada outra linhagem [$(L_A \times L_{A''}) \times L_B$]; c) híbridos duplos, formado pelo cruzamento de dois híbridos simples, portanto, envolvendo quatro linhagens [$(L_A \times L_B) \times (L_C \times L_D)$]; d) híbridos triplos, que são formados pelo cruzamento de um híbrido simples com uma linhagem [$(L_A \times L_B) \times L_C$]; e) nos híbridos triplos modificados, a linhagem C é substituída por um cruzamento entre linhagens de mesma genealogia [$(L_A \times L_B) \times (L_C \times L_{C''})$]; f) híbridos múltiplos são sintetizados pelo intercruzamento de seis, oito ou mais linhagens; g) os híbridos intervarietais são resultados do cruzamento de duas variedades distintas (Miranda Filho & Viégas, 1987).

2.3.3. Avaliação da capacidade combinatória das linhagens

Além de obter as linhagens com elevado desempenho individual para produção de sementes, é necessário identificar combinações destas que permitam a síntese de híbridos de alta produtividade e desempenho para diferentes características. Para isto, normalmente, são realizados cruzamentos *topcrosses*, por meio de linhagens elites testadoras, ou cruzamentos dialélicos que permitem estimar os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), conceitos estes inicialmente apresentados por Sprague & Tatum (1942).

As estimativas de CGC referem-se ao comportamento médio de cada genitor quando em cruzamento com os demais genitores, estando principalmente associada aos efeitos aditivos e epistáticos do tipo aditivo (Fuzatto, 2003; Miranda Filho & Gorgulho, 2001). As

linhagens com melhores CGC's apresentam maior frequência de alelos favoráveis, resultando em melhor desempenho individual da linhagem devido aos efeitos aditivos da mesma (Vencovsky & Barriga, 1992), sendo ainda influenciada, em parte, pelos efeitos de dominância.

A CEC está associada a uma combinação particular entre dois genitores, cujo desempenho está acima ou abaixo do esperado com base apenas na CGC dos genitores, estando associada aos efeitos de dominância e epistáticos que incluem a dominância (Miranda Filho & Gorgulho, 2001). Portanto, CEC é o desvio do desempenho médio de uma combinação particular em relação à média dos parentais envolvidos no cruzamento (Falconer, 1987).

Não se deve levar em consideração apenas as estimativas de CGC para as escolhas dos genitores, pois nem sempre estes participam dos melhores híbridos. As combinações ideais são aquelas que apresentam maiores estimativas de CEC e que envolva pelo menos um dos genitores que possua elevada CGC.

Com base nos conceitos de CGC e CEC diversas metodologias foram desenvolvidas para avaliação de genitores em cruzamentos, dentre elas, destacam-se os dialelos de Griffing (1956), Gardner & Eberhart (1966) e Hayman (1954).

Os cruzamentos dialélicos se baseiam em diferentes formas de cruzamentos entre os genitores, podendo ser empregado ou não o uso dos pais, cruzamentos recíprocos ou também gerações relacionadas como F_2 e retrocruzamentos. Estes cruzamentos são amplamente utilizados em programas de melhoramento de milho para escolha de genitores, onde mediante a sua análise, se estima os parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e também informações sobre o tipo de ação gênica envolvido no caráter de interesse, além do potencial heterótico entre as linhagens (Oliboni et al., 2013; Nihei & Ferreira, 2012; Cruz, Regazzi; Carneiro, 2012; Kostetzer, 2007; Teixeira et al., 2001).

A literatura apresenta diferentes tipos de dialelos: a) os balanceados completos, onde os tratamentos apresentam igual número de repetições e incluem os híbridos F₁'s entre todos os pares de combinações dos genitores, podendo adicionar os genitores, seus híbridos recíprocos e, algumas vezes, outras gerações relacionadas; b) os dialelos parciais envolvem dois grupos de genitores e seus respectivos cruzamentos, possibilitando aumentar as informações sobre grupos estudados com um número menor de cruzamentos, se comparado com os dialelos completos; c) os dialelos circulantes permitem obter informações sobre os genitores com um número menor de cruzamentos, porém há uma perda de informação em determinadas combinações híbridas; d) os dialelos incompletos, onde os genitores são representados por um número variável de cruzamentos devido a alguns fatores como, por exemplo, perda do tratamento na condução do experimento, insuficiência de sementes ou também incompatibilidade de cruzamentos; e) dialelos desbalanceados são aqueles onde todas as combinações híbridas e também as demais gerações, como genitores e recíprocos, estão representados, porém em número desigual de repetições por tratamento (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Senete, 2010).

Na metodologia desenvolvida por Griffing (1956), onde se aplica tanto para um modelo fixo como aleatório, pode-se avaliar n^2 combinações híbridas, podendo ser dividido em três grupos: os n genitores, híbridos F₁ com $n(n-1)/2$ combinações e os híbridos F₁ recíprocos com $n(n-1)/2$. Com estes grupos, quatro métodos podem ser aplicados: Método 1 – são incluídos os pais, os híbridos F₁ e os híbridos recíprocos (n^2 combinações); Método 2 – são incluídos somente os pais e os híbridos F₁, com $n(n+1)/2$ combinações; Método 3 – são incluídos somente os híbridos F₁ e os recíprocos, totalizando $n(n-1)$ combinações; Método 4 – inclui somente os híbridos F₁, com $n(n-1)/2$ combinações.

Empregando o uso de um dialelo completo envolvendo dez linhagens superdoces, Lemos et al. (2002) constataram efeitos significativos na CGC e CEC para as características

peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha e rendimento de espiga, indicando que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos estão envolvidos na expressão do caráter, porém, com predomínio dos efeitos aditivos. Resultados semelhantes foram encontrados por Teixeira et al. (2001) para peso de espigas sem palha, e Bordallo et al. (2005) para altura de planta e comprimento de espiga sem palha. Por outro lado, Elayaraja et al. (2014) observaram predomínio dos efeitos não aditivos para comprimentos de espigas e número de fileiras.

Com relação às doenças foliares, há poucos trabalhos na literatura empregando o milho superdoce, com destaque para os realizados por Chandler & Tracy (2007), Pataki et al. (1998), e Pataki (1992). Entretanto, esses trabalhos não relacionam a severidade de doenças e a produtividade. Para milho comum, há várias publicações, como Carson (1995), Lima et al. (2000), Paterniani et al. (2000), Silva et al. (2001), Silva & Moro (2004), Brewbaker et al. (2011), Colombo et al. (2014) que observaram predominância dos efeitos aditivos para resistência às principais doenças foliares em milho comum. Entretanto, Nihei & Ferreira (2012) verificaram que os efeitos não aditivos foram mais importantes para resistência à Mancha de Turcicum, Ferrugem Polissora e Ferrugem Branca em milho comum. Sanches et al. (2011) verificaram resultados semelhantes para severidade a Ferrugem Branca em milho pipoca.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Obtenção dos genótipos

As combinações híbridas foram obtidas durante a safra 2014/2015, na Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina (FAZESC) (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude) a partir de cruzamentos controlados entre dez linhagens endogâmicas (S_6) de milho superdoce, homozigóticas recessivo para o gene bt_2 , obtidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Milho do Departamento de Biologia Geral da Universidade Estadual de Londrina – UEL.

As linhagens S_6 de milho superdoce avaliadas neste dialelo foram obtidas pelo retrocruzamento de dez linhagens S_8 de milho comum (genitor recorrente masculino) originadas de oito ciclos de autofecundação de três populações sintéticas (PST), sendo as linhagens L_1 , L_2 e L_7 extraídas da PST_{13} , enquanto L_5 e L_6 da PST_{02} e L_3 , L_4 , L_8 , L_9 e L_{10} da PST_{14} , com duas populações de milho superdoce (genitor não recorrente feminino), portadoras do gene bt_2 , onde foi utilizada a população de milho superdoce Arruba para as linhagens L_1 , L_2 , L_3 e L_4 , e para as demais linhagens, a população BR400.

Estas linhagens foram selecionadas previamente pelo desempenho *per se* e foram combinadas em um esquema dialélico completo, segundo o método IV de Griffing (1956), obtendo 45 híbridos simples.

Como testemunhas foram utilizados três híbridos: Tropical Plus (Syngenta), Balu 01 e Balu 34 (Balú Sementes).

3.2. Preparo e Condução dos experimentos

As espigas dos 45 híbridos foram colhidas em 02/03/2015, com umidade de aproximadamente 40% de água no grão e secas em esteiras até umidade de grãos de 12,5%. Em seguida, as espigas de cada cruzamento foram debulhadas e acondicionadas separadamente.

Na safra 2015/2016, as 45 combinações híbridas e as três testemunhas, foram avaliadas em dois locais, em duas épocas cada local, totalizando quatro ambientes: em Londrina-PR, na área experimental da FAZESC (Fazenda da Universidade Estadual de Londrina) (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude), e em Astorga-PR, na área experimental da empresa Sella Sementes (23°13'12.9"S 51°41'54.6"W e 675 m de altitude).

A classe textural do solo em Astorga foi classificado como Areno Barrento, apresentando 82% de areia, 2% de silte e 16% de argila em sua composição granulométrica. Enquanto que o solo de Londrina foi classificado com Muito Argiloso, com 10% de areia, 18% de silte e 72% de argila na composição granulométrica. Com relação a análise química do solo, todos os elementos apresentaram nível de suficiência entre médio a alto em Londrina, com destaque para a alta quantidade de potássio e enxofre, com 0,68 cmol_c/dm³ e 64,55 cmol_c/dm³, respectivamente. Por outro lado, por se tratar de uma área de recuperação de pastagem, a análise química do solo de Astorga, apresentou baixo nível de suficiência para potássio e enxofre, além de matéria orgânica, nitrogênio total e de CTC a pH 7,0.

Os experimentos em Astorga foram semeados nos dias 28 de setembro e 28 de outubro de 2015. Enquanto que os experimentos em Londrina foram semeados nos dias 02 de dezembro de 2015 e 02 de fevereiro de 2016.

O delineamento utilizado nos experimentos foi o de blocos casualizados com três repetições, com parcelas de fileiras simples de 4 metros de comprimento, 0,8 metros entre

fileiras e 0,2 metros entre plantas para as avaliações em Londrina. Em Astorga, as parcelas utilizadas foram de 5 metros de comprimento, 0,7 metros entre fileiras e 0,25 metros entre plantas. Na semeadura foram utilizadas 60 sementes por parcela, empregando três sementes por cova.

O desbaste foi realizado quando as plantas atingiram o estágio V_4 a V_5 da cultura do milho, mantendo quatro plantas por metro linear, atingindo uma densidade de 57142 plantas ha^{-1} para os experimentos em Astorga, e cinco plantas por metro linear, alcançando uma densidade de 62500 plantas ha^{-1} , para os experimentos em Londrina.

Pelo fato de às testemunhas apresentarem o gene *sh₂* em seu genoma, foram realizados o despendoamento das mesmas, a fim de evitar a contaminação com os híbridos experimentais, que possuem o gene *bt₂*.

O clima em Londrina e Astorga, de acordo com a classificação de Koppen, é do tipo Cfa, sendo clima subtropical úmido, com chuvas em todas as estações. Os dados climatológicos para precipitação e temperatura média da safra 2015/2016 foram obtidos na estação do Instituto Agrônômico do Paraná (2016), em Londrina. Em virtude de não haver estação climatológica no município de Astorga, os dados de precipitação e temperatura média da estação de Londrina foram extrapolados para os quatro ambientes (Figura 1). Vale ressaltar que foi solicitado ao Sistema Meteorológico do Paraná (SIMEPAR) se era possível prever um modelo climatológico para o município de Astorga, pelo fato de não haver uma estação neste local. Entretanto, a resposta obtida foi de não haver nenhum modelo de previsão, sendo necessário coletar os dados de Arapongas, Maringá ou Londrina, sendo neste caso escolhido o da cidade de Londrina para este trabalho.

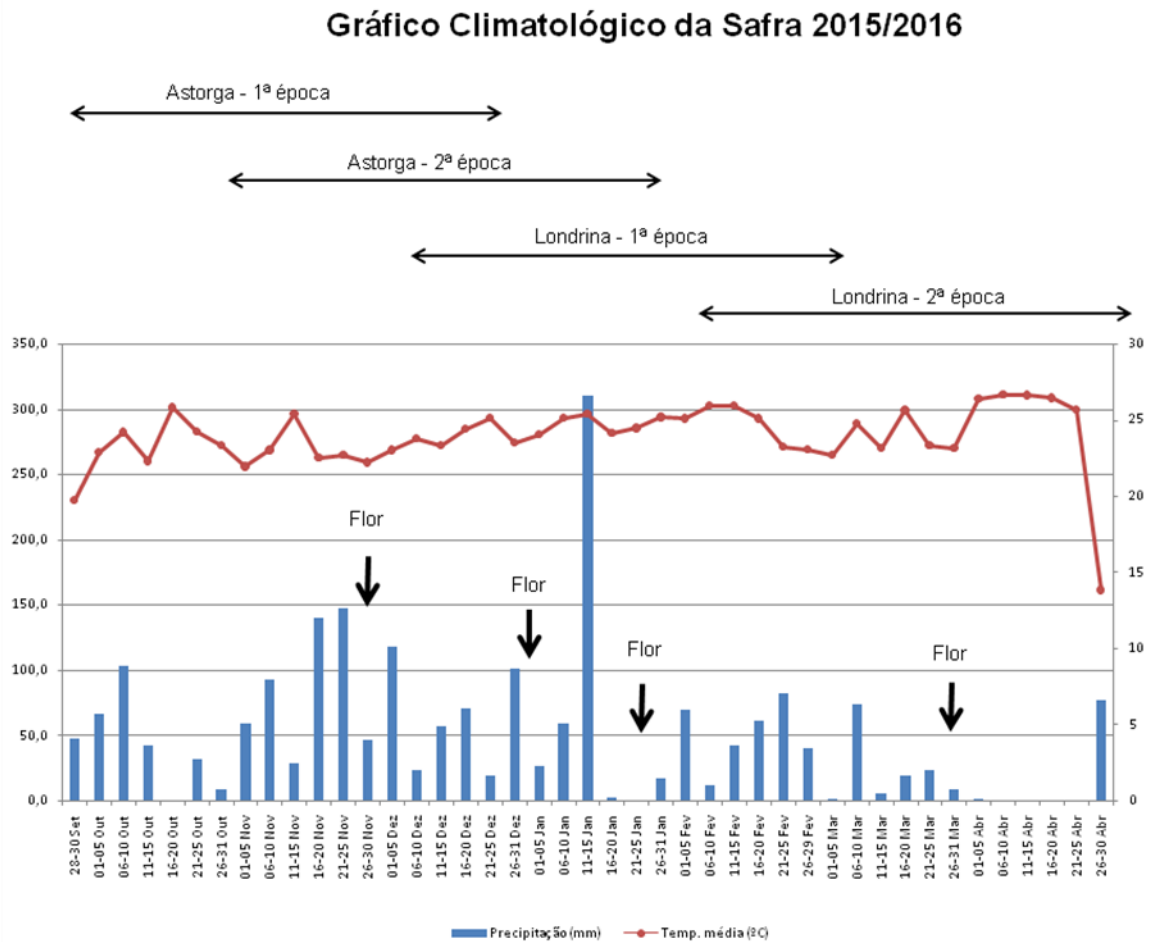


Figura 1 – Dados climatológicos referentes ao período experimental em Astorga e Londrina, Set.2015/Abr.2016. Flor: período em que ocorreu o florescimento dos genótipos.

Os tratos culturais empregados foram realizados segundo as recomendações técnicas para a cultura, no qual nenhuma das áreas recebeu irrigação complementar. Foram aplicados 300 kg ha^{-1} do formulado 08-20-20 na semeadura para os experimentos em Astorga e 300 kg ha^{-1} do formulado 10-15-15 em Londrina. Aproximadamente 20 dias após a semeadura, foram aplicados 150 kg ha^{-1} de nitrogênio em cobertura em todos os experimentos.

A colheita foi realizada quando os grãos apresentaram aproximadamente 75% de umidade, entre 20 a 28 dias após o florescimento.

3.3. Caracteres agrônômicas avaliados

As características agrônômicas avaliadas foram:

- a) **Número de dias para florescimento (FL, em dias):** obtido pela média entre o florescimento masculino e o feminino, a partir da data de semeadura. O florescimento masculino foi estimado quando ocorreu liberação do pólen em 50% das plantas da parcela, que apresentam 1/3 do pendão com as anteras abertas. O florescimento feminino foi estimado quando ocorreu o aparecimento dos estilos estigmas em 50% das plantas da parcela, com aproximadamente 1,0 cm de comprimento;
- b) **Altura de plantas (AP, em cm):** determinada pela medida linear do nível do solo até a inserção da folha bandeira, em amostras de três plantas representativas em cada parcela;
- c) **Produtividade de espigas com palha (PECP, em kg ha⁻¹):** corrigida para estande ideal e extrapolada para kilogramas por hectare;
- d) **Produtividade de espigas sem palha (PESP, em kg ha⁻¹):** corrigida para estande ideal e extrapolada para kilogramas por hectare;
- e) **Comprimento de espiga (CE, em cm):** obtido pela média do comprimento de cinco espigas representativas de cada parcela;
- f) **Diâmetro da espiga (DE, em cm):** obtido pela média do diâmetro das cinco espigas representativas de cada parcela;
- g) **Teor de sólidos solúveis (°BRIX, em %):** medido com refratômetro digital, utilizando amostra de 0,3 mL de solução, extraída da mistura dos grãos debulhados;
- h) **Notas de severidade para as doenças foliares: Mancha Branca (MB); Ferrugem Polissora (*Puccinia polysora*) (PP); Ferrugem Branca (*Physopella zea*) (FB); e Mancha de turcicum (*Exserohilum turcicum*) (MT)** que foram avaliadas 30 dias após o florescimento, segundo o Guia Agroceres de Sanidade (1996), com notas de 1 (altamente resistente) a 9 (altamente suscetível). Para as análises de variância, os dados foram transformados para $(x)^{0,5}$, sendo que as médias e as estimativas foram apresentadas com base nos dados originais.

Os valores de PECP e PESP foram corrigidos para um estande ideal de 20 plantas por parcela, utilizando a metodologia da covariância proposta por Miranda Filho (Vencovsky & Barriga, 1992) e seu valor foi extrapolado para a produtividade de 62500 plantas por hectare (kg ha^{-1}).

Por meio das análises de variância e covariância para estande e produtividade, foi estimado o coeficiente de regressão linear b , obtido por $b = SP_{xy} / SQ_x$, onde x é o estande observado (ST) e y a produção observada (PG), SP_{xy} a soma de produtos residual da análise de covariância e SQ_x , a soma de quadrados da análise de variância para estande.

As correções foram obtidas pela seguinte expressão:

$$PC = P - b(ST - STi),$$

onde:

PC: produtividade corrigida de espigas com palha, sem palha e de grãos, respectivamente, com base no estande ideal da parcela;

P: produtividade de espigas com palha, sem palha, industrializáveis e de grãos, respectivamente, com base no estande observado;

b : coeficiente de regressão linear;

ST: estande observado;

STi: estande ideal de 20 plantas por parcela.

3.4. Análise Estatística dos Dados

3.4.1. Normalidade dos dados Experimentais

Antes de se iniciar a análise de variância dos dados experimentais foi realizada a análise de resíduos, com a finalidade de verificar se enquadram ou não em uma distribuição normal, segundo o método de Shapiro-Wilk.

3.4.2. Análise de variância Individual

Após verificar a normalidade dos dados, foi realizada a análise de variância individual para cada ambiente (Tabela 1). O efeito de tratamentos foi desdobrado nas fontes: híbridos experimentais (H); testemunhas (T) e o contraste H vs T.

As análises individuais seguiram o seguinte modelo:

$$Y_{jk} = m + t_j + b_k + e_{jk}$$

onde:

Y_{jk} : observação referente ao genótipo j no bloco k ;

m : média geral dos tratamentos;

t_j : efeito fixo do tratamento j ($j=1,2,\dots,J$);

b_k : efeito aleatório do bloco k ($k=1,2,\dots,K$);

e_{jk} : erro experimental associado ao valor observado.

Os efeitos de híbridos experimentais foram desdobrados em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), sendo as análises de variâncias realizadas com base em médias, segundo o método IV de Griffing (1956).

$$Y_{ii'} = \mu + g_i + g_{i'} + s_{ii'} + e_{ii'}$$

onde:

$Y_{ii'}$: valor médio do híbrido resultante do cruzamento entre a i -ésima e i' -ésima linhagens.

μ : média geral dos cruzamentos dialélicos;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésima linhagem;

$g_{i'}$: efeito da capacidade geral de combinação do i' -ésima linhagem;

$s_{ii'}$: efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre a i -ésima e i' -ésima linhagens;

$e_{ii'}$: erro experimental médio.

Para estimar os efeitos das capacidades gerais e específicas, e suas respectivas somas de quadrados foi empregado o método dos quadrados mínimos e as equações normais $X'X\beta = X'Y$, derivadas do modelo matricial $Y = X\beta + \varepsilon$, onde Y é o vetor dos dados de média observados para os híbridos experimentais; X é a matriz dos constantes dos valores de 0 e 1 relacionados aos parâmetros μ , g_i , $g_{i'}$ e s_{ij} ; β é vetor desses parâmetros; e ε é o vetor resultante dos erros associados às médias.

Tabela 1 – Análise de variância individual, envolvendo os híbridos experimentais (H) sintetizados com I linhagens, a testemunha (T), o contraste híbridos experimentais versus testemunha (H vs T), capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC).

Fonte de Variação	GL	QM	F
Blocos	K-1	QM ₁	QM ₁ /QM ₃
Tratamentos	J-1	QM ₂	QM ₂ /QM ₃
Híbridos Exp. (H)	[I(I-1)/2]-1	QM ₂₁	QM ₂₁ /QM ₃
CGC	I-1	QM ₂₁₁	QM ₂₁₁ /QM ₃
CEC	I(I-3)/2	QM ₂₁₂	QM ₂₁₂ /QM ₃
Testemunhas (T)	T-1	QM ₂₂	QM ₂₂ /QM ₃
H vs T	1	QM ₂₃	QM ₂₃ /QM ₃
Erro	(K-1)(J-1)	QM ₃	

3.4.3. Análise de Variância Conjunta

Para a realização da análise conjunta dos ambientes e das interações tratamentos x ambientes e seus respectivos desdobramentos (Tabela 2), foram verificados se há homogeneidade das variâncias residuais obtidas nas análises individuais pelo teste de Hartley (1950). Para a análise conjunta foi utilizado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{jkl} = m + t_j + a_l + (ta)_{jl} + b/a_{kl} + e_{jkl}$$

onde:

Y_{jkl} : observação referente ao tratamento j , no bloco k , no ambiente l .

m : média geral dos experimentos;

t_j : efeito fixo do tratamento j ($j=1,2,\dots,J$);

a_l : efeito fixo do ambiente l ($l=1,2,\dots,L$);

$(ta)_{jl}$: efeito fixo da interação do j -ésimo tratamento com o l -ésimo ambiente;

b/a_{kl} : efeito aleatório de bloco k ($k=1,2,\dots,K$) dentro de ambiente l ($l=1,2,\dots,L$), e

e_{jkl} : efeito aleatório do erro associado à observação Y_{jkl} .

Para a verificação de possíveis interações dos tratamentos e ambientes, com respectivos desdobramentos, foi realizada a análise conjunta de acordo com a metodologia apresentada por Miranda Filho e Vencovsky (1995).

Tabela 2 – Análise dialélica conjunta envolvendo os híbridos experimentais (H), sintetizados com I linhagens, a testemunha (T), os contrastes H vs T, a interação de tratamentos x ambiente e seus respectivos desdobramentos.

Fonte de Variação	GL	QM	F
Bloco/Ambiente	(K-1)L	QM ₁	QM ₁ / QM ₅
Ambiente (A)	L-1	QM ₂	QM ₂ / QM ₁
Tratamentos (Trat)	J-1	QM ₃	QM ₃ / QM ₅
Híbridos Exp. (H)	[I(I-1)/2]-1	QM ₃₁	QM ₃₁ / QM ₅
CGC	I-1	QM ₃₁₁	QM ₃₁₁ / QM ₅
CEC	I(I-3)/2	QM ₃₁₃	QM ₃₁₃ / QM ₅
Testemunha (T)	T-1	QM ₃₂	QM ₃₂ / QM ₅
H vs T	1	QM ₃₃	QM ₃₃ / QM ₅
Trat x Amb	(J-1)(L-1)	QM ₄	QM ₄ / QM ₅
H x A	{[I(I-1)/2]-1}(L-1)	QM ₄₁	QM ₄₁ / QM ₅
CGC x A	(I-1)(L-1)	QM ₄₁₁	QM ₄₁₁ / QM ₅
CEC x A	[I(I-3)/2](L-1)	QM ₄₁₂	QM ₄₁₂ / QM ₅
(H vs T) x A	(L-1)	QM ₄₂	QM ₄₂ / QM ₅
T x A	(T-1)(L-1)	QM ₄₃	QM ₄₃ / QM ₅
Erro	L(J-1)(K-1)	QM ₅	

O agrupamento de médias dos tratamentos, dentro de cada ambiente, foi realizado pelo teste Scott & Knott, a uma probabilidade de 5%.

Para determinar o tipo de ação genica envolvida nas características, foi utilizado a razão entre componentes quadráticos das estimativas de CGC e CEC, obtidas a partir das expressões $\phi_g = (QM_{CGC} - QM_{Erro})/(n - 2)$ e $\phi_s = (QM_{CEC} - QM_{Erro})$, em que: QM_{CGC} é o quadrado médio da capacidade geral de combinação; QM_{CEC} é o quadrado médio da capacidade específica de combinação; e n é o número de linhagens envolvidas no dialelo.

3.4.3. Correlações fenotípicas

As correlações fenotípicas entre duas características X e Y foram estimadas pelas seguintes expressões:

$$COV(X,Y)_F = \frac{\sum X_i Y_i - \frac{(\sum X_i)(\sum Y_i)}{I}}{I-1} \quad \text{e} \quad r_F = \frac{COV(X,Y)_F}{\sqrt{(\sigma_{X_F}^2)(\sigma_{Y_F}^2)}}$$

onde:

$COV(X,Y)_F$ = estimativa da covariância fenotípica entre o caráter X e Y.

$\sigma_{X_F}^2$ = estimativa da variância fenotípica do caráter X.

$\sigma_{Y_F}^2$ = estimativa da variância fenotípica do caráter Y.

X_i = observação do caráter X.

Y_i = observação do caráter Y.

.

A significância das estimativas de correlações fenotípicas foi avaliada pela estatística t, pela expressão:

$$t = \frac{r_F \sqrt{I-2}}{\sqrt{1-r_F^2}}$$

onde a estimativa da estatística t está associado a I-2 graus de liberdade e em nível de significância de 5%, sendo I o número de linhagens avaliadas.

4. RESULTADOS

4.1. Artigo 1

Capacidade de Combinação entre Linhagens S₆ de Milho Superdoce em diferentes ambientes da Região Norte do Paraná

Maikon Guerith Baptistella da Silva

Artigo a ser submetido para a revista Crop Breeding and Applied Biotechnology (CBAB).

Resumo

Os objetivos foram determinar o potencial de dez linhagens para síntese de híbridos de milho superdoce com elevado padrão agrônômico, por meio das estimativas de capacidade geral e específica de combinação, e o tipo de ação gênica predominante das características. Os 45 híbridos obtidos pelos cruzamentos dialélicos e as testemunhas foram avaliados em blocos ao acaso com três repetições em quatro ambientes. As características avaliadas foram produtividade de espigas com palha, diâmetro e comprimento de espigas, florescimento e sólidos solúveis. Houve efeito significativo para todos os fatores, exceto nas interações ambientes x híbridos para de sólidos solúveis e capacidade específica de combinação x ambientes para diâmetro e de sólidos solúveis. As combinações H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₇₉ e H₇₁₀ apresentaram os melhores desempenhos, com destaque para as linhagens L₅ e L₇, com melhores estimativas de CGC para produtividade. Os efeitos não aditivos foram predominantes para produtividade e comprimento.

Abstract

The objectives were to determine the potential of ten inbred lines for the synthesis of super sweet corn hybrids with a high agronomic standard, by means of estimates of general and specific combining ability, and the type of predominant gene action of the traits. The 45 hybrids obtained by diallel crosses and controls were evaluated in randomized blocks with three replicates in four environments. The evaluated characteristics were yield of spikes with straw, diameter and length of spikes, flowering and soluble solids. The significant effect was present for all factors except on ambient x hybrid interactions only for soluble solids and specific combining ability x environments for soluble solids and diameter. The combinations H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₇₉ and H₇₁₀ presented the best performances, with emphasis on the

L₅ and L₇ lines, with better estimates of CGC for yield. The non-additive effects were predominant for yield and length.

Introdução

O milho superdoce (*Zea mays* L. *saccharata*) é um tipo especial de milho, destinado principalmente para o consumo humano e que apresenta sabor adocicado, devido ao acúmulo de açúcar nos grãos no endosperma (Reis, 2009, Aragão, 2002), pelo bloqueio da conversão de açúcares em amido (Luz et al., 2014; Teixeira et al., 2013; Aragão, 2002; Parentoni et al., 1990), promovida pelos genes mutantes *brittle2* (*bt2*) ou *shrunk2* (*sh2*) em homozigose recessiva.

Este tipo de milho possui elevado valor nutricional e características próprias como pericarpo fino e endosperma com textura delicada (Parentoni et al. 1990), sendo consumido *in natura*, na forma de milho verde, ou industrializado: enlatados, congelados e desidratados. Devido ao milho superdoce não apresentar elevado teor do amido nos grãos, estes não são deteriorados pelos produtos armazenados na conserva (Môro & Fritsche-Neto, 2015; Sousa et al., 2012; Oliveira Jr et al., 2006).

No Brasil, a produção de milho doce é voltada para indústria de conservas (Teixeira, 2016), que exige uma padronização do produto para a industrialização. Desta forma, os híbridos de linhagem se apresentam como a melhor alternativa de cultivares. O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Brasil apresenta uma lista de 58 cultivares de milho doce registradas, sendo quatro destas cultivares geneticamente modificadas e sete linhagens, um número muito inferior aos apresentados para o milho comum (MAPA, 2016). O desafio para o desenvolvimento de novos cultivares envolve um conjunto de exigências das indústrias de conserva quanto a produtividade, uniformidade, características sensoriais, aparência, e demais características agronômicas (Barbieri & Souza Jr, 2008).

As estratégias utilizadas em um programa de melhoramento de milho superdoce são semelhantes às empregadas em milho comum. Além de obter as linhagens com elevado desempenho individual para produção de sementes, também é necessário identificar combinações destas que permitam a síntese de híbridos de alta produtividade e alta performance para diferentes características de interesse. Para isto, normalmente, são realizados cruzamentos dialélicos que permitem estimar os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), que são úteis para auxiliar na seleção de genitores e na compreensão dos efeitos genéticos das características agronômicas mais relevantes, importante para direcionar as ações no melhoramento genético da cultura.

Comparado aos estudos com milho comum, há poucos trabalhos na literatura envolvendo dialelos na cultura do milho superdoce e a determinação dos tipos de ação gênica das diferentes características agronômicas nesta cultura. A partir da combinação de dez linhagens superdoce, Lemos et al. (2002) constataram efeitos significativos na CGC e CEC para as características peso de espigas com palha e rendimento de espiga, indicando que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos estão envolvidos na expressão do caráter, mas com predomínio dos efeitos aditivos. Resultados semelhantes foram encontrados por Bordallo et al. (2005) para comprimento de espiga sem palha (CESP). Por outro lado, Elayaraja et al. (2014) observaram predomínio dos efeitos não aditivos para comprimentos de espigas e número de fileiras. Para florescimento e peso de espigas, Assunção et al. (2010) encontraram efeitos aditivos e não aditivos significativos, com predomínio dos não aditivos.

Os objetivos deste trabalho foram: (i) determinar o potencial genético de dez linhagens S_6 de milho superdoce portadoras do gene bt_2 em cruzamentos dialélicos; (ii) identificar as combinações híbridas com melhor potencial para exploração agrônomo e (iii) determinar o

tipo de ação gênica predominante na herança das características importantes para o melhoramento genético de milho superdoce.

Material e Métodos

Foram realizados cruzamentos entre dez linhagens endogâmicas (S_6) de milho superdoce, homocigóticas recessivo para o gene bt_2 , obtidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Milho do Departamento de Biologia Geral da Universidade Estadual de Londrina – UEL, em um dialelo completo durante a safra 2014/2015. Estas linhagens foram selecionadas previamente pelo desempenho *per se* para as características de interesse agronômicas para a cultura do milho superdoce.

As linhagens S_6 de milho superdoce avaliadas neste dialelo foram obtidas pelo retrocruzamento de dez linhagens S_8 de milho comum (genitor recorrente masculino) originadas de oito ciclos de autofecundação de três populações sintéticas (PST), sendo as linhagens L_1 , L_2 e L_7 extraídas da PST_{13} , enquanto L_5 e L_6 da PST_{02} e L_3 , L_4 , L_8 , L_9 e L_{10} da PST_{14} , com duas populações de milho superdoce (genitor não recorrente feminino), portadoras do gene bt_2 , onde foi utilizada a população de milho superdoce Arruba para as linhagens L_1 , L_2 , L_3 e L_4 , e para as demais linhagens, a população BR400.

Na safra 2015/2016, as 45 combinações híbridas experimentais foram avaliadas em quatro ambientes, sendo dois locais com duas épocas cada: em Londrina-PR, na área experimental da FAZESC (Fazenda da Universidade Estadual de Londrina) (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude) e em Astorga-PR, na área experimental da empresa Sella Sementes (23°13'12.9"S 51°41'54.6"W e 675 m de altitude).

A classe textural do solo em Astorga foi classificado como Areno Barrento, apresentando 82% de areia, 2% de silte e 16% de argila, enquanto que em Londrina o solo foi

classificado com Muito Argiloso, com 10% de areia, 18% de silte e 72% de argila na composição granulométrica.

Os experimentos em Astorga foram semeados nos dias 28 de setembro e 28 de outubro de 2015. Enquanto que os experimentos em Londrina foram semeados nos dias 02 de dezembro de 2015 e 02 de fevereiro de 2016. Como testemunhas foram utilizados três híbridos: Tropical Plus (Syngenta), Balu 01 e Balu 34 (Balú Sementes).

O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, com parcelas de fileiras simples de 4 metros de comprimento, 0,8 metros entre fileiras e 0,2 metros entre plantas para as avaliações em Londrina e de 5 metros de comprimento, 0,7 metros entre fileiras e 0,25 metros entre plantas em Astorga.

Os tratos culturais foram conforme as recomendações técnicas para a cultura, no qual nenhuma das áreas recebeu sistema de irrigação. Foram aplicados 300 kg ha⁻¹ do formulado 08-20-20 na semeadura para os experimentos em Astorga e 300 kg ha⁻¹ do formulado 10-15-15 em Londrina. Aproximadamente 20 dias após a semeadura foram aplicados 150 kg ha⁻¹ de nitrogênio em cobertura em todos os experimentos. Houve o despendoamento das testemunhas, a fim de evitar a contaminação dos híbridos experimentais, pelo fato de possuírem os genes *sh₂* e *bt₂*, respectivamente. A colheita foi realizada quando os grãos apresentarem aproximadamente 75% de umidade, entre 20 a 28 dias após o florescimento.

As características agronômicas avaliadas foram: produtividade de espigas com palha (kg ha⁻¹); diâmetro de espigas (cm); comprimento de espigas (cm); florescimento (dias) e teor de sólidos solúveis (°BRIX). Os valores de produtividade de espigas com palha foram corrigidos para um estande ideal de 20 plantas por parcela, utilizando a metodologia da covariância proposta por Miranda Filho (Vencovsky & Barriga, 1992) e seu valor foi extrapolado para a produtividade de 62500 plantas por hectare (kg ha⁻¹) para Londrina e de 57142 plantas por hectare (kg ha⁻¹) em Astorga.

As análises de variâncias individuais de cada ambiente foram realizadas com base na média de tratamentos com a decomposição dos efeitos de tratamentos em híbridos experimentais (H), testemunhas (T) e no contraste híbridos versus testemunhas (H vs T), considerando os tratamentos e os ambientes como fixos. Os efeitos de híbridos experimentais foram desdobrados por meio da análise dialélica em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), de acordo com o Método IV de Griffing (1956): $Y_{ii'} = \mu + g_i + g_{i'} + s_{ii'} + e_{ii'}$, onde: $Y_{ii'}$: valor médio do híbrido resultante do cruzamento entre a i -ésima e i' -ésima linhagens; μ : média geral dos cruzamentos dialélicos; g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésima linhagem; $g_{i'}$: efeito da capacidade geral de combinação do i' -ésima linhagem; $s_{ii'}$: efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre a i -ésima e i' -ésima linhagens; e $e_{ii'}$: erro experimental médio.

Para estimar os efeitos da CGC e CEC e as suas respectivas somas de quadrados foi empregado o método dos quadrados mínimos por meio de álgebra matricial $Y = X\beta + \varepsilon$, onde Y é o vetor dos dados de média observados para os híbridos experimentais; X é a matriz dos constantes dos valores de 0 e 1 relacionados aos parâmetros μ , g_i , $g_{i'}$ e s_{ij} ; β é o vetor desses parâmetros; e ε é o vetor resultante dos erros associados às médias.

A análise de variância conjunta dos ambientes foi realizada de acordo com a metodologia proposta por Miranda Filho e Vencovsky (1995) para a verificação de possíveis interações de tratamentos x ambientes e seus desdobramentos. Devido às falhas de germinação que ocorreram com as testemunhas Tropical Plus e Balu 34 no primeiro experimento realizado em Astorga, não foi possível realizar a análise de variância conjunta dos híbridos experimentais juntamente com as testemunhas, realizando assim, somente com as 45 combinações híbridas obtidas no dialelo. Para os demais experimentos os lotes de sementes das testemunhas foram trocados.

O agrupamento de médias dos tratamentos, dentro de cada ambiente, foi realizado pelo teste Scott & Knott, a uma probabilidade de 5%. Os coeficientes de correlações fenotípicas foram estimados a uma probabilidade de 5% para todas as variáveis, onde a significância foi avaliada pelo t.

As estimativas dos componentes quadráticos foram obtidas a partir das expressões $\phi_g = (QM_{CGC} - QM_{Erro})/(n - 2)$ e $\phi_s = (QM_{CEC} - QM_{Erro})$, em que: QM_{CGC} é o quadrado médio da capacidade geral de combinação; QM_{CEC} é o quadrado médio da capacidade específica de combinação; e n é o número de linhagens envolvidas no dialelo.

Mediante as médias dos híbridos simples experimentais, foram estimados o desempenho das 360 combinações possíveis de híbridos triplos e 630 combinações de híbridos duplos.

As análises de variância, juntamente com as estimativas de capacidade geral e específica de combinação, foram realizadas mediante o uso do programa SAS (Statistical Analysis Software) e Microsoft Excel, enquanto que o teste de agrupamento, as correlações e as predições híbridas com o auxílio do programa GENES.

Resultados e Discussão

Os coeficientes de variação estimados revelaram adequada precisão experimental para todas as características, com estimativas variando de 2,1% a 12,9% (Tabela 3).

Houve efeito significativo para ambientes, híbridos experimentais para todas as características e somente para teor de sólidos solúveis não houve efeito significativo para a interação ambientes x híbridos experimentais, demonstrando que os híbridos experimentais apresentaram desempenhos diferenciados nos ambientes para as demais características (Tabela 3).

Dentre os genótipos avaliados na primeira e segunda época em Astorga (A1 e A2), 56% e 44% dos híbridos experimentais foram alocados dentro do grupo das testemunhas com melhor desempenho para produtividade de espigas com palha, respectivamente. Semelhantemente, na primeira e segunda época em Londrina (L1 e L2), respectivamente, 22% e 27% dos híbridos experimentais foram agrupados com a melhor testemunha (Balu 34) para produtividade de espigas com palha (Tabela 4). Contudo, em todas as épocas e locais, o híbrido Tropical Plus apresentou desempenho inferior de produtividade, diâmetro da espiga e precocidade, estando entre as melhores médias para comprimento de espigas na segunda época de semeadura em Astorga.

Embora, haja interação ambiente x híbridos experimentais, as combinações H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₇₉ e H₇₁₀ apresentaram os melhores desempenhos para produtividade de espigas com palha variando de 27785 a 12937 kg ha⁻¹, nos diferentes ambientes, não diferindo da melhor testemunha e sendo de 8 a 4 dias mais precoce que as testemunhas comerciais utilizadas. Com relação ao teor de sólidos solúveis, os híbridos H₃₅, H₅₇ e H₅₁₀, se encontram no agrupamento com as maiores médias, entretanto vale ressaltar, que devido aos baixos teores de sólidos solúveis encontrados no experimento da primeira época em Londrina, a média geral dos quatro ambientes foi prejudicada (Tabelas 3 e 4). Dentre as linhagens se destacaram a L₅ e L₇, presentes nas quatro e três melhores combinações, respectivamente, podendo ser utilizada também como linhagens testadoras no programa de milho superdoce.

Além de mais produtivos, estas combinações híbridas também apresentaram excelentes desempenhos para diâmetros e comprimento de espigas, estando estas características correlacionadas positivamente com a produtividade de espigas com palha em todos os ambientes (Tabela 5). Estes resultados corroboram com os apresentados por Entringer et al. (2014) e Barbieri et al. (2005), sugerindo que o diâmetro e o comprimento de espigas são um dos principais componentes para a produtividade de espigas.

Por meio das predições de médias de híbridos foi possível identificar 21 híbridos triplos e cinco híbridos duplos com produtividades de espigas com palha entre as médias dos melhores híbridos simples experimentais. Dentre eles destacam-se os híbridos triplos (HT): $HT_{(79)5}$; $HT_{(57)9}$; $HT_{(59)7}$; $HT_{(510)7}$; $HT_{(910)5}$; $HT_{(710)5}$ e $HT_{(910)7}$ com produtividades entre 18503 kg ha⁻¹ e 18048 kg ha⁻¹ e o híbrido duplo (HD) $HD_{(57)(910)}$ com produtividade de 18067 kg ha⁻¹.

Houve efeito significativo de CGC e da interação CGC x Ambientes para todas as características (Tabela 3), demonstrando que as estimativas de CGC foram diferentes entre as linhagens e apresentaram comportamento diferenciado nos ambientes. Altas estimativas para CGC, positivas ou negativas, indicam que um genitor é superior ou inferior, respectivamente, com relação aos demais genitores presentes no dialelo (Cruz et al., 2012). Assim, as linhagens com as melhores estimativas de CGC para produtividade de espigas com palha foram a L₅, que apresentou estimativas positivas e acima de 1500 kg ha⁻¹ em todos os ambientes, e a L₇, com estimativa de CGC de 3656 kg ha⁻¹ no experimento da primeira época em Londrina, indicando tendência de aumento na contribuição de produtividade nos cruzamentos em que estas linhagens participam. As linhagens L₅ e L₉ apresentaram as melhores estimativas de CGC para comprimento de espigas e diâmetro de espigas, respectivamente. Já as linhagens L₂ e L₇ se destacaram com as melhores estimativas de CGC para dias para o florescimento e as linhagens L₁ e L₇ contribuem para o aumento no teor de sólidos solúveis, para todos os ambientes, nos híbridos em que participam. (Tabela 6).

Houve efeito significativo de CEC para todas as características, demonstrando que as estimativas de CEC foram diferentes entre as combinações. Os efeitos da interação CEC x Ambientes não foram significativos para diâmetro de espigas e teor de sólidos solúveis e, portanto, as decisões podem ser tomadas com base na CEC média dos ambientes (Tabela 3). Considerando todos os híbridos experimentais, 24% obtiveram estimativas de CEC positivas

em todos os ambientes para produtividade de espigas com palha, com valores entre 5642 a 137 kg ha⁻¹, com destaque para os híbridos H₁₁₀, H₃₄, H₅₉, H₇₉ e H₇₁₀, com estimativas de CEC acima de 1000 kg ha⁻¹ em todos os ambientes, além de apresentarem estimativas positivas também para diâmetro de espigas (Tabela 7).

Os efeitos significativos de CGC e CEC indicam que tanto os efeitos aditivos como os não aditivos foram importantes para as características estudadas. Entretanto, mediante o uso da razão entre os componentes quadráticos de CGC e CEC, há uma predominância dos efeitos não aditivos para produtividade de espigas com palha e comprimento de espigas, com razão de 0,69 e 0,60, respectivamente. Enquanto que para diâmetro, florescimento e teor de sólidos solúveis, os valores da razão foram, respectivamente, de 1,41, 1,57 e 1,39. Estes resultados estão de acordo com os apresentados por Elayaraja et al. (2014) para comprimento de espigas e por Assunção et al. (2010) e Khanduri et al. (2010) para produtividade, mas diferem do apresentado por Lemos et al. (2002) e Bordallo et al. (2005), que verificaram predominância dos efeitos aditivos para peso de espigas com palha e comprimento de espigas, respectivamente. Para florescimento e diâmetro houve o predomínio dos efeitos aditivos, divergindo do trabalho de Assunção et al. (2010), que verificou predominância dos efeitos não aditivos para florescimento. Para teor de sólidos solúveis, houve efeito predomínio dos efeitos aditivos, enquanto que Khanduri et al. (2010) constatou que os efeitos não aditivos foram predominantes para esta característica.

Conclusões

As linhagens endogâmicas L₃, L₄, L₅, L₇, L₉ e L₁₀ são as que participam das combinações com maior potencial para desenvolvimento de híbridos de milho superdoce, sendo estes competitivos em relação as melhores testemunhas avaliadas nos experimentos.

As linhagens L₅ e L₇ são as que apresentam as melhores estimativas de CGC para produtividade de espigas com palha, e têm potencial para uso como futuras testadoras neste programa de melhoramento.

As combinações H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₇₉ e H₇₁₀ apresentaram os melhores desempenhos para produtividade de espigas com palha, sendo que a primeira combinação se destacou também para diâmetro de espigas e a última combinação para precocidade.

As combinações H₁₁₀, H₃₄, H₅₉, H₇₉ e H₇₁₀ apresentaram as maiores estimativas de CEC para produtividade em todos os ambientes.

Os efeitos não aditivos foram predominantes para produtividade espigas com palha e comprimento de espigas, enquanto os aditivos foram mais importantes para diâmetro, dias para o florescimento e teor de sólidos solúveis.

Agradecimentos

Ao programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular e a Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina, e a Empresa Sella Sementes, pelo apoio para a realização deste trabalho.

Referências

ARAGÃO, C.A. **Avaliação de híbridos Simples de milho superdoce (*Zea mays* L.) portadores do gene *Shrunken-2*, utilizando o esquema dialélico parcial**. Botucatu, 2002, 101p. Tese (Doutorado em Agronomia/Agricultura) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”.

ASSUNÇÃO, A.; BRASIL, E.M.; OLIVEIRA, J.P.; REIS, A.J.S.; PEREIRA, A.F.; BUENO, L.G.; RAMOS, M.R. Heterosis performance in industrial yield components of sweet corn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.10, p.183-190, 2010.

BARBIERI, V.H.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. **Melhoramento genético do milho doce**. Disponível em: <<http://www.genetica.esalq.usp.br/pub/seminar/VHBBarbieri-200801-Resumo.pdf>>. 2008. Acesso em: 19 ago. 2015.

BARBIERI, V.H.B.; LUZ, J.M. Q.; BRITO, C.H.; DUARTE, J.; GOMES, L.S.; SANTANA, D.G. Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamento e populações de plantas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 3, p. 826 – 830, 2005.

BORDALLO, P.N.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GABRIEL, A.P.C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 123 - 127, 2005.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p

ELAYARAJA, K; GADAG, R.N.; KUMARI, J.; HINGODE, A.; PAUL, D. Analysis of combining ability in experimental hybrids of sweet corn (*Zea mays* var. *saccharata*). **Indian Society of Genetics & Plant Breeding**, 74(3): 387-391, 2014.

ENTRINGER, G.C., SANTOS, P.H.A., VETTORAZZI, J.C.F., CUNHA, K.S., PEREIRA, M.G. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Rev. Ceres [online]**, vol.61, n.3, pp.356-361, 2014.

GRIFFING, B.A. Concept of general and Specific combining ability in relation to diallel crossing Systems. **Australian Journal Biology Science**, East Melbourne, v.9, p.463-493, 1956.

KHANDURI, A.; PRASANNA, B.M., HOSSAIN, F., LAKHERA, P.C. Genetic analyses and association studies of yield components and kernel sugar concentration in sweet corn. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 70, n. 3, p. 257-263, 2010.

LEMOS, M.A.; GAMA, E.E.G.; MENEZES, D.; SANTOS, V.F.; TABOSA, J.N. Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialelo completo. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 167-170, 2002.

LUZ, J.M.Q.; CAMILO, JH.; BARBIERI, V.H.B.; RANGEL, R.M.; OLIVEIRA, R.C. Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita. **Horticultura Brasileira**, Brasília. v. 32, n. 2, p.163 - 167, 2014.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO -. **Registro Nacional de Cultivares – RNC**. Secretaria de Defesa Agropecuária, Brasília. 2016. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>.

MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOSKY, R. Analysis of variance with interaction of effects. **Brazil Journal Genetics**, v.18, n.1, p.129-134, 1995.

MÔRO, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C. e PIMENTEL, M.A. **Milho do plantio à colheita**. Universidade Federal de Viçosa, MG: Editora UFV, p. 9 - 25, 2015.

OLIVEIRA JR, L.F.G.; PEREIRA, M.G.; BRESSAN-SMITH, R. Caracterização e avaliação agronômica de híbridos e linhagens de milho doce (*su1*). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 3, p. 283 - 288, 2006

PARENTONI, S.N.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; REIFSCHNEIDER, F.B.; VILLAS BOAS, G.L. Milho doce. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.14, p. 17 - 22, 1990.

REIS, S.R. **Desenvolvimento de genótipos de milho doce: avaliação de genitores e híbridos**. Campos dos Goytacazes, 2009, 64p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

SOUSA, S.M.; PAES, M.C.D.; TEIXEIRA, F.F. **Milho doce: origem das mutações naturais**. Documentos/Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, n. 144, 2012.

TEIXEIRA, F.F. Desenvolvimento de cultivares de milho-doce. In: PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 17 - 35, 2016.

TEIXEIRA, F.F.; MIRANDA, R.A.; PAES, M.C.D.; SOUZA, S.M.; GAMA, E.E.G. **Melhoramento de milho-doce**. Documentos/Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, n. 154, 2013.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

ANEXOS

Tabela 3 – Quadrados médios e níveis de significância das análises de variância conjunta de médias de híbridos experimentais (H) do dialelo completo de dez linhagens S₆, avaliadas em quatro ambientes (A), com desdobramentos para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) e as suas respectivas interações, médias e coeficientes de variação (CV%).

Fonte de Variação	Ambientes (A)	Híbridos (H)	CGC	CEC	A x H	CGC x A	CEC x A	Erro	Média	CV
Graus de Liberdade	3	44	9	35	132	27	105	334		(%)
Produt. de espigas com palha (kg ha ⁻¹)	2487514691**	12731334**	34305016**	7183816**	3056784**	7640196**	1878192**	1267676	15114	12,9
Diâmetro de espigas (cm)	8,0624**	0,1802**	0,6355**	0,0631**	0,0139**	0,0316**	0,0093ns	0,0076	4,7	3,2
Comprimento de espigas (cm)	78,629**	3,4344**	8,8317**	2,0466**	0,5428**	0,6433**	0,5169**	0,2663	16,8	5,3
Florescimento (dias)	2887,1**	3,5719**	12,116**	1,3748**	1,1670**	2,6193**	0,7935**	0,4495	56	2,1
Teor de sólidos solúveis (°Brix)	506,90**	1,0903**	3,1401**	0,5632**	0,3376ns	0,6842**	0,2484ns	0,3091	16,2	6,0

ns, e **: não significativo e significativo a 1% de probabilidade, respectivamente

Tabela 4 – Médias de desempenho dos híbridos experimentais (H_{ij}) e das testemunhas (T) avaliadas na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2).

(H _{ij})	Produtividade de Espiga com Palha (Kg ha ⁻¹)				Diâmetro de Espigas (cm)				Comprimento de Espigas (cm)				Florescimento (dias)				Teor de Sólidos Solúveis (°Brix)
	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	
H ₁₂	6256b	12870b	18355c	10136b	4,0d	4,5c	4,9d	4,1e	12,5b	16,3b	16,7c	15,8d	66,2a	59,2b	51,2b	54,8c	16,8a
H ₁₃	11042b	14615a	20054c	11427b	4,3d	4,9b	5,1b	4,3d	15,9a	17,2a	16,3d	18,0b	64,0a	58,5b	51,2b	56,0c	16,6a
H ₁₄	12011a	14447a	18474c	12021b	4,4c	4,8c	5,0c	4,5c	16,7a	16,9a	15,2e	17,7c	62,7b	58,0c	51,7b	55,7c	17,0a
H ₁₅	12475a	15539a	22623b	13117b	4,5c	4,8c	5,2b	4,6c	17,2a	18,9a	19,5a	18,0b	63,3b	61,0b	51,2b	55,2c	16,5a
H ₁₆	12923a	13754a	19163c	13160b	4,5c	4,8b	5,2b	4,5c	18,4a	17,7a	17,6c	18,3b	62,7b	59,5b	51,0b	54,7c	16,2b
H ₁₇	12670a	12957b	23813b	10321b	4,2d	4,7c	4,9c	4,2e	16,5a	17,3a	17,2c	16,4d	62,8b	58,5b	51,2b	55,5c	16,8a
H ₁₈	9276b	13729a	15197d	13058b	4,1d	4,7c	4,8d	4,2e	16,7a	19,1a	18,3b	19,0a	64,5a	60,2b	52,0b	55,7c	16,8a
H ₁₉	10444b	13201b	17236c	13584b	4,7b	4,8c	5,2b	4,7b	15,1b	14,1b	16,4c	16,7c	62,2b	59,0b	51,0b	54,7c	16,8a
H ₁₁₀	12522a	16173a	21780b	13487b	4,5c	5,0b	5,1b	4,5c	16,3a	17,7a	17,6c	16,8c	61,8b	58,7b	50,5b	54,0d	15,6b
H ₂₃	10036b	10039b	14471d	13292b	4,5c	4,5c	4,9c	4,4c	13,6b	14,7b	15,9d	15,7d	61,5b	58,2c	50,5b	54,2d	16,4a
H ₂₄	10447b	12757b	19685c	13580b	4,4c	4,6c	4,9d	4,4c	15,7a	16,9a	16,9c	17,5c	59,9c	57,3c	50,8b	53,4e	16,5a
H ₂₅	11413b	14603a	20945c	16630a	4,6b	5,0b	5,1b	4,6c	15,7a	17,6a	18,9b	19,5a	60,0c	57,2c	50,7b	52,3e	16,5a
H ₂₆	12611a	12460b	23116b	12927b	4,7b	4,7c	4,9d	4,5c	16,1a	15,7b	17,9b	16,4d	58,0d	57,5c	50,0b	52,0f	16,3a
H ₂₇	10560b	12077b	20319c	9289b	4,2d	4,5c	4,7d	4,2e	15,8a	15,5b	16,3d	17,2c	61,8b	57,0c	49,8b	53,3e	16,9a
H ₂₈	10048b	12744b	17189c	12482b	4,2d	4,5c	4,7d	4,2e	16,7a	15,6b	17,5c	17,1c	63,3b	58,3b	51,2b	53,5e	17,2a
H ₂₉	10141b	12667b	19580c	11908b	4,3d	4,8b	5,1b	4,4c	14,2b	16,3b	17,3c	16,1d	63,9a	57,3c	49,3b	54,4d	16,0b
H ₂₁₀	11499b	10124b	19960c	12924b	4,5c	4,4c	4,8d	4,4c	16,2a	15,1b	17,3c	16,9c	58,1d	59,3b	50,8b	50,9f	15,2c
H ₃₄	12937a	13639a	27480a	14928a	4,7b	5,1a	5,1b	4,9b	15,7a	16,5a	16,9c	17,9b	59,3d	57,7c	49,3b	55,3c	15,5b
H ₃₅	12982a	14521a	26050a	16001a	4,9a	5,2a	5,5a	4,9b	16,8a	16,7a	19,5a	17,7c	63,0b	58,7b	51,3b	55,0c	16,5a
H ₃₆	12997a	13325b	21395c	13702b	4,9a	5,1a	5,4a	4,9b	15,8a	15,8b	15,9d	17,2c	60,3c	57,3c	49,8b	54,0d	16,2b
H ₃₇	11960a	10075b	22496b	11460b	4,2d	4,5c	4,9d	4,2e	15,7a	15,1b	17,5c	16,9c	62,5b	56,7c	50,3b	53,8d	16,4a
H ₃₈	8746b	12572b	18791c	12789b	4,2d	4,9b	4,8d	4,5c	14,5b	15,7b	16,5c	16,4d	64,8a	57,7c	50,8b	55,0c	15,8b
H ₃₉	12736a	14914a	23451b	14983a	5,0a	5,3a	5,6a	5,1a	15,3b	17,6a	17,0c	17,2c	62,0b	56,0c	50,5b	54,0d	15,9b
H ₃₁₀	13820a	13393b	22403b	14006b	4,7b	5,0b	5,2b	4,6c	15,9a	17,2a	18,6b	17,8b	60,5c	55,7c	50,2b	53,8d	15,7b
H ₄₅	13162a	14963a	22139b	12993b	4,8a	4,8b	5,2b	4,6c	16,2a	17,1a	17,3c	17,4c	57,8d	59,2b	51,7b	54,0d	16,2b
H ₄₆	12760a	13039b	23703b	14579a	4,6b	4,7c	4,9c	4,6c	15,8a	16,8a	16,5c	18,0b	60,8c	57,7c	50,7b	54,0d	15,7b
H ₄₇	12268a	14231a	23356b	14090b	4,4c	4,7c	4,8d	4,4d	15,7a	16,6a	17,5c	17,9b	60,7c	55,7c	50,0b	52,5e	16,6a

Continuação

H ₄₈	10125b	12823b	19041c	12391b	4,4c	4,6c	4,8d	4,4d	14,6b	17,1a	16,8c	18,9a	61,0c	57,5c	50,2b	54,0d	15,2c
H ₄₉	11732b	11193b	18581c	11632b	4,6b	4,6c	5,0c	4,5c	14,1b	14,6b	15,3e	16,2d	59,0d	59,3b	50,5b	53,3e	15,0c
H ₄₁₀	10797b	8971b	21257c	12003b	4,6b	4,4c	4,9d	4,4d	15,1b	14,4b	16,5c	17,5c	57,7d	57,7c	50,0b	53,2e	15,7b
H ₅₆	15674a	10669b	25032a	13745b	4,8b	4,5c	5,3b	4,6c	16,1a	15,6b	16,9c	18,2b	60,2c	59,5b	51,2b	55,0c	16,0b
H ₅₇	14244a	15991a	27785a	15884a	4,7b	4,9b	5,3b	4,6c	17,5a	17,7a	18,7b	18,4b	61,8b	58,0c	50,5b	54,2d	16,8a
H ₅₈	13408a	13333b	21628b	16278a	4,6b	4,6c	5,0c	4,6c	16,6a	16,9a	18,0b	20,5a	62,7b	60,0b	50,3b	54,7c	16,3a
H ₅₉	14808a	16604a	25202a	17510a	5,1a	5,2a	5,6a	5,2a	16,5a	18,1a	17,5c	19,0a	61,7b	60,8b	50,5b	54,0d	15,9b
H ₅₁₀	13121a	15690a	26050a	15711a	4,8a	4,9b	5,2b	4,8b	17,1a	17,3a	18,6b	19,2a	61,0c	56,7c	51,7b	53,3e	16,3a
H ₆₇	11695b	14186a	28564a	13792b	4,5c	4,7c	5,2b	4,5c	15,1b	16,5a	18,5b	17,3c	61,2c	57,5c	49,7b	52,8e	16,5a
H ₆₈	12539a	13208b	25207a	14917a	4,7b	4,6c	5,0c	4,4d	16,6a	17,2a	18,2b	19,4a	61,7b	59,0b	51,7b	54,0d	15,8b
H ₆₉	10872b	12566b	17525c	12143b	4,8a	4,8b	5,2b	4,7b	14,5b	15,5b	14,9e	16,0d	62,7b	58,7b	51,2b	54,5d	16,0b
H ₆₁₀	10499b	10920b	21615b	11904b	4,5c	4,5c	5,2b	4,1e	14,3b	15,5b	16,7c	17,0c	63,0b	58,5b	51,3b	53,7d	15,9b
H ₇₈	11393b	11034b	23631b	13203b	4,3d	4,6c	4,8d	4,2e	16,8a	15,6b	18,6b	18,2b	62,5b	57,8c	50,5b	52,8e	16,9a
H ₇₉	14886a	15840a	26902a	15485a	4,7b	5,1a	5,2b	4,6c	16,1a	17,4a	18,9b	17,7c	62,3b	56,8c	50,0b	53,2e	16,1b
H ₇₁₀	15123a	13849a	26418a	15880a	4,9a	4,9b	5,3b	4,6c	17,3a	17,5a	17,5c	18,2b	57,3d	56,7c	49,8b	50,8f	15,6b
H ₈₉	12127a	14624a	18933c	14097b	4,5c	4,6c	5,1b	4,5c	16,1a	16,5a	17,2c	17,3c	60,8c	58,7b	50,5b	53,0e	15,8b
H ₈₁₀	12573a	14439a	18385c	13534b	4,4c	4,5c	4,8d	4,3d	16,3a	17,5a	17,3c	18,7b	61,0c	58,3b	51,2b	54,0d	15,8b
H ₉₁₀	10021b	11488b	15215d	13745b	4,7b	4,9b	5,0c	4,8b	14,0b	14,9b	15,0e	15,8d	61,5b	57,8c	52,3b	53,5e	15,6b
TPlus	-	13086b	12518d	13141b	-	4,5c	4,3e	4,1e	-	17,5a	15,8d	17,9b	-	66,7a	56,0a	60,5a	14,1d
Balu 01	15086a	17167a	21099c	15537a	4,7b	4,9b	5,3b	4,8b	17,2a	18,7a	18,1b	17,4c	66,0a	64,8a	56,7a	60,3a	13,3d
Balu 34	-	17501a	27177a	18231a	-	5,0a	5,4a	5,0a	-	18,2a	20,1a	19,7a	-	66,0a	57,8a	58,7b	14,0d
Média H	11920	13263	21560	13483	4,5	4,8	5,1	4,5	15,8	16,5	17,3	17,6	61,5	58,1	50,7	53,9	16,3
Média T	15086	15918	20265	15630	4,7	4,8	5,0	4,6	17,2	18,2	18,0	18,3	66,0	65,2	56,8	59,8	13,6

Médias seguidas pelas mesmas letras pertencem ao mesmo agrupamento pelo teste de Scott & Knott, a 5% de probabilidade.

Tabela 5 – Correlações fenotípicas para as características: produtividade de espigas com palha (PECP); diâmetro de espigas (NF); comprimento de espigas (CE); florescimento (FLOR) e teor de sólidos solúveis (TSS) avaliadas nas 1ª (diagonal superior) e 2ª épocas (diagonal inferior) em Astorga e Londrina.

Astorga					
	PECP	DE	CE	FLOR	TSS
PECP	-	0,65*	0,67*	-0,34*	-0,35*
DE	0,66*	-	0,21	-0,45*	-0,32*
CE	0,80*	0,43*	-	-0,08	-0,16
FLOR	0,27	-0,10	0,34*	-	0,07
TSS	0,14	-0,10	-0,18	-0,38*	-
Londrina					
	PECP	DE	CE	FLOR	TSS
PECP	-	0,58*	0,61*	-0,16	0,17
DE	0,71*	-	0,33*	0,00	0,14
CE	0,62*	0,20	-	0,14	0,15
FLOR	0,08	0,09	0,12	-	-0,18
TSS	-0,29*	-0,32*	-0,15	-0,57*	-

*: significativo a 5% de probabilidade pelo teste t-Student.

Tabela 6 – Estimativas das médias (m) dos cruzamentos das linhagens avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1) e 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2), com respectivas estimativas de CGC (g_i).

Estimativas	Produtividade de Espiga com Palha (kg ha ⁻¹)				Diâmetro de Espigas (cm)				Comprimento de Espigas (cm)				Florescimento (dias)				Teor de Sólidos Solúveis (°Brix)			
	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2
Média	11920	13263	21560	13483	4,5	4,8	5,1	4,5	15,8	16,5	17,3	17,6	61,5	58,1	50,7	53,9	17,3	17,1	13,2	17,1
g ₁	-957	989	-2168	-1379	-0,2	0,0	0,0	-0,1	0,4	0,8	-0,1	-0,2	2,1	1,2	0,6	1,4	0,2	0,8	0,5	0,3
g ₂	-1783	-1129	-2552	-1022	-0,2	-0,2	-0,2	-0,2	-0,7	-0,6	-0,1	-0,7	-0,1	-0,3	-0,3	-0,8	0,2	0,4	-0,3	0,8
g ₃	-2	-285	319	155	0,1	0,2	0,1	0,2	-0,4	-0,3	-0,2	-0,4	0,6	-0,9	-0,3	0,8	-0,1	-0,1	0,3	-0,3
g ₄	-130	-413	-40	-391	0,0	-0,1	-0,1	0,0	-0,3	-0,2	-0,8	0,1	-1,8	-0,4	-0,2	0,0	0,0	-0,2	-0,5	-0,5
g ₅	1751	1568	2927	2065	0,2	0,1	0,2	0,2	0,9	0,9	1,2	1,2	-0,3	1,0	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,1
g ₆	662	-656	1410	-59	0,1	0,0	0,1	0,0	0,0	-0,3	-0,3	0,0	-0,4	0,2	0,0	-0,1	-0,1	-0,3	0,3	-0,4
g ₇	940	109	3656	-243	-0,1	0,0	0,0	-0,1	0,5	0,1	0,6	0,0	-0,1	-1,1	-0,6	-0,8	0,5	0,3	0,2	0,5
g ₈	-880	-108	-2005	175	-0,2	-0,2	-0,2	-0,2	0,3	0,3	0,4	0,9	1,1	0,5	0,3	0,2	0,1	-0,2	-0,1	0,3
g ₉	61	466	-1427	468	0,2	0,2	0,2	0,2	-0,8	-0,5	-0,7	-0,8	0,3	0,2	-0,1	-0,1	-0,1	-0,1	-0,7	-0,3
g ₁₀	337	-541	-119	231	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	-0,2	0,0	0,0	-1,4	-0,5	0,2	-1,0	-0,8	-0,8	0,0	-0,5

Tabela 7 – Estimativas das médias e da CEC entre as linhagens i e i' ($s_{ii'}$) avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1) e 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2).

Estimativas	Produtividade de Espiga com Palha (kg ha ⁻¹)				Diâmetro de Espigas (cm)	Comprimento de Espigas (cm)				Florescimento (dias)				Teor de Sólidos Solúveis (°Brix)
	A1	A2	L1	L2		A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	
Média	11920	13263	21560	13483	4,7	15,8	16,5	17,3	17,6	61,5	58,1	50,7	53,9	16,2
S ₁₂	-2923	-254	1516	-946	0,1	-2,9	-0,4	-0,4	-0,9	2,7	0,1	0,2	0,3	-0,1
S ₁₃	82	647	343	-832	0,1	0,1	0,2	-0,8	1,0	-0,1	0,1	0,2	0,0	0,1
S ₁₄	1178	608	-878	308	0,1	0,8	-0,2	-1,2	0,2	0,9	-0,9	0,6	0,4	0,6
S ₁₅	-239	-282	304	-1052	0,1	0,1	0,6	1,2	-0,6	0,0	0,7	-0,4	-0,4	-0,4
S ₁₆	1299	157	-1639	1116	0,3	2,2	0,7	0,7	1,0	-0,5	0,0	-0,3	-0,6	-0,3
S ₁₇	767	-1404	765	-1539	0,2	-0,2	-0,1	-0,6	-1,0	-0,7	0,3	0,5	1,0	-0,2
S ₁₈	-806	-415	-2190	779	0,2	0,2	1,4	0,7	0,7	-0,2	0,3	0,5	0,2	0,2
S ₁₉	-580	-1518	-729	1013	0,1	-0,3	-2,8	-0,1	0,1	-1,7	-0,5	-0,2	-0,5	0,5
S ₁₁₀	1222	2461	2508	1153	0,1	0,1	0,6	0,4	-0,6	-0,3	-0,1	-1,0	-0,3	-0,5
S ₂₃	-98	-1812	-4856	676	0,0	-1,1	-0,9	-1,1	-0,7	-0,5	1,1	0,3	0,3	0,1
S ₂₄	440	1036	718	1511	0,0	1,0	1,2	0,6	0,6	0,3	-0,2	0,6	0,2	0,3
S ₂₅	-474	901	-990	2104	-0,1	-0,3	0,8	0,5	1,4	-1,2	-1,7	-0,1	-1,1	-0,2
S ₂₆	1813	981	2698	526	0,1	0,9	0,1	1,0	-0,4	-3,0	-0,6	-0,5	-1,1	0,0
S ₂₇	-517	-166	-2344	-2929	0,0	0,2	-0,5	-1,6	0,4	0,5	0,2	-0,1	1,0	0,1
S ₂₈	791	717	186	-154	0,0	1,2	-0,6	-0,1	-0,6	0,8	-0,1	0,5	0,2	0,8
S ₂₉	-57	67	1999	-1020	0,1	-0,1	0,8	0,9	0,1	2,2	-0,8	-1,1	1,3	-0,2
S ₂₁₀	1025	-1470	1072	232	0,0	1,1	-0,6	0,2	0,1	-1,8	1,9	0,2	-1,2	-0,8
S ₃₄	1150	1074	5642	1681	0,1	0,6	0,5	0,6	0,6	-0,9	0,8	-0,9	0,6	-0,4
S ₃₅	-687	-26	1244	297	-0,1	0,4	-0,4	1,2	-0,7	1,2	0,4	0,6	0,0	0,3
S ₃₆	418	1002	-1894	124	0,1	0,3	-0,1	-0,9	0,1	-1,4	-0,2	-0,6	-0,6	0,2
S ₃₇	-898	-3012	-3039	-1936	0,0	-0,2	-1,2	-0,3	-0,2	0,5	0,5	0,5	-0,1	-0,1
S ₃₈	-2291	-298	-1084	-1024	0,0	-1,2	-0,9	-0,9	-1,7	1,7	-0,1	0,2	0,2	-0,3
S ₃₉	758	1470	2999	877	0,1	0,7	1,8	0,6	0,8	-0,4	-1,4	0,2	-0,6	0,1
S ₃₁₀	1565	955	644	137	-0,1	0,5	1,2	1,5	0,7	-0,1	-1,1	-0,4	0,2	0,1
S ₄₅	-379	545	-2308	-2164	0,0	-0,2	-0,1	-0,3	-1,5	-1,6	0,5	0,8	-0,3	0,1

Continuação														
S46	309	845	774	1547	0,2	0,3	0,8	0,3	0,4	1,5	-0,3	0,1	0,1	-0,1
S47	-462	1272	-1819	1241	0,0	-0,3	0,3	0,4	0,2	1,1	-1,0	0,0	-0,7	0,3
S48	-785	81	-474	-876	-0,1	-1,2	0,5	0,0	0,3	0,2	-0,8	-0,6	-0,1	-0,7
S49	-119	-2123	-1512	-1927	0,0	-0,5	-1,2	-0,4	-0,7	-1,0	1,5	0,0	-0,5	-0,6
S410	-1330	-3339	-143	-1320	0,0	-0,4	-1,7	0,1	-0,2	-0,6	0,4	-0,7	0,2	0,3
S56	1341	-3506	-864	-1744	0,1	-0,7	-1,5	-1,3	-0,5	-0,7	0,1	0,1	0,8	-0,2
S57	-367	1051	-357	579	-0,1	0,3	0,2	-0,4	-0,4	0,6	0,0	0,0	0,7	0,1
S58	617	-1390	-854	554	0,0	-0,5	-0,8	-0,8	0,8	0,3	0,4	-1,0	0,3	-0,1
S59	1076	1307	2142	1494	0,0	0,6	1,1	-0,2	1,0	0,1	1,6	-0,5	-0,1	-0,1
S510	-888	1399	1683	-68	0,0	0,4	0,1	0,2	0,5	1,2	-2,0	0,4	0,1	0,5
S67	-1826	1470	1938	611	-0,1	-1,2	0,2	0,8	-0,2	0,1	0,2	-0,5	-0,2	0,1
S68	838	708	4242	1318	-0,2	0,4	0,7	0,8	1,0	-0,6	0,1	0,7	0,0	-0,3
S69	-1771	-508	-4018	-1748	-0,2	-0,6	-0,2	-1,3	-0,8	1,2	0,1	0,5	0,7	0,2
S610	-2420	-1147	-1236	-1750	-0,1	-1,6	-0,6	-0,2	-0,5	3,3	0,6	0,4	0,8	0,3
S78	-587	-2230	420	-213	-0,1	0,1	-1,3	0,3	-0,3	0,0	0,2	0,1	-0,5	0,4
S79	1965	2002	3113	1777	-0,1	0,5	1,3	1,7	0,9	0,6	-0,4	-0,1	0,1	-0,2
S710	1925	1018	1322	2409	-0,2	0,9	1,2	-0,4	0,7	-2,7	0,1	-0,5	-1,3	-0,5
S89	1027	1003	805	-29	-0,1	0,8	0,2	0,3	-0,4	-2,1	-0,2	-0,4	-1,0	-0,1
S810	1197	1824	-1050	-356	-0,3	0,2	0,8	-0,3	0,2	-0,2	0,2	0,0	0,9	0,2
S910	-2298	-1701	-4799	-437	-0,1	-1,0	-0,9	-1,5	-1,0	1,1	0,0	1,5	0,7	0,3

4.2. Artigo 2

Capacidade de Combinação entre Linhagens Endogâmicas S₆ de Milho Superdoce para resistência a doenças foliares

Maikon Guerith Baptistella da Silva

Artigo a ser submetido para a revista Crop Breeding and Applied Biotechnology (CBAB).

Resumo

Os objetivos foram determinar o potencial de dez linhagens para síntese de híbridos de milho superdoce, para produtividade, altura de plantas e resistência a doenças foliares, por meio das estimativas de capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), e o tipo de ação gênica. Os 45 híbridos obtidos pelos cruzamentos dialélicos e as testemunhas foram avaliadas em blocos ao acaso com três repetições, em quatro ambientes. Não houve efeito significativo apenas para CEC para Ferrugem Branca e na interação de CEC x ambientes para Mancha de Turcicum. As combinações H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₆₇, H₆₈, H₇₉ e H₇₁₀ apresentaram os melhores desempenhos em todos os ambientes para produtividade, e notas de severidade para Mancha Branca, Ferrugem Polissora e Mancha de Turcicum na faixa de resistência a moderada resistência. Os efeitos aditivos foram mais importantes para a resistência as doenças, enquanto que os não aditivos foram predominantes para produtividade.

Abstract

The objectives were to determine the potential of ten inbred lines for the synthesis of super sweet corn hybrids, for yield, plant height and resistance to foliar diseases, through estimates of general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) and the type of gene action. The 45 hybrids obtained by the diallel crosses and the controls were evaluated in randomized blocks with three replicates in four environments. There was no significant effect only for SCA for White Rust and in the interaction of SCA x environments for Northern Corn Leaf Blight. The H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₆₇, H₆₈, H₇₉ e H₇₁₀ combinations showed the best performance in all environments for yield, and severity scores for White Spot, Southern Rust and Northern Corn Leaf Blight in the range of resistance to moderate resistance. The additive effects were more important for disease resistance, while the non-additives were predominant for yield.

Introdução

O milho superdoce, por apresentar sabor adocicado devido ao acúmulo de açúcar nos grãos, é classificado no grupo *saccharata*. No Brasil, a produção deste milho é basicamente destinada para a indústria de conserva, sendo o consumo *in natura*, na forma de milho verde, inexpressiva é pequeno em relação a outros países, como os Estados Unidos, onde consumo no ano de 2014 correspondeu a 72% do mercado (Miranda, 2016; Aragão, 2002).

O aumento da demanda de milho superdoce tem despertando o interesse por novas cultivares. Atualmente, existem 58 cultivares de milho doce registradas, sendo quatro destas cultivares geneticamente modificadas e sete linhagens, um número muito inferior aos apresentados para o milho comum (MAPA, 2016).

Em um programa de melhoramento de milho superdoce deve-se desenvolver cultivares que atendam aos interesses das indústrias, agricultores e os consumidores, sendo fundamental obter elevada produtividade, resistência a doenças e pragas, porte adequado, precoces, maturação uniforme das espigas e grandes (Teixeira, 2016; Barbieri & Souza Jr, 2008). Neste sentido, os híbridos de linhagens são as cultivares que melhor atendem estas necessidades.

Em um programa de melhoramento de híbridos é necessário obter linhagens com elevado desempenho individuais para produção de sementes, mas também é necessário identificar combinações destas que permitam a síntese de híbridos de alta produtividade e alto padrão para as diferentes características de interesse.

Os dialelos permitem estimar os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) que são úteis para auxiliar na seleção de genitores e na compreensão dos efeitos genéticos das características agrônomicas mais relevantes para a cultura do milho superdoce. Empregando o uso de dialelos, para as características agrônomicas produtividade de espigas sem palha e altura de plantas, respectivamente, Teixeira et al. (2001) e Bordallo et al. (2005) observaram efeitos

significativos na CGC e CEC, indicando que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos estão envolvidos na expressão do caráter, mas com predomínio dos efeitos aditivos. Resultados semelhantes foram encontrados por Lemos et al. (2002) para peso de espigas sem palha.

As doenças foliares são um dos fatores que podem afetar direta e indiretamente a produtividade e a qualidade do milho superdoce, reduzindo a área foliar e interferindo na absorção de água e nutrientes. Na maioria dos casos, a ocorrência das doenças, está relacionada com o sistema de produção adotado, e neste caso a produção de milho superdoce apresenta algumas peculiaridades que favorecem o aumento da incidência e a taxa de severidade das doenças, como por exemplo a produção durante todo o ano, escalonada dentro de uma mesma área, o que promove o aumento da população do patógeno (Cota et al., 2016; Pereira Filho et al., 2016).

Dentre as alternativas de manejo, o uso de cultivares geneticamente resistente é a melhor opção, pois o uso de fungicidas requer uma época adequada de aplicação para evitar resíduos no milho *in natura* ou para as indústrias de conserva, pelo fato de a colheita ser realizada em fase de milho verde (Cota et al., 2016).

Com relação às doenças foliares, há poucos trabalhos na literatura empregando o milho superdoce, com destaque para os realizados por Chandler & Tracy (2007), Pataki et al. (1998), e Pataki (1992). Entretanto, esses trabalhos não relacionam a severidade de doenças e a produtividade.

Os objetivos deste trabalho foram determinar o potencial de dez linhagens para síntese de híbridos de milho superdoce com elevado padrão agrônômico e resistência à doenças foliares, por meio das estimativas de CGC e CEC em diferentes ambientes; determinar o tipo de ação gênica predominante relacionada a estas características e identificar associações entre níveis de severidade à doenças foliares com produtividade e altura de plantas.

Material e Métodos

Durante a safra 2014/2015 foram combinadas dez linhagens endogâmicas (L_i) de milho superdoce com seis ciclos de autofecundação (S_6) homozigóticas recessivo para o gene bt_2 em um dialelo completo. Estas linhagens foram obtidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Milho do Departamento de Biologia Geral da Universidade Estadual de Londrina – UEL na Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina (FAZESC) (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude), e selecionadas previamente pelo desempenho *per se* para as características de interesse agronômicas para a cultura do milho superdoce.

As linhagens S_6 de milho superdoce avaliadas neste dialelo foram obtidas pelo retrocruzamento de dez linhagens S_8 de milho comum (genitor recorrente masculino) originadas de oito ciclos de autofecundação de três populações sintéticas (PST), sendo as linhagens L_1 , L_2 e L_7 extraídas da PST₁₃, enquanto L_5 e L_6 da PST₀₂ e L_3 , L_4 , L_8 , L_9 e L_{10} da PST₁₄, com duas populações de milho superdoce (genitor não recorrente feminino), portadoras do gene bt_2 , onde foi utilizada a população de milho superdoce Arruba para as linhagens L_1 , L_2 , L_3 e L_4 , e para as demais linhagens, a população BR400.

As 45 combinações híbridas experimentais foram avaliadas na safra 2015/2016 em quatro ambientes, sendo dois locais com duas épocas cada: em Londrina-PR, na área experimental da FAZESC (Fazenda da Universidade Estadual de Londrina) (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude) e em Astorga-PR, na área experimental da empresa Sella Sementes (23°13'12.9"S 51°41'54.6"W e 675 m de altitude).

A classe textural do solo em Astorga foi classificado como Areno Barrento, apresentando 82% de areia, 2% de silte e 16% de argila, enquanto que em Londrina o solo foi classificado com Muito Argiloso, com 10% de areia, 18% de silte e 72% de argila na composição granulométrica.

Em Astorga, os experimentos foram semeados nos dias 28 de setembro e 28 de outubro de 2015. Enquanto que os experimentos em Londrina foram semeados nos dias 02 de dezembro de 2015 e 02 de fevereiro de 2016. Como testemunhas foram utilizados três híbridos: Tropical Plus (Syngenta), Balu 01 e Balu 34 (Balú Sementes), entretanto,

O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, com parcelas de fileiras simples de 4 metros de comprimento, 0,8 metros entre fileiras e 0,2 metros entre plantas para as avaliações em Londrina e de 5 metros de comprimento, 0,7 metros entre fileiras e 0,25 metros entre plantas em Astorga.

Com relação ao manejo da cultura, foram empregadas as recomendações técnicas para a cultura, no qual nenhuma das áreas recebeu sistema de irrigação. Foram aplicados 300 kg ha⁻¹ do formulado 08-20-20 na semeadura para os experimentos em Astorga e 300 kg ha⁻¹ do formulado 10-15-15 em Londrina. Aproximadamente 20 dias após a semeadura foram aplicados 150 kg ha⁻¹ de nitrogênio em cobertura em todos os experimentos. A fim de evitar a contaminação dos híbridos experimentais, foi realizado o despendoamento das testemunhas, pelo fato de possuírem os genes *bt₂* e *sh₂*, respectivamente. A colheita foi realizada quando os grãos apresentarem aproximadamente 75% de umidade, entre 20 a 28 dias após o florescimento.

As características agrônômicas avaliadas foram: produtividade de espigas sem palha (kg ha⁻¹); altura de plantas (cm) e notas de severidade para as doenças foliares: Mancha Branca (MB); Ferrugem Polissora (*Puccinia polysora*) (PP); Ferrugem Branca (*Physopella zaeae*) (FB); e Mancha de Turcicum (*Exserohilum turcicum*) (MT) que foram avaliadas 30 dias após o florescimento, segundo o Guia Agrocere de Sanidade (2006), com notas de 1 (altamente resistente) a 9 (altamente suscetível). Para as análises de variância, os dados foram transformados para (x)^{0,5} sendo que as médias e as estimativas foram apresentadas com base nos dados originais. Os valores de produtividade de espigas sem palha foram corrigidos para

um estande ideal de 20 plantas por parcela, utilizando a metodologia da covariância proposta por Miranda Filho (Vencovsky & Barriga, 1992) e seu valor foi extrapolado para a produtividade de 62500 plantas por hectare (kg ha^{-1}) para Londrina e de 57142 plantas por hectare (kg ha^{-1}) em Astorga.

As análises de variâncias individuais de cada ambiente foram realizadas com base na média de tratamentos com a decomposição dos efeitos de tratamentos em híbridos experimentais (H), testemunhas (T) e no contraste híbridos versus testemunhas (H vs T). Os H foram desdobrados por meio da análise dialélica em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), de acordo com o Método IV de Griffing (1956): $Y_{ii'} = \mu + g_i + g_{i'} + s_{ii'} + e_{ii'}$, onde: $Y_{ii'}$: valor médio do híbrido resultante do cruzamento entre a i -ésima e i' -ésima linhagens; μ : média geral dos cruzamentos dialélicos; g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésima linhagem; $g_{i'}$: efeito da capacidade geral de combinação do i' -ésima linhagem; $s_{ii'}$: efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre a i -ésima e i' -ésima linhagens; e $e_{ii'}$: erro experimental médio.

Para estimar os efeitos da CGC e CEC e as suas respectivas somas de quadrados foi empregado o método dos quadrados mínimos por meio de álgebra matricial $Y = X\beta + \varepsilon$, onde Y é o vetor dos dados de média observados para os híbridos experimentais; X é a matriz dos constantes dos valores de 0 e 1 relacionados aos parâmetros μ , g_i , $g_{i'}$ e s_{ij} ; β é o vetor desses parâmetros; e ε é o vetor resultante dos erros associados às médias.

Foi realizada a análise de variância conjunta dos ambientes de acordo com a metodologia proposta por Miranda Filho e Vencovsky (1995) para a verificação de possíveis interações de tratamentos x ambientes e seus desdobramentos. Devido às falhas de germinação que ocorreram com as testemunhas Tropical Plus e Balu 34 na primeira época em Astorga, não foi possível realizar a análise de variância conjunta dos híbridos experimentais juntamente com as testemunhas, realizando assim, somente com as 45 combinações híbridas

obtidas no dialelo. Para os demais experimentos o lote de semente das testemunhas foi trocado.

O agrupamento de médias dos tratamentos, dentro de cada ambiente, foi realizado pelo teste Scott & Knott, a uma probabilidade de 5%. Os coeficientes de correlações fenotípicas foram estimados a uma probabilidade de 5% para todas as variáveis, onde a significância foi avaliada pelo t.

As estimativas dos componentes quadráticos foram obtidas a partir das expressões $\phi_g = (QM_{CGC} - QM_{Erro})/(n - 2)$ e $\phi_s = (QM_{CEC} - QM_{Erro})$, em que: QM_{CGC} é o quadrado médio da capacidade geral de combinação; QM_{CEC} é o quadrado médio da capacidade específica de combinação; e n é o número de linhagens envolvidas no dialelo.

As análises de variância, juntamente com as estimativas de capacidade geral e específica de combinação, foram realizadas mediante o uso do programa SAS (Statistical Analysis Software) e Microsoft Excel, enquanto que o teste de agrupamento, as correlações e as predições híbridas com o auxílio do programa GENES.

Resultados e Discussão

Os coeficientes de variação revelaram adequada precisão experimental para todas as características, com valores variando de 5,2% a 13,5% (Tabela 8).

A análise conjunta em todos os ambientes foi possível apenas para produtividade de espigas com palha, altura de plantas e notas de severidade de Mancha Branca, onde houve incidências, em todos os ambientes com valores médios de notas de severidade variando de 2 (resistente) a 5 (moderadamente resistente/moderadamente suscetível) (Tabela 8). Para Ferrugem Polissora e Mancha de Turcicum houve incidência apenas nos experimentos realizados em Londrina, com notas de severidade variando de 2 (resistente) a 6 (moderadamente resistente/moderadamente suscetível) e de 2 (resistente) a 7 (suscetível)

respectivamente. Apenas na segunda época de Londrina houve epidemia de Ferrugem Branca, com notas de severidade variando de 3 (resistente) a 7 (moderadamente suscetível), sendo assim realizada a análise individual para este ambiente.

Houve efeito significativo para ambientes, híbridos experimentais e para a interação ambientes x híbridos experimentais para todas as características, demonstrando que as médias gerais para os ambientes e os híbridos apresentaram diferenças significativas e que houve desempenhos diferenciados dos híbridos nos ambientes de avaliação (Tabela 8).

Dentre as 45 combinações híbridas avaliadas na primeira e segunda época de Astorga, 68% e 64% foram inseridos dentro do grupo das testemunhas com melhores desempenhos para produtividade de espigas sem palha, respectivamente. Na primeira e segunda época de Londrina, 10% e 24% dos híbridos foram agrupados com as melhores testemunhas, respectivamente. Em todos os ambientes, o híbrido de milho superdoce referência no Brasil (Tropical Plus), apresentou baixo desempenho de produtividade de espigas sem palha, com valor máximo de 9306 kg ha⁻¹ no experimento avaliado na primeira época de Londrina, enquanto a média dos híbridos experimentais nesse ambiente, foi de 16353 kg ha⁻¹ (Tabela 9).

Apesar de ter ocorrido interação entre ambiente e híbridos experimentais, as combinações H₃₄, H₃₅, H₅₇, H₅₉, H₅₁₀, H₆₇, H₆₈, H₇₉ e H₇₁₀ apresentaram os melhores desempenhos em todos os ambientes, com produtividades de espigas sem palha variando 22592 a 8529 kg ha⁻¹, e altura de plantas semelhante à média das testemunhas comerciais, com destaque para a combinação H₅₉ que ultrapassou 14000 kg ha⁻¹ na média dos ambientes (Tabela 9). As linhagens L₅ e L₇ se destacaram por estarem presentes em quatro combinações cada, sendo indicadas como testadores importantes para o presente programa de melhoramento de milho superdoce.

Além de mais produtivos, estes híbridos experimentais foram classificados como resistentes para Mancha Branca, com exceção da combinação H₅₁₀, por apresentar nota de

severidade na faixa de moderada resistência na primeira época de Astorga e nos dois experimentos de Londrina, e da combinação H₅₉ para os dois experimentos de Astorga e a primeira época de Londrina. Para Ferrugem Polissora, apenas a combinação H₆₇, apresentou moderada resistência/moderada suscetibilidade, enquanto os demais foram classificados como resistentes e moderadamente resistentes. A testemunha Tropical Plus foi classificada como moderadamente resistente/moderadamente suscetível na primeira época de Londrina, e moderadamente suscetível na segunda época, recebendo as maiores notas de severidade em ambos os ambientes avaliados. Os híbridos experimentais H₅₇, H₆₇, H₇₉ e H₇₁₀ foram resistentes para Mancha de Turcicum nas duas épocas de Londrina, enquanto que apenas a combinação H₃₄ apresentou resistência para Ferrugem Branca, sendo esta, superior que todas as testemunhas (Tabela 9).

Embora os danos causados pelas doenças foliares sejam menores na cultura do milho superdoce, pelo fato de a colheita ser realizada ainda na fase de milho verde, foi estimada correlação negativa entre produtividade de espigas sem palha e Ferrugem polissora (-0,30) no experimento da segunda época de avaliação em Londrina, sugerindo que a introdução de genes de resistência a esta doença foliar é importante para o desenvolvimento de híbridos de alta produtividade. As correlações positivas entre altura de planta e nota de severidade à Mancha de Turcicum, demonstram que os híbridos mais altos tendem a serem mais suscetíveis a esta doença, possivelmente devido à origem mais tropical das linhagens que compõem estes híbridos (Tabela 10).

Houve efeito significativo de CGC e da interação CGC x ambientes para todas as características (Tabela 8), demonstrando que as estimativas de CGC foram diferentes entre as linhagens e apresentaram comportamento diferenciado nos ambientes. Valores elevados de CGC, podendo ser positivos ou negativos, indicam que um genitor é muito superior ou inferior, respectivamente, com relação aos demais genitores do dialelo (Cruz et al., 2012). A

linhagem L₅ apresentou as melhores estimativas de CGC para produtividade de espigas sem palha, com valores positivos para todos os ambientes e também tendência de redução de Ferrugem Polissora, entretanto é mais suscetível a Mancha Branca, Mancha de Turcicum e Ferrugem Branca, além de possuir alelos favoráveis para aumento da altura de plantas. As linhagens L₈, L₁₀, L₇ e L₃ apresentam, respectivamente, as melhores estimativas para Mancha Branca, Ferrugem Polissora, Mancha de Turcicum e Ferrugem Branca, contribuindo para a redução da severidade nos cruzamentos que participaram (Tabela 11).

Houve efeito significativo para CEC e CEC x ambientes para maioria dos caracteres, demonstrando comportamento diferenciado das combinações em cada ambiente, exceto para CEC da Ferrugem Branca e a interação CEC x ambientes para Mancha de Turcicum (Tabela 8).

Dentre os híbridos experimentais, onze apresentaram estimativas positivas de CEC para produtividade de espigas sem palha em todos os ambientes com valores entre 3871 a 160 kg ha⁻¹, sendo 50% das estimativas acima de 1000 kg ha⁻¹, com destaque para os híbridos H₇₉ e H₃₄ com média de CEC nos quatro ambientes iguais a 1643 kg ha⁻¹ e 1572 kg ha⁻¹, respectivamente. Estes dois híbridos também apresentaram estimativas de CEC favoráveis com relação à resistência a doenças foliares, sendo que a combinação H₇₉ favorável para reduzir a severidade de Mancha Branca e Ferrugem Polissora e a combinação H₃₄ para reduzir a severidade à Mancha de Turcicum (Tabela 12).

Somente para Ferrugem Branca não houve efeito significativo para CEC, indicando que apenas os efeitos aditivos foram importantes, enquanto que para as demais características os efeitos não aditivos também apresentaram importância. Mediante o uso da razão entre os componentes quadráticos de CGC e CEC, houve predominância dos efeitos não aditivos para produtividade espigas sem palha, com a razão dos componentes quadráticos de 0,78, discordando do trabalho de Teixeira et al. (2001), enquanto que para altura de plantas, os

efeitos aditivos foram predominantes, com razão de 1,86, concordando com o trabalho de Bordallo et al. (2005) trabalhando com genótipos de milho doce e comum.

Para resistência a Mancha Branca, Ferrugem Polissora e Mancha de Turcicum, houve predominância dos efeitos aditivos, com razão dos componentes quadráticos, respectivamente, de 2,47, 1,90 e 1,55. Resultados semelhantes foram encontrados por diversos autores utilizando milho comum, como Lima et al. (2000), Paterniani et al. (2000), Silva et al. (2001), Silva & Moro (2004), Brewbaker et al. (2011), Colombo et al. (2014).

Dentre os cinco híbridos triplos (HT) preditos com produtividades de espigas sem palha superiores a 13590 kg ha^{-1} , as combinações $\text{HT}_{(59)7}$ e $\text{HT}_{(910)7}$ tendem à apresentar resistência para Mancha Branca, Ferrugem Polissora e Mancha de Turcicum. Para os híbridos duplos preditos (HD), dentre os cinco mais produtivos, as combinações $\text{HD}_{(57)(910)}$, $\text{HD}_{(57)(69)}$, $\text{HD}_{(49)(57)}$, $\text{HD}_{(57)(610)}$, com produtividade médias de espigas sem palha no conjunto dos ambientes variando de 13637 kg ha^{-1} a 13023 kg ha^{-1} , tenderão a apresentar resistência para as doenças foliares, a exceção da Ferrugem Branca, com resistência moderada.

Conclusões

As linhagens L_8 , L_{10} , L_7 e L_3 apresentam a maior frequência de alelos favoráveis para a redução da severidade de Mancha Branca, Ferrugem Polissora, Mancha de Turcicum e Ferrugem Branca, respectivamente.

As combinações H_{34} , H_{35} , H_{57} , H_{59} , H_{510} , H_{67} , H_{68} , H_{79} e H_{710} apresentaram os melhores desempenhos em todos os ambientes para produtividade de espigas sem palha, sendo competitivas em relação a melhor testemunha avaliada nestas condições ambientais.

Dentre os híbridos com melhores desempenhos para produtividade nos diferentes ambientes, todos apresentaram notas de severidade para Mancha Branca, Ferrugem Polissora

e Mancha de Turcicum na faixa de resistência a moderada resistência, com exceção do híbrido H₆₇ para Ferrugem Polissora, H₅₉ e H₃₅ para Mancha de Turcicum.

Apenas o híbrido H₃₄ apresentou resistência para Ferrugem Branca, dentre as combinações com melhores desempenhos de produtividade nos diferentes ambientes.

Os efeitos aditivos foram mais importantes para resistência à Mancha Branca, Ferrugem Polissora, Mancha de Turicum e Ferrugem Branca, e para altura de plantas. Enquanto que os efeitos não aditivos foram predominantes para produtividade de espigas sem palha.

Houve correlação negativa entre produtividade e notas de severidade à Ferrugem Polissora para o experimento da segunda época em Londrina e correlações positivas entre altura de planta e notas de severidade a Mancha de Turcicum.

Agradecimentos

Ao programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular e a Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina, e a Empresa Sella Sementes, pelo apoio para a realização deste trabalho.

Referências

AGROCERES. **Guia agrocere de sanidade**. São Paulo: Sementes Agrocere, 72p, 1996.

ARAGÃO, C.A. **Avaliação de híbridos Simples de milho Super doce (*Zea mays* L.) portadores do gene *Shrunken-2*, utilizando o esquema dialélico parcial**. Botucatu, 2002, 101p. Tese (Doutorado em Agronomia/Agricultura) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”.

BARBIERI, V.H.B; SOUZA JÚNIOR, C.L. **Melhoramento genético do milho doce**. Disponível em: <<http://www.genetica.esalq.usp.br/pub/seminar/VHBBarbieri-200801-Resumo.pdf>>. 2008. Acesso em: 19 ago. 2015.

BORDALLO, P.N.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GABRIEL, A.P.C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 123 - 127, 2005.

BREWBAKER, J.L.; KIM, H.K.; SO, Y.S.; LOGRONO, M.; MOON, H.G.; MING, R.; LU, X.W.; JOSUE, A.D. Partial Resistance in Maize to Southern Rust (*Puccinia polysora* Undrew.). **Crop Science**. Vol. 51, No. 4, 2011

CHANDLER, M.A.; TRACY, W.F. Vegetative phase change among sweet corn (*Zea mays* L.) hybrids varying for reaction to common rust (*Puccinia sorghi* Schw.). **Plant Breeding**, Berlin, 126, 569—573, 2007.

COLOMBO, G.A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M., TAVARE, R.C.; SILVA, R.R. Análise dialélica para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. **Bragantia**, v. 73, n. 1, p. 65-71, 2014

COTA, L.V.; SILVA, D.D, COSTA, R.V. Controle de doenças do milho-doce. In: PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 167 - 179, 2016.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p

GRIFFING, B.A. Concept of general and Specific combining ability in relation to diallel crossing Systems. **Australian Journal Biology Science**, East Melbourne, v.9, p.463-493, 1956.

LEMOS, M.A.; GAMA, E.E.G.; MENEZES, D.; SANTOS, V.F.; TABOSA, J.N. Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialelo completo. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 167-170, 2002.

LIMA, M.; MIRANDA J.B.; DUDIENAS C.; DEHORDI G.I. Inheritance of the resistance to tropical rust caused by *Physopella zea* in maize. **Maydica**, Bergamo, v.45, p.105-108. 2000.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO -. **Registro Nacional de Cultivares – RNC**. Secretaria de Defesa Agropecuária, Brasília. 2016. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>.

MIRANDA, R.A. Aspectos econômicos de mercado do milho-doce. In: PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 289 - 298, 2016.

MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOSKY, R. Analysis of variance with interaction of effects. **Brazil Journal Genetics**, v.18, n.1, p.129-134, 1995.

PATAKY, J.K., RAID, R.N., DU TOIT, L.J., SCHUENEMAN, T.J. Disease severity and yield of sweet corn hybrids with resistance to northern leaf blight. **Plant Dis**. 82:57-63. 1998.

PATAKI, J.K. Relationships between yield of sweet corn and northern leaf blight caused by *Exserohilum turcicum*. **Phytopathology**. 82:370-375, 1992.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C.; DUARTE, A.P.; GALLO P.B. Diallel crosses among maize lines with emphasis on resistance to foliar diseases. **Genetics and Molecular Biology**, v.23, p.381-385, 2000.

PEREIRA FILHO, I.A.; BORGHI, CRUZ, J.C. Manejo e tratos culturais do milho-doce. In: FILHO, I.A.P.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 61 - 85, 2016.

SILVA, H.P.; MORO, J.R. Análise dialética da resistência a *Phaeosphaeria maydis* em milho. **Sci. agric. (Piracicaba, Braz.)**, Piracicaba, v. 61, n. 1, p. 36-42, Feb. 2004.

SILVA, H.P., BARBOSA, M.P.M., NASS, L.L., CAMARGO, L.E.A. Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Puccinia polysora* Underw. em milho. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 4, p. 777-783, 2001.

TEIXEIRA, F.F. Desenvolvimento de cultivares de milho-doce. In: PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 17 - 35, 2016.

TEIXEIRA, F.F.; SOUZA, I.R.P.; GAMA, E.E.G.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N.; SANTOS, M.X.; MEIRELLES, W.F. Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.25, n.3, p.483-488, 2001.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

ANEXOS

Tabela 8 – Quadrados médios e níveis de significância das análises de variância conjunta de médias de híbridos experimentais (H) do dialelo completo de dez linhagens S₆, avaliadas em quatro ambientes (A), com desdobramentos para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) e as suas respectivas interações, médias e coeficientes de variação (CV%).

Fonte de Variação	Ambientes (A)	Híbridos (H)	CGC	CEC	A x H	CGC x A	CEC x A	Erro	Média	CV (%)
Avaliação em 4 ambientes										
Graus de Liberdade	3	44	9	35	132	27	105	334		
Prod. de espigas sem palha (kg ha ⁻¹)	1533401460**	7865542**	22190530**	4181974**	1879642**	4780400**	1133733**	778525	11344	13,5
Altura de planta (cm)	18184**	263,28**	947,57**	87,314**	43,070**	79,123**	33,799*	25,513	168	5,2
Mancha branca [‡] (notas)	9,2723*	0,1005**	0,3888**	0,0264**	0,0216**	0,0569**	0,0126**	0,0071	2,6	9,2
Avaliação em 2 ambientes (1ª e 2ª épocas em Londrina)										
Graus de Liberdade	1	44	9	35	44	9	35	167		
Ferrugem polissora [‡] (notas)	0,6467**	0,0970*	0,3324**	0,0364**	0,0307**	0,0415**	0,0280**	0,0156	3,6	11,5
Mancha de turcicum [‡] (notas)	0,6927**	0,2283*	0,8135**	0,07788**	0,0201*	0,0403**	0,0148ns	0,0132	3,7	10,4
Avaliação em 1 ambiente (2ª época em Londrina)										
Graus de Liberdade	---	44	9	35	---	---	---	88		
Ferrugem branca [‡] (notas)	---	0,0364**	0,1173**	0,0157ns	---	---	---	0,0141	2,1	9,6

ns,* e **: não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente. [‡]: quadrados médios e coeficiente de variação (CV%) com base na análise de notas de severidade (x) transformadas para (x)^{0,5}.

Tabela 9 – Médias de desempenho e de severidade de doenças foliares dos híbridos experimentais (H) e das testemunhas (T) avaliadas na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2).

(H _{ij})	Produtividade de Espiga sem Palha (kg ha ⁻¹)				Altura de Plantas (cm)				Mancha Branca				Ferrugem Polissora		Mancha de Turcicum		Ferrugem Branca
	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L2
H ₁₂	3945b	9524b	13396c	7040b	159b	182a	179a	175b	3,7a	2,0c	2,3d	2,7c	3,0c	4,3a	3,0d	5,7a	4,7a
H ₁₃	7713b	11384a	15262c	8202b	169a	174a	204a	177b	2,3c	2,7b	2,0d	2,3c	2,7c	3,7b	6,3a	6,7a	4,3b
H ₁₄	8687a	10956a	13773c	9003b	153c	161b	182a	178b	2,3c	2,7b	3,0c	2,7c	4,7b	4,3a	3,3c	3,3c	4,7a
H ₁₅	9289a	11901a	17875b	10084a	171a	180a	186a	178b	4,0a	2,0c	3,3b	2,0c	5,0a	3,7b	5,7a	5,7a	6,7a
H ₁₆	10002a	11320a	15508c	10066a	160b	164a	179a	174b	2,7c	2,0c	2,0d	2,3c	4,3b	3,7b	4,3b	5,7a	5,3a
H ₁₇	9194a	10366a	18254b	7499b	153c	164a	186a	161c	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	5,7a	5,3a	2,0d	3,3c	5,7a
H ₁₈	6194b	10630a	12377d	9483b	173a	179a	188a	206a	2,0c	2,0c	2,0d	2,3c	4,3b	5,3a	3,3c	4,3b	5,0a
H ₁₉	7651b	10661a	13608c	10484a	150c	155b	181a	182b	2,3c	3,0b	2,0d	2,0c	4,0b	3,7b	3,3c	5,7a	5,3a
H ₁₁₀	9032a	12722a	16490b	10040a	156c	164a	182a	169c	2,7c	2,3c	3,0c	4,0a	3,0c	3,7b	4,0c	4,0c	4,3b
H ₂₃	7332b	7259b	11096d	9484b	144d	166a	171b	175b	2,0c	2,0c	2,3d	2,3c	3,0c	5,7a	4,0c	4,7b	3,3b
H ₂₄	7724b	10108a	14699c	10348a	153c	172a	181a	187a	3,0b	2,1c	3,1c	3,2b	3,6b	3,8b	3,5c	3,7c	3,8b
H ₂₅	8321a	11523a	15462c	11807a	165b	178a	184a	194a	3,0b	2,7b	4,3a	2,3c	4,3b	4,3a	4,0c	4,3b	5,3a
H ₂₆	9424a	9738b	16747b	9241b	157c	169a	178a	177b	2,3c	2,0c	3,0c	2,3c	2,3c	4,7a	2,3d	4,7b	4,3b
H ₂₇	7478b	8783b	14896c	6439b	152c	168a	186a	171c	2,3c	2,3c	2,7c	2,0c	4,7b	4,7a	2,7d	3,3c	4,3b
H ₂₈	7167b	9505b	12846d	8641b	168a	179a	192a	184b	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	4,3b	5,3a	3,0d	4,0c	4,0b
H ₂₉	7437b	9413b	14293c	8399b	164b	165a	187a	181b	2,0c	2,1c	2,1d	2,2c	3,1c	2,8b	3,5c	3,7c	5,8a
H ₂₁₀	8383a	7745b	14303c	9083b	156c	170a	173b	174b	3,0b	2,1c	4,1b	3,2b	2,6c	3,8b	2,5d	2,7c	4,8a
H ₃₄	9440a	11001a	20207a	10432a	151c	153b	192a	177b	2,3c	2,0c	3,0c	2,0c	4,0b	4,3a	3,7c	3,0c	3,3b
H ₃₅	9151a	10594a	19834a	11282a	158b	166a	192a	188a	2,7c	2,0c	3,7b	2,3c	2,3c	3,3b	6,0a	5,0b	4,7a
H ₃₆	9318a	10628a	16138c	9672b	159b	164a	186a	178b	2,3c	2,3c	3,3b	2,7c	3,7b	4,0b	6,0a	6,3a	4,7a
H ₃₇	8566a	8187b	17156b	8354b	161b	157b	183a	172b	2,0c	2,3c	2,3d	2,0c	4,7b	5,0a	2,3d	3,0c	4,0b
H ₃₈	6139b	9341b	13395c	9162b	161b	167a	198a	183b	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	3,3c	3,0b	4,0c	4,0c	3,3b
H ₃₉	9260a	12213a	17645b	11125a	154c	154b	190a	178b	2,0c	2,3c	2,3d	3,0c	2,0c	4,7a	4,7b	5,3a	4,7a
H ₃₁₀	9767a	10898a	16688b	10173a	148d	161b	189a	173b	2,3c	2,3c	2,7c	3,3b	2,7c	2,7b	3,7c	3,7c	3,3b
H ₄₅	9970a	11734a	17086b	9418b	146d	157b	163b	162c	3,3b	2,7b	5,0a	4,3a	2,7c	3,3b	2,0d	3,0c	4,0b
H ₄₆	9682a	10517a	18126b	10897a	143d	154b	182a	168c	3,0b	2,3c	4,0b	3,0c	3,3c	4,7a	2,7d	3,3c	4,7a

Continuação

H ₄₇	9253a	11588a	17761b	10562a	144d	148c	182a	166c	2,3c	2,3c	3,0c	2,0c	4,7b	5,7a	2,3d	3,3c	4,7a
H ₄₈	7417b	10452a	14289c	9458b	151c	157b	171b	178b	2,3c	2,0c	2,0d	2,0c	2,7c	3,3b	3,3c	3,0c	4,0b
H ₄₉	8472a	8781b	14381c	8925b	136d	142c	159b	164c	2,0c	2,3c	4,0b	4,7a	2,0c	3,7b	2,7d	3,3c	4,7a
H ₄₁₀	8338a	7745b	16474b	9068b	140d	140c	168b	159c	3,0b	3,0b	4,0b	5,0a	3,0c	3,7b	3,3c	3,3c	3,7b
H ₅₆	11507a	7888b	19360a	9870a	151c	159b	178a	173b	2,0c	2,0c	3,0c	3,0c	2,3c	3,3b	3,3c	4,7b	5,3a
H ₅₇	10145a	11943a	21304a	11417a	156c	167a	184a	181b	3,3b	2,0c	3,3b	2,3c	4,7b	4,0b	3,3c	3,3c	5,7a
H ₅₈	9458a	9933b	15765c	12040a	173a	164a	192a	197a	2,7c	2,0c	3,3b	2,0c	2,7c	3,3b	3,7c	4,3b	4,3b
H ₅₉	10823a	13212a	19436a	12731a	156c	159b	181a	184b	3,7a	3,7a	4,7a	2,7c	2,0c	3,0b	4,3b	4,7b	6,0a
H ₅₁₀	9394a	12315a	20073a	11471a	152c	174a	176b	168c	3,7a	3,3a	5,0a	4,3a	2,0c	3,0b	3,0d	4,0c	5,0a
H ₆₇	8529a	11483a	22592a	10337a	147d	157b	178a	165c	2,0c	2,7b	3,0c	2,3c	4,3b	5,3a	2,7d	3,3c	5,7a
H ₆₈	9109a	10655a	18832a	11045a	167a	161b	168b	179b	2,3c	2,0c	2,0d	2,0c	3,7b	3,7b	2,7d	4,0c	5,0a
H ₆₉	8660a	10130a	12754d	8707b	150c	161b	172b	159c	2,0c	2,0c	2,7c	2,3c	2,0c	4,0b	3,0d	5,0b	4,7a
H ₆₁₀	7483b	8605b	17147b	8570b	142d	133c	186a	149c	2,7c	3,0b	3,7b	3,3b	2,0c	2,0b	3,0d	2,7c	3,0b
H ₇₈	7922b	8524b	18009b	9211b	155c	148c	179a	168c	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	5,3a	3,7b	2,7d	3,3c	5,7a
H ₇₉	10973a	12629a	20831a	10752a	153c	164a	185a	174b	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	2,7c	3,7b	2,3d	3,0c	5,3a
H ₇₁₀	10929a	11124a	20087a	11414a	152c	147c	171b	160c	2,3c	2,3c	3,7b	3,3b	2,3c	3,3b	2,0d	2,7c	5,0a
H ₈₉	8547a	11012a	14230c	10156a	158b	171a	181a	181b	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	2,7c	4,7a	3,0d	5,0b	4,0b
H ₈₁₀	9043a	10921a	13876c	9876a	151c	160b	180a	175b	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	2,3c	3,7b	2,7d	3,7c	4,3b
H ₉₁₀	7080b	9149b	11504d	10298a	144d	153b	157b	173b	2,0c	3,0b	3,7b	5,0a	2,0c	2,7b	2,7d	3,7c	4,0b
TPlus	-	8508b	9306d	8830b	-	166a	163b	164c	-	2,0c	2,0d	2,0c	5,7a	6,7a	2,7d	2,7c	4,7a
Balu 01	10057a	10485a	14278c	10041a	154c	161b	183a	179b	2,0c	2,0c	2,0d	2,0c	2,0c	2,0b	3,7c	3,3c	4,3b
Balu 34	-	11695a	19269a	13040a	-	158b	187a	174b	-	2,0c	2,0d	2,0c	2,0c	2,0b	3,0d	3,7c	5,0a
Média H	8652	10372	16353	9817	155	162	181	175	2,5	2,3	2,9	2,7	3,3	3,9	3,4	4,1	4,6
Média T	10057	10229	14284	10637	154	161	178	172	2,0	2,0	2,0	2,0	3,2	3,6	3,1	3,2	4,7

Médias seguidas pelas mesmas letras pertencem ao mesmo agrupamento pelo teste de Scott & knott, a 5% de probabilidade.

Tabela 10 – Correlações fenotípicas para as características: produtividade de espigas sem palha (PESP); altura de plantas (AP) e mancha branca (MB); Ferrugem polissora (PP); Mancha de turcicum (MT) e Ferrugem Branca (FB) avaliadas nas 1^a (diagonal superior) e 2^a épocas (diagonal inferior) em Astorga e Londrina.

Astorga					
	PESP	AP	MB		
PESP	-	-0,15	0,08		
AP	0,18	-	0,09		
MB	0,20	-0,30*	-		
Londrina					
	PESP	AP	MB	PP	MT
PESP	-	0,20	0,32*	-0,04	-0,01
AP	0,31*	-	-0,32*	0,14	0,51*
MB	0,03	-0,38*	-	-0,28	-0,01
PP	-0,30*	0,03	-0,30*	-	-0,08
MT	0,03	0,38*	-0,17	0,01	-
FB	0,24	0,12	-0,24	0,05	0,21

*: significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste t-Student.

Tabela 11 – Estimativas das médias (m) dos cruzamentos das linhagens avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2), com respectivas estimativas de CGC (g_i).

Estimativas.	Produtividade de Espiga sem Palha (kg ha^{-1})				Altura de Plantas (cm)				Mancha Branca				Ferrugem Polissora		Mancha de Turcicum		Ferrugem Branca
	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L2
Médias	8652	10372	16353	9817	154,7	162,0	180,9	175,0	2,5	2,3	2,9	2,7	3,3	3,9	3,4	4,1	4,6
g_1	-770	765	-1329	-806	6,4	8,2	4,8	3,0	0,2	0,0	-0,6	-0,2	0,9	0,3	0,6	1,0	0,5
g_2	-1332	-1219	-2429	-984	3,3	11,6	0,4	5,4	0,1	-0,2	-0,1	-0,2	0,1	0,5	-0,2	0,0	-0,2
g_3	-148	-230	31	-59	1,6	0,6	9,5	3,2	-0,3	-0,1	-0,4	-0,3	-0,2	0,1	1,3	0,6	-0,8
g_4	139	-58	-47	-30	-9,4	-9,2	-6,0	-4,4	0,2	0,1	0,6	0,6	0,1	0,2	-0,4	-0,9	-0,5
g_5	1273	962	2378	1471	4,4	5,9	1,0	6,2	0,7	0,2	1,1	0,1	-0,2	-0,5	0,6	0,3	0,7
g_6	731	-298	1254	7	-2,0	-4,5	-2,9	-6,8	-0,1	-0,1	0,0	-0,1	-0,2	0,0	0,0	0,4	0,1
g_7	640	160	2965	-296	-2,4	-4,8	0,8	-7,1	-0,3	-0,1	-0,3	-0,5	1,2	0,6	-1,0	-1,0	0,5
g_8	-859	-297	-1694	90	8,0	3,5	2,6	9,6	-0,4	-0,4	-0,9	-0,7	0,2	0,1	-0,3	-0,1	-0,3
g_9	129	481	-1062	403	-3,4	-4,2	-4,3	0,2	-0,3	0,2	-0,1	0,2	-0,9	-0,3	-0,1	0,4	0,3
g_{10}	198	-265	-66	205	-6,5	-7,1	-5,8	-9,3	0,2	0,3	0,7	1,2	-1,0	-0,9	-0,4	-0,8	-0,5

Tabela 12 – Estimativas das médias e da CEC entre as linhagens i e i' (s_{ii'}), avaliados na 1ª época em Astorga (A1) e Londrina (L1); 2ª época em Astorga (A2) e em Londrina (L2).

Estimativas	Produtividade de Espiga sem Palha (kg ha ⁻¹)				Altura de Plantas (cm)				Mancha Branca				Ferrugem Polissora		Mancha de Turcicum	
	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	A1	A2	L1	L2	L1	L2	L1	L2
Médias	8652	10372	16353	9817	154,7	162,0	180,9	175,0	2,5	2,3	2,9	2,7	3,3	3,9	3,4	4,1
S ₁₂	-2604	-394	802	-986	-5,0	0,5	-7,1	-8,4	0,9	-0,1	0,1	0,4	-1,3	-0,4	-0,8	0,6
S ₁₃	-21	477	207	-750	6,1	3,6	8,8	-4,0	-0,1	0,5	0,0	0,2	-1,3	-0,7	1,1	1,0
S ₁₄	666	-122	-1204	22	1,1	0,1	2,6	4,2	-0,5	0,3	0,1	-0,4	0,4	0,0	-0,2	-0,8
S ₁₅	133	-198	473	-398	5,5	4,0	-1,1	-6,4	0,6	-0,5	-0,2	-0,6	1,0	0,0	1,1	0,3
S ₁₆	1390	482	-770	1049	0,8	-1,8	-3,8	2,6	0,1	-0,2	-0,4	0,0	0,4	-0,5	0,4	0,2
S ₁₇	672	-931	266	-1216	-5,4	-1,5	-0,3	-9,8	-0,4	-0,2	0,0	0,1	0,3	0,5	-1,0	-0,7
S ₁₈	-829	-209	-952	383	3,6	5,2	-0,5	18,0	-0,3	0,1	0,6	0,6	0,0	1,1	-0,4	-0,6
S ₁₉	-360	-957	-355	1071	-7,7	-10,9	-0,2	3,5	-0,1	0,5	-0,2	-0,7	0,7	-0,2	-0,6	0,3
S ₁₁₀	952	1851	1533	825	0,9	0,8	1,8	0,2	-0,2	-0,3	0,0	0,4	-0,2	0,3	0,4	-0,3
S ₂₃	160	-1664	-2858	710	-15,7	-8,1	-20,1	-8,7	-0,3	0,0	-0,2	0,2	-0,3	1,1	-0,4	-0,1
S ₂₄	265	1013	823	1545	4,6	7,5	5,4	11,3	0,2	-0,1	-0,4	0,2	0,0	-0,8	0,8	0,5
S ₂₅	-273	1408	-839	1503	2,6	-1,1	2,2	7,2	-0,3	0,3	0,3	-0,3	1,1	0,4	0,2	-0,1
S ₂₆	1374	883	1570	402	0,7	0,3	-0,6	3,0	-0,1	-0,1	0,1	0,0	-0,9	0,3	-0,8	0,2
S ₂₇	-482	-530	-1992	-2098	-3,3	-0,4	4,1	-2,2	0,0	0,3	0,1	0,1	0,1	-0,4	0,5	0,2
S ₂₈	706	649	617	-282	1,8	1,8	8,3	-5,5	-0,2	0,2	0,0	0,3	0,7	0,8	0,1	0,0
S ₂₉	-12	-222	1431	-837	9,4	-4,1	10,3	0,1	-0,3	-0,2	-0,7	-0,4	0,5	-1,3	0,5	-0,7
S ₂₁₀	866	-1143	446	45	5,0	3,7	-2,4	3,0	0,2	-0,3	0,6	-0,4	0,1	0,2	-0,2	-0,6
S ₃₄	796	918	3871	703	4,2	-0,2	7,4	2,8	0,0	-0,3	-0,2	-1,0	0,8	0,1	-0,6	-0,8
S ₃₅	-627	-510	1072	53	-3,0	-2,4	0,4	3,9	-0,3	-0,4	-0,1	-0,2	-0,6	-0,2	0,7	0,0
S ₃₆	83	785	-1499	-93	5,1	6,3	-1,8	6,3	0,3	0,2	0,7	0,4	0,8	0,0	1,4	1,2
S ₃₇	-578	-2114	-2192	-1109	7,1	-0,6	-8,3	1,1	0,1	0,2	0,1	0,1	0,4	0,3	-1,3	-0,7
S ₃₈	-1506	-504	-1294	-687	-3,8	0,5	5,4	-4,5	0,2	0,1	0,3	0,3	0,0	-1,1	-0,4	-0,6
S ₃₉	627	1590	2323	964	1,5	-4,5	4,0	-0,7	0,1	-0,1	-0,1	0,4	-0,2	1,0	0,1	0,3

Continuação

S310	1066	1022	371	209	-1,5	5,5	4,4	3,8	0,0	-0,2	-0,6	-0,3	0,5	-0,5	-0,6	-0,3
S45	-95	459	-1597	-1840	-4,1	-2,0	-12,5	-14,6	-0,1	0,1	0,3	0,9	-0,5	-0,3	-1,6	-0,5
S46	160	501	566	1104	0,0	6,1	9,8	3,9	0,5	0,0	0,5	-0,2	0,1	0,6	-0,2	-0,2
S47	-178	1114	-1509	1072	1,0	-0,3	6,1	2,6	-0,1	0,0	-0,2	-0,8	0,1	0,9	0,4	1,1
S48	-515	435	-322	-418	-2,2	0,9	-6,4	-1,9	0,1	0,0	-0,6	-0,5	-0,9	-0,8	0,7	-0,1
S49	-449	-2014	-863	-1264	-5,8	-6,4	-11,6	-6,4	-0,3	-0,3	0,6	1,2	-0,5	-0,1	-0,2	-0,2
S410	-651	-2304	235	-924	1,2	-5,7	-0,7	-1,9	0,2	0,3	-0,2	0,6	0,6	0,4	0,8	0,9
S56	851	-3148	-624	-1424	-6,1	-4,5	-1,2	-1,7	-1,1	-0,4	-1,1	0,3	-0,5	-0,1	-0,6	-0,1
S57	-421	450	-391	425	-0,6	4,2	1,8	6,4	0,4	-0,4	-0,4	0,0	0,4	-0,1	0,3	-0,1
S58	391	-1104	-1271	662	6,2	-6,9	7,2	6,4	-0,2	-0,1	0,1	-0,1	-0,6	-0,2	-0,1	0,1
S59	768	1396	1767	1040	-0,1	-4,2	3,6	3,0	0,7	1,0	0,7	-0,4	-0,2	-0,1	0,4	-0,1
S510	-729	1247	1409	-22	-0,4	13,1	-0,5	-4,2	0,3	0,5	0,3	0,3	-0,1	0,5	-0,6	0,4
S67	-1494	1249	2020	809	-3,1	4,0	-1,0	3,8	-0,1	0,5	0,3	0,3	0,1	0,8	0,3	-0,1
S68	585	878	2920	1131	6,5	0,1	-12,8	1,1	0,4	0,1	-0,1	0,2	0,4	-0,3	-0,4	-0,3
S69	-852	-426	-3791	-1520	0,7	7,3	-2,0	-9,6	-0,1	-0,5	-0,2	-0,5	-0,2	0,4	-0,2	0,2
S610	-2097	-1203	-393	-1458	-4,6	-17,7	13,4	-9,5	0,2	0,4	0,0	-0,4	-0,1	-1,0	0,1	-1,0
S78	-511	-1711	386	-400	-5,4	-12,9	-5,4	-9,7	0,1	0,1	0,3	0,6	0,7	-1,0	0,6	0,4
S79	1552	1616	2576	828	3,9	10,9	7,7	6,4	0,1	-0,4	-0,5	-0,4	-0,9	-0,6	0,1	-0,4
S710	1440	857	836	1688	5,9	-3,4	-4,7	1,4	-0,1	-0,2	0,4	0,0	-1,2	-0,4	0,1	0,4
S89	625	455	633	-154	-1,0	9,8	1,9	-3,7	0,2	-0,2	0,1	-0,2	0,1	1,0	0,0	0,7
S810	1053	1111	-716	-236	-5,7	1,6	2,3	-0,3	-0,3	-0,3	-0,7	-1,1	-0,2	0,5	0,0	0,5
S910	-1899	-1439	-3721	-127	-0,9	2,1	-13,5	7,4	-0,3	0,1	0,2	0,9	0,6	-0,1	-0,2	0,0

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGROCERES. **Guia agroceres de sanidade**. São Paulo: Sementes Agroceres, 72p, 1996.

ARAGÃO, C.A. **Avaliação de híbridos simples de milho super doce (*Zea mays* L.) portadores do gene *shrunken-2*, utilizando o esquema dialélico parcial**. Botucatu, 2002, 101p. Tese (Doutorado em Agronomia/Agricultura) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”.

ARAGÃO, C.A.; DANTAS, B.F.; ALVES, E.; CATANEO, A.C.; CAVARIANI, C.; NAKAGAWA, J. Atividade amilolítica e qualidade fisiológica de sementes armazenadas de milho superdoce tratadas com ácido giberélico. **Revista Brasileira de Sementes**, vol. 25, n. 1, p. 43 - 48, 2003.

ASSUNÇÃO, A.; BRASIL, E.M.; OLIVEIRA, J.P.; REIS, A.J.S.; PEREIRA, A.F.; BUENO, L.G.; RAMOS, M.R. Heterosis performance in industrial yield components of sweet corn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.10, p.183-190, 2010.

BARBIERI, V.H.B; SOUZA JÚNIOR, C.L. **Melhoramento genético do milho doce**. Disponível em: <<http://www.genetica.esalq.usp.br/pub/seminar/VHBBarbieri-200801-Resumo.pdf>>. 2008. Acesso em: 19 ago. 2015.

BARBIERI, V.H.B.; LUZ, J.M. Q.; BRITO, C.H.; DUARTE, J.; GOMES, L.S.; SANTANA, D.G. Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamento e populações de plantas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 3, p. 826 – 830, 2005.

BORDALLO, P.N.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GABRIEL, A.P.C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 123 - 127, 2005.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.

BREWBAKER, J.L.; KIM, S.K.; S.O, Y.S.; LOGRONO, M.; MOON, H.G.; MING, R.; LU, X.W.; JOSUE, A.D. Partial Resistance in Maize to Southern Rust (*Puccinia polysora* Undrew.). **Crop Science**. Vol. 51, No. 4, 2011

CAMILO, J.S.; BARBIERI, V.H.B.; RANGEL, R.M.; BONNAS, D.S.; LUZ, J.M.Q.; OLIVEIRA, R.C. Aceitação Sensorial de híbridos de milho doce e híbridos de milho verde em intervalos de colheita. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 62, n.1, p. 001- 008, 2015.

CARSON, M.L. A new gene in maize conferring the chlorotic halo” reaction to infection by *Exserohilum turcicum*. **Plant Disease**, v.79, p.717-720, 1995.

CHANDLER, M.A.; TRACY, W.F. Vegetative phase change among sweet corn (*Zea mays* L.) hybrids varying for reaction to common rust (*Puccinia sorghi* Schw.). **Plant Breeding**, Berlin, 126, 569—573, 2007.

CHAIKAM, V. 2. *In vivo* maternal haploid induction in maize. In: PRASANNA, B. M.; CHAIKAM, V.; MAHUKU, G. **CIMMYT – Doubled Haploid Technology in Maize Breeding: Theory and Practice**. p.9-13, 2012.

CHAIKAM, V.; MAHUKU, G.; PRASANNA, B. M. Design and implementation of maternal haploid induction. In: PRASANNA, B. M.; CHAIKAM, V.; MAHUKU, G. **CIMMYT – Doubled Haploid Technology in Maize Breeding: Theory and Practice**. p.14-19, 2012.

COLOMBO, G.A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M., TAVARE, R.C.; SILVA, R.R. Análise dialélica para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. **Bragantia**, v. 73, n. 1, p. 65-71, 2014

COTA, L.V.; SILVA, D.D, COSTA, R.V. Controle de doenças do milho-doce. In: FILHO, I.A.P.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 167 - 179, 2016.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

ELAYARAJA, K; GADAG, R.N.; KUMARI, J.; SINGODE, A.; PAUL, D. Analysis of combining ability in experimental hybrids of sweet corn (*Zea mays* var. *saccharata*). **Indian Society of Genetics & Plant Breeding**, 74(3): 387-391, 2014.

ENTRINGER, G.C., SANTOS, P.H.A., VETTORAZZI, J.C.F., CUNHA, K.S., PEREIRA, M.G. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Rev. Ceres [online]**, vol.61, n.3, pp.356-361, 2014.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987, 279p.

FAO – **Food and agriculture organization of the united nations –Statistics division**. 2013. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>>. Acesso em: 13 de agosto de 2015.

FERREIRA, E.A. **Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em top crosses, em três locais do estado de São Paulo**. Campinas, 2008, 75p. Dissertação (Mestrado Mestre em Agricultura Tropical e Subtropical Área de Concentração em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia) – Instituto Agrônômico.

FUZATTO, S.R. **Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.): efeito do número (s) de cruzamentos**. Piracicaba, 2003, 131p. Tese (Doutorando em Agronomia, Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

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

GRIFFING, B.A. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biology Science**, East Melbourne, v.9, p.463-493, 1956.

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

HARTLEY, H.O. et al. The use of range in analysis of variance. **Biometrika** v.37, p.271-280, 1950.

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

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ – IAPAR. **Agrometeorologia**. Dados diários de Londrina. 2016. Disponível em <<http://www.iapar.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=1828>>. Acesso em: Ago, 2016.

JONES, D.F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Corn. Agr. Exp. Stn. Bul**, 207:5-100, 1918.

KHANDURI, A.; PRASANNA, B.M., HOSSAIN, F., LAKHERA, P.C. Genetic analyses and association studies of yield components and kernel sugar concentration in sweet corn. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 70, n. 3, p. 257-263, 2010.

KOSTETZER, V. **Capacidade combinatória entre variedades de milho crioulo e sintéticos**. Londrina, 70p. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Londrina, 2007.

KWIATKOWSKI, A.; CLEMENTE, E. Características do milho doce (*Zea mays* L.) para industrialização. **Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial**, Ponta Grossa, v. 1, n. 2, p.93 - 103, 2007.

LEMOS, M.A.; GAMA, E.E.G.; MENEZES, D.; SANTOS, V.F.; TABOSA, J.N. Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialeto completo. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 167-170, 2002.

LIMA, M.; MIRANDA J.B.; DUDIENAS C.; DEHORDI G.I. Inheritance of the resistance to tropical rust caused by *Physopella zea* in maize. **Maydica**, Bergamo, v.45, p.105-108. 2000.

LUZ, J.M.Q.; CAMILO, JH.; BARBIERI, V.H.B.; RANGEL, R.M.; OLIVEIRA, R.C. Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita. **Horticultura Brasileira**, Brasília. v. 32, n. 2, p.163 - 167, 2014.

MAMEDE, A.M.G.N.; CHITARRA, A.B.; FONSECA, M.J.O.; HOARES, A.G.; PEREIRA FILHO, I.A. Qualidade do milho doce minimamente processado conservado sob diferentes atmosferas. **Engenharia da Agricultura**, v.22, n.6, p. 520 - 534, 2014.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO -. **Registro Nacional de Cultivares – RNC**. Secretaria de Defesa Agropecuária, Brasília. 2016. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>.

MARINO, T.P. **Estimação de parâmetros genéticos em populações de milho Superdoce utilizando progênies de meio-irmãos**. Londrina, 2014, 78p. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Londrina.

MIRANDA, R.A. Aspectos econômicos de mercado do milho-doce. In: FILHO, I.A.P.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 289 - 298, 2016.

MIRANDA FILHO, J.B.; GORGULHO, E.P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. de; INGLIS, M.C.V. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 649 - 670, 2001.

MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOSKY, R. Analysis of variance with interaction of effects. **Brazil Journal Genetics**, v.18, n.1, p.129-134, 1995.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, v.1, n.6, p. 275-340, 1987.

MÔRO, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C. e PIMENTEL, M.A. **Milho do plantio à colheita**. Universidade Federal de Viçosa, MG: Editora UFV, p. 9 - 25, 2015.

NIHEI, T.H.; FERREIRA, J.M. Análise dialéctica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.47, n.3, p.369-377, 2012.

OLIBONI, R. **Capacidade combinatória e divergência genética entre híbridos comerciais de milho recomendados para a região centro-sul do Paraná**. Guarapuava, 2009, 95p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Agronomia) – Universidade Estadual do Centro-Oeste.

OLIBONI, R.; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J.T.V.; BATTISTELLI, G.M.; TEGONI, R.G.; OLIBONI, D.F. Análise dialéctica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18, 2013.

OLIVEIRA JR, L.F.G.; PEREIRA, M.G.; BRESSAN-SMITH, R. Caracterização e avaliação agrônômica de híbridos e linhagens de milho doce (*su1*). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 3, p. 283 - 288, 2006.

PARENTONI, S.N.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; REIFSCHNEIDER, F.B.; VILLAS BOAS, G.L. Milho doce. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.14, p. 17 - 22, 1990.

PATAKY, J.K., RAID, R.N., DU TOIT, L.J., SCHUENEMAN, T.J. Disease severity and yield of sweet corn hybrids with resistance to northern leaf blight. **Plant Dis.** 82:57-63. 1998.

PATAKI, J.K. Relationships between yield of sweet corn and northern leaf blight caused by *Exserohilum turcicum*. **Phytopathology.** 82:370-375, 1992.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C.; DUARTE, A.P.; GALLO P.B. Diallel crosses among maize lines with emphasis on resistance to foliar diseases. **Genetics and Molecular Biology**, v.23, p.381-385, 2000.

PENA, G.F. **Progênies parcialmente endogâmicas no melhoramento do milho-pipoca: análise biométrica de *topcrosses* e divergência genética funcional por marcadores SSR-EST.** Campos dos Goytacazes, 2015, 114p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

PEREIRA FILHO, I.A.; BORGHI, CRUZ, J.C. Manejo e tratos culturais do milho-doce. In: FILHO, I.A.P.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce.** Brasília, DF: Embrapa, p. 61 - 85, 2016.

PEREIRA FILHO, I.A.; CRUZ, J.C.; COSTA, R.V. **Milho doce.** Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONT000fy779fnk02wx5ok0pvo4k3wpdjd8h.html>>. 2009. Acesso em: 06 ago. 2015.

PIERRE, P. M. O.; DAVIDE, L. M. C.; COUTO, E. G. O.; SILVA, T. N.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Duplo-haploides: estratégias para obtenção e importância no melhoramento genético de milho. **Rev. Brasileira de Milho e Sorgo.**v.10, n.1, p.1-16, 2011.

PRASANNA, B. N. Cap.1 - Doubled Haploid (DH) technology in maize breeding: an overview. In: PRASANNA, B. M.; CHAIKAM, V.; MAHUKU, G. **CIMMYT – Doubled Haploid Technology in Maize Breeding: Theory and Practice.**p.1-8, 2012.

PRIGGE, V.; XU, X.; LI, L.; BABU, R.; CHEN, H.; ATLIN, G. N.; MELCHINGER, A. E. New insights into the genetics of *in vivo* induction of maternal haploids, the backbone of doubled haploid technology in maize. **Genetics**. v.190, p.781-793, 2012.

PRIGGE, V.; SÁNCHEZ, C.; DHILLON, B.H.; SCHIPPRACK, W.; ARAUS, J. L.; BÄNZIGER, M.; MELCHINGER, A. E. Doubled haploids in tropical maize: I. effects of inducers and source germplasm on *in vivo* haploid induction rates. **Crop Science**.v.51, p.1498-1506, 2011.

REIS, S.R. **Desenvolvimento de genótipos de milho doce: avaliação de genitores e híbridos**. Campos dos Goytacazes, 2009, 64p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

SANCHES, R.E.; SCAPIM, C.A.; TESSMANN, D.J.; VIEIRA, R.A.; RODOVALHO, M.A.; MILANI, K.F. Genetic analysis of tropical rust resistance in popcorn lines. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 6, p. 967-971, 2011

SENETE, C.T. **Análise dialéctica de linhagens de milho para carotenóides e produtividade de grãos**. Lavras, 2010, 88p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras.

SILVA, I.O. **Avaliação de produção de milho doce para consumo em maçaroca em três datas de sementeira diferentes**. Angra do Heroísmo, 2012, 69p. Dissertação (Mestre em Engenharia Agrônômica) – Universidade do Açores.

SILVA, S.P.; MORO, J.R. Análise dialéctica da resistência a *Phaeosphaeria maydis* em milho. **Sci. agric. (Piracicaba, Braz.)**, Piracicaba, v. 61, n. 1, p. 36-42, Feb. 2004.

SILVA, H.P., BARBOSA, M.P.M., NASS, L.L., CAMARGO, L.E.A. Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Puccinia polysora* Underw em milho. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 4, p. 777-783, 2001.

SOUSA, S.M.; PAES, M.C.D.; TEIXEIRA, F.F. **Milho doce: origem das mutações naturais**. Documentos/Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, n. 144, 2012

SOUZA, R.S.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SCAPIM, C.A.; MARQUES, O.J.; QUEIROZ, D.C.; OKUMURA, R.S.; RECHE, D.L.; CORTINOVE, V.B. Produtividade e qualidade do milho doce em diferentes populações de plantas. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 5, p. 995 – 1010, 2013.

SOUZA JR, C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. de; INGLIS, M. C. V. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 157 – 199, 2001.

SPITKÓ. T.; SÁGI, L.; PINTÉR, J.; MARTON, L. C.; BARNABÁS, B. Haploid regeneration aptitude of maize (*Zea mays* L.) lines of various origin and of their hybrids. **Maydica**.v.51, p.537-542, 2006.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Agronomy Journal**, 34:923-932, 1942.

STORK, L., LOVATO, C. Milho doce. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 2, p. 283 - 292, 1992.

TEIXEIRA, F.F. Desenvolvimento de cultivares de milho-doce. In: FILHO, I.A.P.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do Milho- Doce**. Brasília, DF: Embrapa, p. 17 - 35, 2016.

TEIXEIRA, F.F.; MIRANDA, R.A.; PAES, M.C.D.; SOUZA, S.M.; GAMA, E.E.G. **Melhoramento de milho-doce**. Documentos/Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, n. 154, 2013.

TEIXEIRA, F.F; SOUZA, I.R.P.; GAMA, E.E.G.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N.; SANTOS, M.X.; MEIRELLES, W.F. Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.25, n.3, p.483-488, 2001.

TRACY, W. F. Sweet corn. In: HALLAUER, A.R. **Specialty corn**, Boca Raton, p. 155 - 198, 2001.

USDA. –**U.S. SWEET CORN STATISTICS**– United States Department of Agriculture Economics, Statistics and Market Information System. 2010. Disponível em: <<http://usda.mannlib.cornell.edu/MannUsda/viewDocumentInfo.do?documentID=1564>>. Acesso em: 13 de agosto de 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.