

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”  
FACULDADE DE ENGENHARIA  
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

**DARDÂNIA SOARES CRISTELI**

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM DUAS POPULAÇÕES BRAQUÍTICAS DE  
MILHO APÓS SETE CICLOS DE SELEÇÃO MASSAL PARA PROLIFICIDADE**

Ilha Solteira

2018

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA – SISTEMAS DE  
PRODUÇÃO**

**DARDÂNIA SOARES CRISTELI**

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM DUAS POPULAÇÕES BRAQUÍTICAS DE  
MILHO APÓS SETE CICLOS DE SELEÇÃO MASSAL PARA PROLIFICIDADE**

Dissertação apresentada à UNESP – Campus de Ilha Solteira como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Especialidade: Sistemas de Produção.

Orientador  
**João Antonio da Costa Andrade**

Ilha Solteira  
2018

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

C933v Cristeli, Dardânia Soares.  
Variabilidade genética em duas populações braquíticas de milho após sete ciclos de seleção massal para prolificidade / Dardânia Soares Cristeli. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2018  
76 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de Produção, 2018

Orientador: João Antonio da Costa Andrade  
Inclui bibliografia

1. Enfezamento. 2. Épocas de semeadura. 3. Parâmetros genéticos. 4. Progênes de meios irmãos. 5. Variação genética. 6. *Zea mays*.

  
Raiane da Silva Santos



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Ilha Solteira

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

**TÍTULO DA DISSERTAÇÃO:** Variabilidade genética em duas populações braquíticas de milho após sete ciclos de seleção massal para prolificidade

**AUTORA:** DARDÂNIA SOARES CRISTELI

**ORIENTADOR:** JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em AGRONOMIA, área: SISTEMAS DE PRODUÇÃO pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. JOÃO ANTONIO DA COSTA ANDRADE  
Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES  
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO  
Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Ilha Solteira, 16 de agosto de 2018

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pois foi ele que me permitiu chegar até aqui.

À minha família, meu pai José João Cristeli, minha mãe Gláucia Cristeli e meu irmão Rodrigo Soares Cristeli, pelo amor e carinho.

Ao meu namorado Rafael Silva Ramos dos Anjos, pelo carinho, amor e cumplicidade nessa jornada.

Ao meu orientador João Antonio da Costa Andrade, pelos ensinamentos e orientação, serei grata eternamente.

Aos Mestres e Doutores da Universidade Estadual Paulista do *Câmpus* de Ilha Solteira pelos conhecimentos compartilhados.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão pela ajuda na consução dos experimentos.

Aos amigos do Grupo de Oração Universitário e amigos da turma, pelo companheirismo.

Sou grata a tudo que vivi durante estes anos de mestrado, agradecida por cada momento e por cada lição que aprendi.

*“Isto é uma ordem: sê firme e corajoso. Não te atemorizes, não tenhas medo, porque o Senhor está contigo em qualquer parte por onde fores. ”*

*Josué 1:9*

## RESUMO

Populações braquíticas têm sido constantemente estudadas no melhoramento de milho, o interesse por cultivares de porte baixo tem aumentado, principalmente por tolerarem plantios adensados, permitindo maior número de plantas por hectare. A prolificidade é um dos principais componentes na produção do milho que além da estabilidade de produção permite maior eficiência na utilização de nutrientes na planta. O objetivo deste trabalho foi verificar a variabilidade genética, para diferentes caracteres, presente nas populações Isanão VF-1 e Isanão VD-1 após sete ciclos de seleção massal para prolificidade. Foram avaliadas 121 progênies de meios irmãos da população Isanão VF-1 e 65 progênies da população Isanão VD-1, ambas populações de milho braquítico, na segunda safra do ano agrícola 2017 (E1) e primeira safra 2017/2018 (E2). Os caracteres avaliados para as duas épocas de semeadura foram enfezamento, tombamento, prolificidade e rendimento de espigas, e apenas para a E2 foram avaliados florescimento feminino, altura de plantas, altura de espigas e rendimento de grãos. Foram estimados parâmetros genéticos e os ganhos esperados com seleção com intensidade de seleção de 20%, para cada época e conjuntamente. Para a população Isanão VF-1 foram estimadas herdabilidades que variaram entre 37,70% e 74,82%, e ganhos de -5,11%, -10,48% para enfezamento, 19,57% e 7,13% para prolificidade, 20,75% e 15,74% para rendimento de espigas na E1 e E2 respectivamente. Para a população Isanão VD-1 as herdabilidades variaram entre 8,01% e 75,36%, e os ganhos estimados foram de -3,20% e -9,57% para enfezamento, 12,35% e 1,98% para prolificidade, 24,42% e 10,22% para rendimento de espigas, nas E1 e E2, nesta ordem. Nas análises conjuntas a interação progênies x épocas apresentou interação significativa para todos os caracteres avaliados na E1 e na E2 apenas para rendimento de espigas. Os baixos valores de herdabilidade nas análises conjuntas, associados a baixos valores de ganho estimados, sugerem que para as duas populações sejam conduzidos processo de seleção distintos para cada época. Mesmo após sete ciclos de seleção massal para prolificidade as populações avaliadas mantêm variabilidade genética suficiente para futuros ciclos de seleção.

**Palavras-chave:** Enfezamento. Épocas de semeadura. Parâmetros genéticos. Progênies de meios irmãos. Variação genética. *Zea mays*.

## ABSTRACT

Maize brachytic populations have been constantly studied in maize breeding, the interest for low-growing cultivars has increased, mainly because they tolerate high density of plants. Prolificacy is one of the main components of yield in maize that besides the yield stability allows higher efficiency in the use of nutrients in the plant. The objective of this work was to verify the genetic variability for different carachteres in the Isanão VF-1 and Isanão VD-1 brachytic populations after seven cycles of mass selection for prolificacy. A total of 121 open cross corn progenies from the Isanão VF-1 population and 65 open cross corn progenies from the Isanão VD-1 population, both brachytic maize populations, were evaluated in first crop 2017 (E1) and second crop 2017/2018 (E2). The evaluated traits for the two seasons were corn stunt complex, fall index, prolificacy and ear yield, and only for E2 were evaluated feminine flowering, plant height, ear height and grain yield. Genetic parameters and expected gains with selection, with 20% of intensity, were calculated for each season and jointly. For the Isanão VF-1 population, heritabilities were estimated from 37.70% to 74.82%, and expected gains of -5.11%, -10.48% for corn stunt complex, 19.57% and 7.13% for prolificacy, 20.75% and 15.74% for ear yield at E1 and E2 respectively. For the Isanão VD-1 population the heritabilities varied between 8.01% and 75.36%, and estimated gains were -3.198% and -9.565% for corn stunt complex, 12.346% and 1.982% for prolificacy, 24.423% and 10, 22% for ear yield at E1 and E2, in that order. In the jointly analyses the progenies x seasons interaction was significant for all traits evaluated in E1 and E2 only for ear yield. The low values of heritability in the jointly analyses, associated to low values of expected gains selection, suggest that for the two brachytic populations, distinct selection processes are conducted for each season. Even after seven cycles of mass selection for prolificacy, the populations evaluated maintain sufficient genetic variability for future selection cycles.

**Keywords:** Corn stunt complex. Sowing seasons. Genetic parameters. Half sib progenies. Genetic variation. *Zea mays*.



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Esquema da análise de variância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos quadrados médios. ....	31
Tabela 2	Esquema da análise de variância agrupada para cada época, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.....	32
Tabela 3	Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças dos quadrados médios.....	33
Tabela 4	Esquema da análise de variância conjunta agrupada envolvendo os três experimentos, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.....	34
Tabela 5	Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra – 2017. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.....	60
Tabela 6	Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m), enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ) e rendimento de grãos (RG em kg ha <sup>-1</sup> ), na primeira safra – 2017/18. População Isanão – VF1. ....	61
Tabela 7	Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácias das análises de variância agrupadas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m) e rendimento de grãos (RG em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.....	62
Tabela 8	Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância conjuntas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em	

	espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra 2017 e na primeira safra 2017/18. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.....	63
Tabela 9	Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância conjuntas agrupadas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.....	64
Tabela 10	Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE), florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e rendimento de grãos (RG), com base nas análises agrupadas para cada época. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.....	65
Tabela 11	Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE) com base na análise conjunta agrupada. População Isanão – VF1.....	66
Tabela 12	Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra – 2017. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.....	67
Tabela 13	Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m), enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ) e rendimento de grãos (RG em kg ha <sup>-1</sup> ), na primeira safra – 2017/18. População Isanão – VD1.....	68
Tabela 14	Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância agrupadas, para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), florescimento	

	feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m) e rendimento de grãos (RG em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.....	69
Tabela 15	Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância conjuntas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra 2017 e na primeira safra 2017/18. População Isanão – VD1.....	70
Tabela 16	Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variação das análises de variância conjuntas agrupada para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha <sup>-1</sup> ), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VD1.....	71
Tabela 17	Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO), rendimento de espigas (RE), florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e rendimento de grãos (RG). Na análise agrupada. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.....	72
Tabela 18	Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO) e rendimento de espigas (RE).com base nas análises conjuntas agrupadas. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.....	73

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>11</b>
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>13</b>
<b>2.1</b>	<b>Milho braquítico.....</b>	<b>13</b>
<b>2.2</b>	<b>Seleção massal para prolificidade em milho.....</b>	<b>15</b>
<b>2.3</b>	<b>Uso de progênies de meios irmãos no melhoramento genético de milho....</b>	<b>19</b>
<b>2.4</b>	<b>Variabilidade genética.....</b>	<b>21</b>
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>27</b>
<b>3.1</b>	<b>Descrição do local de instalação e épocas.....</b>	<b>27</b>
<b>3.2</b>	<b>Seleção massal e obtenção de progênies.....</b>	<b>27</b>
<b>3.3</b>	<b>Delineamento experimental e condução dos ensaios.....</b>	<b>28</b>
<b>3.4</b>	<b>Caracteres avaliados.....</b>	<b>29</b>
<b>3.5</b>	<b>Análises de variância.....</b>	<b>30</b>
<b>3.6</b>	<b>Estimativas dos parâmetros genéticos.....</b>	<b>35</b>
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>36</b>
<b>4.1</b>	<b>Análises de variância e médias da população Isanão VF-1.....</b>	<b>36</b>
<b>4.2</b>	<b>Estimativas de parâmetros genéticos para a população Isanão VF-1.....</b>	<b>39</b>
<b>4.3</b>	<b>Análises de variância e médias da população Isanão VD-1.....</b>	<b>44</b>
<b>4.4</b>	<b>Estimativas de parâmetros genéticos para a população Isanão VD-1.....</b>	<b>47</b>
<b>5</b>	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>51</b>
<b>6</b>	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>52</b>
	<b>APÊNDICE A - TABELAS.....</b>	<b>60</b>
	<b>APÊNDICE B - FIGURAS.....</b>	<b>74</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Nos últimos tempos, o Brasil tem se destacado na produção e exportação de milho intensificando sua importância no cenário mundial, já que ocupa atualmente o terceiro lugar como maior produtor e exportador do cereal na média dos últimos quatro anos. Atualmente é a segunda maior cultura de importância na produção agrícola no país, tendo 16.694 mil ha de área semeada nas safras 2017/18, sendo superado apenas pela soja que lidera a produção de grãos no país (CONAB, 2018).

O milho é um cereal mundialmente cultivado e ao longo de seu processo de domesticação pelo homem vem sendo selecionado de acordo com as necessidades na agricultura moderna. A seleção por cultivares com baixa estatura é datada desde o início do processo de domesticação e estas tiveram um grande impacto na agricultura mundial.

Inicialmente as plantas de milho em regiões de clima temperado, apresentavam alto porte, os problemas com acamamento reduziam a produtividade, sendo assim plantas com baixo porte se tornaram alvo de melhoristas. O processo de domesticação deste cereal proporcionou o aparecimento de plantas com características mais adaptadas e variadas geneticamente devido às alterações nas frequências alélicas das populações. A utilização de plantas que possuem porte baixo pode ser exemplificado pelo sucesso de variedades anãs de arroz e trigo tendo seu marco histórico na ‘Revolução Verde’ (GAUD, 1968). As plantas baixas em geral apresentam menor taxa de tombamento e acamamento, além de proporcionarem alternativas quando se trata de arranjo e densidade de semeadura. Plantas com esta característica permitem que a colheita mecanizada seja facilitada devido à sua altura e resistência a impactos, ou até mesmo a colheita manual é facilitada para produtores com condições limitadas de tecnologia.

O milho braquítico (homozigoto para o gen  $br_2$ ) pode ser considerado pelos pesquisadores por suas características morfológicas, como baixa estatura e colmos mais grossos, que se encaixam nesses objetivos. Fisiologicamente a redução na altura do milho

braquíptico está relacionada com a produção anormal de reguladores endógenos responsáveis pelo alongamento dos internódios do milho, conhecidos como giberelinas (HOOLEY, 1994). A produtividade destes mutantes é satisfatória, no entanto ainda é uma questão estudada por vários pesquisadores da área com alguns resultados controversos, mas sendo certo que este tipo de planta é muito promissor devendo ser aprimorado para característica que aumente o rendimento, como a prolificidade e resistência a doenças.

Os sistemas de produção de milho no Brasil, com primeira e segunda safra, leva à presença do milho durante praticamente o ano todo no campo expondo a cultura a problemas fitossanitários até então inexistentes ou não preocupantes (SILVEIRA et al., 2008), como o complexo enfezamento, tornando necessário o desenvolvimento de materiais adaptados às diferentes épocas de semeadura.

A prolificidade se refere à capacidade das plantas apresentarem duas ou mais espigas por planta, caráter que apresenta correlação positiva com o rendimento de grãos, sendo interessante o seu uso no melhoramento do milho. Além disso, aumenta a eficiência do uso de nutrientes e apresenta facilidade na seleção.

Milho braquíptico tem como característica tolerar semeaduras adensadas, sendo interessante selecionar plantas prolíficas nessas condições, com a finalidade de se aumentar o rendimento por área. Com isso se faz necessário verificar a variabilidade genética de populações braquípticas para inferir sobre a possibilidade de sucesso na seleção recorrente, principalmente em populações que já foram submetidas a algum processo seletivo. A presença de variabilidade genética é essencial para o sucesso em sucessivos ciclos de seleção, e a utilização de progênies de polinização aberta é a forma mais simples para sua identificação (VENCOVSKY, 1987).

Nesse contexto o objetivo do presente trabalho foi verificar a variabilidade genética, para diferentes caracteres, presente nas populações Isanão VF-1 e Isanão VD-1 após sete ciclos de seleção massal para prolificidade.

## **2 REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1 Milho braquítico**

Plantas de porte baixo tiveram grande impacto na agricultura mundial. Cultivares anãs de arroz e trigo que foram importantes para o sucesso da “Revolução Verde” e tiveram seu uso aumentado devido à altas produtividades e resistência a doenças (MULTANI et al., 2003; PILU et al., 2007).

O milho é um cereal amplamente cultivado e sua vasta área de abrangência se dá pela extensa variabilidade genética apresentada pela espécie. Os caracteres quantitativos são responsáveis diretos pelo aumento da produtividade, por isso tem recebido maior atenção dos melhoristas. Para altura de plantas, além da variabilidade provocada pelos locos de efeito quantitativo, também há locos de grande efeito como os genes “nana” e braquítico (BANDEL, 1987).

A obtenção de plantas de milho de porte baixo, vem sendo preocupação de melhoristas desde muitos anos. As populações anãs portadoras do gene braquítico, atraem a atenção dos pesquisadores por suas características fisiológicas e morfológicas (BANDEL, 1987), embora o seu uso comercial ainda seja muito incipiente.

A expressão das alterações fisiológicas do milho braquítico permite a percepção visível da exótica morfologia das plantas anãs. A morfologia diferenciada é possível de ser identificada em campo, facilitando o processo de seleção massal. Estas plantas possuem, além de porte baixo, folhas largas e espessas. Quando semeada em alta densidade, sua arquitetura faz com que haja sombreamento nas entrelinhas, resultando na competição com plantas daninhas, diminuindo a ocorrência destas no cultivo (DURÃES, 1999).

No Brasil o rendimento do milho tem sido afetado pelas perdas com plantas tombadas pelo vento. Embora populações braquíticas ainda sejam pouco utilizadas no melhoramento de milho, regiões com ocorrência de ventos fortes tem optado por incluir cultivares anãs em seus

programas. Populações anãs possuem maior resistência ao tombamento e acamamento, além de apresentarem como vantagem a facilidade na colheita mecânica.

Entringer (2015) ressalta em seu trabalho, realizado em Campos dos Goytacazes, as vantagens de cultivares anãs de milho em áreas com ocorrência de ventos fortes durante praticamente todo o ano. Além de suportarem ventanias, as cultivares foram resistentes a doenças e suportaram cultivos em altas densidades.

Ainda em sua morfologia, o encurtamento dos internódios está entre as principais características das plantas portadoras do gene braquítico. Há uma perceptível redução da altura da planta e da espiga quando comparadas à planta normal, resultantes de distúrbios de uma auxina responsável pelo alongamento da parede celular. As folhas apresentam arquitetura diferenciada, sendo dispostas no caule de forma que ficam “empacotadas” na zona da espiga e apresentam cor mais escura, conferindo maior “*stay green*” que plantas de tipo selvagem (ANDERSON; CHOW, 1963; ZANETTE; PATERNIANI, 1992).

Quanto às raízes, estas são mais finas e fibrosas. Esta morfologia lhes confere maior eficiência na extração de nutrientes e água, devido ao aumento da superfície de contato com o solo, influenciando positivamente no aumento da produtividade de grãos. Todas estas peculiaridades morfológicas e fisiológicas se devem ao gene braquítico (KHUSH, 2001; HEDDEN, 2003; MASHINGAIDZE; CHINHEMA, 2004).

No milho existem três tipos de genes mutantes braquíticos com maior valor comercial (br-1, br-2 e br-3) que expressam fenótipos semelhantes, responsáveis por condicionar a presença de um tipo diferente de giberelina, menos ativo na promoção de crescimento (GALSTON; DAVIES, 1972; CASSANI et al., 2011). Dentre os genes braquíticos, (mais de 40 mutantes descritos para milho) destaca-se o br-2, um dos mutantes mais promissores em populações de milho. Este gene promove a redução dos internódios sem afetar outros órgãos da



planta. Este encurtamento se dá pela perda de uma glicoproteína-P que modula o transporte de auxinas polares no caule (MULTANI et al., 2003).

Quanto à expressão fenotípica de menor estatura, desde a década de 80 vem sendo realizados estudos para compreensão do metabolismo da planta. Carpita & Kanabus (1988) identificaram a deficiência giberélica em milho, observaram que na estrutura química da parede celular, extraídas de folhas e raízes em mutantes anões, a porcentagem de  *$\beta$ -D-glucano* (hemicelulose presente na parede celular) foi constante em plantas sem acréscimo de giberelina. Em plantas com injeção deste fitohormônio, a proporção do polissacarídeo diminuiu de 20% para 15%, promovendo uma expansão da parede celular. Isto indica que o tratamento, de plantas braquíticas, com ácido giberélico induz crescimento longitudinal, produzindo plantas normais altas (PATERNIANI, 1978a; CARPITA; KANABUS, 1988).

Apesar de estudos iniciais com populações braquíticas, na década de 60, não terem apresentado resultados animadores, devido ao baixo rendimento de grãos em relação a plantas normais, programas de melhoramento persistiram em trabalhos com as populações. Na época, o insucesso foi atribuído à falta de programas de melhoramento genético com este tipo de material, número insuficiente de retrocruzamentos e práticas culturais ineficientes (CAMPBELL, 1965). Em contrapartida, Paterniani (1982) com a variedade “Piranão”, portadora do genótipo  $br_2br_2$ , conseguiu rendimento em torno de 7 mil kg ha<sup>-1</sup>, comparável à alguns híbridos comerciais da época. O potencial de cultivares braquíticas tem se elevado e altos rendimentos têm sido obtidos quando estas são cultivadas em condições ideais de fertilidade, altitude e densidade de semeadura específica (HEDDEN, 2003).

## **2.2 Seleção massal para prolificidade em milho**

A prolificidade é a habilidade da planta produzir mais que uma espiga com grãos, caráter importante na melhoria do rendimento do milho. Estas produzem órgãos reprodutivos revertendo na prolificidade útil, produzindo espigas com grãos ou pode ocorrer a fasciação com

nenhuma formação de grãos. A prolificidade útil é considerada pela produção de uma espiga principal e outras (uma ou duas) espigas subapicais produtivas por planta. Esta característica visa aumentar o rendimento e pode ser influenciada pelas interações entre fatores ambientais e fatores genéticos (DURÃES, 1999).

O processo histórico de domesticação e melhoramento selecionou plantas com grãos em uma única inflorescência no colmo principal. No entanto, o surgimento de múltiplas espigas, além de depender da influência ambiental, também é um caráter genético herdável, pois surge pela ação de fitohormônios responsáveis por complexos processos fisiológicos que influenciam o desenvolvimento da espiga. Esta é uma característica quantitativa altamente correlacionada com rendimento grãos (SANGOI et al., 2010) e que pode ser alterada por seleção.

Sangoi et al. (2010) relataram que as plantas prolíficas toleram condições adversas e trabalhando a parte genética pode-se conseguir materiais que produzam boas espigas por planta, podendo recomendar assim plantios adensados. Portanto, maior número de espigas por planta nem sempre é o objetivo, mas sim um maior número de plantas por área, com pelo menos uma espiga boa, o que pode ser alcançado com genótipos de tendência para maior prolificidade que apresentam menor número de plantas com esterilidade feminina.

A prolificidade não tem sido um caráter priorizado pelos programas de melhoramento de milho (ELIAS et al., 2010). No entanto, embora com uma abordagem um pouco diferente de Sangoi et al. (2010), estes autores consideram que isso deveria ser explorado pois a maior tolerância a condições adversas, devido a sua capacidade inerente de desenvolver pelo menos uma espiga sob estresse e mais de uma quando as condições ambientais são propícias, pode incrementar o rendimento quando a densidade está abaixo da ideal. Assim, os híbridos prolíficos apresentam ampla faixa de densidade para maximizar o rendimento de grãos, enquanto os não prolíficos apresentam uma estreita faixa de densidade ótima (TOKATLIDIS; KOUTROUBAS, 2004).

Nas populações braquíticas nota-se um maior desenvolvimento dos primórdios de espigas em relação às populações de altura normal (Figura 1). No entanto nem sempre ocorre o desenvolvimento de mais de uma espiga. A seleção para aumentar a frequência de genes de efeito quantitativo que transformem mais gemas em espigas, aumentando a prolificidade, é uma possibilidade que deve ser estudada.

Figura 1 – Gemas axilares desenvolvidas em milho braquítico.



Fonte: João Antonio da Costa Andrade

Desde o início do cultivo do milho, provavelmente pelos Astecas, Maias e Incas, foi efetuada a seleção dos melhores indivíduos para a semeadura no ano seguinte, o que data o início da seleção massal na espécie (BENTO et al., 2003). O início da seleção massal no Brasil foi relatado no início do século XX em Minas Gerais, consistindo na seleção de grande número de indivíduos com características fenotípicas semelhantes, que são colhidos em conjunto para constituir a geração seguinte (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Até meados de 1930 eram utilizados basicamente dois métodos de seleção no melhoramento de plantas: massal e espigas por fileira. A seleção massal simples apresenta controle parental mínimo sendo realizado apenas seleção com base no progenitor feminino, uma vez que os gametas masculinos provêm de toda a população. Este método basicamente

consiste na escolha das melhores plantas e aproveitamento das suas sementes para a próxima semeadura. O método de espigas por fileira é fundamentado na seleção com base nos progenitores superiores, que são usados para obtenção da geração seguinte melhorada (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

A utilização da seleção massal, apesar de pioneira, passou a ser questionada em meados do século XX quanto à sua eficácia. No entanto estudos demonstraram que, na cultura do milho, o controle genético dos principais caracteres, predomina a interação alélica aditiva, o que comprova que a ação gênica não era razão do insucesso da seleção massal (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Foi verificado então que o método simples de seleção massal era ineficaz para caracteres de baixa herdabilidade, como o rendimento de grãos. Para caracteres com menos influência do ambiente (herdabilidade alta) os resultados são positivos, como comprovado por Andrade (1988) que obteve, após três ciclos de seleção massal para altura de espigas e número de ramificações de pendão, ganhos de 2,91% e 14,6% por ciclo, respectivamente, em progênes de meios irmãos da população ESALQ-PB 1.

Para contornar os problemas com os caracteres de baixa herdabilidade foi idealizada a seleção massal estratificada, proposta por Gardner (1961). A seleção massal estratificada trata-se de dividir o campo em parcelas ou estratos, praticando-se seleção dentro de cada estrato, havendo um melhor controle ambiental. Este método proporcionou, além de maior controle ambiental, a obtenção de um ciclo por ano e uma relativa facilidade de condução (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

A seleção massal para prolificidade tem sido utilizada como método de seleção indireta para rendimento de grãos, devido às altas correlações com rendimento e a alta herdabilidade do caráter (PIZAIA, 2000). Leon & Coors (2002) avaliaram vinte e quatro ciclos de seleção massal para prolificidade na população de milho Golden Glow, estudo iniciado por Lonquist em 1967, primeiro programa de seleção massal específico para prolificidade em população de polinização

aberta. Após os 24 ciclos foi possível observar, pela resposta correlacionada, que em plantios menos adensados, houve queda no peso da massa de grãos, enquanto em plantios mais adensados houve um aumento na massa de grãos. Os autores concluíram que as características que são influenciadas por poucos genes, como prolificidade, aumentaram o ganho nos ciclos mais recentes, isso por motivo do aumento da frequência alélica favorável, resultado dos sucessivos ciclos de seleção.

Candido e Andrade (2008) avaliaram a população de milho braquítico Isanão – VF1 (ciclo original do Isanão – VF1 PROL 7) na safrinha em diferentes densidades populacionais. A densidade de 57.800 plantas ha<sup>-1</sup> apresentou melhores resultados, pois as progênies apresentaram maior rendimento, menor tombamento e maior prolificidade, em média. Também inferem que a população anã em questão possui variabilidade genética considerável para se realizar melhoramento, tanto para baixa como para alta densidade de semeadura, em condições de safrinha. As estimativas de ganhos esperados com seleção para prolificidade foram de 11,1% e 10,5% para aumentar a prolificidade, nas densidades de 57.700 e 80.000 plantas ha<sup>-1</sup>.

A avaliação de híbridos prolíficos, em consórcio com feijoeiro, propõe a semeadura do milho com menor densidades de plantas afim de ter a produção compensada pela prolificidade das cultivares. Neste caso a produção de grãos de milho é influenciada pelas densidades de semeadura. No entanto, o maior índice de espiga por planta compensa a menor densidade, fazendo com que o rendimento não tenha queda tão acentuada (PATERNIANI, 1990; PEREIRA et al., 1991; SVECNIJAK et al., 2006).

### **2.3 Uso de progênies de meios irmãos no melhoramento genético de milho**

Existem vários tipos de seleção que podem ser realizadas na espécie e a escolha do método específico se dá pelo objetivo do programa de melhoramento. A diferença entre os métodos de seleção se dá basicamente pela presença ou não de avaliação de progênies e pelo grau de controle parental dos progenitores selecionados (BESPALHOK et al., 1999).

A seleção praticada por meio de progênes de polinização livre tem-se mostrado eficiente, principalmente considerando a condução de testes de progênes, a intensidade de seleção praticada e a manutenção do tamanho efetivo da população. Esta metodologia permite manter a herdabilidade do caráter e variabilidade genética para permitir efetiva seleção ciclo após ciclo (CARVALHO et al., 2000).

Dentre os métodos de melhoramento intrapopulacional, um dos mais usados no Brasil envolve a utilização de progênes de meios irmãos, proposto inicialmente por Lonnquist (1964) e Paterniani (1967). O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, promove o aumento da frequência de alelos favoráveis sem elevar as taxas de endogamia, aumenta a precisão da seleção intrapopulacional, não requer polinização manual, sendo de fácil execução.

A seleção massal para prolificidade com controle em ambos sexos foi proposta por Paterniani (1978b). A metodologia consiste em semear bloco isolado e proteger a segunda espiga das plantas prolíficas. Assim que os estigmas dessas espigas emergem, as plantas não prolíficas são emasculadas ou eliminadas, de maneira que as plantas prolíficas são polinizadas somente por gametas masculinos de plantas prolíficas. Uma espiga de cada planta constitui uma progênie de meios irmãos que são debulhadas e estocadas. Geralmente é utilizada a intensidade de seleção de 10 a 20% e as sementes remanescentes são recombinadas na geração seguinte, com a realização de um novo ciclo de seleção.

Progênes de meios irmãos têm sido utilizadas em vários trabalhos para estimativas de parâmetros genéticos. Vencovsky (1987) afirma que é a maneira mais simples de se estimar parâmetros genéticos. A facilidade na condução dos ciclos de seleção, por não exigir sobretudo polinizações manuais, tem se mostrado eficaz em aumentar a frequência de alelos favoráveis na população e tem sido utilizado amplamente na cultura do milho (PATERNIANI, 1967; CUNHA, 1976; LIMA, 1977; MIRANDA FILHO, 1979; CARVALHO et al., 2003). A eficácia da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos tem sido comprovada por diversos autores

quanto às magnitudes dos parâmetros genéticos, especialmente a variância genética aditiva e os ganhos esperados com seleção para rendimento de grãos. Paterniani (1978c) a partir da seleção de duas populações (Piranão VD-2 e Piranão VF-1) estimou ganhos na prolificidade de 14 a 16% em quatro ciclos. Resultados relevantes foram também obtidos no Nordeste brasileiro com vistas à produtividade em milho, conforme relataram Carvalho et al. (2004) com a população CPATC-4. Foram avaliadas 196 progênes de meios irmãos e após dois ciclos de seleção foram estimados ganhos de 11,79% para produtividade de espigas.

A utilização de progênes de meios irmãos tem se tornado uma metodologia usual, visto que a seleção é eficaz em melhorar populações de milho. Sawazaki (1979) estimou progresso genético de 36,92% para rendimento de grãos após treze ciclos de seleção, sendo o progresso médio por ciclo de 2,84%.

Carvalho et al. (2003) estimaram o ganho médio com a seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos de 13,62% para a produtividade de grãos. Neste trabalho foram estimados os ganhos pela seleção massal e seleção entre progênes. Na média dos três ciclos realizados constatou-se um ganho médio de 8,53% pela seleção entre progênes e 5,09% pela seleção massal, evidenciando a maior contribuição na seleção entre progênes de meios-irmãos.

A utilização de progênes de meios irmãos tem tido bons resultados desde o início da utilização desta metodologia por sua eficiência na obtenção de progressos mais rápidos e pela possibilidade de realização de um ciclo por ano. Sendo assim a eficiência da seleção e a facilidade em se obter as estimativas dos parâmetros genéticos da população prolongam cada vez mais o uso desta metodologia.

#### **2.4 Variabilidade genética**

Estudos sobre variabilidade genética são essenciais para traçar estratégias e dar continuidade aos sucessivos ciclos de seleção em programas de melhoramento genético. Os componentes de variância são de utilidade para o melhorista, principalmente o conhecimento

da variância aditiva, herdabilidade e progressos com seleção. Estes parâmetros permitem o conhecimento da população base e auxilia na continuidade do programa em andamento, visto que estes parâmetros permitem conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; PACKER, 1998; BORÉM; MIRANDA, 2013).

O melhoramento de populações tem como objetivo principal aumentar a frequência de alelos favoráveis em ciclos sucessivos. Apesar de existir a possibilidade de um estreitamento da base genética, sempre existe uma variabilidade presente na população pela não fixação de genes, ou pela quebra de blocos gênicos. Dessa maneira são formados novos genótipos a cada geração de recombinação, pois é impossível representar todos os genótipos em apenas uma geração, dado ao grande número de genótipos possíveis, considerando todos os locos envolvidos no controle de um caráter quantitativo. Assim sendo, a estimativa de parâmetros genéticos se torna uma forma de acompanhar a evolução da variabilidade existente na população que está em processo de melhoramento (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

A presença de variabilidade genética é essencial para que haja sucesso na seleção massal entre e dentro famílias de meios irmãos. Bento et al. (2003) estimaram, em duas épocas de avaliação, valores de pequena magnitude para ganho com seleção massal realizada para prolificidade. Na primeira época foi estimado 0,8% de ganho genético médio, enquanto na segunda safra foi estimado um valor de 1,3%. Esses valores baixos de ganho ocorreram devido à pequena variabilidade genética na população para prolificidade.

As estimativas de herdabilidade e de componentes de variância podem orientar o melhoristas durante o processo de seleção na população a ser melhorada, o que auxilia na seleção de indivíduos superiores e na escolha do método de melhoramento. A escolha do método de melhoramento mais apropriado também depende do modo de reprodução da espécie, além da variância aditiva e não aditiva. Para a separação das variâncias aditivas, dominantes e



epistáticas os delineamentos mais utilizados foram propostos por Comstock e Robinson (1952), metodologias que se baseiam na covariância entre os indivíduos aparentados, permitindo estimar os diversos tipos de variância.

A estimativa da herdabilidade permite antever a possibilidade do sucesso da seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada e indica a proporção da variabilidade observada em virtude dos efeitos aditivos dos genes. A herdabilidade no sentido restrito quantifica a importância relativa da proporção aditiva da proporção genética, que pode ser transmitida para a próxima geração, demonstrando assim a porcentagem do caráter que pode ser herdada aos descendentes, permitindo prever o ganho com a seleção, enquanto a herdabilidade no sentido amplo é a razão entre a variância genotípica total e variância fenotípica (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Em milho a herdabilidade pode variar entre os caracteres avaliados, já que este parâmetro é específico e pode oscilar de acordo com as condições ambientais e com a variabilidade existente na população. Contudo, para prolificidade em milho, a herdabilidade entre médias de progênies de meios irmãos encontrada na literatura é variável com valores de 50,6% (ALVES et al., 2002), 48,59% (CARVALHO et al., 2003), 43,52% (ARAÚJO, et al., 2005), 45,01% (CANDIDO, 2005) e 64,29% (CANDIDO et al., 2011).

A variância genética aditiva é um componente de grande importância em razão de ser a responsável pela resposta da população à seleção, quantifica a relação entre a unidade de seleção e a unidade melhorada, além de constituir um indicativo da facilidade de identificação de genótipos superiores (FALCONER; MACKAY, 1996). A análise dos dados do teste de progênies permite estimar a variância genética aditiva na população base e, em consequência, verificar quais as chances de êxito na seleção e detectar as possíveis alterações que podem ocorrer na variabilidade genética, durante o desenvolvimento de sucessivos ciclos de seleção (CARVALHO et al., 2003).

A variância genética aditiva em experimentos com progênes de meios irmãos, permite ao melhoristas verificar alterações na variabilidade genética e na escolha do método de seleção (BARROS, 2007). Trabalhos com progênes de meios irmãos tem apresentado grande oscilação, principalmente para o caráter de rendimento de grãos, conforme cita Ramalho (1977), em um levantamento realizado no Brasil até 1976. A variação foi de 42,0 a 758,0 (g/planta)<sup>2</sup>, com média de 320,0 (g/planta)<sup>2</sup>.

Hallauer et al. (2010) também realizaram um levantamento envolvendo 99 populações norte americanas, encontrando um valor médio de 469,0 (g/planta)<sup>2</sup>. Comprovaram a eficiência do método de seleção entre progênes de meios irmãos ressaltando que, além de sua praticidade, é capaz de manter suficiente variabilidade genética para propiciar progresso no decorrer dos ciclos de seleção. Valores altos da variância genética aditiva [1.995,0 (g/planta)<sup>2</sup> e 1.725,8 (g/planta)<sup>2</sup>] foram encontrados por Lordêlo (1982) nas populações Piranão VD-2 e Piranão VF-1, respectivamente.

O índice de variação  $b$  é um parâmetro estimado com base no coeficiente de variação genética e no coeficiente de variação ambiental, ou seja, estima a proporção da variância genética em relação à variância residual. De acordo com Vencovsky (1987), uma situação mais favorável para a seleção entre progênes de milho é quando a estimativa de  $b$  apresenta valor próximo à unidade.

Trabalhos que envolvem a estimativa de parâmetros genéticos em populações de milho, utilizando progênes de meios irmãos, são extensos na literatura. Miranda Filho et al. (1974) estimaram variância aditiva, herdabilidade em nível de médias e ganho esperado para altura de plantas e espigas em progênes de meios irmãos dos compostos Dentado e Flint. Para altura de plantas foram encontrados, respectivamente, para a população Dentado, 208 (cm/planta)<sup>2</sup>, 49,5% e 14,1 (cm/planta). Para a população Flint os valores foram 308 (cm/planta)<sup>2</sup>, 76,8% e 17,9 (cm/planta), para altura de plantas. Para altura de espigas as estimativas foram,

respectivamente, 275 (cm/planta)<sup>2</sup>, 71,7% e 18,6 (cm/planta) para a população Dentado e 224 (cm/planta)<sup>2</sup>, 66,6% e 16,5 (cm/planta) para a população Flint.

Lemos et al. (1992) estimaram parâmetros genéticos para a população Dentado Composto, avaliando-se 400 progênes de meios irmãos do segundo ciclo de seleção. As estimativas obtidas para variância aditiva foram 289,41 (cm/planta)<sup>2</sup>, 237,56 (cm/planta)<sup>2</sup> e 677,38 (g/planta)<sup>2</sup>, respectivamente para altura de plantas, altura de espigas e peso de espigas.

Oito ciclos de seleção na população de milho CPATC-4 no nordeste brasileiro, foram avaliados por Menezes et al. (2007) para o caráter peso de espigas. Dentre vários parâmetros foram estimados variância genética aditiva, herdabilidade e índice “*b*” para os oito ciclos obtidos. Para o ciclo 0 os valores estimados foram 303,04 (g/planta)<sup>2</sup>, 40,02% e 0,53; para o ciclo VIII foram 347,33 (g/planta)<sup>2</sup>, 34,97% e 0,52, confirmando a manutenção de variabilidade ao longo dos ciclos de seleção. As estimativas do ganho esperado com seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos foram em média de 9,46% e 5,44%, respectivamente, sendo 14,90%, o ganho médio ciclo/ano, o que implica que mesmo após oito ciclos de seleção o ganho previsto ainda é razoável.

Parâmetros genéticos da população de milho UFGD1 foram estimados por Prado et al. (2012) para diversos caracteres, dentre eles peso de espigas e produtividade de grãos. Para o ambiente 1 as estimativas de herdabilidade foram de 26,78% e 31,24% para peso de espigas e rendimento de grãos. O índice *b* foi de 0,43 e 0,48 respectivamente. Para o ambiente 2 a herdabilidade estimada foi de 17,41% para peso de espigas e 0,99% para rendimento de grãos e o índice *b* foi de 0,32 para peso de espigas e 0,070 para rendimento de grãos. A redução nos valores de herdabilidade quando comparados os dois locais ocorreu, segundo os autores, devido ao estresse ambiental no ambiente 2, havendo maior influência sobre a variação fenotípica, o que reduziu a herdabilidade e consequentemente o ganho por seleção.

Kist et al. (2010) estimaram ganhos genéticos com base em progênies de meios irmãos, na população MPA1 no estado de Santa Catarina. Para altura de plantas, em três locais, foi estimada uma média de 251cm, valor semelhante ao estimado por Andrade & Miranda Filho (2008), em famílias de meios irmãos da população ESALQ-PB1 avaliadas em Piracicaba. O ganho estimado para reduzir a altura de plantas foi em média de 5,3% e para o aumento no rendimento de grãos foi em média de 5,0%, permitindo concluir que a população MPA1, exibe variabilidade genética suficiente para ser usada em processos sucessivos de seleção.

### **3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 Descrição do local de instalação e épocas**

Os experimentos foram conduzidos em área experimental da Fazenda de Ensino e Pesquisa da UNESP - Campus de Ilha Solteira, localizada no município de Selvíria-MS, apresentando as coordenadas geográficas 51° 22' de longitude Oeste e 20° 22' de latitude Sul com altitude de 335 metros. O clima da região é classificado como tipo Aw, apresenta precipitação anual média de 1330 mm, umidade relativa de 66% e as temperaturas oscilam em torno de 25°C (CENTURION, 1982). O solo do local é classificado como Latossolo Vermelho distroférrico de textura argilosa (EMBRAPA, 2013).

Os experimentos foram instalados em duas épocas, sendo na segunda safra de 2017, de abril a julho/2017, e primeira safra 2017/2018, entre outubro/2017 e fevereiro/2018.

#### **3.2 Seleção massal e obtenção de progênies**

As populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 foram obtidas pela reincorporação de gene braquítico isolado na geração S<sub>4</sub> dos Compostos Flintisa e Dentado (altura normal). A reincorporação foi feita pelo cruzamento das progênies S<sub>4</sub> braquíticas com suas respectivas populações de origem. Foi obtida a geração F<sub>2</sub> e feita a recombinação das plantas braquíticas. Os sete ciclos de seleção massal para prolificidade foram obtidos como sugere Paterniani (1978b), adaptando-se a recombinação da segunda espiga para polinização manual, com “SIB” entre as plantas prolíficas.

Em setembro de 2016, foram semeados lotes isolados de polinização aberta do sétimo ciclo de seleção das duas populações para obtenção das progênies de meios irmãos. Foram selecionadas plantas com duas ou mais espigas, onde a segunda espiga foi autofecundada (Progênies S<sub>1</sub>) e a primeira deixada com polinização aberta (consideradas como meias irmãs). As progênies de polinização aberta foram avaliadas na segunda safra de 2017 (E1) e na s

primeira safra 2017/2018 (E2), e a espiga autofecundadas foram armazenadas para recombinação após a seleção. Foram utilizadas para avaliação 124 progênies de meios irmãos da população Isanão VF-1 e 65 progênies da população Isanão VD-1, a população Isanão VD-1 foi avaliada com número menor de progênies devido à quantidade insuficiente de sementes para repetir as avaliações nas duas épocas de semeadura.

### 3.3 Delineamento experimental e condução dos ensaios

As progênies foram avaliadas na segunda safra 2017 e na primeira safra 2017/2018 em parcelas constituídas de duas linhas de 5 m com espaçamento de 0,45 m entre linhas e 0,277 m entre plantas (80.000 plantas ha<sup>-1</sup>). A semeadura foi realizada em sistema convencional, distribuindo-se o dobro de sementes necessárias, realizando-se o desbaste no estágio de cinco folhas desenvolvidas para se obter a população de plantas desejada.

O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições, sendo as progênies, de cada população, divididas em três experimentos com duas testemunhas comerciais comuns em todos os experimentos. As testemunhas comuns em todos os experimentos foram os híbridos comerciais DKB 390 PRO3 e BG 7049H que, conforme informações das empresas, apresentam bom potencial produtivo, amplitude de semeadura e boas condições de sanidade, sendo tolerantes à pressão moderada de insetos sugadores e doenças como o enfezamento.

Foi realizada adubação com 300 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula 8-28-16 no sulco de semeadura e cobertura com 200 kg ha<sup>-1</sup> de ureia no estágio V6 (6 folhas desenvolvidas). A adubação foi realizada de acordo com análise química do solo realizada antes da instalação do experimento, sendo utilizadas como base teórica as recomendações de Raij et al. (1997). O controle de plantas daninhas foi feito com uma aplicação de Atrazina (1,5 kg ha<sup>-1</sup>) e S-Metolacoloro (1,2 kg ha<sup>-1</sup>), em pré-emergência das plantas daninhas e da cultura. Para controle de lagartas do cartucho e da espiga foram feitas quatro liberações de *Trichogramma pretiosum* (100.000

insetos ha<sup>-1</sup> por liberação), na E1, e na E2 foi realizado controle químico das lagartas.

### 3.4 Caracteres avaliados

Durante a condução do experimento em campo e após a colheita das parcelas foram avaliados os seguintes caracteres:

- a) *Florescimento feminino (FF)* – número de dias para que 50% da parcela apresentasse estigmas com pelo menos 3 cm de comprimento;
- b) *Enfezamento (ENF)* - avaliado no estágio fenológico R2 (grãos leitosos), considerando os sintomas de infecção por fitoplasma e espiroplasma, ou seja, amarelecimento ou avermelhamento nas margens ou ápice das folhas, surgimento de estrias esbranquiçadas na base das folhas e também a seca foliar precoce (OLIVEIRA et al., 2007). Os níveis de severidade em cada parcela foram enquadrados em uma escala de 1 a 9, adaptada de Sawazaki et al. (2003), em que: 1 – ausência de sintomas da doença; 2 – 20% de plantas com sintomas leves; 3 – 50% de plantas com sintomas leves; 4 – 100% de plantas com sintomas; 5 – 100% de plantas com sintomas, sendo 10% com sintomas severos; 6 - 100% de plantas com sintomas, sendo 25% com sintomas severos; 7 - 100% de plantas com sintomas, sendo 40% com sintomas severos; 8 - 100% de plantas com sintomas, sendo 70% com sintomas severos; e 9 – 100% das plantas com sintomas severos.
- c) *Altura de plantas (AP)* - medida em metros, do nível do solo ao final da bainha da folha bandeira (média de cinco plantas competitivas da parcela);
- d) *Altura de espigas (AE)* - medida em metros, do nível do solo à inserção da espiga superior (média de cinco plantas competitivas da parcela);
- e) *Estande final (EF)* - número total de plantas de cada parcela na colheita;
- f) *Número de plantas em pé (PP)* – número de plantas não acamadas (ângulo menor que 20° com a vertical) e/ou não quebradas (colmo quebrado abaixo da espiga) da parcela;

- g) *Número de espigas (NE)* – número total das espigas produzidas na parcela;
- h) *Prolifricidade (PRO)* – número de espigas por planta (NE/EF);
- i) *Tombamento (TOMB)* – número de plantas acamadas por parcela (colmo formando um ângulo maior que 20° com a vertical) e quebradas [colmo quebrado abaixo da inserção da (s) espiga (s)] (E-PP);
- j) *Rendimento de espigas (RE)* – rendimento de espigas despalhadas, tomada em kg como total da parcela;
- k) *Umidade dos grãos (U)* - medida em porcentagem, com utilização de aparelho eletrônico;
- l) *Rendimento de grãos em kg ha<sup>-1</sup> a 13% de umidade (RG)* –  $RG = 10.000 \text{ MG} (1-U_{ob})/[4,5 (1-0,13)]$ , sendo MG a massa de grãos da parcela,  $U_{ob}$  a umidade observada e 4,5 a área da parcela.

Para análise estatística de RE e RG os dados foram corrigidos para estande ideal de 36 plantas por parcela pelo método da covariância (CRUZ, 2006).

Na segunda safra 2017 foram avaliados apenas os caracteres ENF, TOMB, PRO e RE. Isto ocorreu pela alta severidade de enfezamento. Conseqüentemente as análises conjuntas foram realizadas apenas para estes caracteres.

### 3.5 Análises de variância

Após a coleta de dados foi realizado, inicialmente, o teste de Kolmogorov/Smirnov para verificação da normalidade dos dados e as análises de variância individuais de cada experimento para os caracteres avaliados e posteriormente a análise agrupada, análise conjunta e conjunta agrupada. A homogeneidade das variâncias residuais foi verificada pela razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo, sendo consideradas homogêneas quando os resultados foram menores que sete, permitindo o agrupamento dos dados (BANZATTO; KRONKA, 2006).

Os experimentos foram analisados separadamente, para as variáveis FF, AP, AE, ENF,



PRO, TOMB, RE e RG, segundo a metodologia de blocos ao acaso descrita por Gomes (1978). Em seguida os quadrados médios de progênes e do erro experimental foram agrupados em cada época para se estimar os diversos tipos de variâncias. Os dados de plantas individuais para AP e AE foram utilizados para cálculo do quadrado médio dentro de parcelas, enquanto que a média de parcelas foi utilizada para cálculo dos demais quadrados médios da análise de variância.

Para as análises individuais de cada experimento, o modelo matemático empregado foi  $Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + \varepsilon_{ij}$ , onde:

$Y_{ij}$  = valor observado para o tratamento  $i$  na repetição  $j$ ;

$\mu$  = média geral do experimento;

$p_i$  = efeito aleatório da progênie  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, p$ ), ou fixo da testemunha  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, s$ );

$b_j$  = efeito aleatório do bloco  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, r$ );

$\varepsilon_{ij}$  = erro devido a fatores não controlados em nível das parcelas.

De acordo com este modelo, o esquema da análise de variância contendo as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e as respectivas esperanças dos quadrados médios [E(QM)], estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Esquema da análise de variância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$r - 1$	QMB	----
Tratamentos	$(t - 1)$	QMT	----
Progênes (Prog)	$p - 1$	QMP	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Testemunhas (Test)	$te - 1$	QMTe	----
Prog vs Test	1	QMPvsTe	----
Erro	$(r - 1)(t - 1)$	QMR	$\sigma_e^2$
Total	$rt - 1$	-----	-----

Nota: Modelos matemáticos e E(QM) adotados conforme Cruz (2006a) e Vencovsky & Barriga (1992).

Fonte: próprio autor.

Para as análises de variância agrupadas, a qual o esquema está apresentado na Tabela 2, o modelo matemático empregado foi,  $Y_{ijk} = \mu + p_{i(k)} + e_k + b_{j(k)} + \bar{\epsilon}_{ijk}$ , em que:

$Y_{ijk}$  = valor observado para o tratamento  $i$  na repetição  $j$  e experimento  $k$ ;

$\mu$  = média geral dos experimentos;

$p_{i(k)}$  = efeito da  $i$  - ésima progênie dentro do  $k$  - ésimo experimento;

$e_k$  = efeito fixo do  $k$  - ésimo experimento ( $k = 1, 2, \dots, e$ );

$b_{j(k)}$  = efeito do  $j$  - ésimo bloco dentro do  $k$  - ésimo experimento;

$\bar{\epsilon}_{ijk}$  = erro médio aleatório.

Tabela 2 - Esquema da análise de variância agrupada para cada época, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos / Exp	e(r-1)	QMB	----
Experimentos (Exp)	e-1	QME	----
Testemunhas	te-1	QMTe	$\sigma_e^2 + r\phi_T$
Test. x Exp	(te-1)(e-1)	QMTeE	$\sigma_e^2 + r\phi_{Te}$
Progênies / Exp	e(p-1)	QMP	$\sigma_e^2 + r\phi_p^2$
(Test. vs Prog.) / Exp	e	QMPvsTe	$\sigma_e^2 + r\phi_{PvsT}$
Resíduo	e(t-1)(r-1)	QMR	$\sigma_e^2$
Total	e(rt - 1)	-----	-----

Nota: Modelos matemáticos e E(QM) adotados conforme Cruz (2006a) e Vencovsky & Barriga (1992).  
Fonte: próprio autor.

Para as análises individuais e agrupadas adotou-se a acurácia seletiva como medida de precisão experimental, sendo estimada com base na fórmula:  $\hat{\tau}_{gg} = (1 - 1/F)^{1/2}$ , em que  $F$  é o valor da razão de variâncias para os efeitos de tratamentos, associada à análise de variância. Este parâmetro não depende apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, mas também da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação (RESENDE; DUARTE, 2007).

Foram também realizadas as análises de variância conjuntas e conjuntas agrupadas, cujos esquemas estão apresentados, respectivamente, nas Tabelas 3 e 4, considerando o fator

progênes como aleatório e época como fixo.

O modelo estatístico utilizado para análise de variância conjunta foi

$$Y_{ijl} = \mu + p_i + b_{j(l)} + S_l + (pS)_{il} + \bar{\varepsilon}_{ijl}, \text{ onde:}$$

$Y_{ijl}$  = observação da  $i$ -ésima progênie no  $j$ -ésimo bloco, da  $l$ -ésima época;

$\mu$  = média geral dos experimentos;

$p_i$  = efeito aleatório da progênie  $i$ ;

$b_{j(l)}$  = efeito do bloco  $j$  dentro da época  $l$ ;

$S_l$  = efeito da época  $l$  ( $l = 1, 2, \dots, s$ );

$(pS)_{il}$  = efeito da interação entre a progênie  $i$  e a época  $l$ ;

$\bar{\varepsilon}_{ijl}$  = erro médio aleatório associado à observação  $ijl$ .

Tabela 3 - Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos/Época	$s(r - 1)$	QMB	-----
Época (E)	$s - 1$	QMS	$\sigma_e^2 + r \left( \frac{rs}{s} - 1 \right) \sigma_{ps}^2 + p\sigma_b^2 + pr\phi_s$
Progênes (P)	$p - 1$	QMP	$\sigma_e^2 + sr\sigma_p^2$
Testemunhas (Test)	$te - 1$	QMTe	-----
P vs Test	1	QMPvsTe	-----
P x E	$(g - 1)(s - 1)$	QMPS	$\sigma_e^2 + r \left( \frac{rs}{s} - 1 \right) \sigma_{ps}^2$
Test. x E	$(te - 1)(s - 1)$	QMTeS	-----
(P vs Test) x E	$s - 1$	QMPvsTeS	-----
Resíduo	$(r - 1)(t - 1)s$	QMR	$\sigma_e^2$
Total	$trs - 1$	-----	-----

Nota: Modelos matemáticos e E(QM) adotados conforme Cruz (2006a) e Vencovsky & Barriga (1992).

Fonte: próprio autor.

Para análise conjunta agrupada envolvendo todos os experimentos o modelo matemático adotado foi  $Y_{ijkl} = \mu + p_{i(k)} + b_{j(kl)} + S_l + e_k + (pS)_{il(k)} + (Se)_{kl} + \bar{\varepsilon}_{ijkl}$ , onde:

$Y_{ijkl}$  = observação no  $j$ -ésimo bloco, avaliado no  $i$ -ésimo tratamento,  $k$ -ésimo experimento e  $l$ -ésima época;

$\mu$  = média geral dos experimentos;

$p_{i(k)}$  = efeito da progênie  $i$  dentro do experimento  $k$ ;

$b_{j(kl)}$  = efeito do  $j$ -ésimo bloco dentro do  $k$ -ésimo experimento e da  $l$ -ésima época;

$S_l$  = efeito da época  $l$  ( $l = 1, 2, \dots, s$ );

$e_k$  = efeito do experimento  $k$ ;

$(pS)_{il(k)}$  = efeito da interação progênie  $i$  x época  $l$ , dentro do  $k$ -ésimo experimento;

$Se_{(lk)}$  = efeito da interação época  $l$  x experimento  $k$ ;

$\bar{\epsilon}_{ijkl}$  = erro médio aleatório.

Tabela 4 – Esquema da análise de variância conjunta agrupada envolvendo os três experimentos, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos/ Época/ Exp	se (r-1)	QMB	-----
Época/Exp	e (s-1)	QMS	-----
Progênies/Exp	e (p-1)	QMP	$\sigma_e^2 + sr\sigma_p^2$
Testemunhas	(te - 1)	QMTe	-----
(Prog x Época)/Exp	e (p-1)(s-1)	QMPvsS/E	$\sigma_e^2 + r \left( \frac{rs}{s} - 1 \right) \sigma_{ps}^2$
Experimento (Exp)	(e - 1)	QME	-----
Resíduo	se (p+te-1)(r-1)	QMR	$\sigma_e^2$

Nota: Modelos matemáticos e E(QM) adotados conforme Cruz (2006a) e Vencovsky & Barriga (1992).  
Fonte: próprio autor.

Os modelos matemáticos e as esperanças dos quadrados médios foram adotados conforme Cruz (2006a) e Vencovsky & Barriga (1992). As análises individuais, agrupadas para cada época e conjuntas, foram realizadas com auxílio do programa genético-estatístico GENES (CRUZ, 2016). O agrupamento das análises conjuntas foi feito manualmente a partir dos

quadrados médios das análises conjuntas.

### 3.6 Estimativas dos parâmetros genéticos

Para cada caráter avaliado, a partir dos quadrados médios da análise de variância foram realizadas as estimativas dos seguintes parâmetros genéticos:

- Variância ambiental:  $\hat{\sigma}_e^2 = \text{QMR}$ ;
- Variância genética entre progênes: para análise agrupada  $\hat{\sigma}_p^2 = (\text{QMP} - \text{QMR})/r$  e para análise conjunta agrupada  $\hat{\sigma}_p^2 = (\text{QMP} - \text{QMR})/sr$ ;
- Variância genética aditiva:  $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$ ;
- Variância fenotípica média: para análise agrupada  $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r$  e para análise conjunta agrupada  $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_{ps}^2/\lambda + \hat{\sigma}_e^2/r$ , onde  $\lambda = rs/(s-1)$ ;
- Coeficiente de herdabilidade em nível de médias de progênes:  $h_m^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{\sigma}_F^2$ ;
- Coeficiente de variação genética:  $CV_g = 100 \sqrt{\hat{\sigma}_p^2} / m$ ;
- Índice de variação:  $\hat{b} = CV_g / CV_e$ .

O ganho esperado com seleção foi estimado com intensidade de 20% entre progênes, pela expressão  $GS = i\hat{\sigma}_p^2 / \sqrt{\hat{\sigma}_F^2}$  sendo  $i = 1,3998$  (diferencial de seleção estandardizado para intensidade de seleção de 20%),  $\hat{\sigma}_p^2 =$  variância genética entre progênes e  $\hat{\sigma}_F^2 =$  variância fenotípica entre médias de progênes

## **4 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **4.1 Análises de variância e médias da população Isanão VF-1**

Nas análises individuais dos experimentos na E1 (Tabela 5) houve efeito significativo para progênies em todos os experimentos para todos os caracteres avaliados. Os coeficientes de variação (CVe) para enfezamento variaram de 7,11% e 7,61% entre os experimentos, valores considerados baixos indicando alta precisão experimental para este caráter. Provavelmente a uniformidade na intensidade e momento da infecção proporcionaram a baixa interação entre os tratamentos e blocos. Valores de CVe superiores foram encontrados por Garcia (2005), oscilando entre 23,94% e 31,89% em progênies de meios irmãos do Isanão VF1 original, na segunda safra.

Para prolificidade a média das progênies variou de 0,57 a 0,70 espigas por planta e o rendimento de espigas variou entre os experimentos de 1.023,06 a 1.555,02 kg ha<sup>-1</sup>. Ambos os caracteres apresentaram altos coeficientes de variação variando entre 28,02% a 36,70%, valores elevados segundo Scapim et al. (1995), que consideram valores de CVe próximos de 25% para rendimento muito elevados, mas satisfatórios para o caráter. Os baixos valores de médias para prolificidade e rendimento de espigas são explicados pela alta incidência do complexo enfezamento devido à infecção nas fases iniciais da cultura, além das condições climáticas normalmente desfavoráveis na segunda safra.

Apesar de altos CVe, observou-se elevados valores de acurácia para todos os caracteres avaliados, variando entre 0,63 e 0,89. De acordo com Resende & Duarte (2007), estes valores de acurácia indicam experimentos com alta precisão experimental, determinando que independente dos valores do CVe o experimento apresentou alta precisão, visto que os valores de acurácia não são diretamente proporcionais aos valores de CVe.

Para as análises individuais da E2 (Tabela 6), não houve efeitos significativos para progênies para altura de plantas no experimento 1, florescimento feminino e tombamento no

experimento 2 e prolificidade no experimento 3. De acordo com a acurácia, todos os caracteres apresentaram alta precisão experimental ( $\hat{r}_{gg} \geq 0,70$ ) ou moderada precisão (entre 0,50 e 0,69), exceto florescimento feminino que apresentou baixa acurácia no experimento 2 (0,41), apesar de possuir um CVe baixo (6,79%).

Para prolificidade foi observado valor médio entre as progênes variando entre 1,39 a 1,48 espigas por planta, maiores que 1,04 espigas por planta encontrado por Garcia (2005) que para o Isanão- VF1 original em experimento também conduzido em primeira safra.

Nas análises agrupadas, para todos os caracteres houve variação significativa entre progênes nas duas épocas avaliadas (Tabela 7). Este resultado é a primeira indicação da existência de variabilidade genética entre as progênes a ser explorada em ciclos futuros de seleção. Foi detectada diferença significativa entre os experimentos, exceto para enfezamento na E1, provavelmente pela alta incidência da doença em todos os experimentos, e para florescimento feminino e tombamento na E2. Houve significância entre as progênes nas duas épocas de semeadura para tombamento, sendo que a média de plantas tombadas na E1 foi maior que na E2, tanto para progênes (10,13 plantas/parcela) quanto para testemunhas (9,78). Este resultado pode ter sido acometido pelos ventos de alta velocidade que atingiram os experimentos, associados aos sintomas do complexo enfezamento que afetam a rigidez do colmo aumentando a ocorrência do tombamento. Os valores da acurácia seletiva variaram de 0,61 a 0,86, considerados por Resende & Duarte (2007) como indicadores de alta precisão experimental.

Para os caracteres em comum, avaliados em ambas as épocas pode-se perceber que, na primeira safra, houve menor incidência de enfezamento, sendo que a nota média das progênes para este caráter caiu de 8,03 (E1) para 3,94 (E2). Esta queda drástica nos sintomas da doença pode ser explicada pelas condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento do vetor, a cigarrinha, ocorrendo um aumento da população do inseto vetor na segunda safra e

consequentemente aumentando as epidemias em campo (MASSOLA, 2001), o que pode ter contribuído com a alta severidade da doença nas progênies durante a E1.

Para prolificidade, em ambas as épocas, as médias de progênies foram maiores quando comparadas às testemunhas, possível resultado positivo da seleção que vem sendo realizada na população. Na E2 a prolificidade média encontrada foi de 1,43 espigas/planta, enquanto que na E1 foi de 0,65 (espigas/planta). Resultados semelhantes foram encontrados por Bento et al. (2003) na segunda safra obteve, com 0,91 espigas/planta na segunda safra e 1,39 espigas/planta na primeira safra, no terceiro ciclo de seleção massal para prolificidade.

Os caracteres florescimento feminino, altura de plantas e altura de espigas foram avaliados somente na E2. Quanto aos dias para florescimento feminino as médias foram próximas entre progênies e testemunhas (59,64 e 58,56 dias). Para altura de plantas e de espigas as testemunhas apresentaram valores elevados em relação às progênies, resultado já esperado, uma vez que as testemunhas não são braquíticas. Foram observados valores médios de altura de plantas de 1,60 m para as progênies e 2,26 m para as testemunhas. Para altura de espigas foram observados 0,81 m e 1,32 m para progênies e testemunhas, respectivamente. Estes valores são esperados já que a população Isanão VF-1 possui o gene mutante recessivo br2, que reduz os internódios da planta.

O rendimento de espigas, como esperado, foi maior na E2 que na E1. Esses resultados são coerentes com outros trabalhos que indicam ser outubro a época mais apropriada para a semeadura do milho no centro sul do Brasil. Bento et al. (2003) encontraram valores rendimento de espigas despalhadas na primeira safra que superaram em 72,5% o rendimento obtido na segunda safra.

Na Tabela 8, encontra-se a análises de variância conjunta por tratamentos comuns para os experimentos, nas duas épocas avaliadas. Estão apresentados os caracteres, que foram avaliados em comum nas duas épocas: enfezamento, tombamento, prolificidade e rendimento



de espigas. Verificaram-se, para épocas, diferença significativa em todos os caracteres, exceto para tombamento nos experimentos 2 e 3. A interação Progênes x Safra também foi significativa para todos os caracteres avaliados, com exceção nos experimentos 2 e 3 para os caracteres enfezamento e prolificidade. A significância da interação indica que o efeito de épocas no desenvolvimento das plantas não foi igual para todas as progênes.

Na análise de variância conjunta agrupada, envolvendo todos os experimentos (Tabela 9), o teste F indicou diferenças significativas para épocas e progênes em todos os caracteres. Este resultado, já esperado, indica que as condições ambientais diferentes influenciaram todos os caracteres. A interação progênes x épocas também foi significativa para todos os caracteres avaliados, indicando que houve diferença no efeito de épocas entre as progênes para os caracteres avaliados.

#### **4.2 Estimativas de parâmetros genéticos para a População Isanão – VF1**

Os parâmetros genéticos apresentados na Tabela 10, indicam para caracteres comuns nas duas épocas, que a variância ambiental foi maior na primeira safra para enfezamento, tombamento, prolificidade e rendimento de espigas. A herdabilidade foi relativamente alta para todos os caracteres avaliados, indicando que a população ainda possui variabilidade genética suficiente para continuar sendo melhorada. Em E2 os caracteres altura de espigas, rendimento de espigas e rendimento de grãos apresentaram herdabilidade acima de 60% e índices de variação bem próximos à unidade (0,846, 0,956 e 0,952, nesta ordem) indicando predominância da variação genotípica sobre a variação experimental. Segundo Vencovsky & Barriga (1992), uma situação muito favorável para a seleção entre progênes de milho é observada quando a estimativa do índice  $b$  apresenta valor próximo à unidade.

Para florescimento feminino, caráter avaliado apenas na E2, a variância aditiva foi  $5,57$  (dias)<sup>2</sup>, equivalentes aos de Araújo (1992) que relatou valores entre  $5,0$  e  $6,0$  (dias)<sup>2</sup>. A herdabilidade para este caráter foi de 37,70%, valor superior ao encontrado por Garcia (2005)

na primeira safra (14,09%) para o ciclo original da população Isanão – VF1. Verifica-se, portanto a manutenção da variabilidade após os sete ciclos de seleção para prolificidade, princípio básico da seleção recorrente.

Para altura de plantas foi estimada coeficiente de variação genético de 6,508%. Entriger (2015) encontrou valor semelhante para população de milho doce de porte baixo (6,49%). A variância aditiva foi de 430,0 (cm/planta)<sup>2</sup>, próximo ao encontrado por Rissi (1980) [468,9 (cm/planta)<sup>2</sup>] para população de porte baixo na primeira safra.

Para altura de espigas as estimativas de variância aditiva foram de 260,0 (cm/planta)<sup>2</sup> na E2. Valores aproximados foram estimados para a população Piranão [258,4 (cm/planta)<sup>2</sup>] (RISSI, 1980), enquanto Rodrigues (2013) estimou 259,96 (cm/planta)<sup>2</sup>, para a população semiexótica CRE-03. A variância genotípica encontrada neste trabalho para este caráter foi de 70,0 (cm/planta)<sup>2</sup>, baixo quando comparado com os encontrados por Cárdenas (2005), que estimou, para uma população de milho normal, variância genética de 87,20 (cm/planta)<sup>2</sup>. O coeficiente de variação genético estimado foi de 9,937%, semelhante ao encontrado por Rissi (1980) de 9,8% para a população Piranão e superior ao encontrado por Rodrigues (2013) em populações semiexóticas (valor médio de 5,0%).

A variância aditiva para rendimento de grãos foi de 562,098 (g/planta)<sup>2</sup>. Ao reportarem estimativas de variância genética aditiva de 99 trabalhos de milho, Hallauer et al. (2010) encontraram em média 469,1 (g/planta)<sup>2</sup> na época normal de semeadura. A herdabilidade para este caráter foi de 71,54%, o que indica que há variabilidade genética. Estimou-se coeficiente de variação genético de 13,80%. Na literatura valores variados para este parâmetro são encontrados, já que são dependentes da variabilidade genética presente na população. Rodrigues (2013) estimou para populações semiexóticas de milho coeficientes de variação genéticos que variaram entre 19,72% e 22,15%. Foram estimados ganho com seleção direta sobre este caráter, obtendo 16,33% de ganho para rendimento de grãos.

As herdabilidades estimadas para enfezamento foram de 56,84% (E1) e 43,50% (E2) (Tabela 10). Para tombamento as herdabilidades estimadas foram de 74,82% (E1) e 46,03% (E2). Índices de variação para estes caracteres variaram entre 0,497 e 0,994. Os valores estimados indicam que, para estes caracteres, pode se haver sucesso em futuros ciclos de seleção.

Para prolificidade foi observado herdabilidade de 49,72% (E1) e 39,36% (E2), indicando a existência de variabilidade suficiente para o progresso com a seleção, mesmo após os sete ciclos iniciais praticados, confirmando a eficiência da metodologia de seleção que vem sendo realizada nas populações. Os índices de variação foram de 0,571 (E1) e 0,461 (E2), valores satisfatórios para continuar a seleção para este caráter. Na literatura valores variados de herdabilidade são relatados. Alves et al. (2002) observaram herdabilidade que variaram de 12% a 52,9% para prolificidade em famílias de meios irmãos. O coeficiente de variação genético para este caráter foi de 19,234% (E1) e 8,392% (E2). Para enfezamento foi estimado um ganho de seleção direta de -5,11% (E1) e -10,48% (E2).

Para rendimento de espigas a estimativa da variância genética aditiva foi de 39,46 (g/planta)<sup>2</sup> na E1 e 848,64 (g/planta)<sup>2</sup> na E2. Estes valores são aproximados aos encontrados por Carvalho et al. (2007), que estimaram variância aditiva de 26,4 (g/planta)<sup>2</sup> no décimo ciclo de seleção para rendimento de espigas e 794,8 (g/planta)<sup>2</sup> após sete ciclos de seleção para este caráter. O ganho com seleção para rendimento de espigas foi de 20,75% (E1) e 15,74% (E2).

Com seleção para prolificidade, em E1, tem-se um ganho direto estimado de 18,65% e indireto de 0,04%, -21,58%, e 15,84% para enfezamento, tombamento e rendimento de espigas, respectivamente. Para E2, para estes mesmos caracteres estimou-se ganho direto de 4,63% e ganhos indiretos de 3,76%, 1,61% e 6,76%, respectivamente. Ainda em E2, para florescimento feminino foi previsto um ganho baixo (-0,09%) e um incremento estimado para altura de plantas

(1,59%) e altura de espigas (1,52%). O incremento na altura de plantas e espigas normalmente é tido como desfavorável, mas a magnitude é baixa e é comum na literatura quando se faz seleção massal para prolificidade. Em populações braquíticas um pequeno aumento na altura de plantas e espigas é tolerável, pois as médias originais desses caracteres são bem baixas. Bento et al. (2003) observaram, na primeira safra, um incremento na altura de plantas (1,2%) e espigas (1,8%) ao realizar seis ciclos de seleção massal para prolificidade. Resultados semelhantes, onde houveram incrementos na altura de plantas, também foram encontrados por Marek & Gardner (1979) e Barrientos et al. (1999).

Segundo Cruz (2005) para que o valor da média da população melhorada apresente superioridade em relação à média original da população, é necessário que os valores de ganho por seleção sejam expressivos.

A Tabela 11 apresenta as estimativas dos parâmetros genéticos, na análise conjunta agrupada. Nesta análise os parâmetros foram recalculados isolando-se a variância da interação progênies x épocas, permitindo assim a possibilidade de inferir sobre o melhoramento da população utilizando um único programa para as duas épocas de semeadura. Foi estimada variância da interação entre progênies e épocas para enfezamento, tombamento, prolificidade e rendimento de espigas de 0,041, 3,181, 0,005 e 93,496 respectivamente. Como a interação progênies x épocas foi significativa para todos os caracteres (Tabela 9) indica que houve comportamento diferente das progênies entre as épocas avaliadas. Com base nestes resultados é possível realizar seleção em um único programa para as duas épocas, no entanto o fato da interação ter apresentado significância para todos os caracteres sugere-se realizar seleção específica para cada ambiente. Os ganhos para cada caráter foram de -5,36%, -19,05%, 7,52% e 19,77% para enfezamento, tombamento, prolificidade e rendimento de espigas, nesta ordem. Os valores de ganho com seleção direta para cada caráter foram, de maneira geral, menores na

análise conjunta agrupada, reafirmando a proposta de se realizar seleção específica para cada ambiente.

O valor da herdabilidade para enfezamento (39,20%) associado ao baixo valor do índice de variação (0,495) e às estimativas de ganho com seleção, indicam que este caráter é menos favorável para ser modificado pela seleção, levando em consideração às duas épocas. Normalmente este caráter depende da pressão de infecção, norteadada pela alta população de cigarrinhas infectadas, o que ocorreu na época E1, sendo assim indicada a seleção de progênies avaliadas em épocas específicas.

A estimativa de herdabilidade para rendimento de espigas foi de 54,30%, superior ao encontrado por Carvalho et al. (2003), que estimaram herdabilidade média de 48,59% com avaliação em dois locais da população CPATC-3. O coeficiente de variação genético estimado (19,17%) também foi superior ao encontrado por Carvalho et al. (2003) na população CPATC-3 (10,96%).

Para prolificidade a estimativa de herdabilidade foi de 33,00%, inferior à encontrada por Garcia (2005) (47,54%) para análise conjunta agrupada do Isanão – VF1 original, também avaliado em duas épocas de semeadura. Associado à herdabilidade, o índice de variação para este caráter foi baixo (0,427) o que dificulta selecionar progênies considerando as duas épocas conjuntamente.

As estimativas de ganho com seleção para prolificidade na análise conjunta agrupada foram baixos. Com seleção para prolificidade estimou-se um ganho indireto para enfezamento de 1,00%, -4,31% para tombamento e um aumento de 5,61% para rendimento de espigas. De uma maneira geral estes resultados sugerem que as progênies sejam selecionadas com base nas estimativas de ganhos com seleção em cada época avaliada, conduzindo dois processos seletivos distintos.

### 4.3 Análises de variância e médias da população Isanão VD-1

Na E1, para as análises individuais, constatou-se efeito significativo as progênes apresentaram efeito significativo para enfezamento e prolificidade no experimento 4 e para rendimento de espigas nos experimentos 4 e 6 (Tabela 12). A acurácia seletiva, variou de 0,42 a 0,84, indicando média a alta precisão experimental. A acurácia seletiva para tombamento foi nula (experimentos 5 e 6), sendo assim a precisão experimental medida pelo coeficiente de variação para esta característica, variou de 44,85% a 52,23%. A época E1, apresentou condições adversas, podendo ter influenciado neste resultado e conseqüentemente no desempenho das progênes. Para o caráter tombamento as médias das progênes foram influenciadas pela presença de animais silvestres de grande porte no local de instalação dos experimentos, provocando o tombamento de algumas parcelas da população Isanão VD-1, podendo ter afetado indiretamente outros caracteres como prolificidade e rendimento de espigas.

Para enfezamento, na E1, foram observadas elevadas notas de severidade da doença em campo (Tabela 12). As progênes apresentaram valor médio de nota 7, o que indica que todas as plantas das parcelas apresentaram sintomas da doença. As médias das testemunhas seguiram a mesma tendência, levando a refletir sobre outros fatores que possam ter contribuído para tamanha severidade da doença, possivelmente variantes genéticas do patógeno, pois as testemunhas até então eram consideradas altamente tolerantes ao complexo enfezamento (CRUZ et al., 2014). Silveira et al. (2008) também encontraram valores elevados de severidade para enfezamento em experimentos instalados na segunda safra, afirmando que esta época de semeadura favorece a proliferação do vetor, causando possíveis surtos da doença em campo. Na E2, as médias para enfezamento foram menores, como esperado, com notas médias de severidade de 2,77 (Tabela 13).

Para prolificidade as médias das progênes foram similares às testemunhas, como indica a não significância do contraste progênes vs testemunhas (Tabela 12), resultados semelhantes aos encontrados para a população Isanão - VF1.

As médias para rendimento de espigas foram maiores na E2 (Tabela 13). Na E1 a média das progênes e testemunhas não ultrapassaram  $1.250,00 \text{ kg ha}^{-1}$ , enquanto na E2 o rendimento de espigas para progênes chegou a  $8.355,58 \text{ kg ha}^{-1}$ , e as testemunhas atingiram rendimento de aproximadamente  $18.000 \text{ kg ha}^{-1}$ . O rendimento de grãos foi avaliado apenas na E2 e os valores encontrados variaram entre  $5.010,78 \text{ kg ha}^{-1}$  e  $6.533,53 \text{ kg ha}^{-1}$  para as progênes e entre as testemunhas variaram entre  $14.470,69 \text{ kg ha}^{-1}$  e  $15.985,37 \text{ kg ha}^{-1}$  (Tabela 13).

Os caracteres florescimento feminino e altura de plantas, em E2, apresentaram diferenças significativas entre as progênes nos experimentos 4 e 6. Para prolificidade, em todos os experimentos, não foram detectadas diferenças significativas entre progênes (Tabela 13). A acurácia seletiva foi alta para florescimento feminino, altura de plantas, altura de espigas, rendimento de grãos e enfezamento (exceto no experimento 4), indicando alta precisão experimental para os caracteres.

Nas análises de variância agrupadas (Tabela 14), as progênes diferiram entre si em todos os caracteres, exceto para tombamento (E1) e prolificidade (E2). As diferenças entre os experimentos foram significativas para todos os caracteres, exceto para tombamento na E1, enfezamento na E2 e prolificidade nas duas épocas. A acurácia seletiva foi alta para todos os caracteres, indicando alta precisão experimental para todos os caracteres avaliados, exceto para tombamento na E1, que apresentou acurácia seletiva nula, e prolificidade na E2, que apresentou valor baixo (0,28). Como já citado, fatores ambientais podem ter colaborado para ocorrência destes resultados.

Para enfezamento as notas médias foram elevadas para as progênes (7,56) e para as testemunhas (7,00) na E1 (Tabela 14). Como já ressaltado no presente trabalho, a alta

severidade da doença em campo pode-se atribuir à época de semeadura que é favorável à proliferação do vetor. Trabalhos na literatura confirmam a alta severidade do enfezamento principalmente na segunda safra (MASSOLA, 2001; FANTIN et al., 2017). Mesmo a incidência do enfezamento sendo maior na E1, o rendimento de espigas das progênes foi maior ( $1.124 \text{ kg ha}^{-1}$ ) que o das testemunhas ( $1.062,80 \text{ kg ha}^{-1}$ ), o que indica que diante da alta severidade da doença a variabilidade genética existente na população pode ter contribuído para a superioridade das progênes em relação aos híbridos.

Os caracteres florescimento feminino, altura de plantas e altura de espigas que foram avaliados apenas na E2, apresentaram contrastes significativos entre testemunhas e progênes, indicando que houve diferença entre os tratamentos (Tabela 14). Quanto ao florescimento feminino as testemunhas foram mais precoces, tendo apresentado 57,50 dias para florescimento, ao passo que as progênes tardaram 61,52 dias para florescer nas condições locais. As médias para altura de plantas e altura de espigas foram, respectivamente, 1,54 m e 0,82 m para progênes e 2,25 m e 1,28 m para as testemunhas, resultados já esperados uma vez que as progênes possuem o gene recessivo *br2*, responsável pelo encurtamento dos internódios.

Nas análises de variância conjunta, os caracteres avaliados nas duas épocas (Tabela 15), as progênes apresentaram variação significativa para enfezamento nos experimentos 5 e 6, para rendimento de espigas nos experimentos 4 e 6, prolificidade no experimento 5 e tombamento no experimento 4. Exceto para tombamento nos experimentos 5 e 6, foram encontradas diferenças significativas para os demais caracteres para época. Os experimentos da E1 foram fortemente atingidos pelo tombamento das plantas, devido aos mesmos fatores ambientais considerados para a população Isanão - VF1.

Para prolificidade a média das progênes manteve-se entre 1,13 e 1,15 espigas por planta e para as testemunhas os valores variaram entre 0,95 e 1,10 espigas por planta (Tabela 15), sendo que o contraste progênes vs testemunhas foi significativo apenas no experimento 5.



Na época normal as testemunhas apresentaram rendimento de espigas maiores que as progênies, com valores variando entre 9.376,78 kg ha<sup>-1</sup> a 10.154,35 kg ha<sup>-1</sup>, enquanto as progênies variaram entre 3.918,71 kg ha<sup>-1</sup> a 4.693,90 kg ha<sup>-1</sup>.

Na análise de variância conjunta agrupada, envolvendo todos os experimentos referente aos caracteres avaliados em comum nas duas épocas (Tabela 16), foram detectadas diferenças significativas entre as progênies para os caracteres enfezamento e rendimento de espigas. Para enfezamento a média geral para as progênies foi de 5,23 e para as testemunhas 4,42, indicando maior severidade da doença nas progênies.

A interação entre progênies e épocas foi significativa apenas para rendimento de espigas. A média de rendimento de espigas das testemunhas (9.801,00 kg ha<sup>-1</sup>) foi maior que a média das progênies (4.327,75 kg ha<sup>-1</sup>) (Tabela 16). No entanto, as médias de prolificidade para progênies foi de 1,14 espigas/planta, superior às testemunhas que apresentaram valor médio de 1,03 espigas/planta. Considerando a população utilizada (80.000 plantas ha<sup>-1</sup>) é um valor razoável para materiais com ampla variabilidade genética como Isanão – VD1.

#### **4.4 Estimativas de parâmetros genéticos para a População Isanão – VD1**

Para a análise agrupada (Tabela 17), a variância aditiva para enfezamento foi de 0,313 para E1 e 0,453 para E2. Os coeficientes de herdabilidade estimados foram de 38,29% (E1) e 31,59% (E2), valores considerados médios para este caráter. O ganho com seleção direta sobre este caráter apresentou -3,20%, mesmo havendo uma queda, a seleção sobre este caráter não é indicada. Associando as herdabilidades estimadas ao índice de variação que foram baixos, 0,45 (E1) e 0,38 (E2), a possibilidade de sucesso em futuros processos de seleção para este caráter são reduzidas. Para enfezamento Silveira et al. (2006) e Silva et al. (2003) encontraram herdabilidades superiores ao presente trabalho, em torno de 60%.

Para tombamento não foi detectada variabilidade genética nesta população na época E1 (Tabela 17). Portanto é um caráter que não deve ser considerado para inferências sobre seleção nesta população nesta época.

As estimativas de variância genética aditiva para prolificidade foram de 0,040 (E1) e 0,023 (E2) (espigas/planta)<sup>2</sup>. A herdabilidade foi maior na E1 (37,14%) quando comparada com a E2 (8,01%), indicando maior facilidade de seleção para esse caráter no primeiro ambiente. Alves et al. (2002) encontraram valores semelhantes de variância aditiva (0,040) para prolificidade na população CMS-30 no ciclo cinco de seleção massal para prolificidade. Faluba et al. (2010) verificaram herdabilidade para prolificidade superiores ao presente trabalho, estimando 41,2% para a população de milho UFV-7. O ganho direto para seleção neste caráter foi de 12,346% (E1) e 1,982% (E2). Para a E2 prolificidade apresentou índice *b* de 0,17, valor considerado baixo para selecionar com base neste caráter, devido à maior influência ambiental.

Para rendimento de espigas a variância genética aditiva foi de 39,495 (g/planta)<sup>2</sup> na E1 e 799,404 (g/planta)<sup>2</sup> na E2 (Tabela 17). As estimativas de herdabilidade foram próximas para as duas épocas, sendo 60,86% na E1 e 62,11% na E2. Para rendimento de espigas Milani et al. (1999), também estudando progênies de polinização aberta de uma população braquítica, encontraram valores mais altos de herdabilidade, entre 71,0% e 73,0%. O ganho direto com seleção para este caráter foi maior na E1 (24,423%) que na E2 (17,122%).

O índice *b* para rendimento de espigas foi de 0,72 (E1) e 0,83 (E2), valores próximos à unidade, assim como para rendimento de grãos na E2 (0,81). Para rendimento de espigas valores acima de 1,0 não tem sido encontrado em avaliação de progênies de polinização aberta (SOUZA et al., 2009).

Os parâmetros genéticos para florescimento feminino, altura de plantas, altura de espigas e rendimento de grãos foram estimados apenas para E2 (Tabela 17). A variância genética aditiva para florescimento feminino foi de 8,87 (dias)<sup>2</sup>, valor superior aos encontrados

por Hallauer et al. (2010), que encontraram 4,0 (dias)<sup>2</sup>. A herdabilidade de 75,36% e o índice de variação 1,00 indicam variabilidade genética suficiente e possível sucesso na seleção para este caráter.

Considerando a herdabilidade para altura de plantas (64,55%) e de espigas (59,44%), quando associadas com o índice *b* em torno de 0,8, indica que estes caracteres podem ser facilmente utilizados para seleção, podendo explorar a variabilidade presente na população para se uniformizar a altura da população. Para altura de plantas a variância aditiva foi de 440,0 (cm/planta)<sup>2</sup>, valor menor que o encontrado por Voltz (2002), que encontrou para população BR401 de milho doce, 676,68 (cm/planta)<sup>2</sup>. O ganho com seleção direta estimado para estes caracteres foi de -7,668% e -8,997% para altura de plantas e espigas, nesta ordem.

Com base na seleção para prolificidade, há uma redução na nota de enfezamento, de -1,25% em E1 e -3,33% em E2 (Tabela 17). A seleção para prolificidade é utilizada indiretamente para se aumentar o rendimento de grãos e, neste trabalho, selecionando para aumentar a prolificidade houve um aumento na estimativa do ganho para rendimento de espigas. Em E1 o ganho esperado é de 12,90% e na E2 de 10,22%. Na E2 foi estimado também o ganho de seleção indireto para rendimento de grãos de 11,22%.

Na análise conjunta agrupada (Tabela 18) a variância da interação progênies x épocas para rendimento de espigas foi de 47,207 (g/planta)<sup>2</sup>. Para os outros caracteres avaliados as variâncias da interação progênies x épocas não foram significativas (Tabela 16), indicando que as progênies tiveram comportamento semelhantes em ambos ambientes, permitindo selecionar, para estes caracteres, em um único processo seletivo para os dois ambientes avaliados.

Para o caráter rendimento de espigas foi observado o valor de 230,619 (g/planta)<sup>2</sup> para a variância genética aditiva. O coeficiente de herdabilidade encontrado foi de 70,90%, valor alto e próximo aos encontrados na literatura, Carvalho et al. (2003) encontraram valores de

herdabilidade inferiores para rendimento de espigas (67,4%). O ganho com seleção direta para o caráter foi de 30,695%.

Os índices de variação  $b$  apresentaram valores muito baixos (0,05 a 0,4) para os caracteres avaliados. Segundo Vencovsky (1978) estes valores apresentam muito efeito do ambiente, podendo considerar a seleção com base nas médias conjuntas, visando ambos os ambientes, não será eficaz. Os valores muito abaixo de 1,0 indicam maior dificuldade na seleção para o caráter, devido a maior interferência do ambiente, sendo assim os caracteres acima citados possuem uma baixa possibilidade de sucesso na seleção. As herdabilidades foram de 26,40%, 26,71%, 23,22% e 70,90%, para enfezamento, tombamento, prolificidade e rendimento de espigas, nesta ordem. Foram valores inferiores aos encontrados por Candido (2005), que observou herdabilidade de 46,12% para tombamento e 56,39% para prolificidade na população Isanão VF1 original avaliada em espaçamento reduzido na safrinha.

Os ganhos estimados com seleção para prolificidade foram de 1,57% para enfezamento, -0,04% para tombamento, 4,87% para prolificidade, refletindo as baixas estimativas de herdabilidade, e -1,75% para rendimento de espigas. As estimativas de ganho apesar de ter indicado um pequeno aumento para prolificidade, não foram satisfatórios para os outros caracteres. No entanto, com base nas estimativas dos parâmetros genéticos, fica evidente a necessidade de programas distintos para as duas épocas de semeadura.

## 5 CONCLUSÕES

Nas condições do presente trabalho, as análises dos resultados permitem tirar as seguintes conclusões:

- Mesmo após sete ciclos de seleção para prolificidade as populações Isanão – VF1 e Isanão – VD1 mantêm variabilidade suficiente para futuros ciclos de seleção, mas na população Isanão – VD1 essa variabilidade é um pouco menor para os caracteres enfezamento, prolificidade e rendimento de espigas;
- Para ambas as populações indica-se programa de seleção específica para cada uma das épocas (segunda safra e primeira safra);
- Apesar da alta severidade de enfezamento no campo durante a segunda safra de 2017, as populações avaliadas apresentaram variabilidade genética suficiente para continuidade do processo seletivo.

## REFERÊNCIAS

- ALVES, G. F.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. Alterações nas propriedades genéticas da população CMS-39 submetida à seleção massal para prolificidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 3, p. 89-101, 2002.
- ANDERSON, J. C.; CHOW, P. N. Phenotypes and grain yield associated with brachytic-2 gene in single-cross hybrids of dent corn. **Crop Science**, Madison, v. 3, p. 111-113, apr. 1963.
- ANDRADE, J. A. C. **Seleção divergente para tamanho do pendão e posição da espiga na população ESALQ-PB 1 de milho (*Zea mays* L.)**. 1988. 134 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1988.
- ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, p. 174-182, 2008.
- ARAÚJO, P.M. **Variabilidade genética em populações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente**. 1992. 158 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1992.
- ARAÚJO, P. A.; SANTOS, V. S.; BISON, O.; SOUZA, J. C. Avaliação de famílias de meios irmãos de milho em diferentes espaçamentos entre linhas. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 4, n. 3, p. 428-435, 2005.
- BARROS, L.B. **Parâmetros genéticos em variedades de milho crioulo e sua utilização na seleção**. 2007. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2007.
- BANDEL, B. Genética. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 795 p.
- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação agrícola**. 4. ed. Jaboticabal: Funep, 2006. 237 p.
- BARRIENTOS, V.; SEGOVIA, M.; JESÚS, S.; DOUGLAS, E.; GOEVANNY, C.; ALBERTO, C.; ALEXANDER, H. **Cinco ciclos de la metodología de seleccion recurrente fenotípica para prolificidade em la población Fpx-02b de maíz (*Zea mays* L.)**. In: REUNIÓN LATINO AMERICANA DEL MAIZ, 28., 1999, Sete Lagoas. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 1999. p. 439-446.
- BENTO, D. A. V.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. Seleção massal para prolificidade em milho na época normal e na “safrinha”. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 2, n. 3, p. 78-87, 2003.
- BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Introdução ao melhoramento de plantas. In: BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de plantas**. Curitiba: Editora da UFP, 1999. p. 1-9.

- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: UFV, 2013.
- CAMPBELL, C. M. New dwarfs and modifiers. In: NA. HY. CORN IND. CONF., 20., 1965, Washington. **Proceedings...** [S. l.: s. n.], 1965. p. 22-30.
- CANDIDO, L. S. **Potencial do composto Flintisa anão de milho para melhoramento em condições de espaçamento reduzido e na Safrinha**. 2005. 92 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, São Paulo, 2005.
- CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C. Breeding potential of maize composite Isanão VF-1 in small spacing in the second growing season. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S. l.], n. 8, p. 56-64, 2008.
- CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C.; GARCIA, F. Q.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Seleção de progênies de meios irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 6, p. 947-953, jun. 2011.
- CÁRDENAS, F.E.N. **Valor genético de populações de milho adaptadas para a região sudoeste de Goiás**. 2005. 196 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 2005.
- CARPITA, N. C.; KANABUS, J. Chemical structure of the cell walls of dwarf maize and changes mediated by gibberellin. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 88, p. 671-678, 1988.
- CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X.; PACHECO, C. A. P. Potencial genético da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n. 6, p. 1169-1176, 2000.
- CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X.; SOUZA, E. M. S. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 1, p. 73-78, 2003.
- CARVALHO, H. W. L.; SANTOS, M. X.; SOUZA, E. M. S. Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CPATC-4 no nordeste brasileiro. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 25., 2004, Cuiabá. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo; Cuiabá: Empaer, 2004.
- CARVALHO, H.W.L.; SOUZA, E.M. Ciclos de seleção de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 6, p. 803-809, jun. 2007.
- CASSANI, ELENA; VILLA, DANIELE; DURANTE, MASSIMO; LANDONI, MICHELA; PILU, ROBERTO. The brachytic 2 and 3 maize double mutant shows alterations in plant growth and embryo development. **Plant Growth Regul**, Dordrecht, v. 64, p. 185-192, 2011.
- CENTURION, J. F. Balanço hídrico da região de Ilha Solteira. **Científica**, Jaboticabal, v. 10, n. 1, p. 57-61, 1982.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, N. F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J. W. (Ed.) **Heterosis**. Des Moines: Iowa State College Press, 1952. p. 494-516, 1952.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Portal de Informações Agropecuárias**. Brasília, DF, 2018. Disponível em: <<https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/index.php/safra-evolucao-dashboard>>. Acesso em: 27 jul. 2018.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, 1990. 188p.

CRUZ, C. D. **Programa genes: estatística experimental e matrizes**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 285 p.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C.D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; SIMÃO, E. P. **478 cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2014/2015**. 2014. 35p. (Embrapa Milho e Sorgo: Documentos, 167).

CUNHA, M. A. P. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ HV-1**. 1976. 84 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1976.

DURÃES, F. O. M. Prolificidade. **Revista cultivar**, [S. l.], p. 36-37, nov. 1999.

ELIAS, H. T.; VOGT, G. A.; VIEIRA, L. C.; PINHO, R. G. V.; NASPOLINI, V.; COVER, C. **Melhoramento genético do milho**. In: FILHO, J. A. W.; ELIAS, H. T. (Org.). A cultura do milho em Santa Catarina. Florianópolis: Epagri, 2010. Cap. 9, p. 414-480.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2013. 353 p.

ENTRINGER, GEOVANA CREMONINI. **Melhoramento genético de milho superdoce: potencial agrônomo de híbridos interpopulacionais e capacidade combinatória de linhagens em geração precoce**. 2015. 120 f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual do Norte Fluminense “Darcy Ribeiro”, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2015.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow: Pearson Education, 1996. 464 p.

FALUBA, J. S.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, p. 1250-1256, 2010.



FANTIN, G. M.; DUARTE, A. P.; DESUÓ, D.R.; GALLO, P. B.; MICHELOTTO, M. D.; FREITAS, R. S.; MIGUEL, F. B. Resistência de cultivares precoces de milho safrinha ao enfezamento e à risca e efeito na produtividade no estado de São Paulo. In.: SEMINÁRIO NACIONAL MILHO SAFRINHA, 14., 2017, Cuiabá. Construindo Sistemas de Produção Sustentáveis e Rentáveis, 2017. p. 305-310.

GALSTON, A. W.; DAVIES, P. J. **Mecanismos de controle no desenvolvimento vegetal**. São Paulo: Ed. Blucher, 1972. 171 p.

HEDDEN, PETER. The genes of the green revolution. **Trends in Genetics**, Amsterdam, v. 19, n. 1, p. 5-9, jan. 2003.

GARCIA, F.Q. **Potencial do composto flintisa anão de milho para melhoramento em condições de alta densidade populacional**. 2005. 84 f. Dissertação (Mestrado em Sistemas de Produção) - Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

GARDNER, C. O. An evolution of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, Madison, v. 1, p. 241-245, 1961.

GAUD, W. **The green revolution: accomplishments and apprehensions**. [S.l.]: The Society for International Development, 1968. Disponível em: <<http://www.agbioworld.org/biotech-info/topics/borlaug/borlaug-green.html>>. Acesso em: 8 set. 2017.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 8. ed. Piracicaba: Nobel, 1978. 430 p.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3 ed. Berlin: Springer - Verlag, 2010. v. 1. 500 p.

HEDDEN, P. The genes of the green revolution. **Trends in Genetics**, Cambridge, v. 19, n. 1, p. 59, 2003.

HOOLEY R. Gibberellins: perception, transduction and responses. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 26, p. 1529–1555, 1994.

KHUSH, GURDEV S. Green Revolution: the way forward. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 2, p. 815-822, oct. 2001.

KIST, V.; OGLIARI, J. B.; MIRANDA FILHO, J. B.; ALVES, A. C. Genetic potential of a maize population from Southern Brazil for the modified convergent-divergent selection scheme. **Euphytica**, Wageningen, v. 176, p. 25-36, 2010.

LEMONS, M. A.; GAMA, E. E. G.; OLIVEIRA, A.C.; ARAÚJO, M. R. A. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 27, n. 12, p. 1563-1569, 1992.

LIMA, M. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho (*Zea mays* L.)** 1977. 71 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1977.

LEON, N.; COORS, J.G. Twenty-Four Cycles of Mass Selection for Prolificacy in the Golden Glow Maize Population. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 325-333, 2002.

LONNQUIST, J. H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population. **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 227-228, 1964.

LONNQUIST, J. H. Mass selection for prolificacy in maize. **Der Züchter**, [S. l.], v. 37, p. 185-188, 1967.

LORDÊLO, J.A.C. **Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1**. 1982. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1982.

MARECK, J.H.; GARDNER, C.O. Responses to mass selection in maize and stability of resulting populations. **Crop Science**, Madison, v.19, n.6, p.779-783, nov./dec. 1979.

MASHINGAIDZE, K.; CHINHEMA, E. C. Effects of the brachytic-2 dwarfing gene on maize (*Zea mays*) root systems and grain yield under moisture stress. In: WORKSHOP HELD AT CUERNAVACA, 2004, México. **Proceedings...** [S. l.]: CIMMYT, 2004. p. 53-54.

MASSOLA JÚNIOR, N. S. Enfezamento vermelho e pálido: doenças em milho causadas por mollicutes. **Semina**, Londrina, v. 22, n. 2, p. 237-243, 2001.

MENEZES, A. F.; CARVALHO, H. W. L. de C.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. P. P.; OLIVEIRA, I. R.; MELO, K. E. O. **Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPTAC-4 no nordeste brasileiro**. [S. l.], 2007. Disponível em <[ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/60951/1/Estimativas-parametros-3.pdf](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/60951/1/Estimativas-parametros-3.pdf)> Acesso em: 20 jun. 2018.

MILANI, M. **Seleção de famílias de meios-irmãos de milho (*Zea mays* L.) com arquitetura modificada para produtividade e resistência à *Spodoptera frugiperda***. 2000. 88 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2000.

MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos do segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB-1 de milho. **Relatório Científico do Departamento de genética**. Piracicaba, v. 13, p. 149-158, 1979.

MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOSKY, R.; PATERNIANI, E. **Variância genética aditiva da altura de planta e da espiga em dois compostos de milho e sua aplicação no melhoramento**. Piracicaba: USP/ESALQ, 1974. p. 104-108.

MULTANI, DILBAG S.; BRIGGS, STEVEN P.; CHAMBERLIN, MARK A.; BLAKESLEE, JOSHUA J.; MURPHY, ANGUS S; JOHAL, GURMUKH S. Loss of na MDR transporter in compact stalks of maize *br2* and sorghum *dw3* mutants. **Science**, Washington, v. 302, p. 81-84, oct. 2003.

OLIVEIRA, C. M.; OLIVEIRA, E.; CANUTO, M.; CRUZ, I. Controle químico da cigarrinha do milho e incidência dos enfezamentos causados por mollicutes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 3, p. 297-303, 2007.

PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.)**. 1998. 100 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1998.

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

PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978a. 650p.

PATERNIANI, E. Phenotypic recurrent selection for prolificacy in maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, Bergamo, v. 23, n.1, p. 29-34, 1978b.

PATERNIANI, E. Avaliação em cultivares de milho de planta baixa. **Relatório Científico. Instituto de Genética**, Piracicaba, v. 12, p. 162-167, 1978c.

PATERNIANI, E. Avaliação de populações e híbridos milho braquítico. **Relatório Científico**, Piracicaba, v. 16, n. 1, p. 97-104, 1982.

PATERNIANI, E. Maize Breeding in the tropics. **Plant Science**, Limerick, v. 9, p. 125-154, 1990.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 215-274.

PEREIRA FILHO, ISRAEL ALEXANDRE; CRUZ, JOSÉ CARLOS; RAMALHO, MAGNO ANTONIO PATTO. Produtividade e índice de espiga de três cultivares de milho em sistema de consórcio com o feijão comum. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 26, p. 745-751, mai. 1991.

PILU, ROBERTO; CASSANI, ELENA; VILLA, DANIELE; CURIALE, SERENA; PANZERI, DARIO; BADONE, FRANCESCO CERINO; LANDONI, MICHELA. Isolation and characterization of a new mutante allele of *brachytic 2* maize gene. **Mol. Breeding**, Dordrecht, v. 20, p. 83-91, 2007.

PIZAIA, A. **Seleção para prolificidade em populações de milho (*Zea mays* L.)**. 2000. 146 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, 2000.

PRADO, W. S.; CECCON, F.; CANEPPELE, F. N. F.; CARLESSO, A.; HEINZ, R.; GONÇALVES, M. C.; DAVIDE, L. M. C. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho UFGD1. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 29., Águas de Lindóia. **Proceedings**. Águas de Lindóia: [s. n.], 2012. p. 3007-3012.

- RAIJ, B.V.; CANTARELLA, H.; QUAGGIO, J.A.; FURLANI, A.M.C. **Recomendações de adubação e calagem para o Estado de São Paulo**. 2.ed. Campinas, Instituto Agrônômico/Fundação IAC, 1997. 285p.
- RAMALHO, M.A.P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. 1977. 122 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”- ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1977.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.
- RISSI, R. **Estimação de parâmetros genéticos em duas populações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão**. 1980. 87 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1980.
- RODRIGUES, L. O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.)**. 2013. 59 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2013.
- SANGOI, L.; SCHWEITZER, C.; SCHMITT, A.; PÍCOLI JUNIOR, G. J.; VARGAS, V. P.; VIEIRA, J.; SIEGA, E.; CARNIEL, G. Perfilamento e prolificidade como características estabilizadoras do rendimento de grãos de milho em diferentes densidades. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 9, n. 3, 2010.
- SAWAZAKI, E. **Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para a produção de grãos no milho IAC-Maia**. 1979. 99 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 1979.
- SAWAZZAKI, E.; FANTIN, G. M.; DUDIENAS C.; CASTRO, J.L.; SORDI, G. Resistência de genótipos de milho pipoca a doenças. **Revista de Agricultura**, Piracicaba, v. 78, p. 149-164, 2003.
- SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 30, n.5, p. 683-686, 1995.
- SILVA, R.G.; GALVÃO, J.C.C.; MIRANDA, G.V.; OLIVEIRA, E. Controle genético da resistência aos enfezamentos do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Sete Lagoas, v. 38, n. 8, p. 921-928, 2003.
- SILVEIRA, F.T. JUNQUEIRA, B.G.; SILVA, P.C.; MORO, J.R. Comportamento de linhagens elites de milho para resistência aos enfezamentos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 5, n. 3, p. 431-442, 2006.

SILVEIRA F. T.; MORO, J. R.; SILVA, P. S.; OLIVEIRA, J. A. PERECIN, D. Herança da resistência ao enfezamento em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, p. 1717-1723, 2008.

SOUZA, A. R. R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIRA, P. L. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 4, p. 183-190, 2009.

SVECNJAK, Z.; VARGA, B.; BUTORAC, J. Yield components of apical and subapical ear contributing to the grain yield responses of prolific maize at high and low plant populations. **Journal Agronomy & Crop Science**, [S. l.], v. 192, p. 37-42, 2006.

TOKATLIDIS, I. S.; KOUTROUBAS, S. D. A review of maize hybrids dependence on high plant populations and its implications for Crop yield stability. **Field crops research**, Amsterdam, v. 88, p. 103-114, 2004.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: ESALQ. 1978. Cap.5, p.122-201.

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

VOLTZ, A.W. **Ganho genético para caracteres adaptativos em populações de milho doce**. 2002. 52 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002.

ZANETTE, VALTER ANDRÉ; PATERNIANI, ERNESTO. Efeito do gene braquítico-2 em populações melhoradas de milho de porte baixo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 27, n. 8, p. 1173-1181, ago. 1992.

## APÊNDICE A - TABELAS

Tabela 5 - Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra – 2017. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE</b>
<i>Experimento 1</i>					
Blocos	2	4,473	68,705	0,757	1992136,694
Tratamentos	42	0,826**	29,977**	0,098**	419129,986**
Progênie	40	0,863**	27,943**	0,089**	384522,170**
Testemunha	1	0,167	104,167**	0,091	240735,763
Prog. vs Test.	1	0,011	37,165*	0,488**	1981836,846**
Resíduo	84	0,338	6,007	0,037	118024,676
Médias Progênie		8,12	11,28	0,70	1253,29
Médias Testemunhas		8,17	13,83	0,40	664,71
CV(%)		7,16	21,49	28,20	28,02
Acurácia		0,77	0,89	0,79	0,85
<i>Experimento 2</i>					
Blocos	2	0,830	39,074	1,122	3224248,502
Tratamentos	44	0,906**	40,232**	0,105*	338509,913*
Progênie	42	0,949**	40,768**	0,109**	334381,779*
Testemunha	1	0,000	54,000*	0,013	37963,329
Prog. vs Test.	1	0,006	3,945	0,018	812438,112*
Resíduo	88	0,368	8,218	0,060	205125,318
Médias Progênie		7,97	9,50	0,68	1555,02
Médias Testemunhas		8,00	8,67	0,62	1178,58
CV(%)		7,61	30,31	36,17	29,44
Acurácia		0,77	0,89	0,65	0,63
<i>Experimento 3</i>					
Blocos	2	7,056	260,103	0,484	1912572,682
Tratamentos	41	0,545*	41,776**	0,084**	265226,075**
Progênie	39	0,563*	41,528**	0,084**	269863,155**
Testemunha	1	0,167	48,167	0,115	343666,871
Prog. vs Test.	1	0,192	45,067	0,038	5939,155
Resíduo	82	0,324	13,713	0,045	94982,529
Médias Progênie		8,02	9,64	0,57	1023,06
Médias Testemunhas		7,83	6,83	0,66	990,82
CV(%)		7,11	38,95	36,70	30,17
Acurácia		0,64	0,82	0,68	0,80

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 6 - Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m), enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>) e rendimento de grãos (RG em kg ha<sup>-1</sup>), na primeira safra – 2017/18. População Isanão – VF1, Selvória – MS.

FV	GL	FF	AP	AE	ENF	TOMB	PRO	RE	RG
<i>Experimento 1</i>									
Blocos	2	7,496	0,157	0,127	1,698	45,147	0,031	97843,566	46890,339
Tratamentos	42	8,228**	0,131**	0,082**	2,387**	31,949**	0,125**	12747344,875**	7913145,166**
Progênie	40	8,313**	0,083	0,043**	1,975*	32,252**	0,128**	6560989,502**	4251334,034**
Testemunha	1	4,167	0,003	0,032	0,000	0,167	0,000	300438,077	8876,568
Prog. vs Test.	1	8,910*	2,190**	1,693**	21,240**	51,628	0,135	272648466,576**	162289859,029**
Resíduo	84	1,964	0,063	0,016	1,118	16,258	0,067	1451192,360	1017018,977
Médias Progênie		59,75	1,64	0,82	4,93	7,17	1,43	8423,33	6539,88
Médias Testemunhas		58,50	2,26	1,36	3,00	4,17	1,27	15326,81	11866,02
CV(%)		2,35	15,01	14,89	21,86	57,35	18,21	13,78	14,86
Acurácia		0,87	0,72	0,90	0,73	0,70	0,68	0,94	0,93
<i>Experimento 2</i>									
Blocos	2	45,800	0,015	0,008	5,741	89,652	0,035	54616,795	352292,716
Tratamentos	44	19,494	0,094**	0,049**	1,736**	23,489	0,092*	10831612,242**	7416649,336**
Progênie	42	20,013	0,044**	0,022**	1,227*	24,124	0,082*	4860866,943**	3198008,805**
Testemunha	1	16,667	0,015	0,037*	0,167	13,500	0,016	8271252,717*	3720181,538*
Prog. vs Test.	1	0,524	2,278**	1,177**	24,653**	6,801	0,606**	264163274,327**	188296019,427**
Resíduo	88	16,186	0,009	0,007	0,756	16,122	0,052	1450174,167	920904,387
Médias Progênie		59,30	1,63	0,86	3,91	6,41	1,48	9348,86	7313,86
Médias Testemunhas		59,00	2,26	1,31	1,83	7,50	1,16	16136,72	13044,68
CV(%)		6,79	5,58	9,22	22,79	62,16	15,52	12,48	12,68
Acurácia		0,41	0,95	0,93	0,75	0,56	0,66	0,93	0,94
<i>Experimento 3</i>									
Blocos	2	2,889	0,007	0,002	1,143	6,151	0,163	364317,50	588788,969
Tratamentos	41	5,009**	0,132**	0,062**	0,984**	23,772**	0,127	14419791,98**	10425309,996**
Progênie	39	4,317**	0,057**	0,023**	0,937**	21,849**	0,123	5642058,20**	3896022,767**
Testemunha	1	20,167**	0,049	0,005	0,167	104,167**	0,029	9367851,36*	7271356,438*
Prog. vs Test.	1	16,840**	3,144**	1,651**	3,657**	18,343	0,401*	361803350,23**	268221465,473**
Resíduo	82	2,011	0,016	0,007	0,460	9,639	0,083	1916987,45	1293960,306
Médias Progênie		59,88	1,51	0,76	2,97	6,38	1,39	8526,82	6740,69
Médias Testemunhas		58,17	2,26	1,3	2,17	8,17	1,12	16483,93	13591,87
CV(%)		2,37	8,04	10,49	23,16	48,06	20,95	15,55	16,1
Acurácia		0,77	0,94	0,94	0,73	0,77	0,59	0,93	0,94

Nota: \*, \*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F. Fonte: Próprio autor.

Tabela 7 - Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácias das análises de variância agrupadas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m) e rendimento de grãos (RG em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.

FV	GL	Segunda safra - 2017				Primeira safra – 2017/2018							
		ENF	TOMB	PRO	RE	FF	AP	AE	ENF	TOMB	PRO	RE	RG
Blocos / Exp.	6	4,119	122,628	0,788	2376319,293	18,73	0,060	0,046	2,860	46,983	0,077	172259,288	329324,008
Experimento	2	0,839	159,259**	0,443**	8872621,334**	9,58	0,555**	0,241**	116,379**	14,085	0,265*	30971606,066**	20730329,144**
Testemunha	1	0,000	200,000**	0,092	259330,096	37,56*	0,001	0,065*	0,000	68,056*	0,001	14017524,117**	7424679,745**
Test. x Exp.	2	0,167	3,167	0,063	181517,933	1,72	0,033	0,005	0,167	24,889	0,022	1961009,020	1787867,399
Progênes / Exp.	121	0,796**	36,773**	0,094**	330161,856**	11,09**	0,061**	0,029**	1,381**	26,078**	0,110**	5674679,847**	3771195,199**
(Test. vs Prog.) / Exp.	3	0,070	28,725*	0,181*	933404,704**	8,76	2,538**	1,507**	16,517**	25,591	0,381**	299538363,711**	206269114,643**
Resíduo	254	0,344	9,261	0,047	140762,473	6,91	0,029	0,010	0,780	14,074	0,067	1601214,394	1073125,690
Médias Progênes		8,03	10,13	0,65	1283,65	59,64	1,60	0,81	3,94	6,65	1,43	8777,66	6873,05
Médias Testemunhas		8,00	9,78	0,56	944,71	58,56	2,26	1,32	2,33	6,61	1,18	15982,49	12834,19
CV(%)		7,30	30,08	33,72	29,59	4,41	10,42	11,75	22,84	56,42	18,19	13,89	14,49
Acurácia		0,75	0,86	0,71	0,76	0,61	0,73	0,82	0,66	0,68	0,63	0,85	0,85

Nota: \*, \*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.



Tabela 8 - Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância conjuntas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra 2017 e na primeira safra 2017/18. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE</b>
<i>Experimento 1</i>					
Blocos/Época	4	3,085	56,926	0,394	1867675,776
Época (E)	1	696,806**	1232,930**	35,135**	2566798443,943**
Progênes (P)	40	1,738**	36,290**	0,124**	6798533,087**
Testemunhas (Test)	1	0,083	48,000*	0,046	6345,700
P vs Test	1	10,133**	0,593	0,569**	155433540,984**
P x E	40	1,100*	23,905**	0,093**	5296715,580**
Test x E	1	0,083	56,333*	0,046	598368,078
(P vs Test) x E	1	11,119**	88,200**	0,055	209039569,868**
Resíduo	168	0,728	11,133	0,052	1645548,200
Média geral		6,48	9,22	1,05	4380,09
Média progênes		6,52	9,23	1,06	4208,66
Média testemunhas		5,58	9,00	0,84	7894,39
CV(%)		13,17	36,20	21,68	29,29
Acurácia		0,62	0,69	0,61	0,84
<i>Experimento 2</i>					
Blocos/Época	4	3,285	64,363	0,579	2797286,773
Época (E)	1	1165,633**	607,500	42,015**	3202638282,151**
Progênes (P)	42	1,421**	30,764**	0,118**	4502009,264**
Testemunhas (Test)	1	0,083	6,750	0,000	10577174,230*
P vs Test	1	11,961**	0,193	0,416**	182976963,656**
P x E	42	0,756	34,128**	0,072	3858507,551**
Test x E	1	0,083	60,750*	0,028	8860806,001*
(P vs Test) x E	1	12,698**	10,552	0,208	219087485,460**
Resíduo	176	0,562	12,170	0,056	1655145,538
Média geral		5,89	7,96	1,07	4982,36
Média progênes		5,94	7,95	1,08	4804,82
Média testemunhas		4,92	8,08	0,89	8799,47
CV(%)		12,72	43,83	22,05	25,82
Acurácia		0,65	0,60	0,54	0,81
<i>Experimento 3</i>					
Blocos/Época	4	4,099	133,127	0,324	987308,299
Época (E)	1	1625,397**	585,143	40,128**	2836926282,669**
Progênes (P)	39	0,931**	29,230**	0,118**	5805006,248**
Testemunhas (Test)	1	0,333	5,333	0,014	5389239,076
P vs Test	1	2,763**	2,953	0,096	264381110,384**
P x E	39	0,569	34,147**	0,089	4819022,667**
Test x E	1	0,000	147,000**	0,130	9925810,066*
(P vs Test) x E	1	1,087	60,457*	0,343*	267937234,825**
Resíduo	164	0,392	11,676	0,064	2246952,345
Média geral		5,47	7,98	0,98	4376,77
Média progênes		5,49	8,01	0,98	4147,74
Média testemunhas		5,00	7,50	0,89	8957,45
CV(%)		11,45	42,80	25,90	34,25
Acurácia		0,59	0,58	0,44	0,81

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 9 - Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância conjuntas agrupadas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE</b>
Blocos/ Época/ Exp.	12	3,490**	84,805**	0,432**	1884090,283*
Época/Exp.	3	1162,612**	808,524**	39,093**	2868787669,588**
Progênes/Exp.	121	1,368**	32,097**	0,120**	5681164,927**
Testemunha	1	0,500	60,083*	0,060	15972759,006*
(Prog. x Época)/Exp.	121	0,809*	30,755**	0,085*	4643535,739**
Experimento	2	2064,51**	6755,571**	89,105**	5873768038,498**
Resíduo	508	0,562	11,667	0,057	1053270,779
Média geral		5,95	8,39	1,03	4579,74
Média progênes		5,99	8,40	1,04	4387,07
Média testemunhas		5,17	8,19	0,87	8550,44
CV(%)		12,45	40,94	23,21	29,79
Acurácia		0,55	0,78	0,57	0,88

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 10 – Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO em [(espigas/planta)<sup>2</sup>]), rendimento de espigas (RE), florescimento feminino (FF em dias<sup>2</sup>), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e rendimento de grãos (RG), com base nas análises agrupadas para cada época. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.

Parâmetros genéticos	Segunda safra - 2017				Primeira safra – 2017/2018							
	ENF	TOMB	PRO	RE	FF	AP	AE	ENF	TOMB	PRO	RE	RG
	(g / planta) <sup>2</sup>				---(cm/planta) <sup>2</sup> ---			----- (g / planta) <sup>2</sup> -----				
Variância ambiental	0,344	9,261	0,047	21,994	6,91	290,0	100,0	0,780	14,074	0,067	250,190	167,676
Variância genotípica	0,151	9,171	0,016	9,865	1,393	110,0	70,0	0,200	4,001	0,014	212,160	140,524
Variância aditiva	0,603	36,683	0,063	39,458	5,573	430,0	260,0	0,801	16,005	0,058	848,639	562,098
Variância fenotípica média	0,265	12,258	0,031	17,196	3,695	200,0	100,0	0,460	8,693	0,037	295,556	196,416
Herdabilidade (%)	56,84	74,82	49,72	57,37	37,70	52,97	66,96	43,50	46,03	39,36	71,78	71,54
CVg	4,834	29,882	19,234	19,574	1,979	6,508	9,937	11,355	30,0778	8,392	13,275	13,798
CVg/CVe	0,663	0,994	0,571	0,662	0,449	0,624	0,846	0,497	0,5331	0,461	0,956	0,952
GS % (SELEÇÃO DIRETA)	-5,11	-36,20	19,57	20,75	-1,70	-6,80	-12,09	-10,48	-28,57	7,13	15,74	16,33
$\bar{X}_{S(PRO)}^1$	8,02	7,24	0,89	0,26	59,48	1,65	0,84	4,25	6,83	1,60	1,52	1,22
GS % (PRO)	0,04	-21,58	18,65	15,84	-0,09	1,59	1,52	3,76	1,61	4,63	6,76	8,54

Nota:  $\bar{X}_{S(PRO)}$  – média das progênies selecionadas para prolificidade; GS % (PRO) – ganho com seleção com base na prolificidade; <sup>1</sup> - intensidade de seleção de 20% entre progênies.  
Fonte: Próprio autor.

Tabela 11 – Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO em [(espigas/planta)<sup>2</sup>]) e rendimento de espigas (RE) com base na análise conjunta agrupada. População Isanão – VF1, Selvíria – MS.

<b>Parâmetros genéticos</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE(g / planta)<sup>2</sup></b>
Variância ambiental	0,562	11,667	0,057	164,574
Variância genotípica	0,134	3,405	0,010	120,518
Variância aditiva	0,537	13,619	0,042	482,072
Variância P x E	0,041	3,181	0,005	93,496
Variância fenotípica média	0,342	8,885	0,032	222,124
Herdabilidade (%)	39,20	38,30	33,00	54,30
CVg	6,163	22,002	9,915	19,177
CVg/CVe	0,495	0,537	0,427	0,644
GS % (SELEÇÃO DIRETA)	-5,36	-19,05	7,52	19,77
$\bar{X}_{S(PRO)}$ <sup>1</sup>	6,13	7,45	1,24	0,77
GS % (PRO)	1,00	-4,31	6,47	5,61

Nota:  $\bar{X}_{S(PRO)}$  – média das progênies selecionadas para prolificidade; GS % (PRO) – ganho com seleção com base na prolificidade; <sup>1</sup>- intensidade de seleção de 20% entre progênies.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 12 - Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra – 2017. População Isanão – VDI, Selvíria – MS.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE</b>
<i>Experimento 4</i>					
Blocos	2	0,012	28,321	0,024	91177,320
Tratamentos	27	0,626*	24,922	0,072*	274587,751**
Progênie	25	0,622*	21,982	0,077*	293312,088**
Testemunha	1	0,167	6,000	0,010	63379,493
Prog. vs Test.	1	1,187	117,366**	0,003	17687,581
Resíduo	54	0,358	16,037	0,037	114484,166
Médias Progênie		7,29	9,26	0,69	1165,50
Médias Testemunhas		6,83	4,67	0,67	1221,84
CV(%)		8,23	44,85	27,88	28,93
Acurácia		0,65	0,60	0,69	0,76
<i>Experimento 5</i>					
Blocos	2	1,623	49,217	0,139	630036,453
Tratamentos	22	0,747*	14,515	0,070	185711,251
Progênie	20	0,649	14,730	0,070	199585,601
Testemunha	1	0,000	24,000	0,094	20,576
Prog. vs Test.	1	3,451**	0,730	0,034	93914,916
Resíduo	44	0,366	22,096	0,057	129167,360
Médias Progênie		7,79	9,03	0,68	1032,21
Médias Testemunhas		7,00	8,67	0,60	901,28
CV(%)		7,83	52,23	35,59	35,21
Acurácia		0,71	0,000	0,42	0,55
<i>Experimento 6</i>					
Blocos	2	2,493	4,043	0,080	640985,988
Tratamentos	22	0,585	16,121	0,096	421497,346**
Progênie	20	0,567	14,776	0,099	446141,753**
Testemunha	1	0,167	0,000	0,001	296296,148
Prog. vs Test.	1	1,370	59,143	0,132	53810,396
Resíduo	44	0,417	17,347	0,063	123810,355
Médias Progênie		7,67	9,29	0,71	1164,40
Médias Testemunhas		7,17	6,00	0,87	1065,29
CV(%)		8,47	46,28	34,58	30,44
Acurácia		0,54	0,000	0,59	0,84

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 13 - Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m), enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>) e rendimento de grãos (RG em kg ha<sup>-1</sup>), na primeira safra – 2017/18. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>FF</b>	<b>AP</b>	<b>AE</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE</b>	<b>RG</b>
<i>Experimento 4</i>									
Blocos	2	5,333	0,033	0,036	2,940	2,393	0,028	1365752,762	1104703,840
Tratamentos	27	15,490**	0,160**	0,061**	0,651	54,925**	0,125	33697619,117**	23496099,904**
Progênie	25	12,462**	0,053**	0,020	0,658	52,333**	0,127	9376857,980**	6353160,109**
Testemunha	1	13,500*	0,000	0,015	0,667	54,000	0,003	7855161,840	4141255,529
Prog. vs Test.	1	93,188**	2,985**	1,135**	0,443	120,668*	0,197	667559104,813**	471424439,154**
Resíduo	54	2,346	0,017	0,014	0,644	21,566	0,189	2015058,347	1492307,088
Médias Progênie		61,92	1,57	0,84	2,62	10,65	1,57	7575,82	5806,83
Médias Testemunhas		57,83	2,30	1,29	2,33	6,00	1,39	18521,98	15005,45
CV(%)		2,49	8,04	13,71	30,93	44,99	27,90	16,98	18,90
Acurácia		0,92	0,95	0,88	0,10	0,78	0,000	0,97	0,97
<i>Experimento 5</i>									
Blocos	2	1,696	0,005	0,001	1,797	50,913	0,046	236427,466	109175,418
Tratamentos	22	6,420**	0,172**	0,093**	1,511*	43,514*	0,169	26132100,409**	18293827,961**
Progênie	20	1,952	0,067**	0,052**	1,210	38,171	0,159	4042171,847*	2867051,226*
Testemunha	1	13,500*	0,031	0,052*	0,000	13,500	0,058	2033,200	765,914
Prog. vs Test.	1	88,699**	2,416**	0,934**	9,056**	180,376**	0,480*	494060738,870**	345122424,703**
Resíduo	44	2,484	0,016	0,009	0,782	22,140	0,110	2081851,617	1376835,909
Médias Progênie		61,52	1,54	0,86	2,95	9,24	1,60	8355,58	6533,53
Médias Testemunhas		57,50	2,21	1,27	1,67	3,50	1,31	17852,20	14470,69
CV(%)		2,58	8,02	10,80	31,13	53,84	21,08	15,72	16,24
Acurácia		0,78	0,95	0,95	0,69	0,70	0,59	0,96	0,96
<i>Experimento 6</i>									
Blocos	2	4,449	0,011	0,010	2,014	8,362	0,139	290712,450	461229,869
Tratamentos	22	15,136**	0,172**	0,074**	1,545*	31,075*	0,358	43729073,879**	32577223,782**
Progênie	20	11,183**	0,033	0,011	1,463*	29,916*	0,376	4316141,316	2578416,825
Testemunha	1	28,167**	0,000	0,002	0,167	4,167	0,001	10071527,984	5320962,847
Prog. vs Test.	1	81,168**	3,118**	1,404**	4,563*	81,168*	0,344	865645271,044**	659809623,851**
Resíduo	44	1,661	0,022	0,009	0,802	16,105	0,292	3000603,673	2056942,950
Médias Progênie		61,02	1,49	0,77	2,75	7,02	1,59	6673,01	5010,78
Médias Testemunhas		57,17	2,25	1,28	1,83	3,17	1,34	19243,40	15985,37
CV(%)		2,12	9,42	11,66	33,59	60,07	34,52	22,30	24,04
Acurácia		0,94	0,94	0,94	0,69	0,69	0,43	0,97	0,97

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F. Fonte: próprio autor.

Tabela 14 - Quadrados médios, médias, coeficientes de variação e acurácia das análises de variância agrupadas, para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta), rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em m), altura de espigas (AE em m) e rendimento de grãos (RG em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.

FV	GL	Segunda safra - 2017				Primeira safra – 2017/2018							
		ENF	TOMB	PRO	RE	FF	AP	AE	ENF	TOMB	PRO	RE	RG
Blocos/Exp.	6	1,376	27,194	0,081	454066,587	3,826	0,016	0,015	2,251	20,556	0,071	630964,226	558369,709
Experimento	2	4,609**	0,133	0,044	486408,626*	17,107**	0,083*	0,107**	1,177	251,084**	0,005	34903720,210**	27771116,424**
Testemunha	1	0,222	2,000	0,062	208849,260	53,389**	0,008	0,052*	0,500	56,889	0,024	12085609,196*	6203686,104
Test. x Exp.	2	0,056	14,000	0,021	75423,478	0,889	0,011	0,009	0,167	7,389	0,019	2921556,914	1629649,093
Progênes/Exp.	65	0,613**	17,533	0,082*	311497,681**	8,834**	0,051**	0,027**	1,076*	41,078**	0,214	6178272,504**	4119051,750**
(Test. vs Prog.)/Exp	3	2,002**	59,080*	0,056	55137,631	87,685**	2,840**	1,158**	4,688**	127,404**	0,340	675755038,242**	492118829,236**
Resíduo	142	0,378	18,320	0,051	121923,693	2,176	0,018	0,011	0,736	20,052	0,197	2341135,095	1631484,878
Médias Progênes		7,56	9,20	0,69	1124,00	61,52	1,54	0,82	2,76	9,09	1,59	7537,82	5785,41
Médias Testemunhas		7,00	6,44	0,71	1062,80	57,50	2,25	1,28	1,94	4,22	1,34	18539,19	15153,84
CV(%)		8,18	47,70	32,56	31,20	2,41	8,47	12,24	31,85	51,48	28,31	18,15	19,52
Acurácia		0,62	0,00	0,61	0,78	0,87	0,80	0,77	0,56	0,72	0,28	0,79	0,78

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 15 - Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância conjuntas para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra 2017 e na primeira safra 2017/18. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE</b>
<i>Experimento 4</i>					
Blocos/Época	4	1,476	15,357	0,026	728466,177
Época (E)	1	914,667**	81,482**	31,694**	2170130734,445**
Progênes (P)	25	0,767	45,207**	0,144	4736865,663**
Testemunhas (Test.)	1	0,750	12,000	0,001	3253687,678
P vs Test.	1	1,540	238,022**	0,124	337224558,102**
P x E	25	0,513	29,107	0,060	4933305,238**
Test. x E	1	0,083	48,000	0,011	4664852,422
(P vs Test.) x E	1	0,090	0,011	0,076	330352233,850**
Resíduo	108	0,501	18,802	0,113	1916588,300
Média geral		4,93	9,63	1,13	4763,61
Média progênes		4,96	9,96	1,13	4370,66
Média testemunhas		4,58	5,33	1,03	9871,91
CV(%)		14,36	45,05	29,91	29,06
Acurácia		0,37	0,63	0,18	0,89
<i>Experimento 5</i>					
Blocos/Época	4	1,710	50,065	0,092	433230,188
Época (E)	1	822,964**	2,348	28,071**	2297512637,620**
Progênes (P)	20	1,643**	34,527	0,160*	2266111,560*
Testemunhas (Test.)	1	0	36,750	0,002	1231,403
P vs Test.	1	11,843**	102,029*	0,384*	240265688,788**
P x E	20	0,644	18,375	0,069	1975645,514*
Test. x E	1	0	0,750	0,150	822,370
(P vs Test.) x E	1	0,663	79,077	0,130	253888962,414**
Resíduo	88	0,574	22,118	0,084	1985405,529
Média geral		5,28	8,87	1,12	5101,10
Média progênes		5,37	9,14	1,14	4693,89
Média testemunhas		4,33	6,08	0,95	9376,74
CV(%)		14,34	53,02	25,76	27,62
Acurácia		0,65	0,41	0,48	0,91
<i>Experimento 6</i>					
Blocos/Época	4	2,254	6,203	0,110	465848,605
Época (E)	1	847,565**	185,507	24,469**	1507517386,948**
Progênes (P)	20	1,298**	19,898	0,294	3010587,176
Testemunhas (Test.)	1	0,333	2,083	0,001**	3456444,607
P vs Test.	1	5,467**	139,441**	0,025	426024406,741**
P x E	20	0,732	24,794	0,181	1751694,699
Test. x E	1	0,000	2,083	0,000	6911378,192
(P vs Test.) x E	1	0,467	0,870	0,451	439674676,724**
Resíduo	88	0,610	16,726	0,177	2864046,036
Média geral		5,15	7,84	1,14	4460,94
Média progênes		5,21	8,15	1,15	3918,71
Média testemunhas		4,50	4,58	1,10	10154,35
CV(%)		15,18	52,16	36,79	37,94
Acurácia		0,58	0,32	0,34	0,87

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.



Tabela 16 - Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variação das análises de variância conjuntas agrupada para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB em plantas/parcela), prolificidade (PRO em espigas/planta) e rendimento de espigas (RE em kg ha<sup>-1</sup>), na segunda safra 2017 e primeira safra 2017/2018. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE</b>
Blocos/ Época/ Exp.	12	1,813*	23,875	0,076	542514,990
Época/Exp.	3	861,732**	89,779*	28,078**	1991720253,004**
Progênes/Exp.	65	1,069*	34,134	0,195	3445471,020**
Testemunha	1	1,083	50,833	0,005	6711363,687
(Prog. x Época)/Exp.	65	0,621	24,478	0,100	3044299,003**
Experimento (Exp.)	2	1448,111**	5237,760**	70,454**	4399489656,164**
Resíduo	284	0,557	19,186	0,124	1231529,502
Média geral		5,16	8,78	1,13	4775,21
Média progênes		5,23	9,08	1,14	4327,75
Média testemunhas		4,42	5,33	1,03	9801,00
CV(%)		14,35	50,08	30,82	31,54
Acurácia		0,32	0,46	0,00	0,77

Nota: \*,\*\* - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 17 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO em [(espigas/planta)<sup>2</sup>]), rendimento de espigas (RE), florescimento feminino (FF em dias<sup>2</sup>), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e rendimento de grãos (RG), com base nas análises agrupadas. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.

Parâmetros genéticos	Segunda safra – 2017				Primeira safra – 2017/2018							
	ENF	TOMB	PRO	RE	FF	AP	AE	ENF	TOMB	PRO	RE	RG
	(g/planta) <sup>2</sup>				---(cm/planta) <sup>2</sup> --			----(g/planta) <sup>2</sup> ----				
Variância ambiental	0,378	0,000	0,051	19,051	2,176	180,0	110,0	0,736	20,052	0,197	365,802	254,920
Variância genotípica	0,078	0,000	0,010	9,874	2,219	110,0	50,0	0,113	7,009	0,006	199,851	129,561
Variância aditiva	0,313	0,000	0,040	39,495	8,877	440,0	220,0	0,453	28,035	0,023	799,404	518,243
Variância fenotípica média	0,204	0,000	0,027	16,224	2,945	170,0	90,0	0,359	13,693	0,071	321,785	214,534
Herdabilidade (%)	38,29	0,000	37,14	60,86	75,36	64,55	59,44	31,59	51,19	8,01	62,11	60,39
CVg	3,70	0,000	14,48	22,36	2,42	6,84	8,94	12,20	29,11	4,76	15,00	15,74
CVg/CVe	0,45	0,000	0,44	0,72	1,00	0,81	0,73	0,38	0,57	0,17	0,83	0,81
GS % (SELEÇÃO DIRETA)	-3,20	0,000	12,35	24,42	-2,94	-7,67	-9,00	-9,57	-29,17	1,98	16,55	17,12
$\bar{X}_{S(PRO)}^1$	7,81	0,000	0,87	0,20	61,46	1,55	0,84	3,18	8,44	1,89	1,28	1,00
GS % (PRO)	-1,25	0,000	5,90	12,90	-0,31	0,91	1,34	-3,33	-12,81	0,41	10,22	11,22

Nota:  $\bar{X}_{S(PRO)}$  – média das progênies selecionadas para prolificidade; GS % (PRO) – ganho com seleção com base na prolificidade; <sup>1</sup> - intensidade de seleção de 20% entre progênies.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 18 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres enfezamento (ENF em notas), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO em [(espigas/planta)<sup>2</sup>]) e rendimento de espigas (RE) com base nas análises conjuntas agrupadas. População Isanão – VD1, Selvíria – MS.

<b>Parâmetros genéticos</b>	<b>ENF</b>	<b>TOMB</b>	<b>PRO</b>	<b>RE(g / planta)<sup>2</sup></b>
Variância ambiental	0,379	19,186	0,124	192,426
Variância genotípica	0,053	2,491	0,012	57,655
Variância aditiva	0,210	9,965	0,048	230,619
Variância P x E	0,040	0,882	-0,004	47,207
Variância fenotípica média	0,199	9,328	0,051	23,623
Herdabilidade (%)	26,40	26,71	23,22	70,90
CVg	4,439	17,980	9,641	0,159
CVg/CVe	0,309	0,359	0,313	0,005
GS % (SELEÇÃO DIRETA)	-3,18	-12,57	6,53	30,70
$\bar{X}_{S(PRO)}^1$	5,45	8,55	1,38	0,68
GS % (PRO)	1,57	-0,04	4,87	-1,75

Nota:  $\bar{X}_{S(PRO)}$  – média das progênies selecionadas para prolificidade; GS % (PRO) – ganho com seleção com base na prolificidade; <sup>1</sup> - intensidade de seleção de 20% entre progênies.

Fonte: Próprio autor.

## APÊNDICE B – FIGURAS

Figura 2 - Campo isolado de obtenção das progênes Isanão VF-1.



Fonte: Próprio autor.

Figura 3 – Proteção de pendão para posterior obtenção das progênes S<sub>1</sub>.



Fonte: Próprio autor.

Figura 4 - Campo isolado de obtenção das progênes Isanão VF-1 (Fase de isolamento da segunda espiga).



Fonte: Próprio autor.



Figura 5 – Progênies de polinização aberta (despalhadas) e as respectivas S<sub>1</sub>.



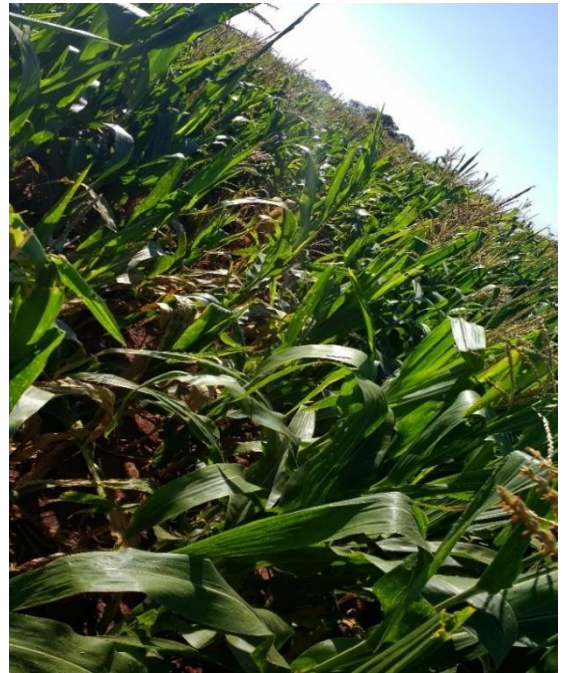
Fonte: Próprio autor.

Figura 7 – Espigas colhidas na segunda safra 2017, referente a uma parcela.



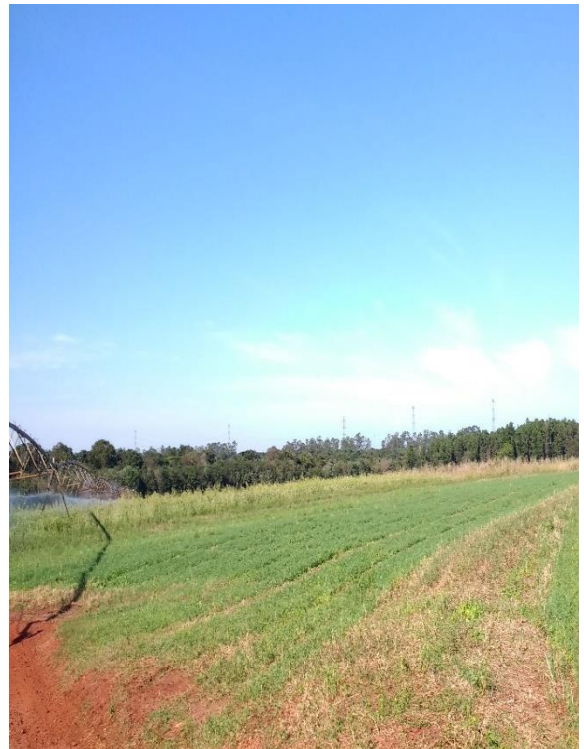
Fonte: Próprio autor.

Figura 6 – Campo de avaliação de progênies de polinização aberta – segunda safra 2017.



Fonte: Próprio autor.

Figura 8 – Campo de avaliação de progênies de meios irmãos – primeira safra 2017/18.



Fonte: Próprio autor.



Figura 9 – Colheita da primeira safra 2017/18.



Fonte: Próprio autor.

Figura 10 – Colheita da primeira safra 2017/18.



Fonte: Próprio autor.

Figuras 11 e 12 – Espigas de parcelas de progênies meias irmãs colhidas. Colheita da primeira safra 2017/18.



Fonte: Próprio autor.



Fonte: Próprio autor.