

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS

CAMPUS DE JABOTICABAL

DEPARTAMENTO DE PRODUÇÃO VEGETAL

**PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO  
EM LINHAGENS DE MILHO**

**Silviane de Santiago**  
**Engenheira Agrônoma**

JABOTICABAL

JULHO DE 2014

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS

CAMPUS DE JABOTICABAL

DEPARTAMENTO DE PRODUÇÃO VEGETAL

PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO EM  
LINHAGENS DE MILHO

Aluna: Silviane de Santiago

Orientador: Prof. Dr. Leandro Borges Lemos

Co-orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Mouro

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

JABOTICABAL

JULHO DE 2014

Santiago, Silviane

S235p Predição de ganho genético utilizado índice de seleção em  
linhagens de milho / Silviane Santiago. – – Jaboticabal, 2014

iii, 31p. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,  
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2014

Orientador: Leandro Borges Lemos

Coorientador: Gustavo Vitti Mõro

Banca examinadora: Ivana Marino Bárbaro, Domingos Fornasieri  
Filho

Bibliografia

1. *Zeamays*. 2. Seleção direta. 3. Obtenção de híbridos. 4. Linhas  
puras. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e  
Veterinárias.

CDU 631.52:633.15

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

**TÍTULO:** PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO EM LINHAGENS DE MILHO

**AUTORA:** SILVIANE DE SANTIAGO

**ORIENTADOR:** Prof. Dr. LEANDRO BORGES LEMOS

**CO-ORIENTADOR:** Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL) , pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Prof. Dr. DOMINGOS FORNASIERI FILHO

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Profa. Dra. IVANA MARINO BARBARO

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Colina/SP

Data da realização: 04 de julho de 2014.

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**Silviane de Santiago** – Nascida em 11 de Agosto de 1987, em Araraquara-SP. Ingressou no curso de Agronomia da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Câmpus de Jaboticabal em Março de 2007. No mesmo ano, em 2007, iniciou estágio no Departamento de Produção Vegetal na área de Genética e Melhoramento de Plantas com a cultura da soja, finalizando o mesmo, em Junho de 2011, juntamente com a conclusão da monografia. Em 2011, durante o segundo semestre, como parte das exigências para a conclusão do curso, cumpriu o estágio curricular obrigatório na “University of Nebraska at Kearney”, nos Estados Unidos. Em Março de 2012 iniciou o curso de Mestrado em Agronomia no Programa de Produção Vegetal com a cultura do milho, pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Câmpus de Jaboticabal. Durante o curso de Mestrado foi co-orientador de aluno de graduação do curso de Agronomia na área de Genética e Melhoramento de Plantas com a cultura da soja, na execução de projeto de pesquisa e Trabalho de Conclusão de Curso (TCC), pela mesma Instituição. Em Janeiro de 2013, começou a trabalhar na empresa Basf, na área de Pesquisa e Desenvolvimento de Produtos. Finalizou a dissertação pelo Departamento de Produção Vegetal, em Julho de 2014, obtendo o título de Mestre em Agronomia.

Aos meus pais João e Ivete, pela vida, pelo apoio, pelo exemplo e por sempre acreditarem em mim, dedico.

À minha vó Terezinha (in memoriam), por estar sempre presente em nossos corações, ofereço.

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus e Nossa Senhora Aparecida pela força para superar todos os obstáculos e por me abençoarem sempre.

Aos meus pais, Ivete e João, pela vida, pela educação, pelo amor e pelo grande apoio.

À todos os meus familiares, em especial meus irmãos João Rodrigo, Silvia, Valdecir e João Tiago, minha prima Núbia.

Ao Prof. Dr. Leandro Borges Lemos e ao Prof. Gustavo Vitti Moro pela orientação, confiança e pelos ensinamentos.

Aos meus companheiros de pós-graduação Camila, Kauê, Lucas e Rodolfo pela grande ajuda na elaboração deste trabalho e pelos momentos vividos.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal Mônica, Rubens, Sebastião, Gabi, Osmar e especialmente ao Mauro e Geraldo pela grande ajuda, ensinamentos e paciência.

Aos membros da banca examinadora de qualificação e Defesa, Prof. Dr. Rinaldo, Prof. Éverlon, Prof. Fornasieri e Dr. Ivana.

A todos os professores e funcionários da faculdade que contribuíram para minha formação e à todas as pessoas que de alguma forma contribuíram para execução deste trabalho.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	3
2.1. Importância Socioeconômica .....	3
2.2. Melhoramento Genético .....	4
2.2.1. Obtenção de Linhagens .....	4
2.2.2. Índices de Seleção .....	5
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	8
3.1. Material Genético .....	8
3.2. Execução Experimental .....	8
3.3. Análise Estatística dos Dados .....	10
3.3.1. Obtenção de Médias .....	10
3.3.2. Análise de Variância .....	10
3.4. Obtenção dos Índices de Seleção .....	12
3.5. Métodos de Seleção e Predição de Ganho Genético .....	15
4. RESULTADOS .....	16
5. DISCUSSÃO .....	23
6. CONCLUSÕES .....	28
7. REFERÊNCIAS .....	29



## PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO EM LINHAGENS DE MILHO

**RESUMO** – A cultura do milho ocupa posição de destaque tanto em pesquisas científicas quanto na economia mundial, sendo o Brasil um dos maiores produtores do grão. O elevado potencial produtivo se deve aos programas de melhoramento genético de plantas, onde a seleção de genótipos superiores é realizada com base em índices de seleção. Essa estratégia tem sido eficiente para a obtenção de genótipos superiores, por permitir obter simultaneamente ganhos para caracteres de importância agrônômica / econômica. Desta forma, os objetivos do presente trabalho consistiram em mensurar o ganho genético com a seleção de linhagens, baseada em índices de seleção, comparando a eficiência dos diferentes índices e verificando qual (is) é (são) mais indicados para a seleção fenotípica de linhagens de milho. Para isso, 256 linhagens foram avaliadas em experimentos com duas repetições em doze ambientes. Foram considerados os caracteres: produção de grãos, prolificidade, acamamento e quebramento de plantas, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, florescimento feminino e masculino, e intervalo entre florescimentos. Foram aplicadas intensidades de seleção de 10% e 20% para seleção direta e para sete índices. Os resultados das análises indicaram que a seleção direta dos caracteres não foi efetiva na seleção de genótipos superiores. Os índices de Smith & Hazel/ 1943 e Willians/ 1962 resultaram em maiores ganhos para os genótipos estudados.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; seleção direta; obtenção de híbridos; linhas puras.

## **PREDICTION OF GENETIC GAIN USING SELECTION INDEXES IN MAIZE LINES**

**ABSTRACT** - Corn is a crop of great importance, occupying a preeminent position both in scientific research and in the world economy, with Brazil being one of the largest grain producers. Increased production and productivity are due in part to the plant breeding programs, where the selection of superior genotypes is performed based on selection indexes. This strategy has been effective for obtaining superior genotypes since it allows to obtain simultaneously gains for many traits of agronomic/economic importance. Thus, the objectives of this work consisted in measuring the genetic gain from selection of lines, which is based on selection indexes, and to compare the efficiency of different indexes to check which one (s) is (are) best suited for phenotypic selection of maize lines. For this, 256 lines were evaluated in experiments with repetition in twelve environments. Grain production, prolificacy, lodging and breaking plant, plant height, ear height, relative position of the spike, male and female flowering, and interval between flushes: the characters were considered. Selection intensities of 10 % and 20% for direct selection and for the seven indices under study were applied. The analysis results indicated that direct selection of characters was not effective in selecting superior genotypes. The indices of Smith & Hazel (1943) and Williams (1962) resulted in greater gains for the genotypes evaluated.

**Key words:** *Zea mays* L. Direct selection, Hybrids, Pure lines.

## 1. INTRODUÇÃO

O milho é uma das mais importantes culturas alimentícias, ocupando um lugar de destaque na pesquisa científica e na economia mundial. É utilizado como fonte para a alimentação humana e animal, também como matéria prima para a indústria (EMBRAPA, 2012).

Segundo dados da CONAB (2014) a estimativa de produção para a safra brasileira 2013/14 é de aproximadamente 75 milhões de toneladas do grão, colocando o país em terceiro lugar em termos de produção mundial de milho, ficando atrás apenas dos Estados Unidos e da China. Atualmente a produtividade nacional média está acima de 5.000 kg ha<sup>-1</sup>, enquanto que há 10 anos, essa produtividade era pouco mais de 3.500 kg ha<sup>-1</sup>. Esse aumento deve-se à contribuição da pesquisa realizada em diversas áreas e, principalmente, à obtenção de híbridos mais produtivos.

O melhoramento genético vegetal é uma valiosa estratégia para o aumento da produtividade de forma sustentável e ecologicamente equilibrada, associada ao emprego de melhores práticas culturais como manejo, adubação e irrigação adequados (BORÉM & MIRANDA, 2005). Entre os principais objetivos das instituições de pesquisa em melhoramento genético de milho, está o desenvolvimento e recomendações de linhagens que se configurem como bons parentais com características específicas entre macho ou fêmea, em determinado ambiente e que resultem na redução de custo de produção de sementes dos híbridos.

Nos programas de melhoramento, a seleção de genótipos superiores é realizada com base em índices, por permitir obter ganhos para diversos caracteres de importância agrônômica e econômica, simultaneamente. Os índices de seleção funcionam como um caráter adicional, resultante de uma combinação de diversas características sobre as quais se deseja obter respostas à seleção (SANTOS *et al.*, 2007), permitindo melhorar diversos caracteres simultaneamente, independentemente da existência ou não de correlação entre estes (CRUZ & REGAZZI, 2001; VILARINHO *et al.*, 2003).

A escolha do melhor índice de seleção depende da importância relativa dos caracteres considerados, do tipo de material que está sendo selecionado e dos objetivos do programa, podendo sofrer alterações ao longo do tempo. Assim, o índice adequado pode ser alterado, não sendo possível definir o melhor de forma generalizada. Independentemente do índice considerado, sua utilização fornece um método objetivo, capaz de determinar o mérito relativo de uma série de genótipos, fornecendo uma base para diferenciar esses genótipos (CARENA, 2009).

Portanto, a seleção de linhagens realizada com base em um determinado índice pode aumentar a eficiência do processo de seleção, permitindo selecionar genótipos com padrões agronômicos mais próximos aos genótipos ideais (ideótipos), em menor espaço de tempo. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi comparar os ganhos com a seleção, em linhagens de milho, considerando diferentes estratégias de seleção e verificar qual é a mais eficiente.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Importância Socioeconômica

Pertencente à família Poaceal, o milho (*Zea mays* L.), é uma das poucas plantas econômicas nativas das Américas. Trata-se de uma planta completamente domesticada, pois não cresce de forma selvagem e não consegue sobreviver na natureza, sendo, portanto, dependente dos cuidados do homem (PATERNIANI, 1995). Várias hipóteses foram propostas sobre sua origem, sendo que as mais consistentes foram as que mostraram o teosinto como ancestral. O Teosinto é também uma gramínea, porém com várias espigas e sem sabugo, podendo cruzar naturalmente com o milho e produzir descendentes férteis (GALINAT, 1995).

A espécie é politépica, por haver elevado número de raças e tipos de milho dentro dela, sendo provavelmente a de maior variabilidade genética entre as plantas cultivadas. O milho é cultivado em diversas regiões, porém com adaptações específicas para cada uma. Fornasieri Filho (2007) relata que há variabilidade genética para praticamente todos os caracteres da planta e a manutenção dessa variabilidade se dá pelo estabelecimento de bancos de germoplasma, o qual mantém a diversidade de tipos individualizada e sob condições controladas de raças.

Sua importância econômica é definida pelas variadas formas de sua utilização, desde a alimentação animal até a indústria de alta tecnologia. O uso do milho em grão para alimentação animal corresponde a cerca de 70% no mundo (CONAB, 2014). Nos EUA esse percentual é menor, 50%, devido a grande utilização para a produção de etanol, enquanto que no Brasil esse número pode chegar a 80%.

A grande importância da cultura está também relacionada ao aspecto social, pois no Brasil existem muitos agricultores que não são tecnificados, não possuem grandes áreas para cultivo, porém dependem da produção para viver. Devido a esses pequenos produtores, o país não se destaca em produtividades, apesar de ser o terceiro produtor mundial (EMBRAPA, 2002).

## 2.2. Melhoramento Genético

As cultivares de milho utilizadas até a década de 60, além de pouco produtivas, eram excessivamente altas, acamando com facilidade e impossibilitando alta densidade de semeadura. O melhoramento genético tem papel extremamente importante para a cultura, possibilitando aumento da produtividade, redução do porte de plantas e acamamento, maior adaptabilidade a condições de estresse hídrico e resistência de praga, insetos e doenças (SAWAZAKI & PATERNIANI, 2004).

A hibridação tem sido de interesse no melhoramento de espécies cultivadas, tanto para a exploração do vigor de híbrido na geração  $F_1$  como para promover o aparecimento de variabilidade genética em populações (MIRANDA FILHO & NASS, 2001). Entre os principais objetivos das instituições de pesquisa, em melhoramento genético de milho, está desenvolver linhagens que se configurem como bons parentais com características específicas entre macho ou fêmea, em determinado ambiente e que resultem na redução de custo de produção de sementes dos híbridos.

### 2.2.1. Obtenção de Linhagens

O método padrão para a obtenção de linhagens puras consiste em autofecundar plantas selecionadas por sucessivas gerações. São escolhidas linhagens elite pertencentes a um determinado grupo heterótico, que têm sua seleção baseada nos objetivos de melhoramento. As linhagens são semeadas e realiza-se a polinização cruzada dentro de cada grupo, obtendo-se assim a geração  $F_1$ . Estas são autofecundadas, com o objetivo de expressar a maior variabilidade entre os parentais, obtendo-se a  $F_2$ , que se constitui no ponto de partida de seleção, devido à alta variabilidade e segregação de caracteres (FORNASIERI FILHO, 2007).

As plantas autofecundadas na geração  $F_2$  são colhidas sem diferenciação entre espigas (“bulk”) e submetidas novamente a autofecundação na geração seguinte. Em  $F_3$  as espigas são colhidas individualmente, e esta geração é submetida ao teste de progênie (“topcross”), no qual os materiais são cruzados com testadores, que são linhagens escolhidas em um grupo heterótico distante. Os

híbridos “topcrosses” são avaliados, e os que apresentarem boa produtividade e características desejáveis, são selecionados para avançar no programa de melhoramento. Nas progênies selecionadas são realizadas sucessivas gerações de autofecundação, até atingirem uma taxa de homozigose próxima a 100%, na geração F<sub>9</sub>, sendo considerada como linhagem pura ou homozigótica (FORNASIERI FILHO, 2007).

Na seleção dessas progênies, devem ser considerados os caracteres de maior interesse no programa de melhoramento. Apesar de não existir correlação entre as linhagens puras e os híbridos, há parâmetros mínimos que devem ser considerados na seleção. Para a melhoria de mais de um caráter simultaneamente, podem ser utilizadas algumas técnicas, dentre elas a de índice de seleção. Para este procedimento são determinadas famílias superiores, através de um índice ou ranking obtidos com dados de avaliação (RUMBAUGH ET AL; 1984).

### **2.2.2. Índices de Seleção**

Os índices de seleção funcionam como um caráter adicional, resultante de uma combinação de diversas características sobre as quais se deseja obter respostas à seleção (SANTOS ET AL., 2007), permitindo melhorar diversos caracteres simultaneamente, independente da existência ou não de correlação entre eles (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; WILLIAMS, 1962; CRUZ & REGAZZI, 2001; VILARINHO ET AL., 2003). Embora a resposta para um determinado caráter possa ser superior àquela baseada em índice de seleção, esta resulta em genótipos com melhores padrões agronômicos, por alcançarem níveis adequados para os caracteres considerados em conjunto no índice, em menor tempo do que de genótipos obtidos a partir da seleção sequencial para cada caráter.

A teoria dos índices de seleção é baseada no fato de que cada indivíduo possui um valor genético global que lhes é peculiar (HAZEL & LUSH, 1942). Este valor genético corresponde ao somatório dos valores de melhoramento, associado a um número de caracteres de importância econômica, que são ponderados por valores econômicos, relativos correspondentes a cada caráter. Devido ao valor de melhoramento global de cada indivíduo ser de difícil mensuração, o valor genético

não pode ser determinado, e a seleção baseia-se num valor fenotípico do indivíduo (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; KEMPTHORNE, 1957).

O princípio básico dos índices de seleção é obter uma função linear dos valores fenotípicos para diversos caracteres. Os índices disponíveis diferem basicamente, no peso que é dado para cada um dos caracteres considerados. Para estimar os pesos dados para os caracteres há índices que consideram covariâncias genéticas, fenotípicas e o peso econômico desses caracteres (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; WILLIAMS, 1962); outros que consideram o valor mínimo aceitável para cada caráter, como o índice multiplicativo (ELSTON, 1963; SUBANDI ET AL., 1973). Alguns envolvem o ranqueamento e a soma dos ranques dos genótipos para cada um dos caracteres (MULAMBA; MOCK, 1978), aqueles cujos pesos são obtidos em função da herdabilidade do caráter considerado (Smith et al., 1981), e há aqueles que utilizam a resposta desejada ou o diferencial de seleção, para ponderar os caracteres utilizados no índice (DICKERSON ET AL., 1954; ALLAIRE; HENDERSON, 1966; PESEK; BAKER, 1969).

Vários métodos de construção de índices de seleção podem ser utilizados em um programa de melhoramento, o que pode variar de acordo com o tipo de seleção a ser empregada. O primeiro índice relatado na literatura foi desenvolvido por SMITH em 1936, e tem como objetivo maximizar a correlação entre o índice e o valor genotípico dos indivíduos. Posteriormente, este índice otimizado foi adaptado por HAZEL em 1943 para ser aplicado no melhoramento animal, e por isso, a denominação de índice de SMITH-HAZEL (SANTOS, 2005).

Existem também índices de seleção não lineares, que podem ser aplicados em seleção recorrente ou seleção de cultivares. É o caso do índice multiplicativo proposto por ELSTON (1963). O qual possibilita a seleção aproximada dos mesmos genótipos que seriam pelo emprego de índice linear, sem a necessidade de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, (GARCIA, 1998).

Em 1969, PESEK E BAKER sugeriram o uso de “ganhos genéticos desejados”, de características individuais para substituir os pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. Para possibilitar essa modificação é necessário calcular as médias dos genótipos e as matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica. Com isso, podem-se calcular os coeficientes dos



índices, sem a necessidade de estabelecer os pesos econômicos, resultando em um ganho máximo para cada caráter, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado (CUNHA, 2010).

MULAMBA E MOCK, em 1978, basearam-se na soma de “ranks” para classificar os genótipos em relação a cada caráter. A partir desta classificação, são somados os valores de cada característica para os genótipos, resultando em um valor geral considerado como o índice de seleção (CRUZ ET AL; 2004).

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Material Genético

As linhagens  $S_1$  de milho foram obtidas a partir do cruzamento entre as linhagens L14-04B e L08-05F, desenvolvidas no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo. Essas linhagens pertencem a grupos heteróticos diferentes, sendo a L14-04B de grãos amarelos dentados e a L08-05F de grãos alaranjados duros (MÔRO, 2011). Da geração  $F_2$  foi retirada uma amostra aleatória de 256 plantas, que foram semeadas em linhas, e em cada uma das linhas, foram realizados cruzamentos manuais no esquema SIB (*Self In Brothers*) para aumentar a quantidade de sementes disponíveis. Foram assim obtidas 256 progênies  $S_1$ .

#### 3.2. Execução Experimental

Nos anos agrícolas de 2002/2003 a 2006/2007 as 256 linhagens  $S_1$  foram avaliadas em diversos locais por ano no município de Piracicaba-SP, totalizando 12 ambientes. Para isso, as linhagens foram cultivadas no delineamento látice quadrado 16 x 16, cada parcela constituída por uma linha de 4,0 m, com espaçamento de 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. Foram distribuídas 50 sementes por parcela, e aproximadamente 30 dias após a semeadura foi realizado o desbaste, mantendo cerca de 20 plantas em cada parcela, o que corresponde a uma população média de 62.500 plantas  $ha^{-1}$ .

Foram coletados, no decorrer do período experimental, os seguintes dados: florescimento masculino e feminino, em dias, para que 50% das plantas da parcela tivessem emitido a inflorescência masculina e feminina, respectivamente; em número de plantas por parcela na época da colheita; plantas acamadas na parcela com inclinação superior a 30° em relação à vertical; quebraimento de plantas quebradas abaixo da primeira espiga na parcela; número de espigas por parcela; peso de grãos em  $kg\ parcela^{-1}$ . Em cinco plantas da parcela foram determinadas, a

altura da planta, a altura da espiga em cm, do solo até a folha bandeira e até a inserção da primeira espiga, respectivamente (MÔRO, 2011).

O peso de grãos por parcela foi ajustado para 15,5% de umidade e convertido para  $t\ ha^{-1}$ , a prolificidade através da divisão entre o número de espigas pelo estande na parcela. O acamamento e quebramento foram somados, obtendo-se o acamamento e quebramento, em porcentagem de plantas acamadas e quebradas. A posição relativa da espiga, é calculada dividindo-se a altura da espiga (cm) pela altura da planta (cm), é um caráter sem unidade, que representa a posição da espiga na planta. Outra informação foi o intervalo entre florescimento feminino e florescimento masculino.

Para a realização das análises estatístico-genéticas foram considerados os caracteres: produção de grãos (PG), acamamento e quebramento (ACQ), prolificidade (PROL), intervalo entre florescimento em dias, posição relativa da espiga (PRE), altura da planta (AP) e da espiga (AE) em cm. Para os caracteres ACQ, PROL e PG, o estande foi utilizado como covariável nas análises estatísticas. Os caracteres foram escolhidos pela importância direta no melhoramento de milho, e por apresentarem algumas peculiaridades, como a PROL e o IF que estão diretamente relacionados com a tolerância ao estresse hídrico e, também, a AP e PRE, que afetam diretamente o ACQ.

### **3.3. Análise Estatística dos Dados**

#### **3.3.1. Obtenção de Médias**

Para determinação das médias fenotípicas das linhagens  $S_1$  foram utilizados 12 ambientes, com duas repetições por ambiente, pode-se inferir que estas médias apresentam excelente precisão experimental, com valores próximos aos valores genéticos das linhagens.

### 3.3.2. Análise de Variância

As análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o procedimento "PROC GLM" do software SAS (SAS INSTITUTE, 1999). Inicialmente, realizou-se a análise de variância individual para cada ambiente, de acordo com o modelo matemático para experimento em látice (COCHRAN; COX, 1976):

$$Y_{ijk} = m + L_i + R_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  é o valor observado da linhagem  $i$  no bloco  $k$ , dentro da repetição  $j$ ;

$m$  é a média geral do experimento;

$L_i$  é o efeito da linhagem  $i$ , com  $i$  variando de 1 a 256;

$R_j$  é o efeito da repetição  $j$ , com  $j$  sendo 1 ou 2;

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

$e_{ijk}$  é o erro experimental.

Com as médias ajustadas obtidas das análises individuais foram realizadas análises de variância conjunta dos experimentos, de acordo com o modelo matemático:

$$Y_{ijk} = m + L_i + R_j + (LR)_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  é o valor observado da linhagem  $i$  no bloco  $k$ , dentro do ambiente  $j$ ;

$m$  é a média geral;

$L_i$  é o efeito da linhagem  $i$  com  $i$  variando de 1 a 256;

$R_j$  é o efeito do ambiente  $j$ ;

$(LR)_{ij}$  é o efeito da interação da linhagem  $i$  com o ambiente  $j$ ;

$e_{ijk}$  é o erro efetivo médio.

Com base nos quadrados médios das análises de variância conjunta foram estimados os seguintes componentes de variância para cada caráter: variância

fenotípica ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), variância genotípica ( $\hat{\sigma}_G^2$ ), variância da interação genótipo x ambiente ( $\hat{\sigma}_{GxA}^2$ ), variância ambiental ( $\hat{\sigma}_E^2$ ) e coeficiente de herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias ( $h^2$ ). Para a obtenção dessas estimativas foram utilizadas as seguintes equações:

$$\hat{\sigma}_F^2 = (QM_L)/A * R$$

$$\hat{\sigma}_G^2 = (QM_L - QM_{GxA})/A * R$$

$$\hat{\sigma}_{GxA}^2 = (QM_{GxA} - QM_E)/A * R$$

$$\hat{\sigma}_E^2 = QM_E$$

$$h^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_F^2$$

em que:

$QM_L$  é o Quadrado Médio das linhagens;

$A$  é o número de ambientes;

$R$  é o número de repetições;

$QM_{GxA}$  é o Quadrado Médio da interação genótipo x ambiente;

$QM_E$  é o Quadrado Médio do Resíduo.

### 3.4. Obtenção dos Índices de Seleção

Após a obtenção das médias e dos parâmetros, foram utilizados diferentes índices de seleção para as linhagens, envolvendo os caracteres considerados. A expressão geral dos índices de seleção ( $I$ ) é:

$$I = \sum_1^i b_i X_i$$

em que:

$b_i$  = peso para o caráter  $i$ ;

$X_i$  = valor observado para o caráter  $i$ .

Os seguintes índices de seleção foram avaliados:

- 1) CRUZ (2006): consiste em fixar um valor ideal para cada caráter, criando desse modo o genótipo ideal (ideótipo). Feito isso, obtém-se a diferença entre a média de cada caráter e o valor atribuído ao ideótipo, e calcula-se para cada genótipo uma distância em relação ao mesmo, sendo que o índice é obtido a partir das médias fenotípicas ajustadas e das distâncias euclidianas de cada indivíduo ao genótipo ideal.
- 2) ELSTON (1963): baseado nos valores fenotípicos da característica. É calculado pela multiplicação dos valores de  $\omega_j$  para cada caráter, onde  $\omega_i = j_i - k_i$ , em que  $j_i$  é o valor fenotípico do  $i$ -ésimo caráter e  $k_i$  é o valor mínimo (ou máximo) estabelecido pelo melhorista, abaixo (ou acima) do qual os genótipos são descartados.
- 3) SMITH-HAZEL (SMITH, 1936; HAZEL, 1943): o peso para os caracteres envolve as covariâncias fenotípicas e genéticas e os pesos econômicos. Esse índice de seleção é uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico. O agregado genotípico é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos. O valor do vetor  $\mathbf{b}$  é estimado pela fórmula:  $\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{Ga}$ , sendo  $\mathbf{P}$ : matriz ( $n \times n$ ) de variâncias e covariâncias fenotípicas;  $\mathbf{G}$ : matriz ( $n \times n$ ) de covariância genética, obtida em nível de média das linhagens. O ganho esperado no caráter  $i$  quando a seleção é praticada sobre o índice pode ser calculado por:

$$GS = \frac{\mathbf{b}'\mathbf{Gj}^i}{\sqrt{V(I)}}$$

em que:

$\mathbf{Gj}$  é a  $j$ -ésima linha da matriz  $\mathbf{G}$ ;

$i$  é a intensidade de seleção;

$V(I)$  é a variância do índice,

$\mathbf{b}'$  é o vetor de coeficientes de ponderação dos caracteres no índice de seleção.

4) WILLIAMS (1962): Neste índice são estabelecidos pesos econômicos pelo melhorista, e posteriormente estima-se o índice e os ganhos esperados pela seleção direta e indireta.

5) PESEK & BAKER (1969): considera a covariância genética e as respostas desejadas com a seleção para obter os pesos dos caracteres. Esse índice é baseado nos ganhos desejados, que são mais fáceis de definir, pelo índice ser estabelecido através da definição do vetor de ganhos desejados e da matriz de variâncias e covariâncias genotípicas das variáveis envolvidas. Os coeficientes  $b$ 's são o vetor  $n \times 1$  de coeficientes do índice calculados de acordo com a importância estabelecida pelo melhorista em sua especificação dos ganhos desejados em cada característica. Com base nos ganhos previamente estipulados, é estimado o índice em que os caracteres foram classificados como primários e secundários.

6) MULAMBA & MOCK (1978): envolve o ranqueamento e a soma dos ranques para os genótipos utilizados, considerando os caracteres envolvidos. Ele hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos àqueles de melhor desempenho. O procedimento consiste em classificar as linhagens, em relação a cada um dos caracteres em ordem favorável ao melhoramento, estabelecida previamente pelo melhorista. Uma vez classificadas, são somadas as ordens de cada linhagem, referentes a cada caráter, resultando numa medida adicional tomada como índice de seleção. Adicionalmente, é permitido ajuste na ordem de classificação das variáveis, bastando atribuir pesos distintos a cada variável.

Os índices de seleção foram calculados utilizando-se o Programa Genes (CRUZ, 2006) e quando os coeficientes de ponderação não foram obtidos diretamente de parâmetros populacionais, foram considerados os valores apresentados na tabela 1.

**Tabela 1.** Valores dos coeficientes de ponderação para cálculo do coeficiente *b*, estabelecidos para cada índice de seleção.

Índice de Seleção	PG	ACQ	PROL	IF	FM	FF	PRE	AP	AE
Carvalho & Cruz (1997)	10%	-10%	8%	-7%	-7%	-7%	-7%	-8%	-7%
Elston (1963)	4,0	3,0	0,95	1,3	71	72	0,8	240	145
Mulamba & Mock (1978)	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Pesek Backer (1969)	10%	-10%	8%	-7%	-7%	-7%	-7%	-8%	-7%
Smith & Hazel (1943)	1,0	-1,0	0,8	-0,7	-0,7	-0,7	-0,7	-0,8	-0,8
Subandi et al (1973)	1,0	-1,0	0,8	-0,7	-0,7	-0,7	-0,7	-0,8	-0,7
Willians (1962)	1,0	-1,0	0,8	-0,7	-0,7	-0,7	-0,7	-0,8	-0,7

### 3.5. Métodos de Seleção e Predição de Ganho Genético

Para cada linhagem foram determinados os diferentes índices de seleção e, após o ordenamento dos índices, foram aplicadas intensidades de seleção de 10% e 20%, selecionando-se as 26 e as 52 melhores linhagens, respectivamente. Adicionalmente, foi realizada uma seleção direta e indireta para cada caráter, estimando-se os ganhos com as diferentes formas de seleção (CRUZ & REGAZZI, 1994).

Para a seleção direta, a predição do ganho de seleção para cada caráter foi obtida por:

$$RS = DS \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

em que,

*RS* é a resposta à seleção;

*DS* é o diferencial de seleção;

$\hat{\sigma}_G^2$  é a variância genotípica;

$\hat{\sigma}_F^2$  é a variância fenotípica ao nível de médias.

Para os índices de seleção foram obtidas as respostas correlacionadas ou indiretas para cada caráter, a partir da seleção feita com base no índice por:



$$RC_{x(y)} = DS_y \frac{Cov_{G(x,y)}}{\hat{\sigma}_{Fx}^2}$$

em que,

$RC_{x(y)}$  é a resposta correlacionada para o caráter  $x$  com base na seleção no índice  $y$ ;

$DS_y$  é o diferencial de seleção do índice;

$Cov_{G(x,y)}$  é a covariância genética entre a característica  $x$  e o índice  $y$ ;

$\sigma_{Fx}^2$  é a variância fenotípica da característica  $x$ .

#### 4. RESULTADOS

Para os caracteres avaliados foram observadas diferenças significativas entre linhagens, ambientes e interação, linhagem x ambiente. O erro efetivo variou de 0,001 a 96,089, para os caracteres PRE e AP, respectivamente. O coeficiente de variação apresentou valores abaixo de 20% para a maioria dos caracteres, exceto para PROL e IF, que apresentaram valores 43,479 e 116,038%, respectivamente. Podem ser observadas também, as médias da população para cada caráter em estudo. A média da população, em relação a AP e AE foram baixas, sendo de aproximadamente 191 e 105 cm, respectivamente (tabela 2).

Os maiores valores de variância genotípica foram observados para os caracteres AP e AE, 75 cm e 37 cm, respectivamente. Para a variância fenotípica, os valores aproximados foram de 80 para AP e 40 para AE. Para a variância ambiental e interação genótipo x ambiente, os maiores valores também foram observados para os mesmos caracteres. As menores variâncias foram encontradas para PRE e PROL, onde para PRE os valores foram multiplicados por 1000 para facilitar a visualização na tabela e para o caráter PROL, foi observada uma variância da interação genótipo ambiente de 0,004 e variância ambiental de 0,024. Para as estimativas de herdabilidade, os valores ficaram acima de 0,8 (tabela 3).

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância para os caracteres: PG, ACQ, PROL, IF, FM, FF, PRE, AP e AE.

F V	GL	PG	ACQ	PROL	IF	FM	FF	PRE	AP	AE
QM A	11	1115,265 **	505,691 **	15,807 **	195,674 **	1590,314 **	1322,312 **	0,410 **	124183,478 **	68906,016 **
QM P	255	25,256 **	12,695 **	0,350 **	14,530 **	90,954 **	124,47 **	0,010 **	1928,633 **	959,429 **
QM T x A	2805	1,392 **	2,472 **	0,032 **	1,683 **	3,202 **	3,971 **	0,001 **	132,305 **	75,687 **
Erro Efetivo	2700	0,590	1,986	0,024	1,379	2,163	2,620	0,001	96,089	56,528
CV (%)	-	19,377	43,479	17,097	116,038	2,055	2,220	4,910	5,202	7,494
Média	-	4,630	2,516	0,935	1,210	67,694	68,585	0,527	190,899	105,317

PG = produção em toneladas por ha; ACQ = acamamento e quebramento em porcentagem de plantas; PROL = prolificidade em número de espiga por planta; IF = intervalo entre florescimento em dias; FM = florescimento masculino em dias; FF = florescimento feminino em dias; PRE = posição relativa da espiga; AP = altura da planta em cm; AE = altura da espiga em cm; FV = Fontes de Variação; GL = graus de liberdade; QM = quadrado médio; A = Ambiente; P = Progênes; CV = Coeficiente de Variação; \*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

**Tabela 3.** Estimativas dos componentes de variância para os caracteres: PG, ACQ, PROL, IF, FM, FF, PRE, AP e AE.

Parâmetro	PG	ACQ	PROL	IF	FM	FF	PRE <sup>1</sup>	AP	AE
$\sigma^2_G$	0,994	0,426	0,013	0,535	3,656	5,021	0,360	74,847	36,823
$\sigma^2_{G \times A}$	0,401	0,243	0,004	0,152	0,519	0,675	0,100	18,108	9,580
$\sigma^2_F$	1,052	0,529	0,015	0,605	3,790	5,186	0,397	80,360	39,976
$\sigma^2_E$	0,590	1,986	0,024	1,379	2,163	2,620	0,706	96,089	56,528
$h^2$	0,945	0,805	0,909	0,884	0,965	0,968	0,905	0,931	0,921

PG = produção em toneladas por ha; ACQ = acamamento e quebramento em porcentagem de plantas; PROL = prolificidade em número de espiga por planta; IF = intervalo entre florescimento em dias; FM = florescimento masculino em dias; FF = florescimento feminino em dias; PRE = posição relativa da espiga; AP = altura da planta em cm; AE = altura da espiga em cm; P = Parâmetro;  $\sigma^2_G$  = variância genotípica;  $\sigma^2_{G \times A}$  = variância da interação genótipo x ambiente;  $\sigma^2_F$  = variância fenotípica;  $\sigma^2_E$  = variância ambiental;  $h^2$  = coeficiente de herdabilidade; <sup>1</sup> Os parâmetros:  $\sigma^2_G$ ,  $\sigma^2_{G \times A}$ ,  $\sigma^2_F$  e  $\sigma^2_E$  foram multiplicados por 1000 devido aos valores baixos.

Com intensidade de seleção de 10%, os maiores ganhos diretos foram obtidos para os caracteres IF e ACQ, com valores negativos de 81% e 66%, e para PG e PROL com ganhos positivos de 56% e 33% respectivamente. Para FM e FF, houve uma redução de aproximadamente seis dias para o florescimento masculino e cinco dias para o florescimento feminino. Para AP e AE, o ganho foi de -9% na altura da planta e de -13% na altura de inserção da espiga. Para a intensidade de seleção de 20%, os resultados seguiram a mesma tendência da intensidade de seleção de 10%, porém com valores de ganhos menores. Os ganhos diretos com a IF (-75%) e ACQ (-55%) foram os maiores, seguido do ganho positivo obtido com PG (42%). Para PRE e AP o ganho obtido foi de aproximadamente 7% e para AE 10,52%. Assim como na intensidade de seleção de 10%, os caracteres FM e FF também apresentaram os menores ganhos.

Para as estimativas de ganhos indiretos, na intensidade de seleção de 10%, foram observados os valores de 47% para PG quando o caráter selecionado foi FF e de quase 40% foram PROL e FM. Para o caráter IF foram obtidos ganhos de -56% e -38% para a seleção indireta de FF e PG, respectivamente. O ganho indireto obtido para AE foi de -9,67% com a seleção visando AP e o ganho indireto em unidade de caráter para AP foi de -13,31cm. Para esses caracteres foram observados ganhos negativos para seleção direta de ACQ e PRE. Os caracteres ACQ, PRE, AP e AE resultaram em ganhos indiretos negativos para produtividade e os caracteres PG, PROL, IF, FM e FF resultaram em um aumento do acamamento e quebramento das plantas em unidade de caráter. Para a intensidade de seleção de 20%, os ganhos indiretos seguiram a mesma tendência em relação à intensidade de 10%, porém apresentando valores menores (tabela 4).

**Tabela 4.** Estimativas de ganhos genéticos em unidade do caráter e porcentagem, pelo método de seleção direta (valores na diagonal, em negrito) e indireta para os caracteres: PG, ACQ, PROL, IF, FM, FF, PRE, AP e AE.

IS	PG	ACQ	PROL	IF	FM	FF	PRE <sup>1</sup>	AP	AE	
10%	PG	<b>55,84</b> ( <b>2,59</b> )	11,71 (0,29)	19,24 (0,18)	-37,66 (-0,46)	-4,81 (-3,25)	-3,91 (-2,68)	1,01 (0,06)	3,65 (6,98)	4,63 (4,88)
	ACQ	-7,09 (-0,33)	<b>-65,76</b> ( <b>-1,66</b> )	-4,48 (-0,04)	-5,14 (-0,06)	0,09 (0,06)	0,00 (0,00)	-2,10 (-0,12)	-0,43 (-0,82)	-2,60 (-2,74)
	PROL	39,92 (1,85)	3,59 (0,09)	<b>33,23</b> ( <b>0,31</b> )	-28,90 (-0,35)	-3,67 (-2,48)	-2,90 (-1,99)	0,80 (0,04)	2,82 (5,38)	3,69 (3,88)
	IF	11,28 (0,52)	10,03 (0,25)	7,03 (0,07)	<b>-80,93</b> ( <b>-0,98</b> )	-1,63 (-1,11)	-1,88 (-1,29)	-0,18 (-0,01)	0,56 (1,07)	0,63 (0,67)
	FM	39,41 (1,83)	1,030 (0,03)	11,36 (0,11)	-35,32 (-0,43)	<b>-6,47</b> ( <b>-4,38</b> )	-4,86 (-3,33)	-1,51 (-0,08)	2,17 (4,14)	0,67 (0,71)
	FF	46,68 (2,16)	12,43 (0,31)	16,78 (0,16)	-56,33 (-0,68)	-6,27 (-4,25)	<b>-5,07</b> ( <b>-3,48</b> )	-0,55 (-0,03)	3,64 (6,94)	3,05 (3,21)
	PRE	-6,37 (-0,29)	-25,43 (-0,64)	-8,25 (-0,08)	-12,88 (-0,16)	-0,87 (-0,59)	-0,80 (-0,55)	<b>-9,37</b> ( <b>-0,05</b> )	0,04 (0,07)	-9,41 (-9,92)
	AP	-20,07 (-0,93)	-8,66 (-0,22)	-11,77 (-0,11)	8,87 (0,11)	1,06 (0,72)	0,75 (0,51)	-0,48 (-0,03)	<b>-9,40</b> ( <b>-17,94</b> )	-9,67 (-10,19)
	AE	-22,45 (-1,04)	-23,31 (-0,59)	-13,10 (-0,12)	-1,23 (-0,02)	0,26 (0,18)	0,20 (0,14)	-6,31 (-0,04)	-6,97 (-13,31)	<b>-12,89</b> ( <b>-13,58</b> )
	20%	PG	<b>41,63</b> ( <b>1,93</b> )	7,95 (0,20)	16,46 (0,15)	-36,62 (-0,45)	-3,70 (-2,50)	-3,02 (-2,07)	1,11 (0,06)	2,90 (5,54)
ACQ		-4,06 (-0,19)	<b>-55,2</b> ( <b>-1,39</b> )	-2,27 (-0,02)	11,05 (0,13)	-0,01 (-0,01)	0,08 (0,05)	-2,23 (-0,12)	-0,16 (-0,30)	-2,39 (-2,52)
PROL		29,96 (1,39)	5,34 (0,13)	<b>25,37</b> ( <b>0,24</b> )	-25,59 (-0,31)	-2,57 (-1,74)	-2,04 (-1,40)	0,75 (0,04)	1,35 (2,57)	2,14 (2,25)
IF		14,99 (0,69)	5,09 (0,13)	7,61 (0,07)	<b>-75,44</b> ( <b>-0,92</b> )	-1,96 (-1,33)	-2,08 (-1,42)	-0,08 (0,00)	0,46 (0,88)	0,43 (0,45)
FM		31,6 (1,46)	2,20 (0,06)	10,60 (0,10)	-27,09 (-0,33)	<b>-5,18</b> ( <b>-3,51</b> )	-3,74 (-2,59)	-0,54 (-0,03)	1,64 (3,13)	1,18 (1,25)
FF		31,65 (1,47)	1,31 (0,03)	13,05 (0,12)	-51,97 (-0,63)	-4,74 (-3,21)	<b>-4,02</b> ( <b>-2,76</b> )	-0,47 (-0,03)	1,96 (3,75)	1,54 (1,62)
PRE		-7,92 (-0,37)	-16,79 (-0,42)	-5,83 (-0,06)	-2,30 (-0,03)	-0,32 (-0,22)	-0,14 (-0,10)	<b>-7,37</b> ( <b>-0,04</b> )	-0,16 (-0,30)	-7,54 (-7,94)
AP		-16,64 (-0,77)	-4,53 (-0,11)	-8,72 (-0,08)	18,01 (0,22)	0,74 (0,50)	0,71 (0,49)	-0,63 (-0,03)	<b>-7,63</b> ( <b>-14,56</b> )	-8,11 (-8,54)
AE		-12,21 (-0,57)	-10,35 (-0,26)	-7,52 (-0,07)	-4,84 (-0,06)	-0,33 (-0,23)	-0,23 (-0,16)	-5,45 (-0,03)	-5,35 (-10,22)	<b>-10,52</b> ( <b>-11,07</b> )

PG = produção em toneladas por ha; ACQ = acamamento e quebramento em porcentagem de plantas; PROL = prolificidade em número de espiga por planta; IF = intervalo entre florescimento em dias; FM = florescimento masculino em dias; FF = florescimento feminino em dias; PRE = posição relativa da espiga; AP = altura da planta em cm; AE = altura da espiga em cm; IS = Intensidade de seleção; Valores em negrito para ganho na seleção direta sobre o caráter em questão; Valores entre parênteses: ganhos genéticos em unidade do caráter; <sup>1</sup> Ganhos em unidade do caráter multiplicados por 10 devido aos valores baixos.

Para a menor intensidade de seleção, o índice de CRUZ apresentou ganho de 33% para PG e -25% para IF (tabela 5), para AP e AE, os ganhos foram positivos de 0,24 e 1,38 respectivamente. Os caracteres FM e FF apresentaram melhores ganhos na intensidade de seleção de 20% em relação à intensidade de 10%. O caráter ACQ obteve um ganho de aproximadamente -11% e -9% para as intensidades de 10% e 20%, respectivamente. No índice ELSTON, os maiores ganhos foram obtidos para os caracteres ACQ e IF, nas intensidades de seleção de 10% e 20%. Para intensidade de seleção de 10%, o índice de MULAMBA & MOCK, para os caracteres PRE e AE, apresentaram os melhores ganhos quando comparado a outros índices, com um ganho negativo de 4,52% e 5,92%, respectivamente. Os caracteres PG e IF apresentaram ganhos superiores em porcentagem em relação às demais características, enquanto que AP e IF resultaram em ganhos menores. O índice de PESEK & BACKER apresentou um ganho de -55% para ACQ e 25% para PG. Para FM e FF os ganhos negativos foram de -2,85% e -2,46%, respectivamente. O índice de Smith & Hazel apresentou um ganho de 47% para PG e -29% para ACQ, enquanto que para AP e AE os ganhos foram positivos, 4,01 e 3,45 respectivamente. No índice de Subandi, para ambas as intensidades de seleção, os melhores ganhos foram observados para os caracteres PG, PROL e IF, com aproximadamente 30% de acréscimo para PG, 20% para PROL e -17% para IF. Para PG e ACQ o ganho obtido pelo índice de WILLIANS foi de 44% e -34%. Para este mesmo índice, os ganhos foram de -39% para IF e -4% para FM e FF.

**Tabela 5.** Estimativas de ganhos genéticos em unidade do caráter e porcentagem, pelo método de seleção por índices para os caracteres: PG, ACQ, PROL, IF, FM, FF, PRE, AP e AE.

IS	Índice de Seleção	PG	ACQ	PROL	IF	FM	FF	PRE <sup>1</sup>	AP	AE
10%	Cruz (2006)	32,53 (1,51)	-10,56 (-0,27)	17,74 (0,17)	-25,04 (-0,31)	-0,49 (-1,28)	-0,77 (-1,20)	1,20 (0,19)	0,24 (0,84)	1,38 (0,72)
	Elston (1963)	22,61 (1,05)	-25,96 (-0,65)	15,37 (0,14)	-58,25 (-0,71)	-3,89 (-2,63)	-3,43 (-2,35)	-1,13 (-0,63)	0,32 (0,61)	-0,94 (-0,99)
	Mulamba & Mock (1978)	25,75 (1,19)	-21,12 (-0,53)	14,91 (0,14)	-50,80 (-0,62)	-4,29 (-2,90)	-3,51 (-2,41)	-4,52 (-2,49)	-1,48 (-2,83)	-5,92 (-6,24)
	Pesek Backer (1969)	25,22 (1,17)	-54,88 (-1,38)	11,12 (0,10)	-14,95 (-0,18)	-2,85 (-1,93)	-2,46 (-1,69)	-2,40 (-1,32)	2,00 (3,82)	-0,52 (-0,54)
	Smith & Hazel (1943)	46,76 (2,17)	-28,65 (-0,72)	16,84 (0,16)	-41,46 (-0,50)	-4,91 (-3,23)	-4,14 (-2,84)	-0,50 (-0,28)	4,01 (7,66)	3,45 (3,64)
	Subandi et al (1973)	29,34 (1,136)	-6,06 (0,15)	21,47 (0,20)	-18,47 (-0,22)	-3,08 (2,09)	-3,45 (2,73)	-3,68 (1,65)	-3,29 (-0,05)	-0,04 (3,11)
	Willians (1962)	43,65 (2,02)	-34,16 (-0,86)	14,87 (0,14)	-39,25 (-0,48)	-4,12 (-2,80)	-3,67 (-2,52)	-0,32 (-0,18)	3,33 (6,35)	2,98 (3,14)
20%	Cruz (2006)	11,73 (0,54)	-8,57 (-0,22)	10,64 (0,10)	-23,67 (-0,29)	-1,89 (-1,28)	-1,75 (-0,12)	0,34 (0,66)	0,44 (0,47)	0,68 (1,45)
	Elston (1963)	14,32 (0,66)	-19,85 (-0,50)	18,81 (0,18)	-49,62 (-0,60)	-1,86 (-1,26)	-2,05 (-1,41)	0,36 (0,20)	1,59 (3,04)	1,91 (2,01)
	Mulamba & Mock (1978)	19,96 (0,92)	-11,79 (-0,30)	11,76 (0,11)	-50,47 (-0,61)	-3,31 (-2,24)	-2,87 (-1,97)	-3,64 (-2,00)	-1,23 (-2,34)	-4,79 (-5,04)
	Pesek Backer (1969)	15,62 (0,72)	-47,97 (-1,21)	6,52 (0,06)	-14,45 (-0,18)	-1,93 (-1,31)	-1,56 (-1,07)	-1,26 (-0,69)	1,58 (3,02)	0,27 (0,29)
	Smith & Hazel (1943)	33,06 (1,53)	-28,71 (-0,72)	13,61 (0,13)	-26,82 (-0,33)	-3,45 (-2,33)	-2,77 (-1,90)	-0,18 (-0,10)	3,00 (5,73)	2,78 (2,93)
	Subandi et al (1973)	30,83 (1,43)	-4,69 (0,12)	18,19 (0,17)	-16,87 (-0,20)	-2,97 (2,01)	-2,69 (2,19)	-2,69 (1,21)	0,57 (-0,62)	-2,11 (2,00)
	Willians (1962)	30,47 (1,41)	-33,37 (-0,84)	12,66 (0,12)	-21,17 (-0,26)	-3,02 (-2,04)	-2,46 (-1,69)	-0,36 (-0,20)	2,38 (4,55)	1,99 (2,09)

PG = produção em toneladas por ha; ACQ = acamamento e quebramento em porcentagem de plantas; PROL = prolificidade em número de espiga por planta; IF = intervalo entre florescimento em dias; FM = florescimento masculino em dias; FF = florescimento feminino em dias; PRE = posição relativa da espiga; AP = altura da planta em cm; AE = altura da espiga em cm; IS = Intensidade de seleção, <sup>1</sup> Ganhos em unidade do caráter multiplicados por 100 devido aos valores baixos.

As linhagens selecionadas para cada índice de seleção estão apresentadas na tabela 6, com os valores em negrito indicando as selecionadas na intensidade de seleção de 10% para cada índice. Destas, as selecionadas em pelo menos cinco dos sete índices, totalizaram 25, com sete delas por todos os índices de seleção.

**Tabela 6.** Linhagens selecionadas pelos índices de seleção de CARVALHO & CRUZ, (1997). ELSTON, (1963); MULAMBA & MOCK, (1978); PESEK BACKER, (1969); SMITH & HAZEL, (1943); SUBANDI ET AL, (1973) E WILLIANS, (1962).

Índice de Seleção	Linhagens Selecionadas
Carvalho & Cruz (1997)	<b>120, 250, 108, 71, 33, 104, 109, 66, 10, 8, 252, 9, 138, 65, 134, 249, 24, 211, 15, 101, 194, 214, 246, 16, 191, 162,</b> 63, 3, 48, 142, 155, 141, 72, 78, 69, 112, 55, 186, 121, 88, 87, 201, 216, 161, 97, 185, 110, 212, 76, 169, 170, 189.
Elston (1963)	<b>72, 162, 33, 86, 5, 186, 151, 76, 249, 224, 71, 18, 89, 97, 77, 9, 255, 161, 4, 22, 138, 192, 101, 91, 65, 250,</b> 30, 214, 48, 216, 102, 211, 137, 141, 106, 108, 3, 109, 191, 212, 155, 78, 112, 201, 198, 134, 200, 83, 87, 55, 32.
Mulamba & Mock (1978)	<b>72, 5, 162, 151, 102, 30, 76, 21, 39, 93, 50, 82, 255, 22, 13, 186, 89, 8, 199, 210, 23, 57, 249, 138, 33, 12,</b> 92, 80, 17, 31, 62, 97, 98, 216, 54, 140, 116, 77, 203, 66, 18, 4, 71, 219, 90, 224, 161, 46, 63, 246, 254, 175.
Pesek Backer (1969)	<b>86, 173, 254, 5, 47, 102, 50, 249, 30, 247, 224, 241, 176, 250, 255, 100, 199, 105, 175, 63, 33, 109, 76, 72, 193, 187,</b> 162, 93, 16, 18, 17, 207, 89, 84, 214, 180, 236, 165, 106, 202, 46, 231, 186, 141, 39, 235, 70, 138, 239, 151, 61, 125.
Smith & Hazel (1943)	<b>86, 187, 105, 50, 199, 23, 102, 5, 76, 18, 254, 224, 173, 1, 162, 249, 96, 33, 89, 46, 186, 151, 63, 100, 4, 47,</b> 20, 43, 72, 30, 214, 176, 255, 106, 97, 231, 16, 79, 138, 250, 142, 193, 77, 57, 120, 121, 85, 109, 161, 241, 17, 91.
Subandi et al (1973)	<b>86, 72, 162, 187, 23, 76, 5, 50, 151, 102, 33, 1, 186, 30, 249, 13, 255, 89, 39, 199, 8, 82, 12, 21, 224, 22,</b> 92, 138, 71, 97, 4, 17, 80, 105, 77, 175, 250, 216, 93, 66, 46, 161, 170, 85, 31, 246, 18, 120, 101, 211, 9, 254.
Willians (1962)	<b>86, 187, 50, 105, 199, 76, 23, 224, 173, 5, 102, 254, 249, 18, 162, 63, 96, 89, 1, 33, 46, 214, 100, 30, 176, 255,</b> 47, 72, 186, 151, 231, 20, 250, 4, 79, 43, 193, 138, 16, 97, 106, 121, 17, 241, 142, 57, 247, 120, 182, 161, 175, 109.
Linhagens Selecionadas em todos os índices	33, 72, 76, 138, 162, 186, 249.
Linhagens Selecionadas em pelo menos 5 índices	5, 17, 18, 30, 33, 46, 50, 63, 72, 76, 86, 89, 97, 102, 138, 151, 161, 162, 186, 199, 214, 224, 249, 250, 255.

Valores em negrito: linhagens selecionadas com intensidade de seleção de 10%.

## 5. DISCUSSÃO

A análise de variância permite verificar que existe variabilidade genética, essencial para a seleção, e diferença de desenvolvimento das linhagens nos ambientes de execução dos experimentos, indica que o comportamento relativo das linhagens não foi consistente entre os diferentes anos (tabela 2). Esta mesma variabilidade foi observada por GARBUGLIO *ET AL.* (2007), quando avaliou sete populações de linhagens de milho na geração  $S_1$ . Os coeficientes de variação para os caracteres considerados estão dentro dos limites recomendados para este tipo de genótipo e caracteres (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988), proporcionando boa confiabilidade aos dados. Ressalta-se ainda que as médias da população original, para os caracteres avaliados, foram satisfatórias.

Um parâmetro de grande importância é o coeficiente de herdabilidade, cuja principal função é expressar a confiabilidade do valor fenotípico em relação à estimativa do valor genotípico (FALCONER, 1978), cujos valores estão acima de 0,8, inclusive para PG e ACQ, caracteres para os melhoristas e para os agricultores. A variância fenotípica dos caracteres AP e AE apresentaram valores altos, devido a grande diferença desses caracteres dentro da população avaliada (tabela 3).

A seleção direta apresenta ganhos elevados para diversos caracteres, porém ao se analisar a resposta indireta de cada característica, são observados valores que prejudicam a seleção. Como por exemplo, a seleção direta para PG que apresenta ganho elevado para o caráter e reduz o ACQ, o que é indesejável. Pode-se então, afirmar que os ganhos obtidos com as seleções direta e indireta não proporcionaram resultados conjuntos satisfatórios nos nove caracteres avaliados, considerando que o objetivo é o de obter acréscimos nos caracteres PG e PROL e decréscimo nos caracteres ACQ, IF, FM, FF, PRE, AP e AE. Também MARTINS *ET AL.* (2006) constataram não ser a seleção direta e indireta eficientes na distribuição dos ganhos. COSTA *ET AL.* (2004) também observaram ganhos menores na seleção direta e indireta em linhagens de soja, quando comparado a outros métodos de seleção. Por sua vez, COIMBRA *ET AL.*, (1999) em feijão e OLIVEIRA *ET AL.*, (2008) em maracujazeiro, observaram que este tipo de seleção resultou em ganhos satisfatórios, pois os caracteres em estudos apresentaram correlação favorável.



Segundo FALCONER & MACKAY (1996), a seleção indireta exige a condição de alta correlação favorável entre a variável que está sob seleção e as variáveis objetivo, além de uma elevada herdabilidade do caráter a ser selecionado.

O índice de Cruz resultou, mesmo que em proporções menores, ganhos satisfatórios para os caracteres. Os ganhos apresentados por VASCONCELOS ET AL. (2010) em progênies de alfafa, por meio deste índice, foram superiores aos de outros índices de seleção. Segundo, OLIVEIRA ET AL., (2008), mesmo com ganhos elevados na seleção direta, o índice distância genótipo-ideótipo mostrou-se mais promissor na seleção de genótipos superiores de maracujazeiro. Para a seleção simultânea de quatro caracteres na cultura do pinhão manso, ROCHA ET AL., (2012), observaram que este índice possibilitou maior ganho total e alteração mais equilibrada na médias das características.

O índice de ELSTON apresentou a maior redução para o caráter IF, quando comparado aos demais índices. Isto se deve ao baixo valor absoluto do mesmo, e devido ao fato deste índice ser estruturado com o mesmo peso para todos os caracteres, o que pode resultar em uma distribuição não desejada para a seleção das linhagens. Para a seleção de uma única progênie de maracujazeiro, a utilização do índice de seleção de Elston não foi capaz de proporcionar distribuição de ganhos condizentes com os propósitos de ROSADO (1981). MARTINS ET AL., (2006) observaram que, a estrutura de construção do índice, estabelece valores mínimos para seleção, o que resulta em tendência de aumento nos caracteres relacionados a produção em eucalipto. Para os caracteres primários, diretamente correlacionados à produção, em maracujazeiro, OLIVEIRA ET AL., (2008) observou ganhos desejados utilizando o mesmo índice.

Para os caracteres PRE e AE, o índice proposto por MULAMBA & MOCK (1978), proporcionou os melhores ganhos quando comparado a outros índices. Dentre os caracteres, PG e IF apresentaram ganhos superiores em relação às demais características. Esse resultado segue as mesmas características de distribuição citada anteriormente no índice de ELSTON. CRUZ ET AL. (1993) e COSTA ET AL. (2004), encontraram resultados positivos e ganhos superiores com a utilização dos índices de MULAMBA & MOCK em milho e soja, respectivamente. VILARINHO ET AL. (2003) verificaram que este índice proporcionou as melhores

estimativas de ganhos em progênies endogâmicas, de milho pipoca. Para esta mesma cultura, SANTOS ET AL. (2007) obtiveram ganhos satisfatórios com o índice para a seleção de famílias de meios-irmãos. A utilização do índice de MULAMBA & MOCK, permitiu a RANGEL ET AL. (2011) a predição de ganhos simultâneos nas duas principais características (produção e expansão) relacionadas ao melhoramento de milho de pipoca. Também CUNHA (2010) observou ganhos elevados em seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho, utilizando este índice.

O índice de PESEK BACKER, (1969) apresentou o maior ganho para a intensidade de seleção de 10%, para o caráter ACQ quando comparado aos demais índices. A PG também resultou em ganhos satisfatórios, mostrando uma boa distribuição, apresentando melhores ganhos nos caracteres primários. BÁRBARO ET AL. (2007) não obtiveram resultados satisfatórios com este índice para seleção de genótipo de soja. GONÇALVES ET AL., (2007) por sua vez, encontrou resultados semelhantes ao índice de MULAMBA & MOCK, na seleção de genótipos superiores de maracujá-amarelo.

O índice de SMITH & HAZEL (1943) apresentou um ganho satisfatório para os caracteres primários, PG e ACQ, e um ganho superior para PG quando comparado a outros caracteres. Os resultados também foram satisfatórios para as demais características, exceto para AP e AE, onde o ganho foi positivo. Porém, o ganho indesejado para estes caracteres não prejudica a seleção de linhagens superiores, por a média da população apresentava valores adequados para ambos. Esse resultado contraria o observado por GONÇALVES (2007), que constatou superioridade no ganho de seleção com índice de MULAMBA & MOCK, em relação ao índice de SMITH & HAZEL. PAULA ET AL. (2002) mostraram que o índice de Smith & Hazel é promissor no melhoramento de múltiplas características em espécies florestais, superando outros critérios de seleção. GRANATE ET AL. (2002), ao trabalhar com 166 famílias de meios-irmãos de milho pipoca, conseguiram ganhos preditos superiores com este índice de seleção. FERREIRA ET AL. (2005), com este índice utilizado na seleção simultânea, permitiu estimar os ganhos preditos mais adequados para o melhoramento de *C. canephora*.

O índice de WILLIAMS (1962) apresentou ganhos superiores para os caracteres primários, PG e ACQ. Os ganhos para IF, FM e FF, são adequados, quando comparado aos demais índices. Como citado anteriormente, o ganho indesejado para AP e AE não prejudica a seleção, devido a média da população original. Granate et al. (2002), constataram que o índice de seleção de Williams (1962) não permitiu a obtenção de estimativas de ganhos preditos simultâneos em duas características de interesse na cultura do milho.

Apesar de apresentar o maior ganho obtido para PROL, o índice de SUBANDI ET AL., (1973) não resultou em ganhos satisfatórios para o conjunto de caracteres em estudo. O ganho para ACQ, de apenas -6,06% não é apropriado para a seleção de linhagens, onde esta característica é primária. Já para o trabalho de BHERING ET AL., (2011) este índice foi o que apresentou maiores ganhos genéticos para seleção de pinhão-manso. MORAES & MELO, (2006) também encontraram valores apropriados de ganho para seleção simultânea de seis características em Pinus.

Constata-se, pois, que os ganhos de seleção foram diferentes entre os índices, havendo a necessidade de avaliar o índice mais propício para os objetivos do programa de melhoramento e da população a ser melhorada. Para esta população de linhagens, os melhores ganhos obtidos foram através dos índices de SMITH & HAZEL (1943) E WILLIAMS (1962), para ambas as intensidades de seleção.

Comparando os genótipos selecionados para cada índice de seleção nas intensidades de 10 e 20%, foi possível observar que sete genótipos foram selecionados em todos os índices de seleção e 25 dos 256 genótipos foram selecionados em pelo menos 5 dos 7 índices apresentados (tabela 6). Esses genótipos têm potencial para seguirem no programa de desenvolvimento de linhagens para obtenção de híbridos superiores, de melhoramento vegetal.

## 6. CONCLUSÕES

A seleção direta dos caracteres não foi eficiente na detecção de genótipos superiores para os caracteres considerados de forma simultânea.

Os índices de SMITH & HAZEL, (1943) & WILLIAMS, (1962) resultaram em melhores ganhos para os genótipos estudados, nas características consideradas.

As linhagens 33, 72, 76, 138, 162, 186, 249 mostraram-se promissoras para continuar no programa de melhoramento.

## 7. REFERÊNCIAS

- ALLAIRE, F. R.; HENDERSON, C. R. Selection practiced among dairy cows: II. Total production over a sequence of lactations. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 49, n. 11, p. 1435-1440, 1966.
- BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. C.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; MUNIZ, F. R. S.; SILVEIRA, G. D.; SARTI, D. G. P. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agrônômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas de reforma de canavial. **Científica**, Jaboticabal, v. 3 n. 2, p. 136-145, 2007.
- BHERING, L. L.; LAVIOLA, B. G.; SALGADO, C. C.; SÁNCHEZ, C. F. B.; ALVES, A. A. Predição de ganho genético em pinhão-manso via índices de seleção. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE PESQUISAS DE PINHÃO-MANSO, 2., 2011 Brasília, DF. **Anais...** [Brasília, DF: Embrapa], 2011. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/48842/1/CBPPM-18.PDF>>. Acesso em: 12 maio 2014.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. VIÇOSA: UFV, 2005. 525 p.
- CARENA, M. J. (Ed). **Handbook of plant breeding: cereals**. New York: Springer, 2009.
- COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs**. New York: Willey, 1976. 661 p.
- COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F.; COIMBRA, S. M. M.; HEMP, S. Reflexos da interação genótipo x ambiente e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris*L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, n. 3, p. 433-439, 1999.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Companhianacional de abastecimento – Séries históricasmilho– 1º E 2º Safra, previsãosaфра 2013/14**. Disponível m: <<http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&t=2>>. Acesso em: 30 mar. 2014.
- COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: estatística experimental e matrizes**. [Viçosa, MG]: UFV, 2006.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1. 480 p.

CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R.; SILVA, S. O. e; TOSELLO, G. A. Comparison of gains from selection among corn progenies, based on different criteria. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, p. 79-89,1993.

CRUZ, J. C. (Ed.). **Cultivo do milho**. 7. ed. Sete Lagoas: Embrapa milho e sorgo, set./2011. (Sistema de produção, 1). Disponível em:  
<[http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho\\_7\\_ed/index.htm](http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_7_ed/index.htm)>. Acesso em: 12 maio 2014.

CUNHA, K. S. **Marcadores moleculares aplicados à seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays*, L.)**. 2010. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense “Darcy Ribeiro”, Campos do Goytacazes, 2010.

DICKERSON, G. E.; BLUNN, C. T.; CHAPMAN, A. G.; KOTTMAN, R. M.; KRIDDER, J. L.; WARWICK, E. J.; WHATLEY JUNIOR, J. A.; BAKER, M. L.; WINTERS, L. M. **Evaluation of developing inbred lines of swine**. Columbia: University of Missouri, Agricultural Experiment Station, 1954. 60 p.

ELSTON, R. C. A weight free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, West Sussex, v. 19, p. 85-97, 1963.

EMBRAPA MILHO E SORGO - Sistema de produção-  
[http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho\\_7ed/](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_7ed/) -, 1ISSN 1679-012X Versão Eletrônica - 7ª edição - Set./2012.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FERREIRA, A.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D.; FERRÃO, R. G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 40, n. 12, p. 1189-1195, 2005.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep, 2007. 574 p.

GALINAT, W. C. **The origin of maize**: grain of humanity. New York: New York Botanical Garden Journal, 1995. v. 44, p. 3-12.

GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A. C.; ARAÚJO, P. M.; FONSECA JUNIOR, N. S.; SHIOGA, P. S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 2, p. 183-191, 2007.

GARCIA, A. A. F. **Índice para a seleção de cultivares**. 1998. 112 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

GARDNER, E. J.; SNUSTAD, D. P. **Genética**. 7. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1986.

GONÇALVES, G.; VIANA, A. P.; BEZERRA-NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 2, p. 193-198, 2007.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 7, p. 1001-1008, 2002.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 375 p.

HAZEL, L. N.; LUSH, J. L. The efficiency of three methods of selection. **The Journal of heredity**, Edinburgh, v. 33, p. 393-399, 1942.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. New York: John Wiley and Sons, 1957.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill exMaiden. **Cerne**, Lavras, v. 12, n. 3, p. 287-291, 2006.

MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Hibridação no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. [Rondonópolis: Fundação MT], 2001. p. 603-627.

MORAES NETO, S. P. de.; MELO, T. J. de. **Índices de seleção para famílias de meios-irmãos de *Pinus tecunumanii***. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2006. 23 p. (Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 173).

MÔROG, V. **Uso da seleção genômica e fenotípica em linhagens para predição de testecrosses em milho**. 2011. 116 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Giza, v. 7, p. 40-51. 1978.

OLIVEIRA, E. J. de; SANTOS, V. da S.; LIMA, D. S. de; MACHADO, M. D.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; CASTELLEN, M. da S. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, 2008.

PATERNIANI, E. Melhoramento de populações de milho. **Ciência e cultura**, Campinas, v. 21, p. 3-10, 1969.

PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

PESEK, J., BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RANGEL, R. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; CANDIDO, L. S. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 473-481, 2011.

ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, A. L.; LAVIOLA, B. G.; SILVA, F. C. G.; MILITÃO, J. S. L. T. Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhão-mansão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 1, p. 44-50, 2012.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

RUMBAUGH, M. D.; ASSAY, K. H.; JOHNSON, D. A. Influence of drought stress on genetic variances of alfafa and wheatgrass seedlings. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 2, p. 297-303, 1984.

SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índice de seleção na população de Milho-Pipoca UNB-2U sob Seleção Recorrente. **Brangantia**, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

SAS Institute. **SAS Proprietary software**. Version 8.0. Cary, 1999.



SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de produção do milho**. 2°. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. v. 1, p. 13-53.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v. 7, n. 3, p. 240-250, 1936.

SMITH, O. S.; HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A. Use of index selection in recurrent selection programs in maize. **Euphytica**, Dordrecht, v. 30, n. 3, p. 611-618, 1981.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 2, p. 205-210, 2010.

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 122-201.

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; CÂMARA, T. M. M.; SANTOS, J. F. Seleção de progênies endogâmicas  $S_1$  e  $S_2$  em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1419-1425. 2003.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, North Carolina, v. 18, p. 375-393, 1962.