

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

UDENYS CABRAL MENDES

**POTENCIAL DE PRODUTIVIDADE E VARIABILIDADE DE POPULAÇÕES
SEMIEXÓTICAS DE MILHO COMO BASE PARA SELEÇÃO**

Ilha Solteira
2018

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

UDENYS CABRAL MENDES

**POTENCIAL DE PRODUTIVIDADE E VARIABILIDADE DE POPULAÇÕES
SEMIEXÓTICAS DE MILHO COMO BASE PARA SELEÇÃO**

Tese apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Agronomia. Especialidade Sistemas de Produção.

Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade
Orientador

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho
Coorientador

Ilha Solteira
2018

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

Mendes, Udenys Cabral.
M538p Potencial de produtividade e variabilidade de populações semiexóticas de milho como base para seleção / Udenys Cabral Mendes. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2018
85 f. : il.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Melhoramento Vegetal, 2018

Orientador: João Antonio da Costa Andrade
Coorientador: José Branco de Miranda Filho
Inclui bibliografia

1. Seleção recorrente. 2. Irmãos germanos. 3. Melhoramento intrapopulacional. 4. Endogamia. 5. *Zea mays*.


Raine da Silva Santos

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: POTENCIAL DE PRODUTIVIDADE E VARIABILIDADE DE POPULAÇÕES SEMIEXÓTICAS DE MILHO COMO BASE PARA SELEÇÃO

AUTOR: UDENYS CABRAL MENDES

ORIENTADOR: JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE

COORIENTADOR: JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA, especialidade: SISTEMAS DE PRODUÇÃO pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. JOAO 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 - SP


Profa. Dra. FLAVIA CRISTINA RODRIGUES LISONI
Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira


Prof. Dr. EDÉSIO FIALHO DOS REIS
Departamento de Ciências Biológicas / Universidade Federal de Goiás


Profa. Dra. LILIAM SILVIA CANDIDO
Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais - FCBA / Universidade Federal da Grande Dourados

Ilha Solteira, 27 de abril de 2018

Aos meus pais, Euripedes Valdivino Mendes e Cleusa Helena Cabral, aos meus irmãos Wendel Cabral Mendes, Udson Cabral Mendes, Weder Cabral Mendes pelo apoio prestado durante toda minha carreira. A minha noiva, Thainã Ladeia, pela paciência, compreensão e companheirismo dedicado em todos os momentos.

DEDICO

Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pelos seus ensinamento, entusiasmo ao melhoramento de plantas e toda sua dedicação aos trabalhos realizados

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela saúde, coragem para que eu pudesse batalhar e conquistar os objetivos traçados.

Aos meus pais Euripedes Valdivino Mendes (in memoriam) e Cleusa Helena Cabral Mendes, aos meus irmãos Udson Cabral Mendes, Wendel Cabral Mendes e Weder Cabral Mendes, pela confiança, companheirismo nas horas, carinho, dedicação e apoio ao longo dessa jornada. Sou e serei eternamente grato, pois sei que não mediram esforços para minha formação.

Ao orientador, Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade, pela orientação com muita sabedoria, competência e paciência, compartilhando ensinamentos, seus valores. Agradeço pela confiança, o incentivo e sua dedicação ao melhoramento de plantas e ao nosso estudo!

Ao meu coorientador, Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pela amizade, confiança, dedicação ao trabalho mesmo à distância, desde o planejamento com suas contribuições imensuráveis e enriquecedoras. Obrigado pelos ensinamentos!

À Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho” UNESP- Câmpus Ilha Solteira pela oportunidade concedida para a realização do curso de doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior(CAPES) pela concessão da bolsa de pesquisa.

Aos professores do curso de Pós-Graduação em Agronomia pelos ensinamentos transmitidos e pela prazerosa convivência

Aos membros das bancas: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis, Profa. Dra. Lilian Sílvia Candido, Profa. Dra. Flávia Cristina Rodrigues Lisoni, Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes. Agradeço e pelas valiosas contribuições.

À Semeali Sementes Híbridas LTDA pelo apoio na instalação e condução dos experimentos e pela troca de experiência.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, tão importantes para instalação e condução dos experimentos.

Aos colegas da Pós-graduação e do Laboratório de Genética de Quantitativa, Belisa Saito, Arthur Silva, Mariele Lopes, Leonardo Queiroz, Reinaldo Moraes.

Muito obrigado!!

“Nada no mundo consegue tomar o lugar da persistência. O talento não consegue, nada é mais comum que homens fracassados com talento. A genialidade não consegue, gênios não recompensados é quase um provérbio. A educação não consegue, o mundo é cheio de errantes educados. A persistência e determinação sozinhas são onipotentes.”

Calvin Coolidge

RESUMO

O melhoramento genético de uma espécie alógama como o milho, pode ser dirigido essencialmente visando duas alternativas: a obtenção de populações melhoradas, ou a obtenção de uma geração F_1 com vigor de híbrido. No caso de melhoramento de populações ocorre a oportunidade de incorporar novas fontes de germoplasma, de particular interesse por representar resultado de seleção específica para doenças foliares e outros caracteres. Germoplasma exótico (incluindo acessos do Brasil e de outros países) é aquele que não pertence à base genética comumente em uso no melhoramento, podendo assim contribuir com novos alelos que resultarão em aumento da variabilidade genética útil para o melhoramento. Os objetivos do trabalho foi verificar o valor genético-agronômico dos compostos recém sintetizados, o efeito depressivo da endogamia e inferir sobre a viabilidade de um programa de seleção recorrente visando o melhoramento intrapopulacional. Foram avaliadas as populações **NAP-FA x HG-71**, **NAP-FL x HG-49**, **NAP-FB x HG-49** e **NAP-DB x HG-49**, com dois níveis de endogamia (S_0 e S_1), no sistema de macroparcelsas, e 100 progênies de irmãos germanos e 50 progênies endogâmicas S_1 das populações **NAP-FA x HG-71** e **NAP-DB x HG-49**. Nas duas situações os experimentos foram delineados em blocos casualizados com três repetições em três e dois locais respectivamente. Foram avaliados os caracteres florescimento masculino e feminino, altura da planta e da espiga, comprimento e diâmetro de espiga, resistência a doenças foliares, acamamento, quebraimento, espigas gessadas e produtividade de grãos. Foram estimados os parâmetros herdabilidade no sentido amplo e restrito, ganho com a seleção e correlação genotípica e fenotípica entre os caracteres. As populações apresentam bom potencial de produtividade de grãos, valor para melhoramento visando a introgressão de diferentes fontes de germoplasma no sistema de melhoramento e possuem elevado valor genético, tanto para produtividade como para outros caracteres agrônômicos de interesse. As progênies de irmãos germanos com produtividade de grãos de 67,4%, 61,7%, 51,3% e 84,65% em relação às testemunhas nas duas localidades respectivamente, indicam a viabilidade da introgressão de germoplasma no sistema de melhoramento. As progênies S_1 apresentam variabilidade suficiente para serem exploradas em programas de seleção recorrente. Os resultados também indicaram a existência de progênies com menor depressão por endogamia, que podem ser exploradas em programas de seleção interpopulacional e para extração de linhagens.

Palavras-chave: Endogamia. Irmãos germanos. Melhoramento intrapopulacional. Seleção recorrente. *Zea mays*.

ABSTRACT

Genetic improvement of an allogamous specie such as maize, can be directed essentially towards two alternatives: obtaining improved populations or obtaining an F_1 generation with hybrid vigor. In the case of population improvement there is an opportunity to incorporate new sources of germplasm with particular interest because it represents a result of specific selection for foliar diseases and other characters. Exotic germplasm (including access from Brazil and other countries) is one that does not belong to the genetic base commonly used in breeding, thus contributing with new alleles that will result in increased genetic variability useful for breeding. The objectives of the study were to verify the genetic and agronomic value of the newly synthesized composites, the depressive effect of inbreeding and to infer about the viability of a recurrent selection program aiming at intrapopulation improvement. Were evaluated the populations NAP-FA x HG-71, NAP-FL x HG-49, NAP-FB x HG-49 and [NAP-DB x HG-4], with two levels of inbreeding (S_0 and S_1) in macro plots system and 100 progenies of full-sibs and 50 endogamous progeny S_1 from the NAP-FA x HG-71 and NAP-DB x HG-49 populations. In both situations, the experiments were in randomized blocks with three replicates in three and two locations respectively. The flowering characteristics of male and female, plant height, ear height, ear length, ear diameter, resistance to foliar diseases, lodging, breakage, ears bada granades and grain yield. Were estimates parameters heritability in the broad and restricted sense, gain with selection and genotypic and phenotypic correlation between the characters. The populations present good potential of grain yield, value for improvement aiming at the introgression of different sources of germplasm in breeding system and have high genetic value, both for productivity and for other agronomic traits of interest. The progenies of full-sibs with grain yield of 67,4%, 61,7%, 51,3% and 84,65% in relation to the check in two locations respectively, indicate the viability of the introgression of germplasm in the breeding system. The S_1 progenies presented sufficient variability to be explored in recurrent selection programs. The results also indicated the existence of progenies with lower inbreeding depression, which can be explored in populations selection programs and and extraction of inbred lines.

Keywords: Endogamy. Full-sibs. Intrapopulation improvement. Recurrent selection. *Zea mays*.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Distribuição de frequências das progênies de irmãos-germanos de duas populações de milho para rendimento de grãos ($t\ ha^{-1}$) em Selviria-MS e Chapadão do Sul-MS.....46
- Figura 2.** Distribuição de frequências das progênies de irmãos-germanos de duas populações de milho para produtividade de grãos ($t\ há^{-1}$) na média de locais Selviria-MS e Chapadão do Sul-MS.....47
- Figura 3.** Distribuição de frequências das progênies S_1 de duas populações de milho para rendimento de grãos ($t\ ha^{-1}$) em Selviria-MS e Chapadão do Sul-MS.....65

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Esperança dos quadrados médios de um experimento com progênies de irmãos germanos.....	33
Tabela 2. Análise de variância conjunta e esperança dos quadrados médios, considerando local como sendo de efeito fixo e os demais efeitos aleatórios.....	34
Tabela 3. Fórmulas para a estimação dos parâmetros de interesse no estudo de duas populações de milho.....	36
Tabela 4. Quadrados médios na análise de variância conjunta para altura de plantas (AP cm), altura de espigas (AE cm), comprimento de espigas (CE cm), diâmetro de espiga (DE cm), porcentagem de acamamento (AC%), porcentagem de quebramento (QB%) e produtividade de grãos (PG t ha ⁻¹), envolvendo quatro populações de milho e três testemunhas comerciais, em Araçatuba-SP, Jataí-GO e Chapadão do Sul-MS (2015).....	38
Tabela 5. Médias das populações-base (S ₀), S ₁ e dos híbridos para cada local de avaliação e conjunta para florescimento masculino (FM em dias após semeadura), florescimento feminino (FF em dias após semeadura), altura de planta (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), relação AE/AP, comprimento de espiga (CE em cm), diâmetro de espiga (DE em mm), plantas acamadas (AC em %), plantas quebradas (QB em %) e produtividade de grãos (PG em t ha ⁻¹).....	39
Tabela 6. Estimativas de depressão por endogamia (I), porcentagem de depressão por endogamia (I%), contribuição dos homozigotos (A) e dos heterozigotos (d*) para a média observada de quatro populações em três locais.	41
Tabela 7. Quadrados médios na análise da variância e médias para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), <i>Exserohilum turcicum</i> (ET), <i>Phaeosphaeria maydis</i> (PM), <i>Stenocarpella macrospora</i> (DP), <i>Cercospora zea maydis</i> (CZ), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha ⁻¹) para progênies de irmãos germanos em duas populações de milho. Chapadão do Sul-MS (2015).	48
Tabela 8. Quadrados médios na análise da variância e médias para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha ⁻¹) para progênies de irmãos germanos em duas populações de milho. Selviria-MS (2015).....	49
Tabela 9. Quadrados médios na análise da variância conjunta agrupada e médias para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha ⁻¹) para progênies de irmãos germanos em duas populações de milho. Chapadão do Sul e Selviria, 2015.	51

Tabela 11. Estimativas de variâncias entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$), interação de progênes com locais ($\hat{\sigma}_{pxa}^2$) e genética aditiva (σ_A^2), coeficiente de herdabilidade (h_f^2), ganho genético (GS e GS% como 20% de intensidade), coeficiente de variação genético (CVg) e do índice de variação (θ) para médias de progênes IG de oito caracteres em duas populações.	58
Tabela 12. Valores dos coeficientes de correlação genética (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados em duas populações de milho. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.	60
Tabela 13. Médias observadas de progênes de irmãos germanos (\bar{x}_o), média das progênes selecionados (\bar{x}_s) e amplitude de variação (m_s : superior; m_i : inferior) para oito caracteres na população POP1' [NAP-FA x HG-71] de milho. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.	62
Tabela 14. Médias observadas de progênes de irmãos germanos (\bar{x}_o), média das progênes selecionados (\bar{x}_s), sua amplitude de variação (L_s : superior; L_i : inferior) para oito caracteres na população POP4' [NAP-DB x HG-49] de milho. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.	63
Tabela 15. Quadrados médios da análise da variância, médias e limites superior (L_s) e inferior (L_i) para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), <i>Exserohilum turcicum</i> (ET), <i>Phaeosphaeria maydis</i> (PM), <i>Stenocarpella macrospora</i> (DP), <i>Cercospora zea maydis</i> (CZ), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha ⁻¹) para progênes S ₁ em duas populações de milho. Chapadão do Sul-MS (2015).	66
Tabela 16. Quadrados médios da análise da variância, médias e limites superior (L_s) e inferior (L_i) para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha ⁻¹) para progênes S ₁ em duas populações de milho. Selviria-MS (2015).	67
Tabela 17. Quadrados médios da análise de variância conjunta para altura da planta (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), comprimento de espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espiga gessada (EG%) e produtividade de grãos (PG), para progênes S ₁ em duas populações de milho. Chapadão do Sul e Selvíria, 2015.	68
Tabela 18. Estimativas da variância entre progênes S ₁ ($\hat{\sigma}_p^2$), da interação de progênes com locais ($\hat{\sigma}_{pxa}^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$), coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genético (CV _g %) e índice de variação (θ), para oito caracteres em duas populações. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.	69

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1	Importância Econômica do Milho	14
2.2	Origem, Evolução e Melhoramento do Milho	15
2.3	Uso de Germoplasma Semiexótico	18
2.4	Variabilidade genética	20
2.5	Variabilidade genética em milho	20
2.6	Seleção recorrente	22
2.7	Endogamia ou Depressão por endogamia	25
3	MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1	Considerações gerais	28
3.2	Material	28
3.3	Obtenção das progênes	30
3.4	Procedimentos experimentais	30
3.5	Caracteres avaliados	31
3.6	Análises de variância	33
3.7	Parâmetros genéticos	34
3.8	Estudo de Correlação	36
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
4.1	Avaliação geral das populações-base	38
4.1.1	<i>Análise de variância</i>	38
4.1.2	<i>Valores médios observados</i>	39
4.1.3	<i>Depressão por endogamia</i>	40
4.2	Progênes de irmãos germanos	41
4.2.1	<i>Análise de variância agrupada em Chapadão do Sul-MS</i>	41
4.2.2	<i>Análise de variância agrupada em Selviria-MS</i>	44
4.2.3	<i>Análise de variância conjunta agrupada, Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS</i> ..	50
4.2.4	<i>Parâmetros genéticos</i>	51
4.2.5	<i>Correlação</i>	59
4.2.6	<i>Progênes selecionadas</i>	60
4.3	Progênes S ₁	63
4.3.1	<i>Análise de variância</i>	63
4.3.2	<i>Parâmetros genéticos</i>	69
5	CONCLUSÕES	73
	REFERÊNCIAS	74

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie caracterizada por uma ampla variabilidade genética, conforme demonstra a sua adaptação às grandes variações de latitude, altitude, temperatura, estresses bióticos e abióticos e mesmo a pequenas variações de ambiente em regiões localizadas (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). No entanto, apesar dessa variabilidade, menos de 5% do germoplasma disponível é efetivamente utilizado no melhoramento para o desenvolvimento de cultivares (GOODMAN, 1985).

No Brasil, o germoplasma de milho também é caracterizado por uma ampla variabilidade, incluindo raças, variedades locais e germoplasma exótico ou semiexótico introduzido de outros países. Brieger et al. (1958) descreveram 52 raças de milho do Brasil e países adjacentes. Tal material, representado por mais de 3.000 amostras, se tornou a base do Banco de Germoplasma do Brasil (CENARGEN/EMBRAPA).

A procura de novas fontes de germoplasma, em geral, tem sido em função de problemas específicos, entre os quais se insere a resistência a doenças. A ocorrência a doenças foliares em milho tem sido uma preocupação constante na maioria dos programas de melhoramento em todo o mundo. No Brasil, tem sido considerada desde os primeiros programas existentes acerca do melhoramento do milho (VIÉGAS; PEETEN, 1987; MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987). A ocorrência das principais doenças tipicamente tropicais, mais recentemente, elevou de modo preocupante os níveis no período antecedente ao ano de 1995 (PEREIRA, 1995). A utilização, em proporção crescente, de germoplasma de clima temperado na constituição dos híbridos comerciais contribuiu para a diminuição da rusticidade dos híbridos. Por isso, nessa época (1995/96), foi criado o **Núcleo de Apoio à Pesquisa do Milho (NAP-MILHO)**, supervisionado pela Universidade de São Paulo e coordenado pelo Departamento de Genética da ESALQ/USP.

A finalidade do NAP-MILHO foi coordenar um projeto de cooperação técnico-científica para identificar fontes confiáveis de resistência às principais doenças foliares do milho, procurando, assim, atender a uma demanda da comunidade científica ligada ao melhoramento genético do milho. Para esse fim, então, foram envolvidas diversas instituições públicas e privadas e o projeto foi finalizado com a criação de nove populações, das quais cinco foram distribuídas, em primeiro lugar,

para as instituições participantes. As quatro populações restantes, com características de tipo de grãos definidas, foram escolhidas para a realização do trabalho proposto, visando a sobrelevação do seu valor genético-agronômico aos níveis adequados para utilização em programas de melhoramento.

Pelo que foi exposto, apresenta-se como justificativa do trabalho em voga a oportunidade de incorporar novas fontes de germoplasma no sistema de melhoramento genético do milho. Essas fontes são de particular interesse por representar resultado de seleção específica para doenças foliares. Além disso, esse germoplasma (incluindo acessos do Brasil e de outros países) pode ser considerado exótico, no sentido de não pertencer à base genética comumente em uso no melhoramento, podendo, com isso, contribuir com novos alelos (até mesmo alelos raros) que resultarão no aumento da variabilidade genética útil para o melhoramento.

Nesse sentido, foram traçados os seguintes objetivos: i) verificação mais detalhada e realista do valor genético-agronômico dos compostos recém sintetizados; ii) quantificação da variabilidade genética e o efeito depressivo da endogamia; iii) inferência sobre a viabilidade de um programa de seleção recorrente visando ao melhoramento intrapopulacional.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância Econômica do Milho

No Brasil, o milho tem sido semeado em duas épocas nas principais regiões produtoras. A primeira safra ou época normal (outubro a janeiro) e a segunda safra ou safrinha (fevereiro a maio). A produção obtida na segunda safra tem aumentado significativamente, principalmente no centro-sul do país, atestando sua importância que, em determinadas regiões, deixou de ser opção de inverno para se tornar cultura rentável. Com isso, tanto a área quanto a produção total da segunda safra ultrapassaram, em 2012, a primeira safra. A produtividade que era pífio no início dessa prática, hoje, é equipara ao da safra normal (CONAB, 2017).

O emprego do milho como insumo na fabricação de produtos como lisina, itens biodegradáveis, isoglucose, etanol etc; vem sendo incrementado na indústria, além da utilização para o consumo humano na produção de alimentos básicos como fubás, farinhas, canjicas e óleos. Pode ser empregado também em produtos mais elaborados como xarope de glucose (utilizado na produção de balas, gomas de mascar, doces em pasta etc.), maltodextrinas (destinadas à produção de essências e aromas, sopas desidratadas, produtos achocolatados e outros) e corantes caramelo (para produção de refrigerantes, cervejas, molho etc.) (BARROS; ALVES, 2015; SOLOGUREN, 2015).

Quando se fazia uma comparação com um Brasil do passado, no setor produtivo agrícola, o que prevalecia era o cultivo de milho de primeira safra ou safra de verão. Na temporada de 1990/91, aproximadamente 94% da produção nacional ocorria na primeira safra; os demais 6%, na segunda safra. Na temporada de 1995/96, a oferta da segunda safra passou a representar 12,5% da oferta total, ou seja, o dobro de quatro safras antes; 10 anos depois, em 2000/2001, a segunda safra teve um incremento em 3 vezes, tendo sua produção representando 18,7%; em 2005/06, 25,5%; em 2010/11, 44,7%; chegando, na temporada 2013/14, a 58,2% (BARROS; ALVES, 2015).

No cenário mundial, segundo dados gerados pelo Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA, 2017), a cultura do milho movimentou um total de 8.073 milhões de dólares entre janeiro e outubro de 2017.

Segundo dados da Campanha Nacional de Abastecimento (CONAB, 2017), os impactos na produção da safra de 2016/17 trouxeram reflexos na redução de área para a safra 2017/18. A perspectiva é de redução entre 7,5% e 11,5%, observando os limites inferiores e superiores para a primeira safra de milho, o que compreende diminuição de área absoluta entre 631,6 e 409,6 mil hectares. Houve uma redução de área do milho na primeira safra dada, principalmente, pela concorrência com o cultivo da soja. Na safra de 2016/17 houve uma área semeada de 17.275,8 mil ha, com uma produtividade de 5.560 kg ha⁻¹ e produção de 97.817 mil toneladas. Na estimativa da safra de 2017/2018 houve uma diminuição em todos os itens, sendo que a área semeada foi menor (16.980,1 mil ha, podendo chegar a 17.182,1 mil ha), ou seja, uma redução entre 1,71% e 0,54%. A produtividade estimada é de 5.409,0 kg ha⁻¹ (redução de 2,71%) e a produção que deverá variar entre 91.631,2 e 93.053,3 mil t (redução entre 6,32% e 4,87%).

2.2 Origem, Evolução e Melhoramento do Milho

Atualmente, a referida espécie, mediante a seleção orientada de genótipos, bem como o aprimoramento de métodos de manejo, vem sendo cultivada em regiões compreendidas entre 58° de latitude Norte (Canadá e Rússia) a 42° de latitude Sul (Argentina), distribuídas nas mais diversas altitudes, estabelecendo-se desde as localidades situadas abaixo do nível do mar (região do Mar Cáspio) até as regiões que apresentam mais de 2.500 m de altitude, como os Andes peruanos (FANCELLI, 2015).

O milho não é nativo do Brasil, é importante ressaltar que o país não é não centro de origem dessa cultura. Apenas o México e a Guatemala são considerados países que deram origem ao milho. Pelo o que se sabe, a mais antiga espiga de milho foi encontrada no vale do Tehucan, na região onde hoje está localizado o México, datada por volta de 7.000 a.C. O Teosinte ou “alimento dos deuses” (que é uma gramínea com várias espigas sem sabugo e que pode cruzar com o milho e produzir descendentes férteis), provavelmente, deu origem ao milho por meio de um processo de seleção artificial (feito pelo homem). O Teosinte ainda é encontrado na América Central (CIB, 2006).

Até hoje são realizados estudos que tentam comprovar a ancestralidade do milho com o Teosinte. Terra et al. (2011) estimaram a variabilidade genética entre e dentro de populações de milho e Teosinte. Duas populações de milho doce (BR400 e BR402), duas de milho comum (Suwan e Pampa) e uma de teosinte foram analisadas. Os resultados indicaram que 64,5% da variação foi detectada dentro das populações, sugerindo a possibilidade de obtenção de progresso genético com seleção dentro de cada população. A distância genética estimada confirmou a similaridade genética entre milho e teosinte.

Segundo a descrição de Paterniani et al. (2000), o milho era cultivado pelos povos indígenas na América do Sul sob diferentes condições, épocas de semeadura, altitudes e tratos culturais, principalmente pela grande variabilidade genética existente e desenvolvido em ambientes específicos. Posteriormente, essas variedades indígenas foram melhoradas pelos povos ocidentais do hemisfério Norte, pois eles desenvolveram as primeiras raças comerciais, que mais tarde foram reintroduzidas na América do Sul, dando origem as raças recentes.

Tal como todas as espécies de gêneros selvagens, o milho também precisou passar por um processo de “domesticação”, que começou, segundo relatos da CIB (2006), a partir do início do século XX, quando vários programas de melhoramento genético usando bases científicas foram iniciados. O desenvolvimento de linhas puras, ou linhagens, oriundas do processo de autofecundação das plantas de milho por várias gerações e do vigor híbrido, ou heterose (resultante do cruzamento dessas linhagens) foram os responsáveis pelo impulso que o melhoramento genético convencional tomou no início do século passado.

Em 1909, o botânico e geneticista norte-americano George Harrison Shull criou o primeiro esquema para a produção de sementes híbridas de milho. Ele mostrou que, ao fecundar a planta com o próprio pólen (autofecundação), eram produzidos descendentes menos vigorosos. Repetindo o processo nas seis ou oito gerações seguintes, os descendentes fixavam características agrônômicas e econômicas importantes. Por meio da seleção, esses descendentes tornavam-se semelhantes. As plantas que geravam filhos geneticamente semelhantes, bem como iguais os progenitores, passaram a ser chamadas de linha pura. Shull notou que duas linhas puras diferentes ao serem cruzadas entre si, produziam descendentes

com grande vigor, chamado de vigor híbrido ou heterose, dando origem ao milho híbrido.

Pela sugestão de Jones (1918), para a utilização de híbrido comercial híbrido duplo, mediante o cruzamento de dois híbridos simples, tornou a produção viável economicamente. Os híbridos comerciais foram introduzidos por volta de 1930 na região conhecida como “*Corn Belt*” nos Estados Unidos. A partir dessa época, as variedades de polinização aberta foram perdendo espaço gradativamente e, em 1960, a área conduzida na região do “*Corn Belt*” com variedades de polinização aberta correspondia a menos de 5% do total da área cultivada com milho (PATERNIANI, 1978).

O processo de obtenção do milho híbrido é trabalhoso, o que exige muito dos pesquisadores, solicitando mais campos isolados e maior número de anos para produção de sementes, o que demanda um tempo elevado até que tal híbrido chegue ao mercado. Além disso, necessita de grandes áreas para as sucessivas autofecundações e cruzamentos das linhagens e o retorno em produtividade destas linhagens é baixo, o que aumenta o custo de produção (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Além dos híbridos, a outra alternativa para o melhoramento genético do milho é a obtenção de populações melhoradas pelo uso adequado de métodos de seleção, possibilitando o aumento gradativo da frequência de alelos favoráveis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; MIRANDA et al., 2008).

Algumas das características favoráveis que são apresentadas pelo milho, como ciclo e sistema reprodutivo, fizeram da cultura um modelo para estudos genéticos das espécies alógamas. As características do sistema reprodutivo monóico e a polinização aberta foram mecanismos que favoreceram o melhoramento genético dessa espécie agrícola (PATERNIANI et al., 1987). Nesse contexto, Carvalho, Lorencetti e Benin (2004) situam que a maximização da eficiência nos programas de melhoramento, visando um menor tempo de obtenção de linhagens elites e estudos da associação entre caracteres são de grande importância, pois possibilita progressos mais rápidos para o programa de melhoramento.

2.3 Uso de Germoplasma Semiexótico

Há uma grande importância no melhoramento de milho via banco de germoplasma exótico, ressaltada por diversos autores, principalmente com o intuito de ampliar a base genética (BROWN, 1953, WELLHAUSEN, 1965; MIRANDA FILHO, 1985; NASS; MIRANDA FILHO; SANTOS, 2001; HALLAUER; CARENA e MIRANDA FILHO, 2010). Segundo Hallauer (2007), o entendimento das associações entre caracteres é de extrema importância para os ganhos genéticos e seleção dos genitores com melhores potenciais, cujo objetivo final no melhoramento é o desenvolvimento de híbridos superiores com elevada performance para os principais caracteres desejáveis.

O germoplasma de milho, distribuído por todo o mundo, ocupa amplas áreas diferenciadas por fatores como altitude, latitude, tipos de solo, regime pluviométrico, etc. Apesar da grande diversidade da espécie, os cruzamentos são viáveis mesmo entre tipos extremamente diferenciados, o que torna possível uma ampla gama de exploração da variabilidade genética (HALLAUER; CARENA ; MIRANDA FILHO, 2010). Para Miranda Filho (1985), o germoplasma de milho no Brasil é caracterizado por uma ampla variabilidade, incluindo raças locais ou indígenas, populações adaptadas e germoplasma exótico ou semiexótico (introduzidos de outras regiões). Entretanto, apenas uma pequena porção da variabilidade tem sido efetivamente utilizada nos programas de melhoramento.

Ressalta-se que vários trabalhos relatam na literatura a potencialidade de incorporar germoplasmas exóticos em populações melhoradas e adaptadas para vários fenótipos, como redução da altura de planta e espiga (Vera e Crane,1970) e redução no número de dias para florescimento (HALLAUER ; SEARS 1972), entre outros caracteres. Vale salientar que, além dos efeitos positivos verificados nas médias destes caracteres, tem sido constatado que as populações semiexóticas (resultantes do cruzamento entre materiais melhorados e exóticos) apresentaram variabilidade genética mais alta que as populações melhoradas (GOODMAN 1965; SHAUMAN 1971; MOLL; SMITH 1981).

Hallauer (1978) citou que germoplasma exótico envolve todas as fontes de germoplasma que não podem ser imediatamente úteis ou adaptados para um

programa de melhoramento genético específico, ou seja, quando ajustes fisiológicos são necessários para naturalizar e aclimatizar o germoplasma para sua utilização.

O procedimento mais comum em estudos de germoplasma exótico tem sido a realização de cruzamentos entre materiais exóticos e adaptados. O resultado desse cruzamento pode ser definido como germoplasma semiexótico, em função da sua constituição genética não ser totalmente exótica.

A incorporação de germoplasma é uma maneira de diversificar geneticamente as populações, enriquecendo-as com alelos favoráveis (SIMMONDS, 1993). Griffing e Lindstrom (1954) relataram que os híbridos F_1 (semiexóticos) compostos por germoplasma exóticos mais produtivos foram aqueles com que a participação de linhagens com 25% a 50% de exóticos em cruzamentos com linhagens adaptadas.

Hallauer (1978) conduziu quatro programas de seleção recorrente, mostrando as taxas de progresso esperado e o comportamento da variabilidade genética em populações com diferentes proporções de germoplasma exótico. Os resultados de dois anos de ensaios de avaliação com progênies S_2 , indicaram que a variância genética e o progresso esperado, foram maiores para as populações semiexóticas que para a população adaptada.

Santos (1985) iniciou um estudo com as mesmas raças que Hallauer (1978), em cruzamento com a variedade de polinização livre ESALQ-PB1, adaptada às condições ambientais do Estado de São Paulo, e verificou ampla variabilidade genética nas populações semiexóticas para vários caracteres de interesse. O potencial dessas populações semiexóticas para fins de melhoramento foi demonstrado para arquitetura da planta (SANTOS et al., 1990), produção de grãos (SANTOS ; MIRANDA FILHO, 1992) e na avaliação da depressão por endogamia (NASS, 1992; NASS ; MIRANDA FILHO, 1995).

As três razões principais para se fazer o uso de germoplasma exótico nos programas de melhoramento foram descritas por Geadelmann (1984); Albrecht e Dudley (1987), que são:

- a) aumentar a diversidade genética para se proteger contra a vulnerabilidade genética aparente;
- b) proporcionar uma fonte de genes para características específicas, tais como resistência a doenças, pragas e a tolerância a estresses;

c) proporcionar uma fonte de alelos favoráveis para aumentar o rendimento por variações genéticas úteis e aumentar a heterose.

2.4 Variabilidade genética

O progresso genético pode ser alcançado a partir do momento em que exista variabilidade genética e que o efeito ambiental não mascare, por completo, esta variabilidade (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Existe a necessidade do conhecimento detalhado da constituição e diversidade genética das espécies para obtenção eficiente do material a ser utilizado em programas de melhoramento, pois sem o conhecimento da variabilidade e da sua interação com o ambiente fica difícil a obtenção de genótipos superiores (MILACH, 1998).

As análises de variância genética visam a identificação de progênies para a formação de populações que mantenham uma boa proporção de variabilidade, permitindo ganho genético em ciclos sucessivos de seleção. Como a divergência está associada à heterose, as análises de divergência podem ser úteis para a predição preliminar de cruzamentos que aperfeiçoem a heterose.

A variabilidade genética integra-se como matéria prima indispensável no desenvolvimento de híbridos pelos melhoristas de plantas, além de variedades e clones com potencial para elevada produtividade. Com essa variabilidade de genes, o melhorista pode traçar estratégias eficientes de melhoramento e selecionar genótipos superiores para múltiplos caracteres, pois é de fundamental importância a estimação de parâmetros genéticos como correlação, herdabilidade e covariância (EMATNÉ, 2011).

Para Carvalho et al. (2004), híbridos simples que geram derivados sintéticos apresentam média alta e grande variabilidade genética, levando em conta a heterose acentuada, que faz com que se tornem populações com grande potencial para extração de linhagens para produção de novos híbridos

2.5 Variabilidade genética em milho

A ampla variabilidade genética encontrada no milho torna esse cereal um dos mais semeados em todas as regiões agrícolas do país, independente das condições

edafoclimáticas, sendo a espécie de interesse agrícola que possui a caracterização genética mais detalhada (NASS et al. 2001).

Falconer (1987) descreve que dentro da variância genética, a variância genética aditiva é o componente mais importante, uma vez que é a principal causa da semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção. O autor ainda define que é o único componente que pode ser prontamente estimado pelas observações feitas na população. No entanto, o que interessa na decomposição de variância genética é o parcelamento entre variância genética aditiva e o resto, sendo o resto as variâncias genéticas não-aditivas (dominância e epistasia) e as causadas pelo ambiente.

Para a seleção, deve-se escolher, no processo de melhoramento, a população mais adequada. É conhecido que entre as populações de milho de polinização aberta, existe uma grande variabilidade genética para os caracteres agrônômicos. Pela adequada estimativa de seus parâmetros genéticos, há várias maneiras de se avaliar as propriedades intrínsecas de uma população, o que deve ser feito de acordo com as facilidades disponíveis e com a variabilidade existente nas diferentes populações (MARQUEZ –SANCHEZ; HALLAUER, 1970).

De acordo com Hallauer; Carena e Miranda Filho. (2010), deve-se preferir cruzamentos entre genitores ou populações que apresentem médias e divergências altas nas características de interesse. Sendo assim, além da dissimilaridade genética para a escolha dos genitores, o seu desempenho *per se*, nos ambientes específicos, deve ser considerado.

As estimativas da herdabilidade permitem que os melhoristas calculem os progressos esperados com a seleção, bem como auxiliam na escolha do método mais adequado e a quantidade de testes com este material genético (LAMKEY; HALLAUER, 1987). O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h^2) é de grande valia, pois indica quanto da variância fenotípica total é passada para a próxima geração. Assim, h^2 maior que 50% indica considerável variância aditiva na população, o que implica em dizer que métodos simples de seleção podem ser usados com sucesso na melhoria de características desejáveis.

Em milho, a estimativa da herdabilidade para produção de grãos varia de menos de 0,1 (10%), quando calculada com base em plantas individuais em apenas

um local, até maior que 0,8 (80%), quando calculada com base em médias de progênies autofecundadas em mais de uma localidade, atingindo valores intermediários quando se trata de meios-irmãos e irmãos germanos (HALLAUER et al., 2010).

Garbuglio, Miranda Filho e Cella (2009), com o objetivo de verificar a variabilidade genética em sete populações de milho de ampla base genética, visando o melhoramento dessas populações, chegaram a conclusão de que as sete populações apresentaram variabilidade suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente com progênies S_1 .

Marquez-Sanchez e Hallauer (1970) concluíram, ao estudar a influência do tamanho da amostra para estimar a variância genética na população de milho Iowa Synthetic BB (Syn BB), que uma amostra de aproximadamente 200 plantas seria suficiente para estimar parâmetros genéticos. A mesma constatação foi identificada por Omolo e Russel (1971), que estudaram o tamanho necessário para que a população pudesse manter estabilidade sem causar mudanças genéticas significativas. Observaram queda na produção com o decréscimo no tamanho da amostra e concluíram, no caso, que uma amostra de 200 plantas seria adequada para manter a variabilidade genética.

2.6 Seleção recorrente

No caso específico do milho, a maior parte dos esforços direcionados para a avaliação da variabilidade genética está concentrada em caracteres quantitativos. Sendo assim, a seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento populacional de milho e pode ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados (FEHR, 1987; BESPALHOK, GUERRA ; OLIVEIRA, 2013). Desse modo, a seleção recorrente tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população, mantendo a variabilidade genética. As populações melhoradas pela seleção recorrente podem ser utilizadas como variedade de polinização aberta ou então para obtenção de linhagens endogâmicas usadas na produção de híbridos. Um ciclo de seleção recorrente envolve quatro fases: a) obtenção de progênies (meio irmãos, irmãos germanos e progênies

parcialmente endogâmicas S_1 e S_2); b) avaliação das progênies; c) seleção das melhores progênies; d) recombinação das progênies selecionadas, gerando variabilidade para o próximo ciclo de seleção.

A seleção recorrente pode ser classificada ainda em seleção intrapopulacional, que busca o melhoramento da média fenotípica dentro de uma mesma população, e seleção interpopulacional, que é o melhoramento entre duas ou mais populações de milho com o intuito de melhorar a média do cruzamento entre elas, bem como selecionar progênies com potencial alto em cruzamentos.

Entre os métodos de seleção intrapopulacional existentes, os mais comuns são o de seleção massal ou fenotípica e seleção entre progênies (meio-irmãos, irmão completos, S_1 e S_2 e seleção combinada). Essa seleção proporciona altos ganhos pela seleção das populações A e B, mas a heterose entre elas pode diminuir (SOUZA JUNIOR, 2001.EMATNÉ, 2011).

Quando o objetivo é adaptação de germoplasma ou obtenção de uma cultivar de polinização aberta, recomenda-se o melhoramento intrapopulacional, que tem o intuito de melhorar uma população. Se o objetivo for o melhoramento do potencial da população para extração de linhagens, com consequente obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional é o mais indicado, pois promove benefícios que envolvem duas populações, bem como proporciona a exploração da heterose entre elas (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) explicam que a seleção massal tem a grande vantagem de ser um método barato e simples, porém é o que apresenta menor eficiência dentre todos os métodos de seleção recorrente. Isso em razão desse método ser baseado em plantas individuais provenientes de polinização aberta. Além disso, ocorre também interação da planta com o ambiente específico no qual se encontra e irá atuar no sentido de moldar a expressão do caráter para aquela específica planta/indivíduo. Com isso, é difícil isolar o efeito do ambiente para que se possa estimar o verdadeiro valor genotípico do indivíduo ou o valor para o melhoramento. Esse tipo de seleção é bom para caracteres que apresentam alta herdabilidade, pois o fenótipo é um bom indicador do valor genotípico.

Hallauer e Ebehart (1970) propuseram a metodologia da seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos germanos obtidas em plantas prolíficas, permitindo assegurar ao mesmo tempo ganhos genéticos diretos (nas populações “per se”) e

indiretos (nas populações em cruzamento). Esse método consiste em realizar o cruzamento entre plantas S_0 e os pares (plantas da população A com plantas da população B), autofecundando os indivíduos cruzados. Tal método é baseado em pares de plantas, o que torna necessário realizar anotações e a perda de uma espiga autofecundada prejudica também o par do cruzamento, reduzindo a quantidade de material avaliado.

De acordo com Santos et al. (2003), o método de melhoramento por seleção recorrente recíproca com base em famílias de irmãos germanos pode ser uma boa opção para a cultura do milho, pois, ao final do processo, pode-se optar por utilizar populações melhoradas para a obtenção de linhagens ou para a formação de um híbrido intervarietal entre tais populações.

Na cultura do milho, na maioria das vezes, realiza-se a autofecundação da segunda espiga de cada planta, sendo que a primeira espiga (superior) é polinizada com pólen de outra planta. As sementes da primeira espigas são correspondentes com as progênies de irmãos germanos (A x B), isto é, avaliadas em ensaios para identificar as combinações (progênies) mais promissoras. Cada ciclo é completado quando as progênies S_1 de cada população dos melhores cruzamentos são recombinadas, produzindo, assim, as populações melhoradas A1 e B1.

Lonquist (1961) sugeriu, em vez de cruzamentos planta a planta, que as progênies de irmãos germanos fossem obtidas por cruzamentos em cadeia. Observa-se que, nesse caso, um mesmo genótipo é avaliado em duas progênies de irmãos germanos distintas ao passo que nos cruzamentos planta a planta os genótipos são avaliados em uma única progênie. A dupla avaliação de um genótipo contribui para uma maior precisão das estimativas e aumenta o ganho com seleção, sendo o método recomendado para populações que já tenham sido submetidas a outros ciclos de seleção. Valois (1982) e Valois e Miranda Filho (1984) observaram que a variabilidade entre progênies de irmãos germanos e o progresso esperado por seleção foram superiores no esquema usual em relação ao esquema em cadeia.

Ferreira, Gardingo e Matiello (2009) chegaram à conclusão de que um ciclo de seleção, ao utilizar irmãos germanos, aumenta a proporção de progênies com espigas de milho-verde classificadas como excelente de 2,85% para 27,56%. Para tanto, partiram do intuito de avaliar o potencial de progênies de irmãos germanos para a produção de milho-verde e selecionar as melhores progênies. O que fora

explicitado, no caso, permite que o melhorista obtenha progressos mais rápidos, quando são feitas duas gerações por ano e também porque esse esquema possibilita maior progresso na seleção, mesmo quando o coeficiente de variação do ensaio de progênies fica entre médio e alto, o que, inclusive, torna a eficiência bem maior que se fossem usadas progênies de meio-irmãos (EBERHART, 1970; RAMALHO ; VENCOVSKY, 1977).

Packer (1998) obteve valores de herdabilidade entre 54,4% e 65,3% para progênies de irmãos germanos obtidas de quatro populações. Oliveira et al. (2015) concluíram, a partir do trabalho de adaptação de germoplasma exótico na região sudoeste de Goiás, que existe variabilidade nas três populações semiexóticas, bem como a seleção recorrente foi eficiente para quantificar o progresso das populações.

2.7 Endogamia ou Depressão por endogamia

Cruz (2005) define depressão por endogamia como um fenômeno que ocorre em decorrência do acasalamento entre indivíduos aparentados. A endogamia remete ao aumento da variância genética entre progênies. Por isso, é um método recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, além de também conduzir ao aumento do progresso esperado com a seleção (PARTENIANI; MIRANDA FILHO, 1987; HALLAUER; SEARS, 1973; RODRIGUEZ; HALLAUER, 1991; EDWARDS; LAMKEY, 2002).

Segundo Miranda Filho (2001), não é desejável que esse tipo de fenômeno ocorra com as populações panmíticas, como é o milho, por exemplo. É preciso considerar que a endogamia conduz à homozigose e acaba expondo a ação de genes recessivos deletérios que causam prejuízos à fisiologia da planta, diminuindo seu valor fenotípico. Entretanto, os genes deletérios podem ser eliminados com a utilização de progênies endogâmicas, o que, conseqüentemente, torna as populações melhoradas com a utilização desse tipo de progênies (HALLAUER, 1980; MIRANDA FILHO, 1981).

Falconer (1989) classifica depressão por endogamia pela redução no valor médio de caracteres quantitativos, relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido a homozigose de alelos com efeitos deletérios. Ainda não se sabe completamente o que acarreta o aparecimento de depressão por endogamia, principalmente as causas genéticas, porém existem

teorias para explicá-la. Uma dessas explicações está ligada ao fato de que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominante. A segunda explicação é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (CROW; KIMURA, 1970), considerando a sobredominância. Alguns caracteres, como tempo para florescimento, apresentam heterose negativa em razão da dominância dos alelos para maior precocidade.

Falconer (1989) define que os maiores níveis de depressão por endogamia são esperados em populações com elevada frequência de heterozigotos em locos com dominância gênica, como os híbridos simples e populações que apresentam acentuada carga genética, como populações não melhoradas. No geral, híbridos apresentam maior depressão por endogamia se comparados com outras classes genéticas. Vale frisar que as populações tropicais trabalhadas no Brasil apresentam elevada depressão por endogamia e, com isso, justifica-se alocar recursos e tempo no melhoramento de populações (RODRIGUES et al., 2001).

A autofecundação é uma prática comumente utilizada no melhoramento de milho, tanto na obtenção de linhagens para confecção de híbridos, quanto na avaliação de progênies S_1 e S_2 no melhoramento de populações. É recomendada a utilização de progênies endogâmicas no melhoramento de populações alógamas para caracteres de baixa herdabilidade, pelo fato de a endogamia conduzir ao aumento da variância, entre as médias das progênies, enquanto a variância dentro das progênies diminui. Esse fato possibilita maior facilidade de seleção de genótipos superiores e, em consequência disso, determina maior progresso genético (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1987). Nos esquemas seletivos que utilizam progênies endogâmicas é maior a seleção contra genes deletérios e as populações melhoradas a partir dessas progênies, quando autofecundadas, produzirão linhagens com menor depressão por endogamia (HALLAUER, 1980).

A carga de genes deletérios é usualmente estimada pelo componente do índice de depressão por endogamia. O principal benefício da endogamia é a dispersão de alelos de uma população, para seleção de plantas individuais, de modo que a fixação de alelos favoráveis seja utilizada na obtenção de híbridos superiores e no melhoramento das populações (RIVERA et al., 2005).

Lima et al. (1982) utilizaram progênies de meios-irmãos e de autofecundação para estimar a variância aditiva e o coeficiente de herdabilidade nas populações

Suwan-DMR e Thai-DMR. Assim, concluíram que a variabilidade genética em ambas era de magnitude suficiente para garantir progressos em programas de seleção recorrente. De fato, dois ciclos de seleção recorrentes aumentaram a produtividade em 7,3% e 19,9%, respectivamente. O estudo de Lima et al. (1982) incluiu a estimação da depressão por endogamia em três caracteres, sendo que, para a produção de grãos, a depressão foi de 43,0% em ambas as populações.

Do ponto de vista dos efeitos genéticos, as estimativas da depressão por endogamia são menores para altura da planta e espiga em relação ao rendimento de grãos porque os efeitos gênicos de dominância são menos importantes (LIMA et al., 1984). Esses autores também relataram, em seus estudos, quanto aos efeitos de depressão por endogamia em 32 populações brasileiras de milho, que as amplitudes dos valores compreendidos ficaram entre 27% e 57,9% para rendimento de grãos, 7,5% a 20,3% para altura de plantas e 6,9% a 27,4% para altura de espigas. Observaram também que as populações derivadas a partir de híbridos exibiram menor depressão (-34%) do que a população que não foi submetida à seleção.

Araújo e Gerage (2002) utilizaram nove híbridos comerciais de milho e quatro populações para estimar a depressão por endogamia. Os genótipos foram semeados em esquema que possibilitasse obter os 78 híbridos para posterior avaliação em esquema dialelo completo junto com as diferentes gerações S_1 obtidas a partir dos treze genótipos. Foram observados, para rendimento de grãos, valores de depressão por endogamia de 20% a 66% entre os híbridos e de 42% a 62% entre as populações. Foi ressaltado que as populações apresentaram tendência de valores relativamente altos de endogamia devido, em parte, à pouca seleção realizada nestes genótipos.

Garbuglio, Miranda Filho e Cella (2009) estudaram a variabilidade genética em sete populações de milho de ampla base genética, com o intuito de promover o melhoramento de populações. Eles verificaram, em relação ao caráter altura de plantas, depressão por endogamia entre 12,5% a 17,4%. Para o peso das espigas os índices foram entre 37,5% a 48%.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Considerações gerais

O presente trabalho foi dividido em duas partes, sendo que na primeira utilizou-se quatro populações, com dois níveis de endogamia (S_0 e S_1), avaliadas em três locais (Jataí-GO, Araçatuba-SP e Chapadão do Sul-MS). Esta parte do projeto foi idealizada para fornecer informações realistas sobre o potencial agrônomo e expressão de variabilidade entre as quatro populações em estudo.

Na segunda parte utilizou-se progênies de irmãos germanos (IG) e progênies endogâmicas (S_1) de duas populações, com objetivo de estudar a variabilidade genética e o potencial produtivo. As progênies de IG e S_1 foram avaliadas no município de Chapadão do Sul-MS (L1) e na fazenda experimental da UNESP Ilha Solteira no município de Selviria-MS (L2).

3.2 Material

O **Núcleo de Apoio à Pesquisa do Milho (NAP-MILHO)** foi criado pela Universidade de São Paulo e coordenado pelo Departamento de Genética da ESALQ/USP. A finalidade do NAP-MILHO foi de coordenar um projeto de cooperação técnico-científica para identificar fontes confiáveis de resistência às principais doenças foliares do milho. Para esse fim, foram envolvidas diversas instituições públicas (CNPMS/EMBRAPA, IAC - Instituto Agrônomo de Campinas, IAPAR - Instituto Agrônomo do Paraná, ESALQ-USP, CENARGEM/EMBRAPA) e privadas (empresas Zêneca Sementes, Sementes Colorado, FT Sementes, Sementes Agrocere).

Foram avaliados 1263 acessos do BAG (Banco Ativo de Germoplasma, CENARGEM/EMBRAPA) em 13 locais, escolhidos pela maior probabilidade de ocorrência das doenças foliares. Os locais e as doenças avaliadas em pontos específicos são relatados por Miranda Filho et al. (2000).

Com base nos resultados das avaliações, foram selecionados os acessos para a composição de cinco populações com resistência específica a doenças foliares. As populações foram assim denominadas: **NAP-PP** - resistência a *Puccinia polysora*; **NAP-PZ** - resistência a *Physopella zae*; **NAP-ET** - resistência a

Exserohilum turcicum; **NAP- PM** - resistência a *Phaeosphaeria maydis*; e **NAP-CE**: resistência ao *complexo enfezamento*. O número de acessos que entraram na composição de cada população foram 41, 25, 34, 46 e 28; e a identificação dos acessos está apresentada nos trabalhos de Miranda Filho et al. (2001 a, b, c), Costa et al. (2001) e Gorgulho et al. 2001).

Na formação de cada população foi tomada uma amostra isonumérica de sementes de cada acesso selecionado resultando, assim, na amostra para semeadura de aproximadamente 16.000 sementes. Os lotes foram semeados com isolamento na Estação Experimental de Anhembi, com polinização ao acaso. Na colheita foi feita uma seleção branda para eliminar plantas acamadas, depressivas ou com problemas morfológicos ou fisiológicos visíveis. Depois da colheita, uma amostra aleatória de 1.000 sementes foi tomada de cada população para semeadura do segundo ciclo de recombinação. Dos lotes de recombinação, foram selecionadas cerca de 200 plantas de cada lote, que deram origem para as progênes de meios irmãos, assim iniciando o programa de seleção recorrente intrapopulacional com cinco segmentos, representativos de cada população.

Após a colheita das espigas selecionadas, as plantas remanescentes em cada lote foram colhidas em massa e as espigas dos cinco lotes foram misturadas e secadas em um secador de sementes acoplado a uma esteira para seleção de espigas. Nesse sentido, foi programado para passar na esteira todo o lote de espigas do secador, procedendo-se a seleção visual de espigas individuais consideradas de padrão superior, identificadas em quatro tipos: **[1]** grão amarelo tipo flint, **[2]** grão alaranjado tipo flint, **[3]** grão branco tipo flint e **[4]** grão branco tipo dente. Em cada tipo, as amostras variaram de 40 a 50 espigas, que foram misturadas e semeadas em lotes isolados para recombinação. As sementes colhidas em cada lote de recombinação receberam a denominação **NAP-FA** [flint amarelo], **NAP-FL** [flint laranja], **NAP-FB** [flint branco] e **NAP-DB** [dente branco].

As quatro populações **NAP** foram cruzadas com seis populações simbolizadas por **HG**, que são representadas pela geração segregante (F_2) de híbridos comerciais de endosperma amarelo da região de Jataí (GO). Os resultados desses cruzamentos foram usados para escolher a população **HG** mais adequada como base para a incorporação de cada população **NAP**. As populações foram selecionadas com base em um dialelico parcial POP1'- **NAP-FA** x **HG-71**, POP2

NAP-FL x HG-49, **POP3 NAP-FB x HG-49** e **POP4 NAP-DB x HG-49**. As quatro combinações foram semeadas em lotes isolados para recombinação e homogeneização. Com tal procedimento, considerou-se que as populações atingiram o equilíbrio de Hardy-Weinberg, condição necessária para extração de progênies em um programa de seleção recorrente.

3.3 Obtenção das progênies

As progênies de irmãos germanos (IG) e de autofecundação (S_1) utilizadas foram obtidas das populações **POP1' [NAP-FA x HG-71]** e **POP4' [NAP-DB x HG-49]**, selecionadas por Mendes et al. (2015), após a recombinação. Na escolha dessas populações, colocou-se diferentes populações **HG** como base para incorporação do germoplasma exótico (**NAP**), com vistas a uma maior expressão de heterose no híbrido interpopulacional.

Para retirada das progênies, as duas populações foram semeadas em espaçamento de 0,90 metros entre linhas e 0,20 metro entre plantas em agosto de 2014 em lotes de polinização manual para obtenção das progênies de IG e de S_1 . O campo foi conduzido na fazenda experimental da UNESP Ilha Solteira, sendo que cada população foi semeada em dois lotes de polinização manual para obtenção de progênies de IG por cruzamento planta-a-planta e para obtenção de progênies S_1 por autofecundação. Assim, foram obtidos os seguintes números de progênies: 100 IG e 50 S_1 da POP1' **NAP-FA x HG-71** e 100 IG e 50 S_1 da POP 4' **NAP-DB x HG-49**.

3.4 Procedimentos experimentais

As populações **NAP-FA x HG-71**, **NAP-FL x HG-49**, **NAP-FB x HG-49** e **NAP-DB x HG-49**, com dois níveis de endogamia (S_0 e S_1), foram avaliadas em três locais na segunda safra do ano agrícola 2014/15 (safrinha 2015). Os experimentos envolvendo as quatro populações S_0 , quatro populações S_1 e três híbridos comerciais (60XB14, XB 8018 e 30A37), foram conduzidos em blocos casualizados com três repetições com seis linhas de 4,0 m espaçadas de 0,90m entre linhas e 0,20m entre plantas em Jataí-GO e Araçatuba-SP, com semeadura 14/02/2015 e

07/03/2015 respectivamente. Em 07/02/2015 foi realizada a semeadura do experimento de Chapadão do Sul-MS. As parcelas foram constituídas com seis linhas de 5,0 m espaçadas de 0,45 m entre linhas e 0,38m entre plantas, considerando-se quatro linhas centrais de cada parcela para evitar o efeito de competição causado pela diferença de endogamia.

As 100 progênies de IG e 50 progênies S_1 das populações POP1' e POP4' foram avaliadas em blocos casualizados com três repetições, sendo intercalada uma testemunha comercial (T1 = híbrido simples 60XB14) de maneira alternada a cada dez parcelas em todas as repetições para se ter um maior controle da variação ambiental. As outras duas testemunhas (T2 = híbrido duplo XB 8018 e T3 = híbrido simples 30A37 PW) entraram como tratamentos comuns nos experimentos, em dois locais representativos de dois níveis de altitudes (~850 m em Chapadão do Sul e ~335 m em Selvíria).

Em Chapadão do Sul, a semeadura foi realizada no dia 07/02/2015 com parcelas de uma linha de 5 m no espaçamento de 0,45 m entre linhas e 0,38 m entre plantas, sendo que cada parcela totalizou 13 plantas após desbaste, que equivale à densidade populacional de 57.777 plantas ha^{-1} . Em Selvíria, a semeadura foi realizada nos dias 23/02/2015, com parcelas de uma linha de 4 m no espaçamento de 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, sendo que cada parcela totalizou 20 plantas após desbaste, que equivale à densidade populacional de 55.555 plantas ha^{-1} . No total, foram avaliadas 200 progênies IG e 100 progênies S_1 em seis experimentos, com 50 progênies cada um. As análises de IG foram agrupadas para cada população.

3.5 Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres quantitativos: FM – Florescimento masculino, FF – Florescimento feminino (FF), AP – altura da planta (cm), AE – altura da espiga (m), RD – resistência a doenças, AC – acamamento, QB – quebramento, CE – comprimento da espiga (cm), DE – diâmetro da espiga (cm), EG – espigas gessadas e RG – peso de grãos ($kg\ parcela^{-1}$), de acordo com os procedimentos resumidos no quadro a seguir:

Caráter	Procedimento
FM e FF - dias	Obtidos pelo número de dias da semeadura até que 50% das plantas de cada parcela estivessem com antese e estilo estigmas visíveis, respectivamente;
AP - cm	Medida do nível do solo até a folha bandeira — média de 12 e 5 plantas na parcela nos experimentos de macroparcels, progênies IG e S ₁ , respectivamente;
AE - cm	Medida do nível do solo até a inserção da espiga principal— média de 12 e 5 plantas na parcela, na mesma amostra usada para AP;
AC%	Porcentagem de plantas inclinadas com o colmo formando ângulo maior do que 20° com a vertical na parcela;
QB%	Porcentagem de plantas na parcela com o colmo quebrado abaixo da espiga;
CE - cm	Média do comprimento de cinco espigas na parcela;
DE - cm	Média do diâmetro de cinco espigas na parcela;
EG	Porcentagem de espigas gessadas (com grãos mal granados) na parcela
RD	Grau de resistência medido em notas de 1 ≡ resistente a 6 ≡ suscetível, correspondentes a 1 ≡ sem lesões, 2 ≡ lesões esparsas na planta, 3 ≡ até 50% das plantas com lesões severas em 25% das folhas inferiores, 4 ≡ até 75% das plantas com lesões severas em 50% das folhas inferiores, 5 ≡ até 100% das plantas com lesões severas em 75% das folhas inferiores e 6 ≡ planta morta.
PG - kg	Peso total de grãos por parcela ^a

^a Os dados de PG foram corrigidos para umidade de 13%, pela expressão

$$Y_c = \frac{Y_o(100-U)}{87}$$

sendo Y_c o peso de grãos corrigido para umidade de 13%, Y_o o peso de campo não corrigido e U a umidade de grãos (%) no momento da pesagem.

Fonte: Autoria própria

O caráter PG, nos experimentos de macroparcels, foi corrigido para estande ideal pela metodologia da covariância, sugerida por Miranda Filho, J.B. (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992) que utiliza o coeficiente de regressão (b) da produção de grãos observada sobre a variação de estande. Este cálculo é feito a partir das análises de variância e covariância, ou seja, $b = SP_{ST:PG} / SQ_{ST}$ ou soma de produtos do erro experimental de produção com estande/ soma de quadrados do erro experimental de estande, que provêm das análises de covariância e da variância.

Assim, o valor corrigido para as variações de estande foi $Y_{c^*} = Y_c + b(13 - S)$ no L1 e $Y_{c^*} = Y_c + b(20 - S)$ no L2, sendo Y_c o valor do caráter previamente corrigido para umidade e S o estande observado na parcela; o valor corrigido (Y_{c*}) se refere a total de parcela (estande S = 13 ou 20).

Nos experimentos de avaliação de progênies, considerando um gradiente ambiental que atua de forma diferenciada sobre cada progênie, foi feita a correção dos dados para produtividade de grãos para agrupamento dos experimentos, com

base na testemunha intercalar, pela fórmula $Y_{\delta} = Y_{c^*} - (Y_{\tau} - \bar{Y}_{\tau})$, em que Y_{δ} representa a produção de grãos por parcela da progênie na posição δ do bloco; Y_{τ} é a produção de grãos da testemunha intercalar na posição δ ; \bar{Y}_{τ} é a média geral da testemunha em cada bloco.

3.6 Análises de variância

As análises da variância dos experimentos com progênies para cada variável em cada local foram realizadas como mostra a Tabela 1. Para as macroparcelas o esquema foi o mesmo, apenas substituindo progênies por populações.

Tabela 1. Esperança dos quadrados médios de um experimento com progênies de irmãos germanos.

Fonte	G.L.	QM	E(QM)
Repetições	2	---	
Progênies	49	Q_1	$\sigma^2 + 3\sigma_p^2$
Erro	98	Q_2	σ^2

Fonte: Autoria própria

Pelos resultados das análises individuais dos experimentos referentes às progênies de irmãos germanos conduzidos em quatro experimentos em Chapadão do Sul e em Selviria, realizou-se análise conjunta agrupada pela somatória das Somas de Quadrados e ajuste dos graus de liberdade de cada experimento para irmãos germanos (Tabela 2).

Para progênies S_1 , a análise de variância conjunta foi realizada conforme o delineamento em blocos ao acaso segundo o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + (b/l)_{kj} + p_i + l_j + pl_{ij} + e_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} = observação da i-ésima progênie no k-ésimo bloco e j-ésimo local;

μ = média geral do ensaio;

$(b/l)_{kj}$ = efeito aleatório do bloco k dentro do local j;

p_i = efeito aleatório da progênie i;

l_j = efeito fixo do local j;

pl_{ij} = efeito aleatório da interação entre a progênie i e o local j;

e_{ijk} = erro aleatório associado à observação ijk .

A análise conjunta das macroparcelas seguiu o mesmo modelo, apenas substituindo progênies por populações.

Posteriormente, pelas Esperanças dos Quadrados médios das análises de progênies, foram estimados os componentes de variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) e variância ambiental (σ^2) para todos os caracteres avaliados na análise conjunta agrupada.

Tabela 2. Análise de variância conjunta e esperança dos quadrados médios, considerando local como sendo de efeito fixo e os demais efeitos aleatórios.

FV	G.L.	QM	E(QM)	F
Blocos/Locais	(r-1)a	Q ₁	$\sigma_e^2 + p \sigma_b^2$	
Locais (L)	a-1	Q ₂	$\sigma_e^2 + rt \sigma_{pa}^2 + p \sigma_b^2 + pr\phi_a$	$\frac{Q_2 + Q_5}{Q_1 + Q_4}$
Progênies (P)	p-1	Q ₃	$\sigma_e^2 + tr \sigma_p^2$	$\frac{Q_3}{Q_5}$
Progênies x L	(a-1)(p-1)	Q ₄	$\sigma_e^2 + rt \sigma_{pa}^2$	$\frac{Q_4}{Q_5}$
Erro	(p-1)(r-1)a	Q ₅	σ_e^2	

$t=r/(l-1)$

Fonte: Autoria própria

3.7 Parâmetros genéticos

Nos experimentos de macroparcelas, as médias de populações (m_0) e das populações S_1 (m_1) são representadas por: $m_0 = \mu + a + d^* = A + d^*$ e $m_1 = \mu + a + \frac{1}{2}d^* = A + \frac{1}{2}d^*$, respectivamente, o que permite estimar os componentes $A = 2 m_1 - m_0$ e $d^* = 2 (m_0 - m_1)$, sendo A a média esperada de uma amostra aleatória de linhagens totalmente homocigóticas extraídas da população e d^* a contribuição total dos heterocigotos para a média da população. A depressão por endogamia é estimada por $I = m_1 - m_0$, para 50% de homocigose esperada (LIMA et al, 1992; MIRANDA FILHO, 1999).

A variância genética entre progênies de irmãos germanos (não endógamas) é expressa por $\sigma_p^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2$, sendo σ_A^2 e σ_D^2 as variâncias genéticas aditiva e

dominante, definidas para a população base. Assim sendo, os componentes σ_A^2 e σ_D^2 não são estimáveis separadamente. Entretanto, tais estimativas podem ser obtidas considerando-se hipóteses sobre o valor relativo dos componentes. Os caracteres AP, AE, CE e DE avaliados no presente trabalho, geralmente apresentam um baixo grau médio de dominância sendo as estimativas de $\phi = \sigma_D^2 / \sigma_A^2$ não superiores a 0,5 na maioria dos casos (HALLAUER, CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Portanto, há nesses casos, dois limites hipotéticos para a estimação dos componentes da variância genética que podem ser usados, considerando as hipóteses $H_1: \sigma_D^2 = 0$ e $H_2: \sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$. Por outro lado, o caráter produtividade de grãos expressa maior grau de dominância, sendo $\frac{1}{2} < \phi < 1$ na maioria dos casos (HALLAUER, CARENA ; MIRANDA FILHO, 2010) e duas hipóteses realistas para caracteres dessa natureza podem ser $H_2: \sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$ e $H_3: \sigma_D^2 = \sigma_A^2$. Tais aproximações foram utilizadas por Nass (1992).

Na análise com progênes S_1 a variância entre progênes é expressa por $\sigma_p^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 + D_1 + \frac{1}{8} D_2$, sendo D_1 a covariância entre os efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos e D_2 a variância dos efeitos de dominância nos homozigotos (COCKERHAM, 1983). As fórmulas para estimação dos parâmetros de interesse são apresentadas na Tabela 3.

Os ganhos genéticos com a seleção entre progênes (\hat{G}_S) foram calculados por: $\hat{G}_S = k \hat{\sigma}_F \cdot h^2$, ou seja, $\hat{G}_S = \frac{k \hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_f}$ em que k é função da intensidade de seleção aplicada entre progênes (intensidade de seleção standardizada) e $\hat{\sigma}_F$ é o desvio padrão fenotípico em nível de médias. A intensidade de seleção foi de 20% ($k = 1,3998$).

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade em nível de média de progênes (\hat{h}_{IG}^2), com base na análise conjunta agrupada, pela seguinte fórmula:

$$\hat{h}_{IG}^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_{ga}^2 + (\hat{\sigma}_e^2 / ar)} \quad (1)$$

Tabela 3. Fórmulas para a estimação dos parâmetros de interesse no estudo de duas populações de milho.

Parâmetro	Estimativa
▪ Média geral das populações não endógamas	$m_0 = \frac{1}{nr} Y_{ij}^0$
▪ Média geral das populações S ₁ (endógamas)	$m_1 = \frac{1}{nr} Y_{ij}^1$
▪ Depressão por endogamia	$l = m_1 - m_0 = \frac{1}{2} d^*$
▪ Média esperada de linhagens totalmente endogâmicas	$A = 2 m_1 - m_0$
▪ Efeito geral dos desvios de dominância	$d^* = 2(m_0 - m_1)$
▪ Variância genética entre progênies (IG ou S ₁)	$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{1}{3} (Q_3 - Q_5)$
▪ Variância fenotípica entre médias de progênies	$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{1}{3} Q_3$
▪ Variância genética aditiva – hipótese (1): $\sigma_D^2 = 0$	$\hat{\sigma}_{A1}^2 = 2 \hat{\sigma}_p^2$
– hipótese (2): $\sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$	$\hat{\sigma}_{A2}^2 = \frac{8}{5} \hat{\sigma}_p^2$
– hipótese (3): $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$	$\hat{\sigma}_{A3}^2 = \frac{4}{3} \hat{\sigma}_p^2$
▪ Coeficiente de variação experimental	$CV\% = 100 \cdot \sqrt{Q_E} / m_0$
▪ Coeficiente de variação genética	$CVg\% = 100 \cdot \hat{\sigma}_p / m_0$
▪ Índice de variação	$\theta = CVg / CV = \hat{\sigma}_f / \hat{\sigma}$
▪ Coeficiente de herdabilidade – sentido amplo	$h_f^2 = (Q_3 - Q_5) / Q_3$
– sentido restrito, hipótese (1): $\sigma_D^2 = 0$	$h_{f1}^2 = h_f^2$
– sentido restrito, hipótese (2): $\sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$	$h_{f2}^2 = 3 \hat{\sigma}_{A2}^2 / 2Q_3$
– sentido restrito, hipótese (3): $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$	$h_{f3}^2 = 3 \hat{\sigma}_{A3}^2 / 2Q_3$

Fonte: Autoria própria

3.8 Estudo de Correlação

A estimação do coeficiente de correlação entre dois caracteres X e Y, foi realizada com base nas análises de variância de X, de Y e de X+Y, de modo que a covariância entre as dois caracteres (X e Y) é dada por:

$$Cov_{(xy)} = \frac{\sigma_{(x+y)}^2 - \sigma_x^2 - \sigma_y^2}{2} \quad (2)$$

Em que:

Cov_{xy} :covariância entre X e Y;

$\sigma_{(x+y)}^2$: variância da soma de X com Y; e

$\sigma_x^2; \sigma_y^2$: variâncias de X e de Y, respectivamente.

As correlações genéticas (r_g) e fenotípicas (r_f), foram obtidas a partir dos produtos médios dos caracteres X e Y e dos quadrados médios de X e Y:

$$r_{g(xy)} = \frac{Cov_{g(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2}} \quad (3)$$

$$r_{f(xy)} = \frac{Cov_{f(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{fx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{fy}^2}} \quad (4)$$

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Avaliação geral das populações-base

4.1.1 Análise de variância

Pela análise conjunta dos experimentos de (Tabela 4) verificou-se significância para as populações (S_0 , S_1 e híbridos) nos caracteres avaliados. Na fonte de variação S_0 verifica-se ausência de significância para AC% e QB% confirmando a variabilidade das populações, diferente da fonte de variação S_1 , observando-se variabilidade para AE. Foram constatados efeitos não significativos da interação S_0 x local e S_1 x local para maioria dos caracteres avaliados, indicando que essas populações possuem performance semelhantes às variações ambientais do presente estudo. A significância de locais indica que as populações foram influenciados de maneira diferente nos locais de avaliação, principalmente em razão da grande variabilidade genética que é esperada dentro e entre as populações S_0 e S_1 e por se tratar de diferentes híbridos. A sensibilidade de cada genótipo às condições ambientais de cada local é diferente, evidenciando a interação.

Tabela 4. Quadrados médios na análise de variância conjunta para altura de plantas (AP cm), altura de espigas (AE cm), comprimento de espigas (CE cm), diâmetro de espiga (DE cm), porcentagem de acamamento (AC%), porcentagem de quebraamento (QB%) e produtividade de grãos (PG t ha⁻¹), envolvendo quatro populações de milho e três testemunhas comerciais, em Araçatuba-SP, Jataí-GO e Chapadão do Sul-MS (2015).

Fonte de variação	GL	AP	AE	CE	DE	AC%	QB%	PG†
Blocos/Locais	6	0,954	0,228	0,259	0,150	2,240	0,698	4,269
Populações	(10)	0,289 **	0,155 *	14,79 **	0,979 **	3,206 **	3,134 **	316,079 **
S_0	3	1,603 *	1,241 *	3,049 **	0,199 *	1,027	0,649	20,20 **
S_1	3	1,081	0,972 *	0,977	0,036	1,141	1,743	10,033
Test (T)	2	44,11 **	26,453**	14,11 **	0,413 **	0,383 **	4,517 **	59,13 **
Grupos (G)	2	96,51 **	47,86 **	53,82 **	4,129 **	12,395	7,566 **	1475,9 **
Locais (L)	2	132,64 **	53,37 **	1,096	3,157 **	146,75 **	39,792 **	771,31**
Locais x S_0	6	0,857	0,329	2,045 *	0,078	0,629	1,298	3,812
Locais x S_1	6	0,363	0,351	1,116	0,048	0,197	0,580	1,641
Locais x Test	4	0,334	0,808	3,847 **	0,141	2,707 **	3,934 **	54,687 **
Locais x Grupos	4	2,9031 **	0,628	1,818 *	0,111	3,199 **	5,968 **	27,677 **
CV%		3.2	5.5	5.2	5.0	25.5	29.8	10.7

† Populações [P1 (NAP-FA x HG-71), P2 (NAP-FL x HG-49), P3 (NAP-FB x HG-49), P4 (NAP-DB x HG-49), T1 (60XB14), T2 (XB 8018), T3 (30A37)], Locais [L1 – Araçatuba (SP), L2 – Jataí (GO), L3 – Chapadão do Sul (MS)]

‡ Valores multiplicados por 10⁻²

Fonte: Autoria própria

Os valores dos coeficientes de variação experimental situaram-se entre 3,2% a 29,8% para os caracteres avaliados, nesse caso, são valores considerados de aceitável magnitude.

4.1.2 Valores médios observados

Para produtividade de grãos nos experimentos de macroparcelas, as médias gerais ficaram entre 5,50 a 6,65 t ha⁻¹ e entre 3,8 e 4,58 t ha⁻¹ para as populações S₀ e S₁, respectivamente (Tabela 5). As porcentagens no tocante às testemunhas variaram de 73% a 84% em Araçatuba-SP, 49,2% a 72 em Jataí-GO e 63,7% a 76,6% em Chapadão do Sul-MS. Na média de locais os valores oscilaram entre 64,4% a 78,0%.

Tabela 5. Médias das populações-base (S₀), S₁ e dos híbridos para cada local de avaliação e conjunta para florescimento masculino (FM em dias após semeadura), florescimento feminino (FF em dias após semeadura), altura de planta (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), relação AE/AP, comprimento de espiga (CE em cm), diâmetro de espiga (DE em mm), plantas acamadas (AC em %), plantas quebradas (QB em %) e produtividade de grãos (PG em t ha⁻¹).

População ^t	FM	FF	AP	AE	AE/AP	CE	DE	AC%	QB%	PG			
	L2	L2								L1	L2	L3	média (L)
Populações não endógamas (S ₀) ⁿ													
P1	63	64	200,3	107,7	0,53	15,8	4,8	3,3	2,8	7,29 (75,0)	3,12 (49,2)	6,08 (63,7)	5,50 (64,4)
P2	63	64	201,7	110,7	0,55	15,5	4,6	3,6	3,1	8,15 (84,0)	4,50 (70,8)	7,30 (76,6)	6,65 (78,0)
P3	62	65	200,9	103,1	0,51	16,2	4,6	3,4	2,8	7,16 (73,7)	4,36 (68,6)	6,81 (71,4)	6,11 (71,6)
P4	63	65	209,3	111,2	0,53	16,9	4,9	2,8	2,5	7,38 (76,0)	4,57 (72,0)	6,56 (68,8)	6,17 (72,3)
Média	63	64	203,1	108,2	0,53	16,1	4,7	3,3	2,8	7,50	4,14	6,69	6,11
Populações endógamas (S ₁)													
P1	66	67	180,1	95,6	0,53	15,1	4,5	3,4	2,9	4,78	2,78	4,48	4,02
P2	65	66	184,9	98,2	0,53	15,1	4,4	3,9	3,8	5,41	3,31	5,03	4,58
P3	65	67	180,0	91,4	0,51	14,6	4,5	3,6	2,8	4,77	2,96	4,99	4,24
P4	64	62	186,9	98,6	0,53	15,4	4,6	3,0	3,2	4,41	2,96	4,03	3,80
Média	63	64	183,0	95,9	0,52	15,0	4,5	3,5	3,2	4,84	3,00	4,63	4,16
Testemunhas													
T1	62	63	230,0	127,9	0,55	18,9	5,4	2,0	1,5	9,72	8,66	9,95	9,44
T2	64	65	231,1	133,2	0,58	17,7	5,3	2,4	2,0	9,49	6,36	8,96	8,27
T3	62	63	192,2	101,2	0,53	16,4	5,0	2,4	2,9	9,93	4,05	9,68	7,88
Média	62,6	63,6	217,7	120,8	0,55	17,6	5,2	2,2	2,1	9,71	6,35	9,53	8,53

^t Populações e híbridos: P1 (NAP-FA x HG-71), P2 (NAP-FL x HG-49), P3 (NAP-FB x HG-49), P4 (NAP-DB x HG-49), T1 (60XB14), T2 (XB 8018), T3 (30A37)]; Locais L1 – Araçatuba (SP), L2 – Jataí (GO), L3 – Chapadão do Sul (MS)], ^v Entre parêntesis: produtividade de grãos em porcentagem da testemunha.

Fonte: Autoria própria

Esses valores indicam bom nível dos materiais, tratando-se de populações semiexóticas, principalmente por serem pouco adaptadas e que não foram submetidas a processo intenso de seleção. Nass e Paterniani (2000) relatam que populações com desempenho inferior a 50% quanto às testemunhas, tem potencial muito limitado para que sejam aproveitadas em programas de melhoramento.

As médias de AP e AE das quatro populações, considerando todos os locais, foi de 2,03 e 1,08 m para as populações S_0 e de 1,83 e 0,96 m para as S_1 , também dentro de padrões normais de altura, comparando-se com as testemunhas.

4.1.3 Depressão por endogamia

A depressão por endogamia para PG nas quatro populações foi da ordem de 34,4%, 33,7%, 33,4%, 40,2% em Araçatuba; 10,9%, 26,4%, 32,2%, 35,3% em Jataí; e de 26,3%, 31,2%, 26,8%, 38,6% em Chapadão do Sul para cada umas das populações. Para AP nota-se que os valores variaram de 3,1% a 8,5%, 14,2% a 18,2%, 5,5% a 12,4% e para AE os valores oscilaram 2,3% a 12,3%, 15,5% a 18,1%, 4,4% a 16,9% em Araçatuba, Jataí e Chapadão do Sul respectivamente (Tabela 6). Esses valores são esperados, em virtude da complexidade dos caracteres e da diversidade na origem das populações em estudo. Kist (2006), estudando a população MPA, originada de um composto com mais de 30 populações, considera que essa amplitude genética pode conferir, provavelmente, alta frequência de alelos recessivos deletérios acobertados pela heterozigose. A variação e a magnitude nos valores de depressão por endogamia para caracteres de porte da planta são bem inferiores aos encontrados em relação à produtividade de grãos, o que é explicado pela menor complexidade genética e pela predominância de efeitos gênicos aditivos. Observa-se que a contribuição dos locos em homozigose (efeitos aditivos) é maior do que a contribuição dos locos em heterozigose (desvios quanto à dominância), enquanto que nos caracteres relacionados com a produtividade, a contribuição dos locos em heterozigose é mais expressiva.

Tabela 6. Estimativas de depressão por endogamia (I), percentagem de depressão por endogamia (I%), contribuição dos homocigotos (A) e dos heterocigotos (d*) para a média observada de quatro populações em três locais.

		Araçatuba-SP			Jataí-GO			Chapadão Do Sul-MS		
		PG	AP	AE	PG	AP	AE	PG	AP	AE
POP1	I	2507	0,17	0,09	340	0,27	0,16	1597	0,17	0,12
	I%	34,4	8,0	7,3	10,9	15,2	17,0	26,3	8,0	10,6
	A	2278	1,81	1,01	2442	1,22	0,61	2882	1,76	0,89
	d*	5013	0,35	0,17	681	0,53	0,31	3193	0,33	0,24
POP 2	I	2748	0,13	0,12	1188	0,26	0,18	2274	0,12	0,08
	I%	33,7	6,0	9,8	26,4	14,2	18,0	31,2	5,5	6,8
	A	2658	1,85	0,96	2126	1,31	0,64	2752	1,88	0,98
	d*	5495	0,25	0,23	2375	0,52	0,36	4548	0,23	0,15
POP 3	I	2394	0,18	0,14	1404	0,33	0,16	1825	0,12	0,05
	I%	33,4	8,5	12,3	32,2	18,2	18,1	26,8	5,6	4,4
	A	2372	1,79	0,86	1551	1,14	0,58	3163	1,84	0,96
	d*	4788	0,37	0,28	2808	0,65	0,33	3651	0,23	0,09
POP 4	I	2971	0,07	0,03	1615	0,33	0,15	2532	0,28	0,20
	I%	40,2	3,1	2,3	35,3	17,2	15,5	38,6	12,4	16,9
	A	1440	1,99	1,11	1345	1,26	0,67	1497	1,68	0,80
	d*	5943	0,13	0,05	3229	0,66	0,30	5063	0,55	0,41

Populações: P1 (NAP-FA x HG-71), P2 (NAP-FL x HG-49), P3 (NAP-FB x HG-49), P4 (NAP-DB x HG-49).

Fonte: Autoria própria

4.2 Progênes de irmãos germanos

4.2.1 Análise de variância agrupada em Chapadão do Sul-MS

Pela análise de variância (Tabela 7), observou-se que a relação entre o maior e o menor valor de quadrado médio residual foi de 2,86 e 5,6 nas respectivas populações POP1' e POP4', indicando que as variâncias do erro experimental podem ser consideradas homogêneas (PIMENTEL GOMES, 2009), permitindo que os experimentos de cada população sejam analisados de forma agrupada. A interação testemunhas *versus* experimentos, não significativa para grande parte dos caracteres analisados, também é uma indicação da homogeneidade dos erros. Os coeficientes de variação para altura de planta e altura de espiga apresentaram valores menores (3,9 % e 6,0%) para POP4' em comparação à POP1'(4,1% e 7,3 %). Nos caracteres comprimento de espiga e diâmetro de espiga nota-se valores entre 7,9% e 3,8% para a POP1' e 10,9% e 7,6% para a POP4', respectivamente. Os caracteres avaliados com nota ou contagem, como doenças foliares, acamamento e quebramento de plantas, números de espigas gessadas, apresentaram coeficientes de variação (CV%) satisfatórios de acordo com a

literatura. Para PG foram observados valores entre 14,0% para a POP1' e 15,3% para POP4'. Segundo a classificação de Scapim et al. (1995) para os coeficientes de variação proposta para a cultura do milho, verifica-se uma precisão experimental média e são semelhantes aos encontrados na literatura para experimentos com a cultura do milho (REIS et al., 2009).

Com base nos resultados da análise de variância, foram detectadas diferenças significativas em progênies para grande parte dos caracteres analisados. Tais resultados são a primeira evidência da existência de variabilidade genética nas duas populações. O contraste entre progênies e testemunhas foi significativo, exceto para ET, DP e EG; AP, AE, DE, PM, CZ, AC e EG nas POP1' e 2 respectivamente.

A média de progênies para AP e AE para as duas populações foram de 204,9 e 213,6; 108,4 e 113,1 que correspondem a 95,6% e 99,0%; 93,1% e 96,8% das testemunhas (Tabela 7). Essas estaturas menores das populações ocorrem em razão da incorporação e à contribuição das populações de HG para esse caráter, que são populações de híbridos simples e possuem porte de planta menor que as populações NAP (MENDES et al. 2015). Oliveira et al. (2015), estudando populações semiexóticas verificaram valores superiores para AP e AE e Troyer e Brown (1972) encontraram valores menores. Tais resultados dependem dos germoplasmas que participaram na introgressão para formação da população base utilizada.

Constata-se que a média de comprimento de espiga foi de 14,4 cm e 13,9 cm nas duas populações, apresentando valores próximos das médias evidenciadas pelas testemunhas. Para diâmetro de espiga as médias de progênies foram de 4,5 e 4,6 cm que correspondem a 90,0% da testemunha nas duas populações, valores satisfatórios comparados aos híbridos comerciais. Nota-se que as médias em relação a esses dois caracteres possuem pequenas variações quando comparadas as populações. Valores médios de comprimento de espiga variando de 15,0 a 17,5 e diâmetro de espiga e de 4,2 a 4,8 foram apresentados por Andrade e Miranda Filho (2008) e Garbuglio et al. (2009).

No tocante às doenças foliares observou-se incidência de helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*), mancha branca (*Phaeosphaeria maydis*), Diplodia (*Stenocarpella macrospora*) e Cercosporiose (*Cercospora zea-maydis*). Vale ressaltar que as condições climáticas da região foram favoráveis ao

desenvolvimento do patógeno com baixa a média severidade. O experimento foi implantado no meio de lavouras comerciais, em que foram realizadas aplicações de fungicidas, diminuindo o potencial de inóculo, o que pode ter resultado em menor incidência de doenças. As notas médias de progênies variaram de 1,5 a 1,9; 1,9 a 2,0; 1,1 a 1,2; 1,3 a 1,4 para ET, PM, DP e CZ para as populações 1 e 2 respectivamente. Oliveira et al. (2015), avaliando doenças foliares em três populações semiexóticas, verificaram grau de resistência intermediário, porém com algumas progênies apresentando valores médios de 2,5, sendo consideradas resistentes. Ressaltaram que foi possível observar variabilidade genética nas três populações considerando este caráter pode prever ganhos com a seleção das progênies mais resistentes.

Verificou-se que as populações apresentaram valores de porcentagem de plantas acamadas oscilando de 1,0% a 2,8% e de plantas quebradas variando de 2,7% a 3,7% (Tabela 7). Acamamento e quebramento são fenômenos complexos e sua expressão depende de fatores genéticos inter-relacionados com fatores do clima, do solo, das práticas culturais adotadas (CRUZ et al., 2003) e de danos causados por pragas e doenças. As perdas decorrentes do acamamento e quebramento são bastante variáveis; causam severos danos a produtividade e à qualidade dos grãos e isto tem chamado a atenção de agrônomos e melhoristas em várias partes do mundo (MORAES; BRITO, 2011). Entretanto, estima-se que as perdas variam de acordo com cada local e ano. O tombamento ocorre, principalmente, no final do ciclo da cultura quando, por alguns fatores, o colmo e as raízes parecem não serem capazes de sustentar a espiga, sendo inúmeros os fatores que podem influenciar no acamamento e quebramento.

O caráter EG foi avaliado com intuito de verificar a severidade dos complexos de enfezamentos nas populações, em razão da perda do momento indicado de avaliação das plantas no estágio de grãos pastosos. Observou-se que houve incidência das doenças dos complexos de enfezamentos, mas em pequena proporção, verificado pelos valores médios das populações de 1,5% de espigas com os sintomas, nas duas populações. Esses resultados podem ocorrer em função da tolerância das populações ou pela baixa incidência dos complexos de enfezamentos. Oliveira et al. (2015) relataram a performance de três populações semiexóticas

derivadas de germoplasma exótico com potencial de resistência para as doenças do complexo de enfezamento e verificaram progênes com nível elevado de resistência.

Foram observados os valores limites inferiores de 3,8 e 2,7 e superiores de 7,9 e 7,7 t ha⁻¹ para PG para POP1' e POP4', respectivamente (Tabela 7). As médias observadas (5,9 e 5,4 t ha⁻¹) representaram 71% e 58,6% da média das testemunhas, nas respectivas populações. Considerando os valores de limite superior as populações corresponderam a 92,7% e 85,8% da média das testemunhas, demonstrando potencial para compor programas de melhoramento. Alves (2014) comparando as médias de progênes com as médias das testemunhas, observou-se que 72% das progênes em Lavras e 83% das progênes em Lambari foram superiores ao híbrido P30F53. Sendo assim, comparando com a testemunha GNZ9501, tais valores foram 96% para Lavras e 95% para Lambari. Em relação aos dois ambientes, 77% das progênes superaram a média da melhor testemunha.

4.2.2 Análise de variância agrupada em Selviria-MS

As análises agrupadas foram realizadas após a verificação da homogeneidade das variância residuais entre os experimentos. A relação entre o maior e o menor valor de quadrado médio residual entre os experimentos não excedeu o valor de 5,86. Pimentel-Gomes (1990) comenta o uso do teste F máximo e conclui que, se a relação entre o maior e o menor quadrado médio residual for menor do que sete, quase sempre a análise conjunta poderá ser efetuada sem maiores problemas. No entanto, quando essa relação for muito além disso, convém considerar separadamente subgrupos de experimentos com quadrados médios residuais não muito heterogêneos. A interação testemunhas *versus* experimentos, não significativa para grande parte dos caracteres analisados, também é uma indicação da homogeneidade dos erros.

Foi constatada diferença significativa entre as progênes de irmãos germanos para quase todos os caracteres, com exceção do quebramento na POP4' (Tabela 8). Consequentemente, há variabilidade genética nessas condições edafoclimáticas. Assim, é possível que ganhos sejam obtidos a partir do melhoramento nessas populações, nas condições edafoclimáticas do presente experimento.

Os coeficientes de variação de grande parte dos caracteres avaliados estão dentro dos limites aceitáveis para experimentação agrícola, conforme a proposta

elaborada por Scapim et al. (1995) (Tabela 8). Para altura de planta e altura de espiga apresentaram valores maiores que em Chapadão do Sul (5,3 % e 7,0%) para POP1' em comparação à POP (7,5% e 6,0%). Nos caracteres comprimento de espiga e diâmetro de espiga nota-se valores entre 6,9% e 7,3% para a POP1' e 7,9% e 10% para a POP4', respectivamente. Os caracteres avaliados com nota ou contagem, como acamamento e quebramento de plantas, números de espigas gessadas, apresentaram coeficientes de variação (CV %) satisfatórios de acordo com a literatura. Para PG foram observados valores entre 27,4% para POP1' e 25,7% para POP4'. Segundo a classificação para os coeficientes de variação para a cultura do milho proposta, indicam uma precisão experimental baixa, diferindo dos encontrados na literatura para experimentos com a cultura do milho (REIS et al., 2009). A média baixa e verificado pela maior severidade das doenças do complexo de enfezamento, que deve ter contribuído para isso.

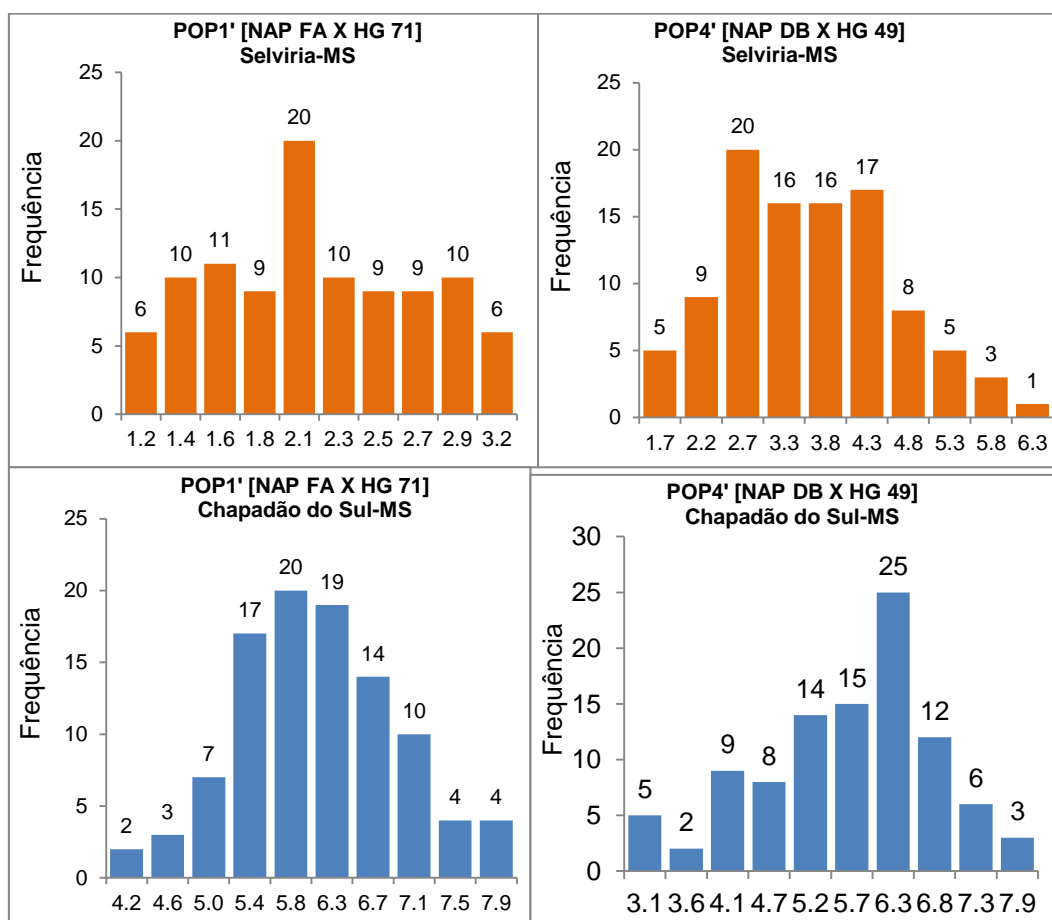
Nota-se que a média de progênies para AP e AE para as duas populações (209,6 e 213,3; 117,0 e 121,8) foram menores que a média das testemunhas (97,16% e 97,97%; 95,9% e 99,1%) (Tabela 8).

As médias de progênies para os caracteres CE, DE, AC%, QB% e EG% foram respectivamente 13,5 e 14,0 cm; 3,9 e 4,2 cm; 2,7% e 1,7%; 3,9% e 3,2%; 8,4% e 7,6% para as POP1 e POP2, respectivamente. Pelos resultados observados, verificou-se que existe variabilidade e progênies promissoras quanto aos caracteres agrônômicos avaliados. Quanto a produtividade de grãos, os valores foram baixos, 66,1% e 61,1% nas populações 1 e 2, comparando-se com Chapadão do Sul. Isso pode ocorrer, tanto em função da influencia geral do ambiente quanto pela severidade das doenças do complexo enfezamentos que apresentaram uma maior incidência nesse local.

A distribuição de freqüência das produtividade médias de grãos das progênies, nos dois locais, estão apresentadas nas **Figura 1**. Verificou-se que em Selveria-MS a amplitude de variação das progênies foi de 1,2 t ha⁻¹ a 3,2 t ha⁻¹ e 1,7 t ha⁻¹ a 6,3 t ha⁻¹ com uma média 2,0 t ha⁻¹ e 3,0 t ha⁻¹ nas POP1' e POP4' respectivamente, e que 17 progênies da POP4' apresentaram produtividade média superior à das testemunhas, que apresentaram uma produção média de 4,4 t ha⁻¹. Já em Chapadão do Sul-MS, a amplitude de variação de produtividade média das progênies foi de 4,2 t ha⁻¹ a 7,9 t ha⁻¹ e 3,1 t ha⁻¹ a 7,9 t ha⁻¹ com uma média 5,9 t ha⁻¹.

¹ e 5,4 t ha⁻¹ nas POP1' e POP4' respectivamente,. Para este local, as testemunhas produziram em média 8,75 t ha⁻¹. Nesta avaliação, oito progênes na POP1' e 17 progênes apresentaram produtividade média 88% e 86% em relação às testemunhas.

Figura 1. Distribuição de freqüências das progênes de irmãos-germanos de duas populações de milho para rendimento de grãos (t ha⁻¹) em Selviria-MS e Chapadão do Sul-MS.

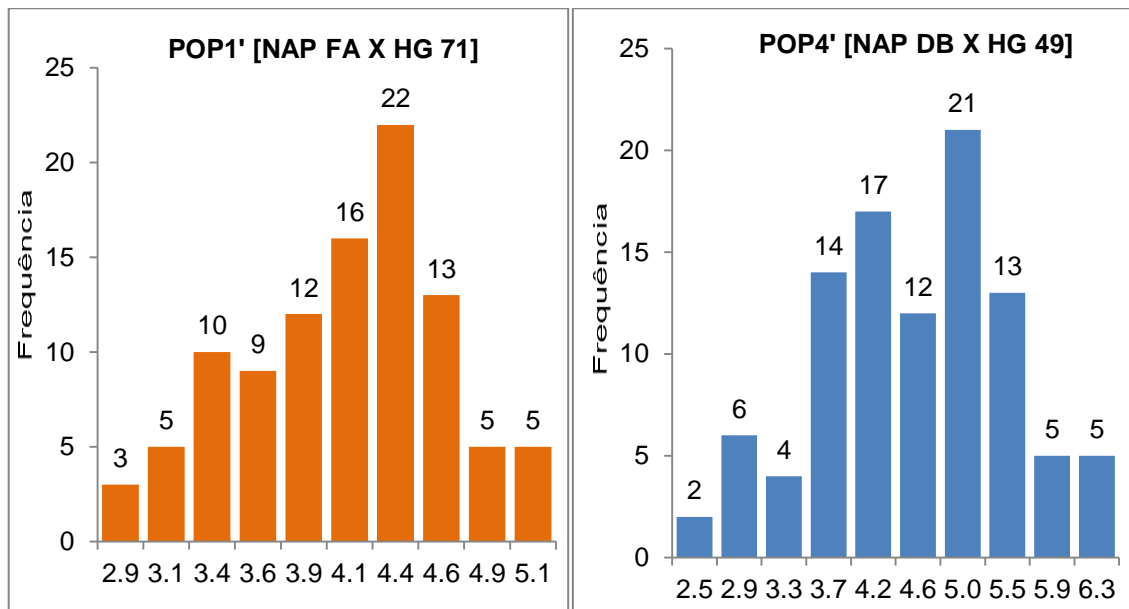


Fonte: Próprio autor.

A distribuição de freqüência das médias, considerando-se os dois locais, apresentou uma amplitude de variação de 2,9 t ha⁻¹ a 5,1 t ha⁻¹ e 2,5 t ha⁻¹ a 6,3 t ha⁻¹ com uma média 4,0 t ha⁻¹ e 4,4 t ha⁻¹ nas POP1' e POP4', Observa-se que nenhuma progênie apresentou produtividade média superior à das testemunhas, que produziram, em média, 5,85 t ha⁻¹ e 6,8 t ha⁻¹. Verifica-se que por local a média de produção de algumas progênes foi superior à das testemunhas, sendo que o

mesmo não ocorreu quando foram consideradas as médias de produção nos dois locais, indicando um comportamento diferencial das progênie nos dois locais. Isto é, uma progênie superior num local não o foi em outro, mostrando, assim, a ocorrência da interação progênie x locais. Este resultado também mostra que as testemunhas tiveram um comportamento mais estável. Considerando-se que uma cultivar híbrida, antes de ser lançada, é avaliada em vários ambientes, é esperado que elas sejam mais estáveis.

Figura 2. Distribuição de frequências das progênie de irmãos-germanos de duas populações de milho para produtividade de grãos ($t\ há^{-1}$) na média de locais Selviria-MS e Chapadão do Sul-MS.



Fonte: Próprio autor.

Tabela 7. Quadrados médios na análise da variância e médias para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), *Exserohilum turcicum* (ET), *Phaeosphaeria maydis* (PM), *Stenocarpella macrospora* (DP), *Cercospora zea maydis* (CZ), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha⁻¹) para progênie de irmãos germanos em duas populações de milho. Chapadão do Sul-MS (2015).

Fonte de variação	Caracteres												
	GL	AP	AE	CE	DE	ET	PM	DP	CZ	AC%	QB%	EG%	PG
POP1' [NAP-FA x HG-71]													
Blocos/E	4	384,47	140,20	1,486	0,014	0,324	0,042	1,7613	3,325	12,730	10,717	1,259	0,675
Experimentos (E)	1	1477,7**	13,54	0,080	0,071	0,366 *	0,025	3,220 *	3,160**	540,623 **	333,97 **	3,001	12,122 **
Testemunhas (T)	1	2408,3**	1564,3 **	51,2**	0,083	0,083	0,003	0,0000	0,021	0,908	3,741	0,101	3,865 *
T x E	1	3,00	18,75	8,3*	0,003	0,853 **	0,003	0,0000	0,141	4,941	10,2675*	2,521	0,009
Progênie/E	98	260,5 **	159,3 **	1,523	0,110 **	0,107 **	0,033**	0,0348	0,050	5,055 **	3,949**	2,221 *	1,947 **
(T vs Prog)/E	2	511,7 **	371,4**	6,9 **	1,375 **	0,123	0,059 *	0,0532	0,299**	18,263 **	7,792 *	0,978	31,545 **
Erro	204	70,34	63,75	1,306	0,029	0,063	0,014	0,0304	0,044	1,847	1,849	1,550	0,712
Média Geral		205,3	108,7	14,4	4,5	1,5	1,9	1,1	1,3	2,7	2,6	1,5	6,0
Média de Progênie		204,9	108,4	14,4	4,5	1,5	1,9	1,1	1,3	2,8	2,7	1,5	5,9
Limite superior		224,0	123,8	16,6	4,9	2,0	2,2	1,5	1,7	7,5	5,7	5,3	7,9
Limite inferior		182,0	90,8	12,0	3,9	1,1	1,5	0,9	0,9	0,4	0,1	0,6	3,8
Média das testemunhas		214,3	116,4	14,4	5,0	1,4	1,9	1,2	1,5	1,3	1,6	1,2	8,3
CV (%)		4,1	7,3	7,9	3,8	16,6	6,1	15,2	16,4	50,4	51,6	82,7	14,0
POP4' [NAP-DB x HG-49]													
Blocos/E	4	47,388	27,218	3,592	0,037	0,161	0,063	0,004	0,045	0,418	9,211	2,716 **	14,474
Experimentos (E)	1	2144,62 **	934,61 **	0,115	0,010	0,017	0,004	0,001	0,044	0,353	3,815	13,128	123,341 **
Testemunhas (T)	1	2380,08 **	1633,33**	3,413	0,163	0,001	0,001	0,0133 *	0,000	1,613	2,083	1,541	8,4672 **
T x E	1	24,083	8,333	0,653	0,083	0,001	0,001	0,0133 *	0,000	0,000	1,920	0,008	0,897
Progênie/E	98	413,73 **	301,12 **	4,926 **	0,211	0,026	0,125 **	0,002	0,052 *	0,766 *	6,601 **	2,761 **	2,717 **
(T vs Prog)/E	2	21,155	84,699	17,862 **	1,007	0,394 **	0,017	0,012**	0,060	0,079	17,802 **	1,723	84,132 **
Erro	204	67,728	45,434	2,326	0,124	0,020	0,078	0,003	0,037	0,535	2,864	1,770	0,727
Média Geral		213,6	113,2	13,9	4,7	1,8	2,0	1,2	1,4	1,0	3,7	1,5	5,6
Média de Progênie		213,6	113,1	13,9	4,6	1,9	2,0	1,2	1,4	1,0	3,7	1,5	5,4
Limite superior		242,1	140,3	17,1	5,2	2,0	3,3	1,4	1,6	3,3	8,3	6,2	7,7
Limite inferior		185,3	83,7	9,8	3,2	1,6	1,3	1,2	1,2	0,7	-0,3	0,7	2,7
Média das testemunhas		215,1	116,8	15,6	5,1	1,6	1,9	1,2	1,3	1,1	2,4	1,1	9,2
CV (%)		3,9	6,0	10,9	7,6	7,7	14,3	4,2	13,5	76,3	45,9	86,9	15,3

(**, *) Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente. Fonte: Autoria própria

Tabela 8. Quadrados médios na análise da variância e médias para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha⁻¹) para progênies de irmãos germanos em duas populações de milho. Selviria-MS (2015).

Fonte de variação	Caracteres*								
	GL	AP	AE	CE	DE	AC%	QB%	EG%	PG
POP1' [NAP-FA x HG-71]									
Blocos/E	4	209,513	165,920	0,389	0,079	17,689	17,824	5,658	6,107
Experimento (E)	1	1475,08 **	202,580	2,337	0,025	97,027308 **	0,209	25,45 **	15,781 **
Testemunhas (T)	1	1386,75 **	2080,33 **	1,080	0,120	8,636	0,159	0,005	3,921 **
T x E	1	168,750	48,000	0,480	0,053	0,077	2,288	0,765	3,349 **
Progênies/E	98	433,65 **	204,51 **	1,979 **	0,156 **	9,236 **	4,779**	3,191 **	0,744 **
(T vs Prog)/E	2	236,871	163,420	15,98 **	1,635 **	9,586	2,233	5,756 **	12,489 **
Erro	204	124,334	67,280	0,885	0,081	3,892	2,133	1,372	0,329 **
Média Geral		209,9	117,2	13,6	3,9	2,7	3,9	8,3	2,1
Média de Progênies		209,6	117,0	13,5	3,9	2,7	3,9	8,4	2,0
Limite superior		248,0	137,0	15,5	4,5	9,3	6,6	10,0	4,0
Limite inferior		176,0	98,7	12,0	3,3	0,7	0,7	5,8	1,0
Média das testemunhas		215,1	122,0	15,2	4,4	1,6	3,7	7,5	3,4
CV (%)		5,3	7,0	6,9	7,3	73,0	37,9	14,0	27,4
POP4' [NAP-DB x HG-49]									
Blocos/E	4	425,490	107,465	1,288	0,201	1,685	6,69	1,40	20,63
Experimentos (E)	1	2856,20 **	2420,38 **	10,19 **	0,131	41,22 **	2,19	1,41	48,35 **
Testemunhas (T)	1	3745,33 **	2760,33 **	2,253	0,003	2,539	3,33	0,91	0,44
T x E	1	33,330	0,333	2,613	0,003	3,991	7,87	0,00	0,00
Progênies/E	98	674,77 **	282,93 **	3,015 **	0,278 **	4,718 **	3,05	3,634 *	2,946 **
(T vs Prog)/E	2	228,570	6,393	9,887 **	0,477	0,388	5,97	9,916 *	7,79 **
Erro	204	258,060	53,046	1,228	0,179	2,305	2,65	2,49	0,75
Média Geral		213,5	121,9	14,0	4,2	1,7	3,1	7,6	3,4
Média de Progênies		213,3	121,8	14,0	4,2	1,7	3,2	7,6	3,3
Limite superior		290,7	146,0	17,3	6,3	6,9	5,7	10,0	6,3
Limite inferior		179,3	92,7	10,7	3,5	0,7	1,3	4,4	1,2
Média das testemunhas		217,7	122,8	15,1	4,5	1,6	2,5	6,4	4,4
CV (%)		7,5	6,0	7,9	10,0	88,0	51,8	20,8	25,7

(**, *) Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente. Fonte: Autoria própria

4.2.3 Análise de variância conjunta agrupada, Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS

Quando se avalia um experimento em apenas um local, a variância genética está inflacionada pela interação genótipos *versus* ambientes. Na análise conjunta, o componente da interação pode ser isolado (RAMALHO et al., 2005). As análises de variâncias conjuntas confirmaram a variabilidade genética das populações de milho para produtividade de grãos nas duas populações, acamamento na POP1' e quebramento na POP4'. A fonte de variação local, no caso, foi significativa para quase todos os caracteres, sugerindo que os ambientes influenciaram diferentemente aos valores médios das progênes para os diversos caracteres.

Os resultados da análise de variância conjunta agrupada dos quatro experimentos de Chapadão do Sul e Selviria, foram significativos ($P < 0,01$) entre progênes para todos os caracteres avaliados, exceto EG na POP4'. A fonte de variação local não apresentou significância apenas para AP nas duas populações e CE na POP4', confirmando a grande diferença edafoclimática entre os locais que foram realizados os experimentos. Foram constatados efeitos não significativos da interação progênes *versus* local para maioria dos caracteres avaliados, indicando que essas progênes possuem desempenho semelhantes no tocante às variações ambientais nos ambientes do estudo em evidência. Assim, pode-se realizar seleção com a média de locais, exceto para AC, QB e PG, indicando que, para esses caracteres, as progênes possuem comportamento diferenciado em razão das variações ambientais, o que caracteriza a importância de realizar a seleção por local (Tabela 9).

Os coeficientes de variação das análises conjuntas agrupadas foram, em geral, de magnitude baixa a mediana, segundo a classificação proposta por SCAPIM et al. (1995). Esse resultado evidencia boa precisão na tomada dos dados dos experimentos, o que é bastante desejável, porque permite a obtenção de estimativas mais precisas quanto à resposta da seleção. Valor de CV maior que 10% foi observado para PG, enquanto os valores considerados baixos oscilaram de 4,8% a 9,6% para AP, AE, CE e DE. Os valores elevados de CV observados para AC%, QB% e EG% são resultados da natureza do caráter, cuja média, formada por valores positivos e nulos, tende a ser muito baixa favorecendo os valores elevados de CVs.

Além disso, AC e QB em razão da ação do vento que atua com intensidade diferente em cada parcela. EG depende da transmissão dos mollicutes, patógenos que

Tabela 9. Quadrados médios na análise da variância conjunta agrupada e médias para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha⁻¹) para progênies de irmãos germanos em duas populações de milho. Chapadão do Sul e Selviria, 2015.

Fonte de variação	GL	AP	AE	CE	DE	AC%	QB%	EG%	PG
POP1' [NAP-FA x HG-71]									
Blocos/Locais/E	8	282,39	146,18	0,40	0,04	14,45	14,42	3,04	3,51
Progênie/E	98	555,86**	296,46**	2,259**	0,187**	8,541**	5,904**	3,273**	1,55**
Locais/E	1	1677,91**	5498**	55,0**	25,75**	280,75**	391,56**	195,78**	1127,1**
(Prog x Locais)/E	98	138,24	67,27	1,24	0,08	5,751**	2,82	2,14	1,195**
Erro	392	98,99	67,54	0,80	0,06	2,92	2,00	1,47	0,50
Média		207,3	112,7	14,0	4,2	2,8	3,3	4,9	4,0
CV (%)		4,8	7,3	6,4	5,6	62,2	43,2	24,7	17,8
POP4' [NAP-DB x HG-49]									
Blocos/Locais/E	8	223,6	54,2	2,6	0,1	1,4	8,8	1,9	17,5
Progênie/E	98	903,15**	510,92**	5,32**	0,289**	3,213**	4,923**	3,1	3,464**
Locais/E	1	34,2	5857,5**	1,95	14,32**	57,41**	29,22**	2772**	335,44**
(Prog x Locais) /E	98	185,4	73,1	2,6	0,2	2,3	4,730*	3,3	2,199**
Erro	392	168,0	48,9	1,8	0,2	1,4	2,7	2,2	0,8
Média		213,4	117,4	13,9	4,4	1,3	3,5	4,6	4,4
CV (%)		6,1	6,0	9,6	8,9	88,5	47,7	32,0	19,9

(**, *) Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Fonte: Autoria própria

causam as doenças do complexo de enfezamento antes do enchimento total dos grãos, o que também não é uniforme entre as parcelas.

4.2.4 Parâmetros genéticos

As variâncias estimadas para cada população e local (Tabela 10) foram maiores para a POP4'. Considerando o caráter PG, a variância genética entre progênies oscilou de 50,90 a 236,54 (g planta-1)², havendo maior expressão da variância genética aditiva na POP4' em relação a POP1', considerando as hipóteses testadas. Miranda Filho e Nass (2001) relataram variabilidade em cinco populações semiexóticas de milho, com estimativas de variância aditiva variando de 214 a 771 (g planta-1)² e 300 a 534 (g planta-1)² no primeiro e segundo ciclo, respectivamente, sobressaindo as populações GO-D e GN-04.

Os coeficientes de herdabilidade podem ser considerados de médios à altos (63% a 74%) no sentido amplo. No sentido restrito, observa-se uma maior oscilação (42% a 74%) com base nas três hipóteses. Comparando os locais os valores ficaram próximos, semelhantes aos encontrados por Raposo e Ramalho (2004) e Vilarinho et al. (2008) que encontraram valores menores e Amorim e Souza (2005) e Gabriel (2006) encontraram valores maiores.

Com relação ao ganho com seleção, observa-se uma diferença entre os locais. Em Chapadão do Sul os ganhos preditos foram menores, entretanto significativos (13,72% para POP1' e 17,80% para POP4'). No entanto, esses valores foram inferiores aos estimados em Selviria (21,60% e 31,08%), considerados altos como consequência da média geral de progênies ser baixa. Constata-se, portanto, que as progênies em Selviria não mantiveram o mesmo comportamento fenotípico que em Chapadão do Sul, indicando que alta pressão do complexo de enfezamento causou uma grande variação nas progênies afetando a média geral e a performance. Quando se analisa a coincidência entre progênies nos dois locais nota-se um valor baixo (15%, dados não apresentados). Por outro lado, pode-se constatar progênies com boa tolerância ao complexo de enfezamento. Contudo, a diferença entre os ambientes avaliados não exclui a possibilidade de implementação de um único programa de melhoramento para os dois locais, uma vez que, de acordo com Santos et al. (2005), o mais importante para a seleção é a expressão das médias fenotípicas das cultivares em ambos os ambientes.

No caso em que se deseja maximizar os ganhos para uma série de ambientes, o apropriado é estimar este ganho utilizando o componente de variância genética da análise conjunta (CRUZ et al., 2004). No entanto, em tal estudo pretende-se selecionar progênies intrapopulacionais que viessem a formar populações com adaptação geral aos dois locais avaliados. Assim, foi realizada uma análise dos parâmetros genéticos obtidos a partir das estimativas na média de ambientes.

As estimativas das variâncias genotípica, fenotípica, residual e a da interação progênies x locais, bem como da herdabilidade com base na média das progênies e do coeficiente de variação genético e do índice de variação para os caracteres avaliados, revelaram estimativas médias das variâncias genotípicas para as caracteres estudados, acompanhadas de valores de herdabilidade com base na

média de progênes, abaixo de 77% e índice de variação com magnitudes inferiores a 0,88.

Tabela. 10. Estimativas das variâncias entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$), genética aditiva (σ_A^2), coeficiente de herdabilidade (h_f^2), ganho genético (GS e GS% com 20% de intensidade), coeficiente de variação genético (CVg) e do índice de variação (θ) com base em médias de progênes de IG para produtividade de grãos em duas populações semiexóticas avaliadas em dois locais.

Parâmetros	LOCAIS			
	Chapadão do Sul-MS		Selviria-MS	
	POP1'	POP4'	POP1'	POP4'
$\hat{\sigma}_p^2$	138,54	196,02	50,90	236,54
$\hat{\sigma}_f^2$	189,55	270,49	80,63	318,22
$\hat{\sigma}_E^2$	153,03	223,40	89,18	245,06
$\hat{\sigma}_{A1}^2$	277,09	392,04	101,81	473,08
$\hat{\sigma}_{A2}^2$	221,67	313,63	81,45	378,46
$\hat{\sigma}_{A3}^2$	184,72	261,63	67,87	315,38
h_f^2	0,73	0,72	0,63	0,74
h_{f1}^2	0,73	0,72	0,63	0,74
h_{f2}^2	0,58	0,58	0,51	0,59
h_{f3}^2	0,49	0,48	0,42	0,50
GS	0,814	0,960	0,44	1,03
GS%	13,72	17,80	21,60	31,08
CVg%	11,47	14,94	19,42	25,75
θ	0,95	0,94	0,76	0,98

Fonte: Autoria própria

Para AP e AE, a herdabilidade no sentido amplo e índice de variação oscilaram de 77,0% a 86% e 0,85 a 1,25, nas duas populações (Tabela 11). Os valores encontrados para a variância entre progênes foram 76,15, e 122,53 e 38,15 e 77,01. Quanto à magnitude das estimativas, a sequência foi POP1' < POP4'. O mesmo comportamento é observado para as estimativas da variância aditiva sob as hipóteses consideradas.

Com relação ao caráter CE, na sequência das populações, para a variância de progênes foram 0,24 e 0,59. A mesma magnitude foi observada para as estimativas da variância aditiva sob as três hipóteses consideradas. No caso de DE, os valores encontrados para a variância entre progênes foram de mesma magnitude nas duas populações. Foram obtidos coeficientes de herdabilidade médios no sentido amplo para CE (0,54 e 0,58), DE (0,63 e 0,40) para as duas populações respectivamente, indicando médio controle genético nesses caracteres, isto é, condição favorável para a seleção. Para as herdabilidades no sentido restrito, para as hipóteses consideradas para CE e DE, os valores foram de magnitude igual quando se considera a variância dominante igual a zero. Esses caracteres geralmente apresentam um baixo grau médio de dominância, não superiores a 0,5 na maioria dos casos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Os valores dos coeficientes de variação genético (Tabela 11), que servem como indicativo do percentual de variabilidade genética existente na média da população, para AP foram 4,21% e 5,19% para POP1' e POP4', respectivamente. O caráter AE apresentou valores de 5,48% (POP1') e 7,47% (POP4'). Os caracteres CE e DE apresentaram valores menores na POP1' (3,53% e 3,56%) e maiores na POP4' (5,52% e 3,39%). Os coeficientes de variação genética para AC (35,18% e 40,83%), QB (24,71% e 17,58%), EG (11,09% e 8,82%) e PG (10,54% e 15,4%), podem ser considerados altos nas respectivas populações, indicando a existência de variação genética, o que possibilita maiores ganhos genéticos para tais caracteres. A existência de variação genética indica a possibilidade de melhoramento para esses caracteres com a obtenção de ganhos consideráveis com a seleção. Segundo Sebbenn et al. (1998) coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos.

O quociente CVg/CV (índice θ) (Tabela 11), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênes (VENCOSKY, 1987). Com progênes de meios irmãos, Vencovsky e Barriga (1992) sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção. Os valores para CE oscilaram pouco entre as populações (0,55 e 0,58). Para DE o menor valor foi observado para POP4' (0,38). Nota-se que para os caracteres AC%, QB% e EG% há situação pouco favorável para a seleção, pois os índices de variação encontrados foram próximos ou inferiores à 0,5.

As estimativas da variância de progênies (Tabela 11) para PG foram 54,76 e 140,82 (g planta⁻¹)². Quanto à magnitude a sequência foi POP1' < POP4', a mesma sequência observada para as estimativas da variância aditiva sob qualquer hipótese considerada. Hallauer; Carena e Miranda Filho (2010) reportaram estimativas médias, de um total de 99 trabalhos, de 469,1 (g planta⁻¹)², superior à média deste trabalho e um pouco superior à estimativa média de 309 (g planta⁻¹)² relatada por Vencovsky et al. (1987) sob as hipóteses $\sigma_D^2 = 0$ e $\sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$. Para quase todos os caracteres estudados a POP4' apresentou estimativa superior de $\hat{\sigma}_p^2$ as que ocorreram para POP1'. Esse fato indica uma variabilidade genética maior para esses caracteres na POP4' quando comparada com a POP1'.

O componente $\hat{\sigma}_{pxa}^2$ para produtividade de grãos, a POP4' apresentou estimativa maior (75,17). Todavia, em relação a POP1', $\hat{\sigma}_{pxa}^2$ apresentou magnitude equivalente a 65,63% da $\hat{\sigma}_p^2$. Esse resultado está corroborando com os relatados na literatura, onde boa parte da variação fenotípica do caráter tem sido atribuída às influências do ambiente. Os caracteres AP, AE, CE, DE, AC%, QB% e EG, apresentaram menores estimativas de $\hat{\sigma}_{pxa}^2$, indicando que as variações ambientais influenciaram as progênies de maneira semelhante.

A variância aditiva é relativa ao efeito médio dos alelos, sendo a de maior importância no melhoramento. Esta variância é a causa de semelhança entre parentes, já que os pais passam seus alelos e não os seus genótipos para sua progênie, ou seja, é o efeito médio dos alelos parentais, que determina a média do valor genotípico de sua progênie (FALCONER, 1989). A variância genética aditiva apresentada pelas populações é de baixa magnitude, verificando-se, porém, a possibilidade de ganhos na média de locais (Tabela 11). As estimativas da variância genética aditiva na POP4' apresentaram valores baixos quando comparada com valores apresentados por outros pesquisadores em estudos diversos. Paterniani et al. (2004) e Nass e Miranda Filho (1999) obtiveram para variância genética aditiva, valores oscilando de 502,00 a 821,56 (g planta⁻¹)² para produtividade de espiga, superando as estimativas obtidas na POP1'. Considerando as três hipóteses testadas os valores da $\hat{\sigma}_A^2$ de produtividade de grãos (PG) foi de 109,52 (g planta⁻¹)², 87,62 (g planta⁻¹)², 73,01 (g planta⁻¹)² para a POP1' e 281,63 (g planta⁻¹)², 225,30

(g planta⁻¹)² e 187,75 (g planta⁻¹)² para POP4', considerados de magnitude baixa. Paterniani et al. (2012) encontraram estimativas próximas no tocante ao trabalho proposto de $\hat{\sigma}_A^2$ de 115,55 (g planta⁻¹)² para PG, no primeiro ciclo de seleção. Paterniani (1968) ressalta que é do máximo interesse que a variância genética aditiva permaneça tão alta quanto possível, para permitir progressos substanciais por seleção. Valores altos de variância aditiva foram encontrados nas populações com ciclos iniciais de seleção, em que toda a variabilidade genética livre é liberada (RAMALHO, 1977), bem como corresponde à segregação de blocos poligênicos. A partir do primeiro ciclo de seleção é utilizada a variabilidade genética presente dentro de blocos poligênicos, que é liberada gradativamente por meio da permuta genética.

Para PG as estimativas de herdabilidade no sentido amplo, na média de progênies, foram de 47% e de 55% para as populações 1 e 2, respectivamente. As estimativas de h_f^2 obtidas com o trabalho realizado são difíceis de serem comparadas com as que foram relatadas na literatura, visto que as estimativas dos valores de herdabilidade tendem a variar, dentre outros, com o tipo de progênie, o número de repetições e o número de ambientes utilizados para a estimação do parâmetro. Contudo, os valores observados para o caráter são de média magnitude. Tal resultado foi semelhante ao encontrado por Silva et al. (2008), que observaram nas progênies de meios-irmãos da população UFVM100, estimativas de herdabilidade em nível de médias de 34,8% e 56,2%, nos experimentos conduzidos sob déficit hídrico e irrigação normal, respectivamente. Cairns et al. (2013) encontraram, para produtividade de grãos, estimativas de herdabilidade em sentido amplo superiores que variaram de 64% a 84% em condições irrigadas e 47% a 80% em déficit hídrico. Gama et al. (2001) estimaram valores de herdabilidade em sentido amplo para peso de espigas de 75% para progênies "Synflint" de irmãos germanos.

O ganho previsto com a seleção para produtividade de grãos foi de 12,15% e 19,08%, considerados relativamente altos por ser o primeiro ciclo de seleção, ressaltando-se que essas progênies possuem variabilidade genética e produtividade de grãos elevado. Gabriel (2009) estimou ganho de 14,10% no oitavo e décimo ciclo de seleção recorrente entre progênies de irmãos germanos de milho, enquanto Reis (2009), avaliando populações derivadas de híbridos simples comerciais de milho e empregando seleção recorrente recíproca, encontrou um progresso genético de

7,9% por ciclo para produtividade de espigas despalhadas nos híbridos interpopulacionais obtidos a partir de populações F₂ de híbridos simples de milho.

Estudos demonstram que, quando se realiza a seleção recorrente recíproca, são observados ganhos expressivos no desempenho do híbrido, como já mencionado. Entretanto, especialmente para uma das populações, não há ganho ou este ganho é até mesmo negativo (SOUZA JÚNIOR, 1993). Existem, inclusive, vários resultados na literatura que atestam essa observação (SOUZA JÚNIOR, 1999). Para comparação quantificaram o ganho intrapopulacional em ambas as populações, considerando, como unidade seletiva as 15 progênies de meios-irmãos interpopulacionais com melhor desempenho. A estimativa do ganho indireto com a seleção foi maior na população de AG9012 (5,8%) do que na população do C333 (3,2%). O ganho direto esperado, tomando como referência as progênies de meios-irmãos intra com melhor desempenho *per se* foi bem superior: 15,8% para o AG9012 e 9,0% para o C333 (RAPOSO; RAMALHO, 2004).

As duas populações estudadas no trabalho proposto, no caso, foram desenvolvidas a partir da introgressão de germoplasma exótico em germoplasmas adaptados às condições do Sudoeste de Goiás, composta de híbridos comerciais. O germoplasma exótico tinha como propósito resistência a doenças. Contudo, originaram as populações NAP-FA x HG-71 e NAP-DB x HG-49 que foram escolhidas por apresentar bom padrão agrônomo e, principalmente, pela capacidade de adaptação diante das condições de safrinha. Ou seja, nessas populações espera-se grande variabilidade genética, devido a introgressão de germoplasma exótico, podendo contribuir com alelos raros e resistência a algumas doenças foliares. Nota-se uma variabilidade maior para POP4' para inúmeros caracteres, principalmente, produção de grãos.

De maneira geral, nota-se que existem progênies promissoras para todos os caracteres agrônômicos avaliados quando comparado com as testemunhas, que são híbridos comerciais e são considerados com ampla adaptação e elevada produtividade de grãos. Tal resultado indica a eficiência da incorporação de germoplasma, que não pertence à base genética comumente em uso no melhoramento, contribuindo com novos alelos (até mesmo alelos raros) que resulta em aumento da variabilidade genética útil para o melhoramento. Em geral, há expectativas positivas em relação aos próximos ciclos de seleção.

Tabela 10. Estimativas de variâncias entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$), interação de progênes com locais ($\hat{\sigma}_{pxa}^2$) e genética aditiva (σ_A^2), coeficiente de herdabilidade (h_f^2), ganho genético (GS e GS% como 20% de intensidade), coeficiente de variação genético (CVg) e do índice de variação (θ) para médias de progênes IG de oito caracteres em duas populações.

Parâmetros	AP (cm)	AE (cm)	CE (cm)	DE (cm)	AC%	QB%	EG%	PG (g planta ⁻¹) ²
POP1' [NAP-FA x HG-71]								
$\hat{\sigma}_p^2$	76,15	38,15	0,24	0,02	0,94	0,65	0,30	54,76
$\hat{\sigma}_f^2$	92,64	49,41	0,38	0,03	1,42	0,98	0,55	80,86
$\hat{\sigma}_E^2$	98,99	67,54	0,80	0,06	2,92	2,00	1,47	156,62
$\hat{\sigma}_{pxa}^2$	6,54	-0,05	0,07	0,00	0,47	0,14	0,11	35,94
$\hat{\sigma}_{A1}^2$	152,29	76,31	0,49	0,04	1,87	1,30	0,60	109,52
$\hat{\sigma}_{A2}^2$	121,83	61,05	0,39	0,04	1,50	1,04	0,48	87,62
$\hat{\sigma}_{A3}^2$	101,53	50,87	0,32	0,03	1,25	0,87	0,40	73,01
h_f^2	0,77	0,77	0,54	0,63	0,49	0,58	0,46	0,47
h_{f1}^2	0,77	0,77	0,54	0,63	0,49	0,58	0,46	0,47
h_{f2}^2	0,33	0,31	0,26	0,28	0,26	0,26	0,22	0,27
h_{f3}^2	0,27	0,26	0,22	0,24	0,22	0,22	0,18	0,23
GS	11,07	7,60	0,56	0,17	1,10	0,92	0,57	150,43
GS%	5,34	6,74	3,98	4,19	39,94	28,14	11,54	12,15
CVg%	4,21	5,48	3,53	3,56	35,18	24,71	11,09	10,54
θ	0,88	0,75	0,55	0,63	0,57	0,57	0,45	0,59
POP4' [NAP-DB x HG-49]								
$\hat{\sigma}_p^2$	122,53	77,01	0,59	0,02	0,30	0,37	0,16	140,82
$\hat{\sigma}_f^2$	150,53	85,15	0,89	0,05	0,54	0,82	0,52	179,82
$\hat{\sigma}_E^2$	167,98	48,89	1,78	0,16	1,41	2,71	2,16	234,04
$\hat{\sigma}_{pxa}^2$	2,89	4,04	0,14	0,01	0,14	0,34	0,18	75,17
$\hat{\sigma}_{A1}^2$	245,06	154,01	1,18	0,04	0,60	0,74	0,33	281,63
$\hat{\sigma}_{A2}^2$	196,05	123,21	0,95	0,04	0,48	0,59	0,26	225,30
$\hat{\sigma}_{A3}^2$	163,37	102,67	0,79	0,03	0,40	0,49	0,22	187,75
h_f^2	0,80	0,86	0,58	0,40	0,44	0,32	0,23	0,55
h_{f1}^2	0,80	0,86	0,58	0,40	0,44	0,32	0,23	0,55
h_{f2}^2	0,33	0,36	0,27	0,19	0,22	0,18	0,13	0,31
h_{f3}^2	0,27	0,30	0,22	0,15	0,19	0,15	0,10	0,26
GS	13,98	11,68	0,88	0,14	0,57	0,57	0,32	259,40
GS%	6,55	9,95	6,31	3,24	42,81	16,50	6,91	19,08
CVg%	5,19	7,47	5,52	3,39	40,83	17,58	8,82	15,40
θ	0,85	1,25	0,58	0,38	0,46	0,37	0,28	0,78

Caracteres — AP: altura da planta, AE: altura da espiga, CE: comprimento da espiga, DE: diâmetro da espiga, AC%: planta acamadas, QB%: plantas quebradas, EG%: espiga gessada, PG: produtividade de grãos. Fonte: Autoria própria

4.2.5 Correlação

A seleção de genótipos superiores para vários caracteres em conjunto é uma tarefa difícil para o melhorista, levando em conta o comportamento de blocos gênicos envolvidos na expressão de caracteres de interesse para o melhoramento do milho. Para facilitar a seleção, utiliza-se a estimativa de coeficientes de correlação entre caracteres de interesse.

O maior valor de correlação genética (0,78 e 0,87) e fenotípica (0,74 e 0,81) foi verificado entre os caracteres AP e AE nas respectivas populações (Tabela 12) e, uma vez que esse valor é positivo, indica que plantas com maior AE tendem a ter maiores médias em relação à AP. A correlação entre AP e AE foi alta e positiva, assim como relatado na literatura. Carpici e Celik (2010) encontraram coeficiente de correlação entre esses caracteres de 0,84 e Alvi et al. (2003) identificaram valores de 0,90. Adotando-se como exemplo as maiores magnitudes de correlações genotípicas expressas, pode-se afirmar que maiores ganhos via seleção indireta são possíveis. Como as populações apresentaram uma grande amplitude nas progênies avaliadas, é possível obter-se sucesso na realização de seleção indireta para redução de AP selecionando-se progênies com menor AE.

As correlações genotípicas entre AP, AE, CE, DE, AC, QB, EG com PG foram, respectivamente, 0,55, 0,56, 0,44, 0,41, -0,008, -0,14, e 0,37 na POP1'. Observa-se na POP4' um comportamento semelhante em relação a esses caracteres.

Segundo Lopes et al. (2002), há uma tendência entre os melhoristas de plantas no sentido de valorizar mais o sinal (positivo ou negativo) e a magnitude dos valores na interpretação aplicada das correlações que as suas significância, valorizando, com isso, estimativas de correlações acima de $\pm 0,5$. Assim, acima de 0,5 foram observadas entre AP e AE (0,78), PG e AP (0,55), PG e AE (0,56) na POP1'. Na POP4' valores acima de 0,5 ocorreram para AP e AE (0,87) e PG e CE (0,71). No tocante às correlações negativas com PG, os maiores valores foram para EG (-0,3863 na POP1' e -0,64 na POP4'), indicando que a seleção de plantas com menor incidência de espigas gessadas (Doenças do complexo de enfezamentos) pode resultar em plantas mais produtivas, corroborando com os valores de correlação encontrados por Yousuf e Saleem (2001). No entanto, as herdabilidade desse caráter são parecidas com as herdabilidade para PG, indicando que não há necessidade de utilizar seleção indireta para PG, com base em EG. Para AP e AE

as herdabilidades são mais altas, mas as correlações são de sinal desfavorável (positivas), uma vez que interessa aumentar PG e diminuir AP e AE. Por isso, também fica difícil pensar em seleção indireta para PG nesses casos. O cuidado aqui será com a possibilidade de aumentar muito AP e AE com a seleção para PG. Um índice de seleção envolvendo esses caracteres poderá ser estudado futuramente.

Tabela 11. Valores dos coeficientes de correlação genética (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados em duas populações de milho. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.

Caracteres *	POP1' [NAP-FA x HG-71]							
	AP	AE	CE	DE	AC	QB	EG	PG
AP		0,7831	0,49555	0,35195	0,3658	-0,15535	-0,4201	0,55235
AE	0,74225		0,48485	0,2748	0,40935	0,03095	-0,2352	0,5594
CE	0,38475	0,3704		0,11815	0,2538	-0,0184	-0,19245	0,4435
DE	0,25955	0,18365	0,1825		0,01475	-0,1367	-0,36215	0,41315
AC	0,24895	0,28355	0,1031	-0,01265		0,0808	0,0278	-0,00785
QB	-0,12045	0,0197	-0,03715	-0,1387	-0,0133		0,2931	-0,13595
EG	-0,3005	-0,1563	-0,16795	-0,28515	0,06585	0,30415		-0,3863
PG	0,43255	0,4254	0,3762	0,34875	-0,04945	-0,11745	-0,3351	
	POP4' [NAP-DB x HG-49]							
AP		0,8706	0,40905	-0,12565	0,483	-0,23555	-0,1816	0,4533
AE	0,81285		0,4868	-0,0499	-0,02095	0,05795	-0,0924	0,3789
CE	0,3208	0,394		-0,17755	0,2232	0,2735	-0,28715	0,71475
DE	-0,0519	-0,0265	0,10875		0,29725	-0,1525	0,11185	0,4419
AC	0,28815	0,14425	0,07355	0,06435		-0,27295	0,38235	0,19525
QB	-0,1202	0,04035	0,13005	-0,04725	-0,12715		0,4839	-0,2016
EG	-0,0778	-0,05175	-0,1725	-0,0462	0,1673	0,17435		-0,639
PG	0,37665	0,3355	0,6002	0,369	0,03445	-0,14585	-0,3953	

* Caracteres — AP: altura da planta, AE: altura da espiga, CE: comprimento da espiga, DE: diâmetro da espiga, AC%: planta acamadas, QB%: plantas quebradas, EG%: espiga gessada, PG: produtividade de grãos.

Fonte: Autoria própria

4.2.6 Progênies selecionadas

A seleção das progênies foi realizada com base nas médias superiores de produtividade de grãos, considerando a média de locais. A seleção das 20 melhores progênies resultou em uma intensidade de seleção de 20%, portanto, i igual a 1,3988. O ganho de seleção é influenciado pela intensidade de seleção adotada, que sendo pequena leva a um o ganho alto, mas pode ocasionar problemas de endogamia nas gerações seguintes. Se a intensidade de seleção for muito alta o ganho de seleção obtido a cada ciclo de seleção será pequeno, mas pode ser uma

saída quando se deseja preservar ou até aumentar a variabilidade genética nas gerações seguintes, buscando ter maior sucesso em ganhos futuros nos ciclos de seleção recorrente.

Identificou-se a tendência das progênies mais produtivas apresentarem AP e AE mais elevadas, como decorrência da correlação positiva de PG com esses caracteres. A média para AP, AE e PG das progênies selecionadas foi de 214,0 e 225,1 cm, 116,9 e 124,7 cm e 4,7 t ha⁻¹ e 5,6 t ha⁻¹ (Tabelas 13 e 14). O controle parental (p), nesse estudo é considerado como uma função da relação de parentesco entre a unidade de seleção, usada para a identificação das progênies superiores, e a unidade de recombinação usada para se obter a população melhorada (EBERHART, 1970). Como nesse estudo a unidade de recombinação será polinizada apenas pelas progênies superiores, então, o valor de p será igual a 1,0.

O ganho de seleção predito indiretamente para AP foi de 6,7 e 11,7 cm, o que representa um acréscimo de 3,23 e 5,48% em relação à média da população original. Para AE, o ganho de seleção predito indiretamente foi de 4,2 cm e 7,2 cm, um acréscimo de 3,59% e 6,21% em relação à média da população original. Para PG, o ganho de seleção predito diretamente foi de 0,7 e 1,2 t ha⁻¹, um aumento de 12,15% e 19,08% na média de rendimento de grãos da população original, superiores aos encontrados por Rovaris et al. (2011) em avaliações na variedade comercial IPR 114 no estado do Paraná, onde a estimativa do ganho de seleção para rendimento de grãos foi de 6,3% no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 12. Médias observadas de progênes de irmãos germanos (\bar{X}_o), média das progênes selecionados (\bar{X}_s) e amplitude de variação (m_s : superior; m_i : inferior) para oito caracteres na população **POP1' [NAP-FA x HG-71]** de milho. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.

Progênes	AP	AE	CE	DE	AC%	QB%	EG%	PG
32	223,7	126,5	14,8	4,2	3,2	3,7	5,0	5,1
41	216,0	113,5	14,2	4,3	2,3	2,5	5,4	5,0
44	223,3	124,0	14,7	4,2	3,3	3,5	5,2	5,0
24	213,5	125,7	14,1	4,2	3,4	4,0	5,2	4,9
75	206,5	116,8	13,3	4,3	2,3	3,5	5,0	4,9
16	210,0	110,5	13,4	4,5	1,8	1,0	4,3	4,8
76	223,5	126,7	15,1	4,2	5,7	2,6	4,0	4,8
35	211,7	120,8	14,6	4,3	1,8	1,7	4,0	4,7
71	201,3	112,7	13,9	4,2	2,3	3,1	3,9	4,7
13	211,5	116,3	14,9	3,9	2,2	2,3	4,1	4,7
48	218,0	117,0	15,1	4,0	5,1	2,8	5,3	4,6
14	207,2	116,3	13,7	4,1	2,0	1,8	5,4	4,6
47	212,2	110,8	13,9	4,1	3,5	3,0	4,8	4,6
18	210,0	111,2	13,4	4,3	1,9	2,9	5,3	4,5
78	214,2	115,5	14,1	4,1	2,5	1,8	4,5	4,5
3	211,8	111,5	14,2	4,5	1,4	1,3	3,6	4,5
83	216,3	119,7	15,2	4,2	2,1	6,2	4,7	4,5
2	217,3	117,8	14,4	4,2	4,1	2,8	5,4	4,5
25	210,8	108,0	13,6	4,0	2,3	2,4	4,4	4,5
58	221,0	117,2	13,7	4,5	4,0	3,9	4,0	4,4
\bar{X}_s	214,0	116,9	14,2	4,2	2,9	2,8	4,7	4,7
\bar{X}_o	207,3	112,7	14,0	4,2	2,8	3,3	4,9	4,0
m_s	233,7	127,5	15,3	4,6	6,1	6,2	7,6	5,1
m_i	179,8	97,8	12,6	3,8	0,7	1,0	3,2	2,6

Caracteres — AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), AC%: planta acamadas, QB%: plantas quebradas, EG%: espigas gessadas, PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$).

Fonte: Autoria própria

Tabela 13. Médias observadas de progênes de irmãos germanos (\bar{X}_o), média das progênes selecionados (\bar{X}_s), sua amplitude de variação (L_s : superior; L_i : inferior) para oito caracteres na população **POP4'** [NAP-DB x HG-49] de milho. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.

Progênes	AP	AE	CE	DE	AC%	QB%	EG%	PG
6	225,5	130,0	15,9	4,7	1,5	3,6	3,7	6,3
71	221,5	119,3	14,1	4,9	2,3	2,5	4,6	6,3
52	234,3	138,8	15,8	4,4	1,1	3,7	4,7	6,2
93	226,3	124,3	14,6	4,6	1,5	3,1	4,5	6,0
88	214,0	121,0	14,8	5,7	1,0	2,7	4,9	6,0
72	225,3	123,7	15,4	4,4	1,0	3,3	4,6	6,0
87	224,2	121,0	15,4	4,5	0,7	3,4	2,6	5,8
61	211,5	120,8	13,6	4,5	1,1	1,9	2,9	5,8
74	212,5	111,8	14,7	4,4	1,8	3,1	4,5	5,5
96	230,8	130,0	14,4	4,3	0,7	2,7	3,3	5,5
60	230,8	131,7	14,2	4,4	0,7	3,4	4,4	5,5
83	236,0	139,0	14,1	4,5	0,7	3,2	5,2	5,4
77	233,7	129,2	13,7	4,6	1,2	3,2	4,7	5,3
28	218,8	124,5	14,5	4,3	1,2	4,0	4,5	5,3
73	217,0	117,0	11,6	3,9	1,0	2,7	3,9	5,3
86	219,8	126,8	14,5	4,5	1,1	4,1	4,1	5,2
70	258,0	117,8	12,4	4,4	2,0	2,0	4,1	5,2
31	228,7	131,7	15,5	4,5	3,1	1,9	3,4	5,2
12	205,2	103,8	14,3	4,5	1,7	3,5	4,0	5,1
69	227,5	132,5	14,8	4,3	0,7	3,4	4,3	5,1
\bar{X}_s	225,1	124,7	14,4	4,5	1,3	3,1	4,1	5,6
\bar{X}_o	213,4	117,4	13,9	4,4	1,3	3,5	4,6	4,4
L_s	258,0	139,0	16,5	5,7	4,3	6,4	6,3	6,3
L_i	184,2	89,3	11,1	3,9	0,7	1,8	2,6	2,0

Caracteres — AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), AC%: planta acamadas, QB%: plantas quebradas, EG%: espiga gessada, PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹). Fonte: Autoria própria

4.3 Progênes S₁

4.3.1 Análise de variância

Os resultados das análises de variância individuais e conjuntas (Tabelas 15, 16 e 17) indicam diferenças significativas para progênes em grande parte dos caracteres, Levando em conta a produtividade de grãos, houve diferenças significativas ($P < 0,01$), tanto nas análises individuais quanto na conjunta, indicando que as populações utilizadas apresentaram progênes diferenciadas quanto aos seus potenciais produtivos. Para a análise conjunta (Tabela 17) ainda pode ser verificado a significância da interação progênie x Local, ou seja, como examinado para as progênes de IG, as progênes S₁ também foram influenciadas diferentemente pelos

fatores ambientais diversificados nos dois locais. Identificou-se também diferenças substanciais nas produtividades médias entre os locais onde foram alocados os ensaios.

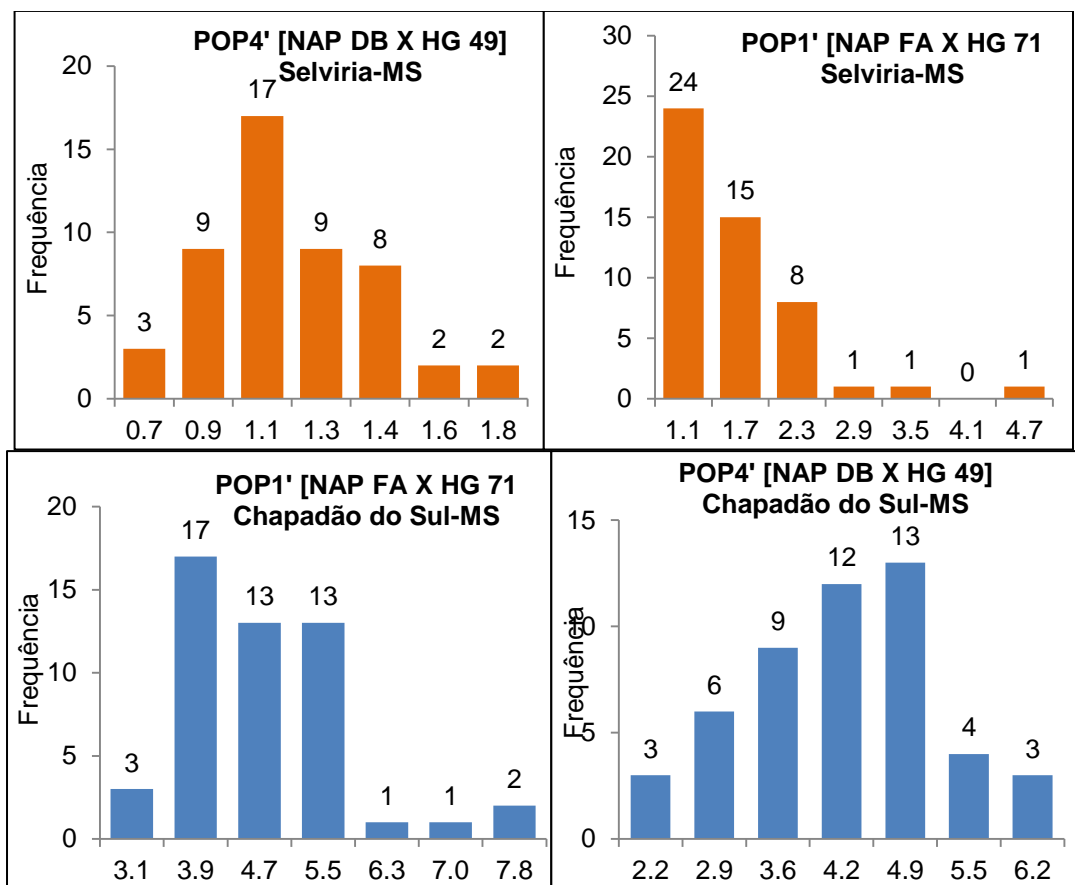
Pelos coeficientes de variação experimental, considerando as classificações propostas por Scapim et al. (1995) e Pimentel Gomes (1977), pôde-se constatar melhor precisão experimental em Chapadão do Sul. O caráter PG apresentou valores de 17,58% a 42,46% nas análises individuais e seriam classificados como alto. Essa diferença ocorreu em função da alta severidade do complexo de enfezamento, provocado pela alta incidência do vetor cigarrinha (*Dalbulus maidis*) na área do ensaio em Selviria. O ataque do vetor é de forma aleatória, mas atinge de forma irregular partes das repetições, o que culmina em falhas consideráveis em algumas parcelas experimentais sendo que, mesmo após a realização de correções e, em determinados casos, a predição de dados, acabou por refletir em altos coeficientes de variação. Em Chapadão do Sul os valores obtidos para os coeficientes de variação refletiram uma melhor precisão experimental, o que contribuiu para que o coeficientes de variação da análise conjunta apresentasse um valor menor, mas ainda considerado alto (23,6% e 23,34%) nas duas populações.

As média das localidades (Tabela 17), para AP e AE nas duas populações foram de 179,0 e 180,34 cm, 99,2 e 99,8 cm, respectivamente. Os maiores valores para altura de planta e espiga foram observados em Chapadão do Sul. Para comprimento e diâmetro de espiga os valores das duas populações foram próximos.

Analisando o caráter CE e DE (Tabelas 15, 16 e 17), as duas populações apresentaram valores médios iguais na média de locais (12,6 e 3,9 cm respectivamente). A amplitude do caráter para as localidades foram maiores para Selviria-MS, oscilando de 8,20 a 14,80 cm e 7,27 a 16,20 cm para comprimento de espiga na sequência das populações, bem como para diâmetro de espigas os valores oscilaram de 2,20 a 4,27 cm e 2,27 a 4,47 na mesma sequência. Pôde-se constatar que no ensaio de Selviria (Tabela 16) que, apesar de apresentar uma baixa precisão experimental, o índice médio de quebramento de plantas, em valores percentuais (QB%) foi menor (2,26% e 2,20% nas respectivas populações) em comparação com Chapadão do Sul (4,47% e 4,56%) (Tabela 15). Tal fato pode estar ligado aos ventos que atingiram a área na qual foi instalado o experimento durante a safrinha, uma região de altitude acima de 800 m.

A média de todas as progênes nos dois locais foi 2,8 t ha⁻¹ e 2,51 t ha⁻¹, para POP1' e POP4' respectivamente (Tabela 17), sendo as médias por local iguais a 4,31 t ha⁻¹, e 3,93 t ha⁻¹ (Chapadão do Sul), 1,34 t ha⁻¹ e 0,88 t ha⁻¹ (Selviria), respectivamente para POP1' e POP4' (Tabelas 15 e 16). Um dos pontos que deve ser ressaltado a respeito da produtividade de grãos das populações em estudo diz respeito aos limites inferiores e superiores (amplitude) das progênes **figura 3**. Observa-se que para Chapadão do Sul o rendimento de grãos foi superior ao de Selviria e, nessa condição, podemos constatar que existe progênes com potencial e com menor depressão por endogamia nas populações. Os valores oscilaram de 2,31 t ha⁻¹ a 7,83 t ha⁻¹ para POP1' e de 1,57 t ha⁻¹ a 6,20 t ha⁻¹ para POP4'. Isto mostra, como já comentado, o potencial para a utilização destas populações na seleção recorrente.

Figura 3. Distribuição de frequências das progênes S₁ de duas populações de milho para rendimento de grãos (t ha⁻¹) em Selviria-MS e Chapadão do Sul-MS.



Fonte: Próprio autor.

Tabela 14. Quadrados médios da análise da variância, médias e limites superior (Ls) e inferior (Li) para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), *Exserohilum turcicum* (ET), *Phaeosphaeria maydis* (PM), *Stenocarpella macrospora* (DP), *Cercospora zea maydis* (CZ), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha⁻¹) para progênes S₁ em duas populações de milho. Chapadão do Sul-MS (2015).

Fontes de variação	Caracteres*												
	GL	AP	AE	CE	DE	ET	PM	DP	CZ	AC%	QB%	EG%	PG
POP1' [NAP FA X HG 71]													
Blocos	2	77,142	108,130	0,886	0,073	0,336	0,099	0,000	0,951	1,829	2,439	4,477	7,077
Progênes	49	698,3 **	293,1 **	5,353 **	0,226	0,586 **	0,121	0,000	0,169	1,763	9,669 **	6,32 *	3,387 **
Erro	98	83,413	52,131	1,537	0,115	0,222	0,131	0,000	0,174	1,710	1,907	2,599	0,573
CV (%)		4,93	7,32	9,22	7,87	32,40	16,65	0,00	45,06	100,09	30,86	61,15	17,58
Média		185,18	98,66	13,45	4,30	1,45	2,17	0,71	0,93	1,31	4,47	2,64	4,31
Ls		220,60	119,67	16,87	4,87	2,27	2,83	0,71	1,48	3,47	8,53	6,25	7,83
Li		137,33	76,33	10,00	3,67	0,71	1,68	0,71	0,71	0,71	0,71	0,71	2,31
POP4' [NAP DA X HG 49]													
Blocos	2	178,271	207,494	2,550	0,003	0,378	0,270	0,005	0,028	6,077	3,719	6,264	1,560
Progênes	49	634,0 **	332,3 **	5,336**	0,171 **	0,463 **	0,456 **	0,005	0,014	68,724	7,401 **	5,497	3,180 **
Erro	98	95,485	57,569	0,937	0,043	0,160	0,086	0,005	0,014	90,140	2,012	3,390	0,504
CV (%)		5,11	7,53	7,23	4,67	21,04	14,75	10,01	16,33	86,14	31,10	67,79	18,06
Média		191,38	100,72	13,40	4,42	1,90	1,99	0,71	0,72	1,11	4,56	2,72	3,93
Ls		218,67	128,67	16,20	4,87	2,55	2,48	1,00	1,10	4,03	8,97	5,82	6,20
Li		149,87	84,60	10,60	3,93	1,00	0,71	0,71	0,71	0,71	1,39	0,71	1,57

(**, *) Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Fonte: Autoria própria

Tabela 15. Quadrados médios da análise da variância, médias e limites superior (Ls) e inferior (Li) para os caracteres altura da planta (AP em cm), altura da espiga (AE em cm), comprimento da espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espigas gessadas (EG%) e produtividade de grãos (PG em t ha⁻¹) para progênies S₁ em duas populações de milho. Selviria-MS (2015).

Fontes de variação	Caracteres*								
	GL	AP	AE	CE	DE	AC%	QB%	EG%	PG
POP1' [NAP FA X HG 71]									
Blocos	2	104,347	119,940	1,075	0,174	37,901	1,974	0,038	5,252
Progênies	49	907,63 **	265,73 **	7,051 **	0,378 **	13,944 **	3,507	2,325 **	1,456 **
Erro	98	195,189	67,410	1,804	0,077	4,972	2,155	0,920	0,324
CV (%)		8,09	8,23	11,38	8,12	43,58	65,01	10,53	42,46
Média		172,75	99,82	11,80	3,42	5,12	2,26	9,11	1,34
Ls		207,33	118,42	14,80	4,27	10,02	5,09	10,02	4,68
Li		135,33	85,33	8,20	2,20	1,24	0,71	6,16	0,52
POP4' [NAP DA X HG 49]									
Blocos	2	63,025	52,033	8,027	0,109	24,185	1,860	5,049	31,036
Progênies	49	715,7 **	317,29 *	7,779 **	0,636 **	3,704	2,759	5,475 **	0,408 **
Erro	98	125,685	131,098	2,071	0,126	2,355	2,107	1,264	0,088
CV (%)		6,62	11,58	12,17	9,97	52,29	65,98	12,29	33,76
Média		169,29	98,88	11,82	3,56	2,93	2,20	9,14	0,88
Ls		198,67	119,33	16,20	4,47	6,20	6,04	10,71	1,81
Li		121,00	70,67	7,27	2,27	1,27	0,71	2,15	0,31

(**, *) Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Fonte: Autoria própria

Tabela 16. Quadrados médios da análise de variância conjunta para altura da planta (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), comprimento de espiga (CE em cm), diâmetro da espiga (DE em cm), plantas acamadas (AC%), plantas quebradas (QB%), espiga gessada (EG%) e produtividade de grãos (PG), para progênies S₁ em duas populações de milho. Chapadão do Sul e Selvíria, 2015.

Fonte de variação	Caracteres*								
	GL	AP	AE	CE	DE	AC%	QB%	EG%	PG
POP1' [NAP FA X HG 71]									
Blocos/L	4	90,74	114,03	0,98	0,12	19,99	2,22	2,26	6,10
Progênies (P)	49	1423,2**	486,6 *	8,943 **	0,335 **	9,81 **	7,27 **	5,33 **	3,592 **
Locais (L)	1	11601 **	101,15	203,5 **	58,78 **	1085 **	370,5 **	3135 **	660,5 **
P x L	49	182,51	72,12	3,46 **	0,26 **	5,90 **	5,90 **	3,24 **	1,27 **
Erro	196	139,30	59,80	1,67	0,10	3,34	2,03	1,75	0,44
Média		179,0	99,2	12,6	3,9	3,2	3,4	5,9	2,8
CV(%)		6,6	7,8	10,2	8,0	56,9	42,3	22,5	23,6
POP4' [NAP DA X HG 49]									
Blocos/L	4	121,1	128,4	5,3	0,1	13,4	2,8	5,6	6,8
Progênies (P)	49	1150 **	493,5 **	9,509 **	0,537 **	3,32 **	5,46 **	7,44 **	2,11 **
Locais (L)	1	36674 **	257,6	185,8 **	54,61 **	245,5 **	420,8 **	3085 **	601,7 **
P x L	49	198,4 **	156,6 **	3,601 **	0,270 **	1,8	4,69 **	3,496 *	1,292 **
Erro	196	110,7	94,3	1,5	0,1	1,6	2,1	2,3	0,3
Média		180,34	99,80	12,61	3,99	2,02	3,38	5,92	2,51
CV(%)		5,83	9,73	9,72	7,28	63,36	42,48	25,74	23,34

(**, *) Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Fonte: Autoria própria

4.3.2 Parâmetros genéticos

Pelos parâmetros estimados (Tabela 18), com relação aos caracteres AP e AE, pôde ser notado que a POP1' (213,99 e 71,14) apresentou, em termos de variância genotípica, maiores valores quando comparada com POP4' (173,3 e 66,5). Rodrigues (2013) estudando quatro populações de germoplasma exótico, catalogado como **PEX**, originadas em condições de alta temperatura do Paquistão, verificou que a população PAQ-1 apresentou os maiores valores (326,01 e 112,53). As estimativas de $\hat{\sigma}_{pxa}^2$ e $\hat{\sigma}_E^2$ foram de menor magnitude que $\hat{\sigma}_p^2$.

Tabela 17. Estimativas da variância entre progênies S_1 ($\hat{\sigma}_p^2$), da interação de progênies com locais ($\hat{\sigma}_{pxa}^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$), coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genético ($CV_g\%$) e índice de variação (θ), para oito caracteres em duas populações. Chapadão do Sul-MS e Selviria-MS, Safrinha 2015.

Parâmetros	AP	AE	CE	DE	AC	QB	EG	PG
POP1' [NAP FA X HG 71]								
$\hat{\sigma}_p^2$	213,99	71,14	1,21	0,04	1,08	0,88	0,60	163,36
$\hat{\sigma}_{pxa}^2$	7,20	2,05	0,30	0,03	0,43	0,65	0,25	42,89
$\hat{\sigma}_E^2$	139,30	59,80	1,67	0,10	3,34	2,03	1,75	138,57
h_f^2	0,90	0,88	0,81	0,71	0,66	0,72	0,67	0,88
GS	19,44	11,05	1,38	0,236	1,18	1,11	0,887	0,95
GS%	10,87	11,14	11,01	6,12	36,76	33,06	15,12	33,6
CVg%	8,17	8,50	8,72	5,17	32,34	27,81	13,17	25,65
θ	1,24	1,09	0,85	0,65	0,57	0,66	0,58	1,09
POP4' [NAP DA X HG 49]								
$\hat{\sigma}_p^2$	173,3	66,5	1,3	0,1	0,3	0,6	0,9	92,1
$\hat{\sigma}_{pxa}^2$	14,6	10,4	0,3	0,0	0,0	0,4	0,2	49,3
$\hat{\sigma}_E^2$	110,7	94,3	1,5	0,1	1,6	2,1	2,3	106,8
h_f^2	0,9	0,8	0,8	0,8	0,5	0,6	0,7	0,8
GS	17,52	10,26	1,48	0,353	0,529	0,832	1,07	0,697
GS%	9,72	10,29	11,7	8,85	26,19	24,64	18,1	27,7
CVg%	7,3	8,2	9,2	6,9	26,3	22,3	15,6	21,7
θ	1,3	0,8	0,9	0,9	0,4	0,5	0,6	0,9

Caracteres — AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), AC%: planta acamadas, QB%: plantas quebradas, EG%: espiga gessada, PG: produtividade de grãos (g planta⁻¹)².

Fonte: Autoria própria

Esse resultado está de acordo com o comportamento esperado para o caráter, em que boa parte da sua variação fenotípica tem sido atribuída a influências

genéticas. Os caracteres CE, DE, AC, QB e EG tiveram, proporcionalmente, as menores estimativas de $\hat{\sigma}_{pxa}^2$, indicando pouca diferença na influência das condições ambientais sobre eles. Os valores dos coeficientes de variação genéticos, que serve como indicativo do percentual de variabilidade genética existente na média da população, ficaram compreendidos dentro de um intervalo de 7,3% a 8,17% para AP e 8,2% a 8,50% para AE na POP4' e POP1', respectivamente.

Quanto ao quociente entre CV_g e CV_e (índice θ) não há estudos que permitam estabelecer um valor de referência para o caso de progênies S_1 , no que diz respeito a situação ser favorável, ou não, quanto à seleção. Sendo assim, podemos considerar o mesmo valor de referência para meios irmãos (VENCOVSKY ; BARRIGA, 1992), pois salienta-se que valores acima de um indicam situação favorável para seleção. Para AP e AE apenas a POP4' apresentou índice θ abaixo de 1,0 (0,8) para AE. No entanto, os valores máximos para esses caracteres no conjunto de progênies S_1 para as duas populações, oscilaram entre, 198,67 a 220 cm para AP e 119,34 a 128,67 cm para AE, valores considerados satisfatórios, não sendo realmente necessário ser dado uma ênfase maior em uma seleção para a redução desta variável nas populações avaliadas.

No tocante às estimativas de herdabilidade em nível de médias (h_f^2) para AP, foram verificados valores de 0,9 para as duas populações. Os valores superiores ao encontrados por Pinto et al. (2000) para amostras de 25, 50, 75 e 100 progênies, e próximos aos de Franchini et al. (1998). Nájera e Moreno (2004), avaliando famílias S_1 em solos ácidos constataram que houve uma redução no porte da planta e inserção da espiga, sendo que as estimativas de h_f^2 para essas variáveis foram consideradas altas, podendo este fato ser atribuído aos efeitos aditivos que atuaram no comportamento das populações. Outra possível explicação poderia estar ligada ao CV, uma vez que em solos ácidos existe uma grande variação na área experimental, que ocasiona a obtenção de erros experimentais elevados. Levando em conta a AE para POP1' e POP4', ocorreram estimativas de h_f^2 de 0,88 e 0,80, parecidos com CE (0,81 e 0,80) e DE (0,71 e 0,80).

Os maiores valores para $\hat{\sigma}_{pxa}^2$, com relação à AE, foram verificados para POP4' (10,4). Nota-se valores com menor magnitude ou zero para vários caracteres. Nas condições do estudo evidenciou-se, de modo geral, que para os caracteres AC, QB

e EG para as duas populações ocorreram médias a altas estimativas de herdabilidade.

Para produtividade de grãos, os valores das estimativas de variância de progênies $163,36 \text{ (g planta}^{-1}\text{)}^2$ e $92,1 \text{ (g planta}^{-1}\text{)}^2$, variância ambiental, herdabilidade (0,88 e 0,80), coeficiente de variação genético e índice de variação para a POP1' foram superiores ao da POP4'. Para PG os valores de $\hat{\sigma}_{pxa}^2$ form semelhantes para as duas populações (42,89 e 49,3 respectivamente). Pinto et al. (2000), avaliando a variabilidade das populações BR-105 e BR 106 para amostras de 25 a 200 progênies S_1 , observaram varianças superiores 253,21 a 192,36 $\text{(g planta}^{-1}\text{)}^2$ e herdabilidades inferiores (74,78 % a 69,08 %) para a população BR-105. Para a população BR-106, as estimativas da variância genética variaram de 157,22 a 211,23 $\text{(g planta}^{-1}\text{)}^2$, enquanto os coeficientes de herdabilidade variaram de 58,89% a 64,69%. Os autores relataram, também, que o intervalo de confiança das estimativas é reduzido à medida que aumenta o tamanho da amostra de progênies. Borém e Miranda (2009) relatam que as estimativas de herdabilidade são influenciadas pelo método utilizado para estimação, a variabilidade na população, o nível de endogamia da população, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes considerados, a unidade experimental considerada e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados. Daros et al. (2004) trabalhando com 222 famílias S_1 de milho pipoca encontraram valores de h_f^2 para produtividade de grãos de 84,15%. Packer (1998) estimou valores de herdabilidade entre 54,4 e 65,3% para progênies de irmãos germanos e 68,96 e 85,67% para progênies S_1 obtidas de quatro populações. Ressalta-se como justificativa para maiores coeficientes de herdabilidades nas progênies S_1 , o aumento médio que surge na variabilidade genética devido ao aumento da endogamia (RODRIGUEZ; HALLAUER, 1991; EDWARDS; LAMKEY, 2002), podendo implicar em um aumento no progresso esperado por ciclo de seleção (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

O ganho com a seleção em progênies S_1 para produtividade de grãos (intensidade de 20%) foram superiores aos encontrados para progênies de irmãos germanos. Na POP1' e POP4' os ganhos foram de 33,6% e 27,7% respectivamente, resultados esperados, uma vez que a exploração da variância aditiva é maior com seleção entre progênies S_1 . Portanto confirma-se que as populações apresentam variabilidade suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente,

utilizando-se também de progênes S_1 , que implicará em um maior progresso esperado que o uso de IG. Isso poderá ser considerado se a intenção for um ganho mais rápido, embora, com a mesma intensidade de seleção, haja o inconveniente do menor tamanho efetivo, que será metade daquele entre progênes de irmãos germanos.

5 CONCLUSÕES

As populações apresentaram bom potencial de produtividade de grãos, valor para melhoramento visando a introgressão de diferentes fontes de germoplasma no sistema de melhoramento e elevado valor genético, tanto para produtividade de grãos quanto para outros caracteres agrônômicos de interesse. A produtividade de grãos de 67,4%, 61,7% e 51,3%, 84,65% das progênies de irmãos germanos das duas populações em relação às testemunhas nas duas localidades respectivamente, indicam essa viabilidade.

Nas estimativas de depressão por endogamia a POP4 apresentou maior estimativa para produtividade de grãos.

As avaliações de progênies de irmãos germanos e S_1 indicam variabilidade suficiente para as populações serem exploradas em programas de seleção recorrente. Se intenção for um ganho mais rápido as progênies S_1 são as mais indicadas.

A ocorrência de progênies, com menor depressão por endogamia, também indica possibilidade de exploração em programas de seleção recorrente interpopulacional e extração de linhagens.

Considerando problemas específicos como complexo de enfezamento, recomenda-se um programa localizado para Selviria-MS.

REFERÊNCIAS

- ALBRECHT, B.; DUDLEY, J. W. Evaluation of four maize populations containing different proportions of exotic germoplasma. **Crop Science**, Madison, v. 27, p. 480-486, 1987.
- Alves, NB. **Avaliação de progênies do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca em milho**. 2014. 57 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.
- ALVI, M. B.; RAFIQUE, M.; TARIQ, M. S.; HUSSAIN, A.; MAHMOOD, T.; SARWAR, M. Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield components maize (*Zea mays* L.). **Pakistan Journal of Biological Sciences**, Faisalabad, v. 6, p. 136-138, 2003.
- AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 561-567, 2005.
- ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQPB1. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, p. 174-182, 2008.
- ARAÚJO, P. M.; GERAGE, A. G. Capacidade de combinação e depressão por endogamia em híbridos e populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24., 2002, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: ABMS, 2002. 1CD-ROM.
- BARROS, G. S. A. C.; ALVES, L. R. A. Maior eficiência econômica e técnica depende de políticas públicas. **Visão Agrícola**, Piracicaba, v. 13, p. 4-7, 2015.
- BESPALHOK FILHO, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de populações por meio de seleção**. Cap. 13. Disponível em: < <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%2013.pdf> >. Acesso em: 09 dez. 2017.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. 529 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: UFV, 2013. 523 p.
- BROWN, W. L. Sources of germoplasm for hybrid corn. In: PROCEEDINGS OF THE ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 8, 1953, [S.l.]. **Proceedings of the...** [S.n.t.], 1953 . p. 11-16.

- CAIRNS, J. E.; HELLIN, J.; SONDER, K.; ARAUS, J. L.; MACROBERT, J. F.; THIERFELDER, C.; PRASANNA, B. M. Adapting maize production to climate change in sub-Saharan Africa. **Food Security**, London, v. 5, p. 345–360, 2013.
- CARPICI, E. B.; CELIK, N. Determining possible relationships between yield and yield-related components in forage maize (*Zea mays* L.) using correlation and path analyses. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, Cluj-Napoca, v. 38, n. 3, p. 280-285, 2010.
- CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 2004. 142 p.
- COCKERHAM, C. C. Covariances of relatives from self-fertilization. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 1177-1180, 1983.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, terceiro levantamento, dezembro 2017** – Brasília, DF: Conab, 2017.
- CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA - CIB. 2006. **Guia do milho: tecnologia do campo à mesa**. Disponível em: <http://www.cib.org.br/pdf/guia_do_milho_CIB.pdf>. Acesso em : 15 dez. 2017.
- COSTA, F. M. P.; GORGULHO, E. P; MIRANDA FILHO, J. B. Yield potential and variability in the maize composite RPM (resistance to *Phaeosphaeria maydis*). In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3, 2001, Londrina. **Anais...** Londrina: SIRGEALC, 2001. p. 626-628.
- CROW, J. F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. Minneapolis: Alpha Editions, 1970. 591 p.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, 2005. 394 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2004. 480 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2004. 647 p.
- CRUZ, P. J.; CARVALHO, F. I. F. de; SILVA, S. A.; KUREK, A. J.; BARBIERI, R. L.; CARGNIN, A. Influência do acamamento sobre o rendimento de grãos e outros caracteres em trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 9, p. 5-8, 2003.
- DAROS, M. et al. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.

EBERHAN, S. A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **African Soils/Soils Africans**, v. 15, n. 1-3, p. 669-679, 1970.

EBERHART, S. A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **African Soils**, Bangui, v. 15, p. 669-672, 1970.

EDWARDS, J. W.; LAMKEY, K. R. Quantitative genetics of inbreeding in a synthetic maize population. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 1094-1104, 2002.

EMATNÉ, H. J. **Seleção recorrente intrapopulacional em milho pipoca**. 2011. 93 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.

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

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. New York: Longman, 1989. 340 p.

FANCELLI, A. L. Cultivo racional e sustentável requer maior conhecimento sobre o plantio do milho. **Visão Agrícola**, Piracicaba, v. 13, n. 1, p. 20, 2015.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. 2. ed. New York: Macmillan Publishing Co., 1987. 536 p.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília: Embrapa - CENARGEM, 1998. 220 p.

FERREIRA, R.; GARDINGO, J. R.; MATIELLO, R. R. Seleção de progênie de irmãos germanos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.10, n.1, p. 23-33, 2009.

FRANCHINI, C. R. B.; AYALA-OSUNA, J. T.; LARA, F. M.; SILVA, P. C. Avaliação dos parâmetros genéticos em progênie de meios irmãos de uma sub-população de milho composto "Flint" para resistência à lagarta-da-espiga *Helicoverpa zea* (Bod.). **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, Londrina, v. 27, n. 4, p. 605-609, 1998.

FRITSCHÉ – NETO, R.; MÔRO G. V. Escolha da Cultivar é determinante e deve considerar toda informação disponível. **Visão Agrícola**, Piracicaba, n. 13, p. 12-18, 2015. Disponível em: <<http://www.esalq.usp.br/visaoagricola/>>. Acesso em: 10 dez. 2017.

GABRIEL, A. C. P. **Seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores moleculares**: avanço de gerações e avaliação de progresso genético. 2009. 103 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2009.

GABRIEL, A. P. C. **Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays* L.) assistida por marcadores moleculares.** 2006, 112 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2006.

GAMA, E. E. G.; PARENTONI, S. N.; DURÃES, F. O. M.; LEITE, C. E. P.; SANTOS, M. X.; PACHECO, C. A. P.; OLIVEIRA, A. C. Tropical maize synthetics improvement for moisture-stress tolerance for small-scale farmers. In: EASTERN AND SOUTHERN AFRICA REGIONAL MAIZE CONFERENCE, 7, 2001, Nairobi. **Conference...** Nairobi: [S.n.], 2001. p. 288-291. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/252624935_TROPICAL_MAIZE_SYNETHICS_IMPROVEMENT_FOR_MOISTURE-STRESS_TOLERANCE_FOR_SMALL-SCALE_FARMERS>. Acesso em: 26 abr. 2018.

GARBUGLIO, D. D.; MIRANDA FILHO, J. B.; CELLA, M. Variabilidade genética em famílias S_1 de diferentes populações de milho. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 2, p. 209-213, 2009.

GEADELMANN, J. L. Using exotic germplasm to improve Northern Corn. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 39, 1984, Chicago. **Conference...** Washington: American Seed Trade Association, 1984. p. 98-110, 1984.

GOODMAN, M. M.; GONZÁLEZ, F. C. Exotic maize germoplasma: status, prospects and remedies. **Journal of Research**, Iowa State, v. 59, p. 497-527, 1985.

GOODMAN, M. M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic population of maize. **Crop Science**, Madison, v. 5, p. 87-90, 1965.

GORGULHO, E. P.; MIRANDA FILHO, J. B.; COSTA, F. M. P. Yield potential and variability in the maize composite RCE (resistance to corn stunt complex). In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3, 2001, Londrina. **Anais...** Londrina: SIRGEALC, 2001. p. 643-645.

GRIFFING, B.; LINDSTROM, E. W. A study of the combining abilities of corn inbreds having varying proportions of corn belt and non corn belt germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, p. 545-552, 1954.

HALLAUER, A. R. Potential of exotic germplasm for maize improvement. In: WALDEN, D. B. (Ed.). **Maize breeding and genetics**. New York: John Wiley, 1978. p. 229-247.

HALLAUER, A. R. History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: lessons from maize. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 4-19, 2007.

HALLAUER, A. R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 3, p. 207-233, 1980.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

HALLAUER, A. R.; SEARS, J. H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. **Crop Science**, Madison, v. 13, p. 327-330, 1973.

HALLAUER, A. R.; SEARS, J. H. Integrating exotic germplasm into com belt breeding programs. **Crop Science**, Madison, v. 2, p. 203-206, 1972.

HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A. Reciprocal full-sib selection. **Crop Science**, Madison, v. 10, p. 315-316, 1970.

KIST, V. **Seleção recorrente de progênies de meios-irmãos em população composta de milho (*Zea mays* L.)**. 2006. 163 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2006. Disponível em: <
<https://repositorio.ufsc.br/bitstream/handle/123456789/88594/238664.pdf?sequence=1&isAllowed=y>>. Acesso em: 26 abr. 2018.

LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 32, p. 61-78, 1987.

LIMA, M.; FURLANI, P. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. Divergent selection for aluminum tolerance in a maize (*Zea mays* L.) population. **Maydica**, Bergamo, v. 37, p. 123-132, 1992.

LIMA, M.; GIMENES-FERNANDES, N.; MIRANDA FILHO, J. B.; PEREIRA, J. C. V. A. Introduction of maize (*Zea mays* L.) germplasms as sources for downy mildew (*Peronosclerospora sorghi*) resistance. **Maydica**, Bergamo, v. 27, p. 159-168, 1982.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J. B.; GALLO, P. B. Inbreeding depression in Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v. 29, p. 203-215, 1984.

LONNQUIST, J. H. **Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations**. Nebraska Agriculture Experimental Station Bulletin, n. 197, p. 1-33, 1961. Disponível em: <
<https://pdfs.semanticscholar.org/5f65/23beef69564dad74a28faa043cd5e90b0fd1.pdf>>. Acesso em: 26 abr. 2018.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002.

MARQUEZ-SANCHEZ, F.; HALLAUER, A. R. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. grain yield. **Crop Science**, Madison, v. 10, n. 4, p. 357-361, 1970.

- MENDES, U. C.; MIRANDA FILHO, J. B.; OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. Heterosis and combining ability in crosses between two groups of ope-pollinated maize populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnonology**, Londrina, v. 15, n. 4, p. 235-243, 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a40>>. Acesso em: 26 abr. 2018.
- MILACH, S. C. K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, porto Alegre, 1998. p. 17-28.
- MIRANDA FILHO, J. B. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A.; SALAMINI, F. (Ed.). **Breeding strategies for maize production improvement in the tropics**. Firenze: Ist. Agron. per l'Oltremare, 1985. p. 177-206.
- MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding Depression and Heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetic and exploitation of heterosis**. Madison: Crops. American Society Agronomy, 1999. p. 69-80.
- MIRANDA FILHO, J. B. Seleção e métodos de melhoramento. In: REUNIÃO REGIONAL DA SOC. BRAS. GENÉTICA, 14, 1981, Jaboticabal. **Anais...** Jabotical: Unesp, 1981. p. 145-150.
- MIRANDA FILHO, J. B. Endogamia ou consanguinidade. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos & melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 629-647.
- MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. V. 1, p. 277-326.
- MIRANDA FILHO, J. B.; COSTA, F. M. P.; GORGULHO, E. P. Yield potential and variability in the maize composite RET (resistance to *Exserohilum turcicum*). In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3, 2001, Londrina. **Anais...** Lodrina: SIRGEALC, 2001. p. 659-661.
- MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P.; COSTA, F. M. P. Yield potential and variability in the maize composite RPZ (resistance to *Physopella zea*). In: In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3, 2001, Londrina. **Anais...** Lodrina: SIRGEALC, 2001. p. 665-667.
- MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P.; COSTA, F. M. P. Yield potential and variability in the maize composite RPP (resistance to *Puccinia polysora*). In: In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3, 2001, Londrina. **Anais...** Lodrina: SIRGEALC, 2001. p. 662-664.
- MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X.; REGITANO NETO, A. **Avaliação de acessos de milho para resistência a doenças foliares**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000. 147 p. (Circular técnica, 3).

MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V.; GALVÃO, J. C. C.; GUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A. V.; SANTOS, I. C. Genetic variability, and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. **Euphytica**, Wageningen, v. 162, n. 3, p. 431-440, 2008.

MOLL, R. H. ; SMITH, O. S. Genetic variances and responses in an advanced generation of a hybrid of widely divergent populations of maize. **Crop Science**, Madison, v. 21, p. 387-391, 1981.

MORAES, D. F.; BRITO, C. H. **Análise de possível correlação entre as características morfológicas do colmo do milho e o acamamento**. 2011. Disponível em: Acesso em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/horizontecientifico/article/viewFile/4079/3038>>. Acesso em: 20 dez. 2017.

MOTA, M. G. C. **Comportamento de progênies de meios irmãos e S₁ na variedade de milho (Zea mays L.) Centralmex**. 1974. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1974.

NAJERA, G. C.; MORENO, L. L. Comportamiento de famílias S₁ de maiz em distintos pH dels suelo. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 1, p. 63-72, 2004.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B.; SANTOS, M. X. Uso de germoplasma exótico no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 101-122.

NASS, L. L. **Variabilidade genética de populações semiexóticas de milho (Zea mays L.)**. 1992. 136 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression rates of semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 18, p. 585-592, 1995.

NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, p. 581-587, 2000.

NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 1, p. 1184-1199, 2015.

PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (Zea mays L.)**. 1998. 102 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento

de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meiosirmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.)**. 1968. 92 f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

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

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 217-274.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. In: UDRY, C.W.; DUARTE, W. (Org). **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília, DF: Paralelo, 2000. Cap. 1, p. 11-14.

PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 795 p.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; BERNINI, C. S.; GUIMARÃES, P. S.; GALLO, P. B. Seleção de progênes de meios-irmãos e estimativas de parâmetros genéticos da população tolerante à seca de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 29, 2012, Águas de Lindóia. **Diversidade e inovações na era dos transgênicos: resumos...** Campinas: Instituto Agrônômico / Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2012. V. 1, p. 3129-3134.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P. B.; LUDERS, R. R.; SILVA, R. M.d a. Estimatives of genetic parameters in a maize composite and potential for recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], n. 4, p. 81-85, 2004.

PEREIRA, O. A. P. Situação atual de doenças foliares da cultura do milhono Brasil e estratégias de controle. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 1995, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Departamento de Genética/ESALQ, 1995. p. 25-30.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 7. ed. Piracicaba: FEALQ, 1977. 448 p.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

PINTO, R. M.; LIMA NETO, F. P; SOUZA JUNIOR, C. L. Estimativa do número apropriado de progênes S_1 para seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n. 1, p. 63-73, 2000.

- RAMALHO, M. A. P. E.; VENCOVSKY R. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intra-populacional no milho, baseado em famílias não endógamas. **Rel. Cient.** I. Gen. 11: 118 a 126.
- RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas.** 1977. 122 f. Tese (Doutorado) Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas.** 2. ed. Lavras: UFLA, 2012. 326 p.
- RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 3, p. 402-413, 2004.
- REIS, M. C. ;SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P.; GUEDES, F. L.; SANTOS, P. H. A. D. Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 12, p. 1667-1672, 2009.
- REIS, M. C. **Viabilidade da seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbrido simples de milho.** 2009. 81 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plntas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.
- RIVERA, M. M. M.; PARRA, J. R.; GONZÁLEZ, J. J .S.; DÍAZ, J. L. R.; LARIOS, L. C.; UNGUÍA, S. M.; PEÑA, S. H.; BONAPARTE, M. C. Diversidad genética y heterosis entre híbridos comerciales de maíz de Jalisco liberados em la década de 1990. **Revista Fitotecnia Mexicana**, Texcoco, v. 28, p. 115-126, 2005.
- RODRIGUES, M. C.; VALVA, F. D.; BRASIL, E. M.; CHAVES, L. J. Comparison among Inbreeding Systems in Maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], v. 1, n. 2, p. 105-114, 2001.
- RODRIGUEZ, O. A.; HALLAUER, A. R. Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. **Crop Science**, Madison, v. 31, p.43-47, 1991.
- RODRIGUES, L. O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho.** 2013. 59 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal) – Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2013.
- ROVARIS, S. R. S.; ARAÚJO, P. M.; GARBUGLIO, D. D.; PRETE, C. E. C.; ZAGO, V. S.; SILVA, L. J. F. Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 4, p. 621-625, 2011.

SANTOS, M. F. et al. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, Riberão Preto, v. 28, n. 4, p. 781-788, 2005.

SANTOS, M. F.; AGUIAR, A. M.; FILHO, N. O. Efeitos da seleção recorrente recíproca em um programa de milho. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2, 2003, Porto Seguro. **Anais...** Porto Seguro: [S.n.], 2003.

SANTOS, M. X. **Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento**. 1985. 186 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de planta) – Escola Superior de Agricultura ‘Luiz de Queiroz’, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1985.

SANTOS, M. X.; MIRANDA FILHO, J. B. Genetic potential of two Brazilian races of maize (*Zea mays* L) for breeding purposes. **Journal of Genetics & Breeding**, Rome, v. 46, p. 83-90, 1992.

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.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Alemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 53, p. 31-38, 1998.

SHAUMAN, W. L. **Effect of incorporation of exotic germplasm on the genetic variance components of an adapted open-pollinated corn variety at two plant population densities**. 1971. 93 f. Thesis (Doctor) – Nebraska.

SILVA, R. G.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; GALVÃO, J. C. C.; SILVA, D. G. Estimativas de parâmetros genéticos da produção de grãos das populações de milho UFVM 100 e UFVM 200, submetidas a déficit hídrico. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas. v. 7, n. 1, p. 57-67, 2008.

SIMMONDS, N. W. Introgression and Incorporation: Strategies for the use of crop genetic re- sources. **Biological Reviews**, Cambridge, v. 68, p. 539-562, 1993.

SOLOGUREN, L. Demanda mundial cresce e Brasil tem espaço para expandir produção. **Visão Agrícola**, Piracicaba, v. 13, n. 1, p. 9, 2015.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

SOUZA JÚNIOR, C. L. et al. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 28, n. 4, p. 473- 479, 1993.

SOUZA JÚNIOR., C. L. Recurrent selection and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.

TERRA, T. F.; WIETHÖLTER, P.; ALMEIDA, C. C. S.; SILVA, S. D. A.; BERED, F.; SERENO, M. J. C. M.; BARBOSA NETO, J. F. Variabilidade genética em populações de milho e teosinto estimada por marcadores microssatélites. **Ciência Rural**, <http://revistas.bvs-vet.org.br/crural>, v. 41, n. 2, p. 205-211, 2011. Disponível em: <<http://revistas.bvs-vet.org.br/crural/article/view/20783>>. Acesso em: 20 dez. 2017.

TROYER, A. F.; BROWN, N. L. Selection for early flowering in corn. **Crop Science**, Madison, v. 12, p. 301-304, 1972.

VALOIS, A. C. C. **Eficiência comparativa de quatro métodos de seleção em uma população melhorada de milho (*Zea mays* L.)**. 1982. 119 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1982.

VALOIS, A. C. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Comparação entre métodos de seleção em milho cv. Centralmex. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 19, p. 479-488, 1984.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. V. 1, p. 137-214.

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

VERA, G. A. ; CRANE, P. L. Effects of selection for lower ear height in synthetic populations of maize. **Crop Science**, Madison, v. 10, p. 286-288, 1970.

VIÉGAS, G. P. ; PEETEN, H. Sistemas de produção. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. Cap.12, p. 453-538.

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; VILARINHO, L. B. O. Potencial para melhoramento de populações de milho normal e braquítico obtidas por seleção recorrente recíproca. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 55, n. 3, p. 147-125, 2008.

WELLHAUSEN, E. J. Exotic germoplasm for improvement of corn belt maize. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY- RESERCH CONFERENCE, Chigaco, 1965. **Proceedingso f the...** Washington: American Seed Trade Association, 1965. p. 31-45.

YOUSUF, M.; SALEEM, M. Correlation analysis of S1 families of maize for grain yield and its components. **International Journal of Agriculture and Biology**, Faisalabad, v. 3, n. 4, p. 387-388, 2001.