

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PROGRESSO GENÉTICO DE HÍBRIDOS DE MILHO (*Zea
mays* L.) NA SEGUNDA SAFRA AO LONGO DE UMA
DÉCADA**

Helder Médice Junior

Engenheiro Agrônomo

2018

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PROGRESSO GENÉTICO DE HÍBRIDOS DE MILHO (*Zea
mays* L.) NA SEGUNDA SAFRA AO LONGO DE UMA
DÉCADA**

Helder Médice Junior

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro

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

2018

M489p

Médice Junior, Helder

Progresso genético de híbridos de milho (*Zea mays* L.) na segunda safra ao longo de uma década / Helder Médice Junior.

-- Jaboticabal, 2018

37 f. : il., tabs.

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

Orientador: Gustavo Vitti Môro

1. Ganho genético. 2. Produtividade de milho. 3. *Zea mays* L.. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: PROGRESSO GENÉTICO DE HÍBRIDOS DE MILHO (*Zea mays* L.) NA SEGUNDA SAFRA AO LONGO DE UMA DÉCADA

AUTOR: HELDER MÉDICE JUNIOR

ORIENTADOR: GUSTAVO VITTI MÔRO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

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

Prof. Dr. LEANDRO VAGNO DE SOUZA
LONG PING HIGH TEC CITIC GROUP / Uberlândia/MG

Pesquisador Dr. MARCELO MARCHI COSTA
LONG PING HIGH TEC CITIC GROUP / Ribeirão Preto/SP

Jaboticabal, 21 de setembro de 2018

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

HELDER MÉDICE JUNIOR – Nasceu em 21 de setembro de 1985, na cidade de Jaciara, interior do Estado do Mato Grosso. Em 2002, ingressou no curso de Técnico Agrícola pela Escola Agrotécnica Federal de Cuiabá, onde permaneceu até 2003, quando finalizou seu curso. Em 2004, ingressou no curso de Engenharia Agrônômica (Bacharelado) na Universidade Federal de Viçosa, Câmpus de Viçosa, MG. Desde o segundo mês de curso, iniciou estágio junto ao departamento de fitotecnia, trabalhando com o “Programa Milho”, onde desenvolveu práticas no melhoramento genético de milho. No ano de 2008, participou de estágio nos Estados Unidos, via intercâmbio pelo MAST, entre a Universidade Federal de Viçosa e a Universidade de Minnessota. No ano seguinte, finalizou seu curso de graduação. Em 2016, ingressou no curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), onde desenvolve estudo com genética e melhoramento de milho.

Aos meus pais, Helder Médice e Sandra Mara Médice;

A minha esposa, Aline Migueis;

A minha irmã, Lília Médice;

E a todos os amigos que, de alguma maneira, contribuíram para a minha formação.

Assim, dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por permitir que esteja com saúde e capaz de seguir meu caminho.

Aos meus pais, Helder e Sandra, por todos os seus esforços e carinho.

A minha irmã Lilia.

A minha esposa, Aline Migueis, pela paciência, força e encorajamento.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro, primeiramente, pela compreensão e pelo apoio e suporte durante todo o tempo de mestrado.

À Universidade Estadual Paulista (Unesp), Câmpus de Jaboticabal, e ao Departamento de Produção Vegetal, em especial ao Setor de Melhoramento, pelas oportunidades e experiências proporcionadas.

Aos membros das bancas de qualificação e defesa.

Ao colega Kian, pelo suporte.

Ao amigo Fernando E., por ter mostrado o caminho do melhoramento, quando tudo começou.

Aos meus líderes, André M. e Edimilson L., por todo o suporte, durante o período de mestrado.

À colega Fabiana M., por ter disponibilizado suas análises.

Em especial, ao amigo Leandro S., que, em 2012, quando era meu líder, me encorajou a retomar o curso e por todo o suporte e amizade nos últimos 14 anos.

A todos os que contribuíram de alguma maneira no decorrer desta etapa da minha vida.

MUITO OBRIGADO!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	II
ABSTRACT.....	III
LISTA DE TABELAS	IV
LISTA DE FIGURAS	V
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1 O milho.....	2
2.2 O progresso genético na cultura do milho.....	4
2.3 Métodos de estimar o progresso genético	8
3 MATERIAL E MÉTODOS	10
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
4.1 Progresso genético para a região Centro.....	13
4.2 Progresso genético para a região Sul	17
5 CONCLUSÕES	21
REFERÊNCIAS.....	22

PROGRESSO GENÉTICO DE HÍBRIDOS DE MILHO (*Zea mays* L.) NA SEGUNDA SAFRA AO LONGO DE UMA DÉCADA

RESUMO – A quantificação do progresso genético é o ponto-chave para definir o sucesso de um programa de melhoramento. O conhecimento dos ganhos obtidos direcionará a estratégia do programa, orientando as tendências e decisões que o melhorista deve adotar para os próximos ciclos seletivos. Objetivou-se, com este trabalho, quantificar o progresso genético da produtividade de híbridos de milho, ao longo de uma década. Estes, por sua vez, foram avaliados nas segundas safras, entre 2004 e 2013, nas regiões Centro e Sul do Brasil, para a característica produtividade de grãos e umidade. O estudo do progresso foi dividido em duas regiões, sendo elas Centro e Sul. Um total de 245 ambientes, contendo 308 híbridos, com 115 testemunhas. Ao todo, 193 experimentais foram avaliados. Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições, sendo as parcelas experimentais compostas por 4 linhas de 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,90 m entre linhas, para os anos de 2005 a 2011 e, após 2012, a parcela foi composta de 4 linhas de 4 m com 0,50 m entre linhas. O progresso genético para o melhor híbrido experimental na região Centro do Brasil foi de -0,39%, com média de produtividade de 6.616 kg ha⁻¹. Para a região Sul, o progresso foi de -0,75%, com produtividade média de 6.808 kg ha⁻¹. Pôde-se quantificar o progresso genético para a segunda safra de milho nas regiões Centro e Sul do Brasil. Mais estudos precisam ser realizados a fim de que se entendam os demais caracteres, além da produtividade.

Palavras-chave: Ganho genético, Produtividade de milho, *Zea mays* L.

GENETIC PROGRESS IN CORN (*Zea mays* L.) HYBRIDS IN THE SECOND CROP OVER A DECADE

ABSTRACT – Quantifying the genetic progress is the key point to define the success of a breeding program. The knowledge of the obtained gains will direct the program strategy, guiding the trends and decisions that the researcher must adopt for the next cycles of selection. The aim of this study was to quantify the genetic progress of corn hybrids over a decade. Corn hybrids were assessed in the second crops between 2004 and 2013 in the central and southern regions of Brazil for the traits grain yield and humidity. The study of progress was divided into two regions, i.e. Central and South, and had a total of 245 environments, containing 308 hybrids with 115 controls. In total, 193 experimental studies were assessed. The tests were conducted in a randomized block design with two replications and experimental plots composed of four rows of 5 m long and interrow spacing of 0.90 m for 2005 to 2011. After 2012, the experimental plot was composed of four rows of 4 m long and interrow spacing of 0.50 m. The genetic progress for the best experimental hybrid in the Central region of Brazil was -0.39% , with an average productivity of $6,616 \text{ kg ha}^{-1}$. For the South region, progress was -0.75% , with an average productivity of $6,808 \text{ kg ha}^{-1}$. The genetic progress for the second corn crop was quantified in the Central and South regions of Brazil. Further studies need to be carried out in order to understand other traits, besides productivity.

Keywords: Genetic gain, Corn productivity, *Zea mays* L.

LISTA DE TABELAS

Página

Tabela 1. Resumo das análises de variância conjunta para a região Centro, com dados de ano, quadrado médio de tratamentos (QMT), F, número de ambientes, número de experimentais, número de testemunhas, R ² , coeficiente de variação (CV%), produtividade média de grãos das testemunhas (kg ha ⁻¹), média de umidade de grãos das testemunhas (%), produtividade média de grãos dos híbridos experimentais (kg ha ⁻¹), média de umidade de grãos dos híbridos experimentais (%), produtividade média de grãos da melhor testemunha (kg ha ⁻¹), média de umidade da melhor testemunha (%), produtividade média de grãos do melhor híbrido experimental (kg ha ⁻¹), média de umidade de grãos do melhor híbrido experimental (%), respectivamente.	15
Tabela 2. Progresso genético da produtividade de milho para a região Centro ao longo dos anos de 2004 a 2013.	15
Tabela 3. Resumo das análises de variância conjunta para a região Sul, com dados de ano, quadrado médio de tratamentos (QMT), F, número de ambientes, número de experimentais, número de testemunhas, R ² , coeficiente de variação (CV%), produtividade média de grãos das testemunhas (kg ha ⁻¹), média de umidade de grãos das testemunhas (%), produtividade média de grãos dos híbridos experimentais (kg ha ⁻¹), média de umidade de grãos dos híbridos experimentais (%), produtividade média de grãos da melhor testemunha (kg ha ⁻¹), média de umidade da melhor testemunha (%), produtividade média de grãos do melhor híbrido experimental (kg ha ⁻¹), média de umidade de grãos do melhor híbrido experimental (%), respectivamente.	18
Tabela 4. Progresso genético da produtividade de milho para a região Sul dividida em duas épocas, de 2005 a 2009 e 2010 a 2013.	19

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Cenário nacional de produção e área plantada de milho. Fonte: adaptado de Conab (2018).	03
Figura 2. Produtividade de milho em “bushels” por “acre” nos Estados Unidos. Fonte: Crow (1998), dados compilados pelo Departamento de Agricultura dos Estados Unidos.	06
Figura 3. Produtividades de milho em ton ha ⁻¹ , em ambientes de baixa produtividade (<7 ton ha ⁻¹), média (7-10 ton ha ⁻¹), alta (10-13 ton ha ⁻¹) e muito alta (>13 ton ha ⁻¹).	07
Figura 4. Regiões Centro e Sul com respectivos números de ambientes analisados.	11
Figura 5. Progresso genético da produtividade de milho para a região Centro entre os anos de 2004 a 2013 por meio de análise de regressão linear do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.	16
Figura 6. Umidade de colheita para a região Centro entre os anos de 2004 a 2013 do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.	17
Figura 7. Progresso genético da produtividade de milho para a região Sul entre os anos de 2004 a 2013 por meio de análise de regressão linear do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.	19
Figura 8. Umidade de colheita para a região Sul entre os anos de 2004 a 2013 do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.	20

1 INTRODUÇÃO

Todo o progresso genético para produtividade em milho, até determinada parte da história, foi obtido com seleção das melhores espigas, via seleção massal, coleta e multiplicação dos melhores genótipos por parte dos agricultores.

No entanto, o maior progresso genético da história do milho foi o advento do milho híbrido. O vigor híbrido ou heterose foi descoberto por George Harrison Shull, em torno de 1908, no Laboratório de Cold Spring Harbor. Tal descoberta foi relatada na publicação “A composição de um campo de milho” (Shull, 1908).

Antes da introdução dos híbridos simples, por volta de 1930, os ganhos eram praticamente inalterados nas variedades de polinização aberta (Crow, 1998).

Para se ter uma ideia do real ganho genético advindo do milho híbrido, separado dos fatores ambientais, Russel (1974) e Duvick (1977), ambos citados por Crow (1998), encontraram um valor em torno de 1,5% de incremento na produtividade, devido, somente, ao fator genético.

A quantificação do progresso genético é o ponto-chave para definir se um programa de melhoramento está apresentando sucesso ou não. O conhecimento dos ganhos obtidos direcionará a estratégia de qualquer programa, ditando as tendências e decisões que o melhorista deve adotar para os próximos ciclos seletivos (Vencovsky et al., 1988).

Inúmeras análises podem ser feitas para avaliar o sucesso de um programa de melhoramento genético. O maior indicativo de sucesso é a resposta do agricultor, quando este adota os melhores híbridos disponíveis para sua região. No entanto, o incremento em participação no mercado, ano após ano, pode indicar que os agricultores estão receptivos a novos híbridos de uma determinada empresa. Ressalte-se que esta não é uma estimativa somente de ganhos genéticos, pois estão envolvidas características de marketing e vendas que irão influenciar na adoção desses materiais pelos agricultores (Abreu et al., 1994).

Entre todas as metodologias, o progresso genético deve ser considerado o principal indicador de ganhos ou perdas que o germoplasma trabalhado apresenta ao longo dos anos (Borges et al., 2009). Metodologias exatas devem ser utilizadas para indicar o progresso genético dos programas de melhoramento e quantificar os ganhos

ou perdas, a fim de modificar as estratégias e corrigir possíveis falhas, recuperar ou aumentar os ganhos (Toledo, 2014).

Objetivou-se, com este trabalho, quantificar o progresso genético de híbridos de milho (*Zea mays* L.), na segunda safra brasileira, ao longo de uma década.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O milho

O milho tem diferentes nomenclaturas globais conhecidas, sendo que sua origem é aceita como utilizada primeiro pelos indígenas do Caribe e seu nome, originalmente, descende da língua aruaque (Smith, 2001). Com respeito a esse conhecimento, Lineu incluiu esse nome na espécie para o gênero (*Zea mays* L.) (Ranum et al., 2014).

O milho (*Zea Mays* L.) é o cereal mais cultivado do mundo, com produção mundial de, aproximadamente, 1,3 bilhões de toneladas na safra 2015/16 e produtividade média de 5.000 kg ha⁻¹, seguido pelo arroz e trigo, com produção de 952 e 882 milhões de toneladas, respectivamente. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial, ficando atrás dos Estados Unidos e China com 385 e 232 milhões de toneladas, respectivamente (FAO, 2018).

Um fator para tal volume de produção é o cultivo em diversos locais do mundo, com amplitude de produção e adaptação a diversos ambientes (Fornasieri Filho, 2007). Toda essa adaptação só é possível devido à grande variabilidade genética presente nessa cultura (Sangoi et al., 2006).

De acordo com dados da Companhia Nacional de Abastecimento (Conab), o milho é a segunda cultura mais plantada no Brasil, com aproximadamente 17 milhões de ha, com 72% dessa área destinada ao cultivo de segunda safra, ficando atrás somente da soja, com 35 milhões de ha, evidenciando a importância dessa atividade para a agricultura brasileira.

Para a safra 2017/18, o milho de primeira safra tem uma área total de 5,1 milhões de ha plantados e a segunda safra torna-se responsável por 11,6 milhões de

ha.

Entre os anos de 1979 e 2011, a primeira safra era detentora da maior área plantada em relação à segunda safra. Além disso, a produtividade era superior no verão. No entanto, a partir de 2012, houve uma inversão no cenário nacional de produção e área plantada de milho, quando a segunda safra se tornou maior do que a safra de verão, responsável pela maior produção, ficando, em 2017, com 221% acima da produção de verão e, também, com a maior produtividade, pela primeira vez, na série histórica (Figura 1) (Conab, 2018).

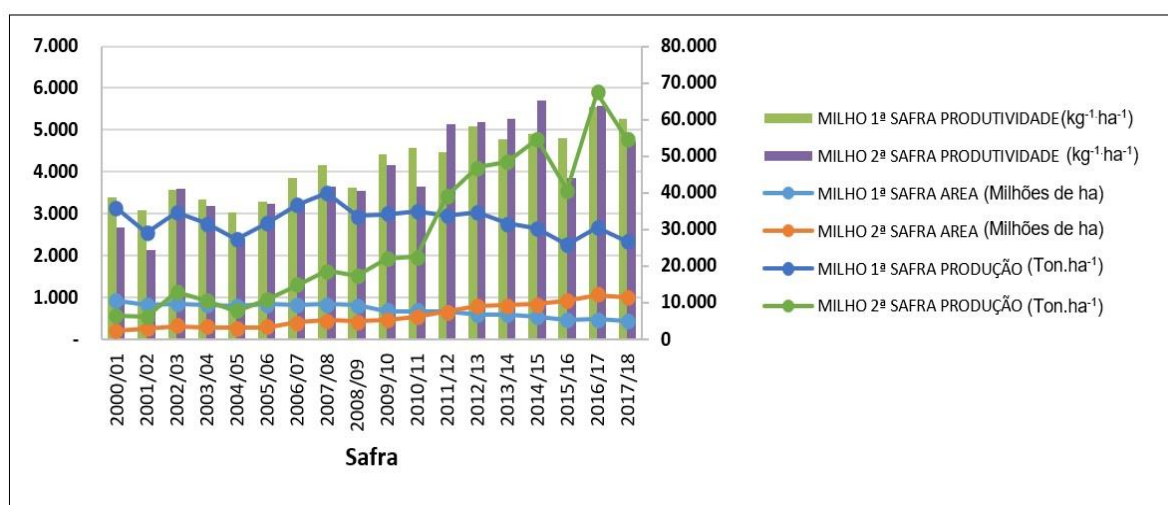


Figura 1. Cenário nacional de produção e área plantada de milho. Fonte: adaptado de Conab (2018).

Todo esse volume de produção está diretamente ligado aos vários tipos de consumo; se aumenta, a produção também aumenta para suprir a demanda. Um dos consumidores de milho é a bovinocultura de corte. O consumo de carne aumentou significativamente nos últimos anos em países asiáticos. Na China, cresceu em torno de quatro vezes desde 1980 (Schneider e Sharma, 2014). Isso, sem contar que o milho é a cultura mais utilizada na alimentação dos chineses (Adrian et al., 2016).

Outro grande consumidor mundial de milho é a produção de etanol, sendo a maior parte utilizada como combustível e aditivo em gasolina (FAO, 2013).

No Brasil, o grande consumo é no setor de bovinocultura de corte, aves e suínos (Pavão e Ferreira Filho, 2011).

Toda essa produção crescente, estimula as empresas a lançarem produtos

novos todos os anos. Assim, a oferta de produtos comerciais no mercado brasileiro é grande e, atualmente, a primeira e segunda safras, contêm um total de 315 cultivares, divididos em híbridos simples, triplos, duplos, variedades, simples modificados e híbridos triplos modificados, com respectivamente, 67,61%; 16,82%; 6,03%; 5,07%; 3,17% e 0,63%. Quanto ao ciclo, as empresas oferecem, para o mercado, cultivares de ciclo precoce, superprecoce, semiprecoce, hiperprecoce e normal, sendo respectivamente, 67,98%; 23,03%; 3,17%; 1,58% e 1,27% (APPS, 2017).

2.2 O progresso genético na cultura do milho

Com base nos resultados do progresso genético, o melhorista deve tomar suas decisões futuras. Se o progresso é positivo, as metodologias utilizadas estão corretas. No entanto, se os ganhos são negativos, de uma safra para outra, a decisão de modificar as metodologias de trabalho deve ser considerada, a fim de recuperar ou aumentar os ganhos (Matos et al., 2007; Toledo, 2014).

Ao longo de um período de 39 anos, o aumento da produtividade média em milho no Brasil foi 5.000 kg ha⁻¹, sendo em média 131 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Conab, 2018). Porém, somente 40 a 50% de todo esse incremento em produtividade se deve a melhorias genéticas; o restante, é devido ao aumento na tecnologia de produção (Cardwell, 1982; Duvick, 2005a).

Além dos ganhos em genética, a cultura vem aumentando em produtividade, graças à melhoria de processos que possibilitam aos híbridos expressarem seu potencial genético. Tais práticas podem ser listadas como melhorias no controle de pragas, doenças e plantas daninhas e em equipamentos, tecnologia de plantio e colheita (Duvick, 2005a; Assefa et al., 2017).

Partindo para os avanços nos ganhos do milho nos Estados Unidos ao longo do tempo, cita-se o início do progresso realizado pelos próprios agricultores americanos, que desenvolveram cultivares locais adaptados aos mais variados ambientes (Duvick, 2005b). Essa seleção apresentava ganhos iniciais, porém, logo nos ciclos seguintes, os ganhos eram pequenos e, às vezes, até nulos, evidenciando a falta de progresso em produtividade.

Após o descobrimento e introdução do milho híbrido, os melhoristas tiveram um

papel importante para o aumento significativo da produtividade desses cultivares (Miranda Filho e Viégas, 1987). Somente com o descobrimento do milho híbrido é que houve um salto nos ganhos em produtividade (Shull, 1908). Os agricultores viram que o elevado potencial do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas de grupos heteróticos distintos era promissor para o aumento da produção dos campos (Watson, 2005), constituindo o principal responsável pelo aumento na produtividade das lavouras americanas entre os anos de 1930 e 1950, com ganho genético proporcionado pelo milho híbrido e, posteriormente, incrementos nos híbridos melhorados (Duvick, 2005b).

A adoção de híbridos simples não foi imediata pelos produtores. Embora o cruzamento de duas linhagens endogâmicas resultasse em um híbrido com alto vigor, o custo de produção das linhagens parentais era elevado, pois apresentavam potencial de produção limitado e baixo vigor, devido à depressão causada pela endogamia (Shull, 1908).

Como solução para o baixo vigor e baixa produção das linhagens, surgiu como uma opção, a produção de híbridos duplos, compostos pelo cruzamento de dois híbridos simples. Com esse procedimento, a produção é muito maior, visto que a colheita é realizada em um dos híbridos simples, que tem uma capacidade de produção de sementes muito superior, se comparada a de uma linhagem (Jones, 1918).

Antes dos híbridos, nos anos 1930, a taxa de ganho era quase nula. Com a introdução dos híbridos duplos, a taxa de ganho foi em torno de $65 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Com a vinda dos híbridos simples, a taxa de incremento foi próxima de $108 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. As produtividades atuais são superiores a cinco vezes às obtidas antes dos híbridos serem descobertos (Crow, 1998) (Figura 2).

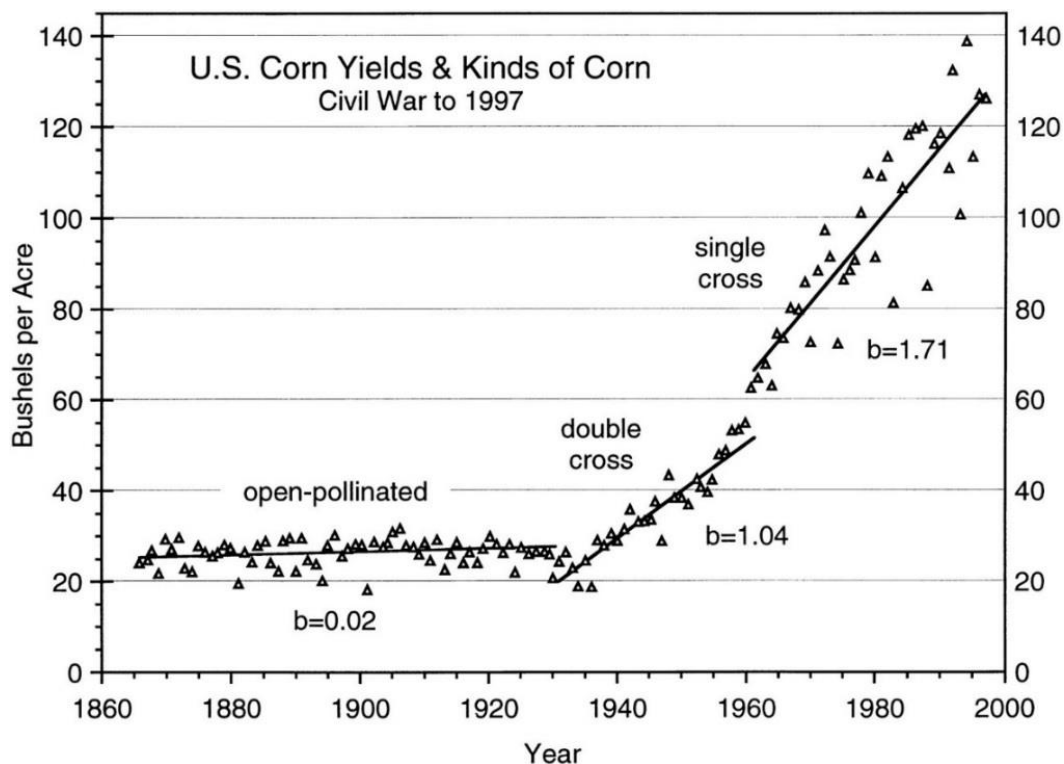


Figura 2. Produtividade de milho em “bushels” por “acre” nos Estados Unidos. Fonte: Crow (1998), dados compilados pelo Departamento de Agricultura dos Estados Unidos.

Por um período de 20 anos, entre 1971 e 1991, foram lançados, nos Estados Unidos, diversos híbridos de milho. Os materiais foram avaliados ao longo desse tempo para a estimativa dos ganhos genéticos obtidos. Como resultado, foram obtidos ganhos lineares de produtividade, sendo que as estimativas variaram entre 33 e 92 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Russell, 1991).

Outros trabalhos ainda nos Estados Unidos, relatam ganhos lineares de 74 kg ha⁻¹ ano⁻¹, de 1930 até 1991 (Duvick, 1997). Ainda em sequência, até o ano de 2001, foram obtidos ganhos de 77 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Duvick et al., 2004). Durante esses 70 anos de estudo, obteve-se uma média de ganhos em torno de 75 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Em outro trabalho de Duvick (2005b), houve ganhos de 65 a 75 kg ha⁻¹ ano⁻¹ em um estudo realizado por 70 anos, com melhoramento de milho híbrido.

Alguns trabalhos elaborados com híbridos no estado de Iowa, entre 1930 e 2002, sob as melhores densidades de plantio, demonstraram crescimento linear de produtividade de 79 kg ha⁻¹ ano⁻¹, o que representa 1,5% de média da produtividade, com referência aos híbridos de 1930. Se comparados aos híbridos de 2002, o

incremento é de, apenas, 0,8% (Cooper et al., 2004; Fischer e Edmeades, 2010). Posteriormente, em 2007, houve incrementos de $116 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, equivalentes a 1,0% ao ano (Hammer et al., 2009; Fischer e Edmeades, 2010).

Além disso, pequenos ganhos foram obtidos por Cordova et al. (2007), quando compararam híbridos de milho do Cimmyt, na América Latina, com ganhos de 20 a $279 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$.

A produtividade do milho foi analisada de 1987 a 2015, nos Estados Unidos, por Assefa et al. (2017), relatando diferentes ganhos para diferentes latitudes em estudo e, também, para diferentes tipos de tecnologia empregadas nos campos. Os materiais foram divididos em 4 ambientes de produtividade, sendo estes, superalta produtividade, alta produtividade, média produtividade e baixa produtividade. Os ganhos encontrados nessas faixas de produtividade foram, respectivamente, $38 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$; $19 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$; $10 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ e ganhos não significativos (Figura 3).

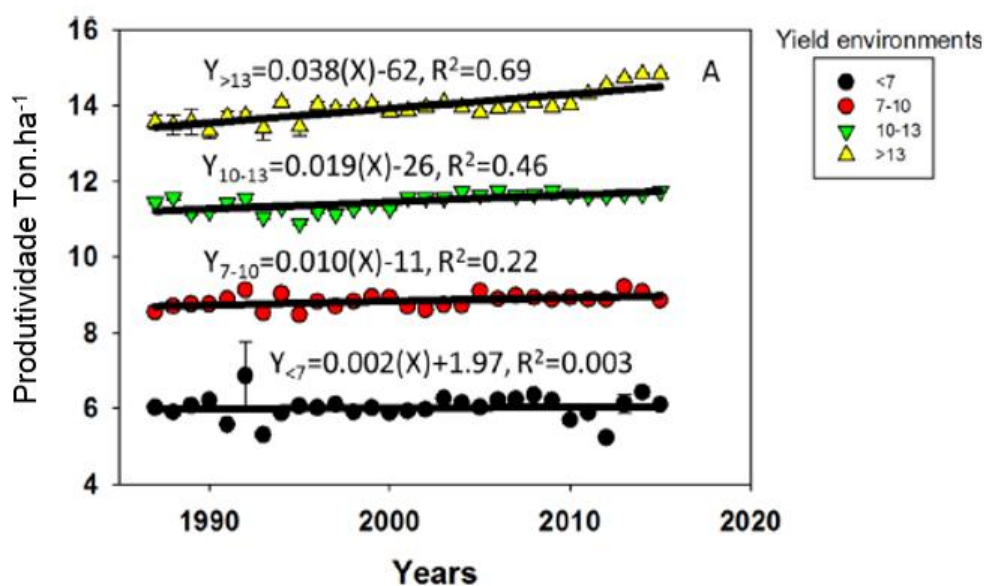


Figura 3. Produtividades de milho em ton ha^{-1} , em ambientes de baixa produtividade ($<7 \text{ ton ha}^{-1}$), média ($7-10 \text{ ton ha}^{-1}$), alta ($10-13 \text{ ton ha}^{-1}$) e muito alta ($>13 \text{ ton ha}^{-1}$).

Já em experimentos semelhantes, no Leste e Sul da África, foi possível quantificar o progresso de 1,4% ao ano, para variedades de polinização aberta (Masuka et al., 2017).

O progresso genético é o máximo possível, quando a herdabilidade também é

máxima. Assim, o próprio diferencial de seleção torna-se o progresso e o diferencial de seleção é expresso pela diferença entre as médias da população selecionada e da média da população não selecionada (Silva et al., 1963). Esses autores encontraram em ensaios realizados pelo Instituto Agrônomo (IAC), distribuídos em diversos ambientes do Estado de São Paulo, estimativas de progresso genético em milho, variando de 0,945 a 1,164%.

Entre 1964 e 1986, utilizaram-se dados do Ensaio Nacional da Embrapa, a fim de quantificar o progresso conseguido de populações e híbridos de milho, obtendo, com esse estudo, os progressos de 2,2% e 1,7%, respectivamente. O resultado indica que, à época, os avanços proporcionados por híbridos ainda não eram superiores aos de populações de polinização aberta (Vencovsky et al., 1988).

Além do milho híbrido, outro fator que contribuiu para o aumento das produtividades foi o advento dos transgênicos, que, ao melhorar a resistência dos materiais, ocasionou o aumento em produtividade dos híbridos comerciais de milho (Moraes et al., 2015).

O cultivo dos híbridos *Bt's* é, em geral, maior do que seus respectivos convencionais, sem aplicação de inseticidas. Porém, a tecnologia não confere aumento direto de produtividade; o aumento se dá pela proteção que os eventos conferem aos materiais. Ademais, os híbridos menos atacados obtêm maior produtividade, visto que podem expressar todo o seu potencial genético (Michelotto et al., 2013).

2.3 Métodos de estimar o progresso genético

O progresso genético pode ser estimado ano a ano, por meio de seleção direta em cada ensaio, utilizando-se o diferencial de seleção e a herdabilidade. Esse diferencial, por sua vez, é dado pela diferença entre a média dos genótipos selecionados e a média geral. Por fim, o ganho de seleção pode ser estimado graças à multiplicação do diferencial de seleção por herdabilidade (Cruz, 2006).

Para realizar estudos de progresso genético em programas de melhoramento, é possível utilizar vários métodos, porém, é importante considerar qual será utilizado, pois metodologias diferentes podem gerar resultados diferentes. Basicamente,

existem métodos diretos e indiretos para se comparar o progresso genético de híbridos ou cultivares.

Na metodologia direta, como o nome já relata, são comparados os novos cultivares, lançados em diferentes anos, com os cultivares antigos em um mesmo ano e em diferentes ambientes. Assim, a diferença em produtividades pode estar diretamente relacionada ao ganho genético para esses materiais (Cardwell, 1982; Duvick, 1992; Pompeu, 1993).

A dificuldade na utilização dessa metodologia é que, para a realização dos ensaios, faz-se necessária a manutenção de genótipos antigos, que, ao longo do tempo, podem não acompanhar as características desejáveis de mercado. Além de manter cultivares antigos, é preciso instalar ensaios específicos para estimativa das diferenças e ganhos. Isso pode gerar grandes custos para os programas de melhoramento (Paranzini Faria et al., 2007).

Além do método direto, há também outros métodos que podem ser considerados indiretos. Estes utilizam redes de experimentos já realizados, bancos de dados de programas de melhoramento, entre outras fontes de dados. Assim, não há necessidade de implantar experimentos somente para o fim de estudo do progresso, aproveitando recursos já utilizados para seleção de novos cultivares ao longo dos anos (Vencovsky et al., 1988; Abreu et al., 1994; Breseghello et al., 1999; Ribeiro et al., 2003).

Foram utilizados por Vencovsky et al. (1988), dados da rede de ensaios nacionais para o cálculo do progresso genético de cultivares de milho, num período de 20 anos de estudo, entre 1964/65 até 1983/84. Esses autores propuseram que o progresso genético fosse estimado pelo contraste entre as médias de todos os tratamentos em um ano, em comparação à média desses mesmos tratamentos no ano anterior. Porém, para se isolar o efeito de ano, após obtida a média de todos os genótipos, foi subtraída a diferença entre a média dos genótipos comuns entre esses dois anos consecutivos.

O progresso genético dos híbridos pode ser avaliado indiretamente nos vários ambientes. Nesse modelo, os genótipos novos são comparados por meio do uso de testemunhas comuns, como referência de comparação, entre dois anos consecutivos conforme realizado por Chiorato (2008).

As demais metodologias indiretas geralmente corrigem os dados de alguma maneira, com base em uma ou em várias testemunhas. Um desses métodos é chamado de original, constituindo um ensaio de competição composto por cultivares novos (que serão testados pela primeira vez), cultivares comuns (que já foram testados no ano anterior e continuarão sendo testados no ano seguinte) e por testemunhas, que, geralmente, são comuns em anos consecutivos de teste (Paranzini Faria et al., 2007). Variações desse método podem ser citadas, como a utilização de uma testemunha como referência entre os anos (Abreu et al., 1994).

Outra variante do método que utiliza uma cultivar testemunha para expressar o progresso genético, é a utilização de duas equações de regressão linear. Uma delas, para os cultivares novos e outra para a testemunha comum em diferentes anos. O progresso é determinado pela diferença dos coeficientes angulares dos genótipos novos, menos o coeficiente da testemunha comum. Desse modo, é isolado o efeito de ano. A limitação dessa metodologia é a utilização de somente uma cultivar de referência. Caso seja prejudicada por variações ambientais em um dos anos, a estimativa do progresso naquele ano ficará prejudicada (Abreu et al., 1994).

É possível utilizar, ainda, a testemunha comum aos anos como um fator de correção das médias dos genótipos novos. A média da testemunha torna-se um referencial dentro de cada ano e as médias dos demais genótipos é ajustada de acordo com essa testemunha. Dessa maneira, as médias ajustadas são livres de efeito ambiental. Após todas as médias estarem ajustadas, a análise de regressão é feita e o progresso, expresso diretamente pelo coeficiente angular da equação (b) (Eyhérabide et al., 1994).

Dentre as metodologias utilizadas para o cálculo do progresso genético, a de médias ajustadas foi a que demonstrou ser a mais adequada. Com o ajuste de médias, é possível diminuir o efeito ambiental e o erro experimental (Fonseca Junior, 1997).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Um total de 308 híbridos, sendo 115 testemunhas e 193 experimentais foram testados em 245 ambientes, ao longo de 10 anos de estudo, entre 2004 e 2013. Esses

híbridos foram testados na segunda safra das regiões Centro e Sul do Brasil (Figura 4). Analisaram-se as características produtividade de grãos corrigida para 13% de umidade e a umidade de colheita dos híbridos. Os ensaios estudados podem ser considerados como de nível intermediário/VCU.

Conduziram-se ensaios em 142 ambientes da região Centro e em 103 da região Sul (Figura 4). Estes, por seu turno, são separados em duas macrorregiões, sobretudo, pelo fato de apresentarem climas distintos na segunda safra. A região central do País possui locais com altitude entre 227 m e 1.172 m. O clima é caracterizado por chuva no início do plantio, alongando-se até final de fevereiro e meados de março, dependendo do ano. Porém, a época de colheita caracteriza-se por uma estação seca. Os locais avaliados na região Sul têm altitude variando entre 258 m e 1.041 m. Ao contrário do Centro, a região Sul é formada por uma estação chuvosa na colheita e, em muitos locais, pode ocorrer geada no estágio de enchimento de grãos.

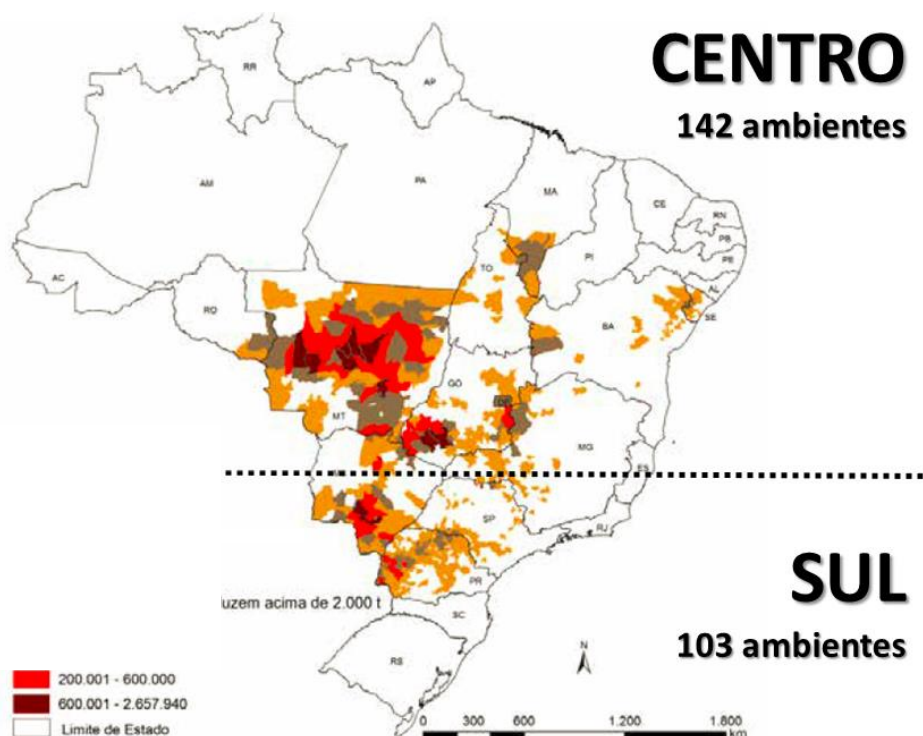


Figura 4. Regiões Centro e Sul com respectivos números de ambientes analisados.

Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições. Entre 2004 e 2011, a parcela experimental era composta por 4 linhas de

5 m, com espaçamento de 0,90 m entre linhas e população média de 50.000 plantas por hectare. A partir de 2012, a parcela foi composta por 4 linhas de 4 m de comprimento e 0,50 m entre linhas, com população média de 55.000 plantas por hectare.

Para os cálculos de progresso genético, utilizaram-se dados históricos de experimentos conduzidos nas safras de 2004 a 2013. Análises de variância individuais para cada ambiente foram feitas e, após isso, realizou-se uma análise conjunta, agrupando os ambientes dentro de cada ano e região. As médias originais e, posteriormente, as médias ajustadas dentro de cada ano e região foram obtidas por meio de testemunhas comuns entre os ambientes como referência (Tabela 1 e Tabela 2).

Para a obtenção das médias ajustadas, efetuou-se a normalização das mesmas entre todos os ensaios no período dos 10 anos. Utilizaram-se as testemunhas comuns entre os ensaios a fim de que o ajuste fosse realizado. Dessa forma, as testemunhas em comum entre os ensaios eram referenciadas como 100% e os demais híbridos não comuns entre estes dois ensaios recebiam um ajuste em suas médias. Tomando como base dois ensaios quaisquer, em que, no primeiro, a média das testemunhas representou 100% e, no segundo, era analisada média dessas testemunhas e expresso em porcentagem. Caso a média das testemunhas no segundo ensaio fosse 120%, ou seja, 20% acima da média das mesmas testemunhas no ensaio de referência, todos os híbridos recebiam uma correção em sua média de -20%, regredindo ao mesmo patamar de 100% do ensaio anterior, como base de comparação.

A análise do progresso genético foi realizada, utilizando, como referência, as médias ajustadas de cada ano e empregando, posteriormente, a análise de regressão linear, em separado, para cada período de análise e para cada região. As estimativas do progresso genético podem ser visualizadas diretamente pelo resultado do coeficiente angular da regressão (b).

Um método semelhante foi proposto por Eyhérabide et al. (1994), usando apenas uma testemunha comum entre os experimentos para ajustar as médias dos demais genótipos de interesse. Sendo assim, as médias tornam-se normalizadas e livres de efeito ambiental. Com essa metodologia, é possível analisar diretamente os

dados das médias ajustadas, com o resultado da média das médias, diretamente relacionado ao ganho genético, uma vez que a variância genética desaparece (Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho et al., 2016).

Obteve-se o ganho genético pela média de produtividade do melhor híbrido experimental em cada ano e, em seguida, as médias anuais foram comparadas entre si, por regressão linear, estimando, assim, o progresso ao longo dos 10 anos, conforme Chiorato et al. (2010).

Além da característica produtividade, avaliou-se, também, a umidade. Esta, por sua vez, não obteve nenhuma correção ou ajuste ao longo dos anos, consistindo nas médias comuns, obtidas no momento de colheita dos híbridos.

As análises estatísticas foram realizadas por meio do programa “Statistical Analysis System” (SAS) University Edition (SAS, 2016) utilizando o “General Linear Models Procedure” (PROC GLM) e Microsoft Excel (2013) para realização do cálculo das médias ajustadas e regressão.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Segundo a nova classificação de experimentos de milho, proposta por Fritsche-Neto et al. (2012), entre os coeficientes de variação dos ensaios analisados, 95% deles se encaixam na classificação de precisão intermediária, variando entre 8,25% e 15,49%, e os demais 5% dos ensaios estão classificados como de coeficiente de variação considerado alto, entre 15,50 e 19,11% (Tabelas 1 e 2).

Em quase todos os anos, foi possível identificar diferenças a 1% de significância pelo teste F, revelando que há genótipos superiores que podem ser selecionados em todos os ensaios, tanto para a região Centro (Tabela 1) quanto para a região Sul (Tabela 3).

4.1 Progresso genético para a região Centro

Para a realização da análise de variância conjunta, observou-se o critério de homogeneidade de variâncias, considerando a diferença entre o maior e menor

quadrado médio do resíduo de, no máximo, 7.

Na Tabela 1, apresenta-se um resumo da análise de variância conjunta para a região Centro, com os dados de todas as fontes de variação analisadas entre os anos de 2004 e 2013. Nessa tabela, é possível verificar as fontes de variação, quadrado médio de tratamentos (QMT), valor F, número de ambientes, número de híbridos experimentais testados no período, número de testemunhas comerciais utilizadas na comparação com os híbridos experimentais, R^2 coeficiente de variação (CV%), produtividade média de grãos das testemunhas (kg ha^{-1}), média de umidade de grãos das testemunhas (%), produtividade média de grãos dos híbridos experimentais (kg ha^{-1}), média de umidade de grãos dos híbridos experimentais (%), produtividade média de grãos da melhor testemunha em cada ano (kg ha^{-1}), média de umidade da melhor testemunha em cada ano (%), produtividade média de grãos do melhor híbrido experimental dentro de cada ano (kg ha^{-1}) e a média de umidade de grãos (%), do melhor híbrido experimental em cada ano.

As testemunhas comerciais também têm uma pequena queda no seu progresso genético para o período analisado, confirmando o valor (b) de $-15,094 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Isso representa um progresso relativo de $-0,22\%$, ficando próximo ao valor encontrado para os híbridos experimentais. É notável que, ano a ano, a diferença entre as médias das testemunhas comerciais e dos híbridos experimentais diminui, ficando praticamente igualada nos anos de 2012 e 2013 (Figura 5).

Entre os anos de 2004 e 2008, ocorre uma queda nos ganhos anuais, o que pode se dar por conta de alguma estratégia nova de seleção para determinada característica. No entanto, quando se muda o foco de um programa de melhoramento para alguma característica, é normal que ocorra uma perda inicial em ganhos, porém, ao longo dos anos, se bem gerenciado, o progresso para qualquer característica volta a crescer e os ganhos tornam-se positivos novamente (Duvick, 2005b).

Após o ano de 2008, nota-se uma inversão na tendência do progresso genético dos materiais experimentais da região Centro. Se analisado o período entre 2008 e 2013, é possível encontrar um progresso relativo de $0,60\%$ ao ano. Se analisados os últimos 4 anos, a partir de 2010, é possível observar que é retomada a tendência acentuada de progresso genético positivo, sendo possível observar, ainda, que neste ano e em 2013, há um progresso de $1,23\%$ (Figura 5).

Tabela 1. Resumo das análises de variância conjunta para a região Centro, com dados de ano, quadrado médio de tratamentos (QMT), F, número de ambientes, número de experimentais, número de testemunhas, R², coeficiente de variação (CV%), produtividade média de grãos das testemunhas (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos das testemunhas (%), produtividade média de grãos dos híbridos experimentais (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos dos híbridos experimentais (%), produtividade média de grãos da melhor testemunha (kg ha⁻¹), média de umidade da melhor testemunha (%), produtividade média de grãos do melhor híbrido experimental (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos do melhor híbrido experimental (%), respectivamente.

Ano	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
QMT	0.82	2.93	2.88	1.16	1.46	1.09	1.42	1.67	1.82	0.74
F	2.47**	5.32**	2.02**	4.88**	8.00**	5.60**	6.55**	5.98**	8.91**	5.54**
Nº de Ambientes	6	17	16	11	9	14	19	12	20	18
Nº de Experimentais	25	26	19	18	17	22	30	14	24	24
Nº de Testemunhas	11	16	23	26	25	31	28	20	19	16
R ²	0.4	0.25	0.14	0.38	0.51	0.31	0.28	0.38	0.33	0.24
CV	10.3	13.2	15.4	9.7	8.5	8.6	9.1	9.8	10.6	11
Média Melhor Testemunha kg ha ⁻¹	6440	7179	6986	6624	6699	6723	6612	6650	6747	6687
Média Melhor Testemunha Umidade %	21	22	21	18	17	21	24	20	22	22
Média Melhor Experimental kg ha ⁻¹	6937	6801	6610	6542	6428	6589	6411	6525	6690	6626
Média Melhor Experimental Umidade %	22	22	19	16	17	19	21	20	20	21

Teste F, significativo a 1 % (**) de probabilidade.

Para a região Centro, no período de 2004 a 2013, houve progresso genético de -25,63 kg ha⁻¹ ano⁻¹, com uma média ajustada de produtividade correspondente a 6.616 kg ha⁻¹ ano⁻¹, resultando em um progresso de -0,39% ao ano (Tabela 2).

Tabela 2. Progresso genético da produtividade de milho para a região Centro ao longo dos anos de 2004 a 2013.

Período	Região	b	Média de produtividade	b % Progresso
		kg ha ⁻¹	kg ha ⁻¹	
2004 a 2013	Centro	-25.63	6.616	-0.39%

As testemunhas comerciais também têm uma pequena queda no seu progresso genético para o período analisado, confirmando o valor (b) de -15,094 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Isso representa um progresso relativo de -0,22%, ficando próximo ao valor encontrado

para os híbridos experimentais. É notável que, ano a ano, a diferença entre as médias das testemunhas comerciais e dos híbridos experimentais diminui, ficando praticamente igualada nos anos de 2012 e 2013 (Figura 5).

Entre os anos de 2004 e 2008, ocorre uma queda nos ganhos anuais, o que pode se dar por conta de alguma estratégia nova de seleção para determinada característica. No entanto, quando se muda o foco de um programa de melhoramento para alguma característica, é normal que ocorra uma perda inicial em ganhos, porém, ao longo dos anos, se bem gerenciado, o progresso para qualquer característica volta a crescer e os ganhos tornam-se positivos novamente (Duvick, 2005b).

Após o ano de 2008, nota-se uma inversão na tendência do progresso genético dos materiais experimentais da região Centro. Se analisado o período entre 2008 e 2013, é possível encontrar um progresso relativo de 0,60% ao ano. Se analisados os últimos 4 anos, a partir de 2010, é possível observar que é retomada a tendência acentuada de progresso genético positivo, sendo possível observar, ainda, que neste ano e em 2013, há um progresso de 1,23% (Figura 5).

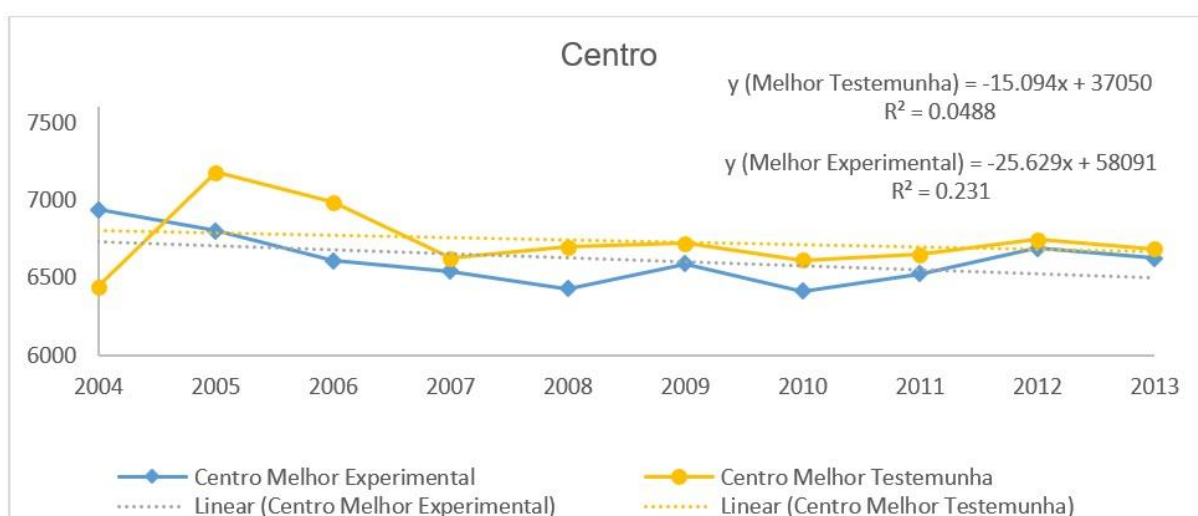


Figura 5. Progresso genético da produtividade de milho para a região Centro entre os anos de 2004 a 2013 por meio de análise de regressão linear do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.

Para a característica umidade de colheita, como não há ajuste ao longo dos anos, é possível perceber uma variação característica por influência dos anos de estudo. Nos anos de 2007 e 2008, os híbridos apresentaram média de umidade de colheita inferior a 18% tanto a melhor testemunha quanto o melhor híbrido

experimental.

É notável que com a exceção dos anos de 2004 e 2011, para todos os demais, a média do melhor híbrido experimental foi sempre menor do que a melhor testemunha, havendo uma flutuação e acompanhamento do mercado, com foco, no entanto, em menores ciclos (Figura 6).



Figura 6. Umidade de colheita para a região Centro entre os anos de 2004 a 2013 do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.

4.2 Progresso genético para a região Sul

Para a realização da análise de variância conjunta da região Sul, também se observou o critério de homogeneidade de variâncias, considerando a diferença entre o maior e menor quadrado médio do resíduo como, no máximo, 7.

Na Tabela 3, assim como para a região Centro, apresenta-se um resumo da análise de variância conjunta para a região Sul, com os dados de todas as fontes de variação analisadas entre os anos de 2004 e 2013. Nesta, podem ser constatadas as fontes de variação, quadrado médio de tratamentos (QMT), valor F, número de ambientes, número de híbridos experimentais testados no período, número de testemunhas comerciais utilizadas na comparação com os híbridos experimentais, R^2 ,

coeficiente de variação (CV%), produtividade média de grãos das testemunhas (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos das testemunhas (%), produtividade média de grãos dos híbridos experimentais (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos dos híbridos experimentais (%), produtividade média de grãos da melhor testemunha em cada ano (kg ha⁻¹), média de umidade da melhor testemunha em cada ano (%), produtividade média de grãos do melhor híbrido experimental dentro de cada ano (kg ha⁻¹) e a média de umidade de grãos (%), do melhor híbrido experimental em cada ano.

Tabela 3. Resumo das análises de variância conjunta para a região Sul, com dados de ano, quadrado médio de tratamentos (QMT), F, número de ambientes, número de experimentais, número de testemunhas, R², coeficiente de variação (CV%), produtividade média de grãos das testemunhas (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos das testemunhas (%), produtividade média de grãos dos híbridos experimentais (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos dos híbridos experimentais (%), produtividade média de grãos da melhor testemunha (kg ha⁻¹), média de umidade da melhor testemunha (%), produtividade média de grãos do melhor híbrido experimental (kg ha⁻¹), média de umidade de grãos do melhor híbrido experimental (%), respectivamente.

Ano	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
QMT	1.33	1.07	1.64	1.4	1.79	1.01	3.12	2.7	2.04	1.47
F	6.58	2.73**	1.35 ^{ns}	4.2**	1.19 ^{ns}	4.71**	5.23**	3.23**	7.73**	5.78**
Nº de Ambientes	8	9	7	11	2	4	17	5	19	21
Nº de Experimentais	22	24	16	18	17	21	30	15	23	24
Nº de Testemunhas	11	16	21	23	23	28	24	24	23	16
R ²	0.53	0.25	0.19	0.32	0.54	0.61	0.24	0.44	0.3	0.22
CV	11.5	11.7	16.3	11.3	14.1	8.4	9.4	10	10.7	9
Média Melhor Testemunha kg ha ⁻¹	6822	6916	6897	6837	6864	7169	6576	6963	6709	6539
Média Melhor Testemunha Umidade %	25	23	17	23	30	29	24	24	22	25
Média Melhor Experimental kg ha ⁻¹	7230	6675	6794	6853	7338	6767	6575	6638	6679	6531
Média Melhor Experimental Umidade	24	24	15	21	23	27	22	26	21	25

Teste F, não significativo (ns), significativo a 1 % (**) de probabilidade.

Os ganhos para a região Sul foram menores se comparados à região Centro, tanto para os híbridos experimentais quanto para as testemunhas comerciais.

No período de 2004 a 2013, houve um progresso de $-51,15 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, para o melhor híbrido experimental, o que representa um progresso relativo de $-0,75\%$ ao ano (Tabela 4).

Tabela 4. Progresso genético da produtividade de milho para a região Sul dividida em duas épocas, de 2005 a 2009 e 2010 a 2013.

Período	Região	b kg ha^{-1}	Média de produtividade kg ha^{-1}	b % Progresso
2004 a 2013	Sul	-51.15	6808	-0.75%

Na região Sul, entre os anos de 2004 a 2008, o progresso foi positivo para os híbridos experimentais (em torno de $0,57\%$). Porém, a partir de 2009, retorna a uma tendência negativa até o final do período em estudo. Nos anos de 2012 e 2013, na região Sul, também é possível observar médias muito próximas do melhor híbrido experimental para com a melhor testemunha, indicando um progresso genético associado ao de mercado nesses dois últimos anos.

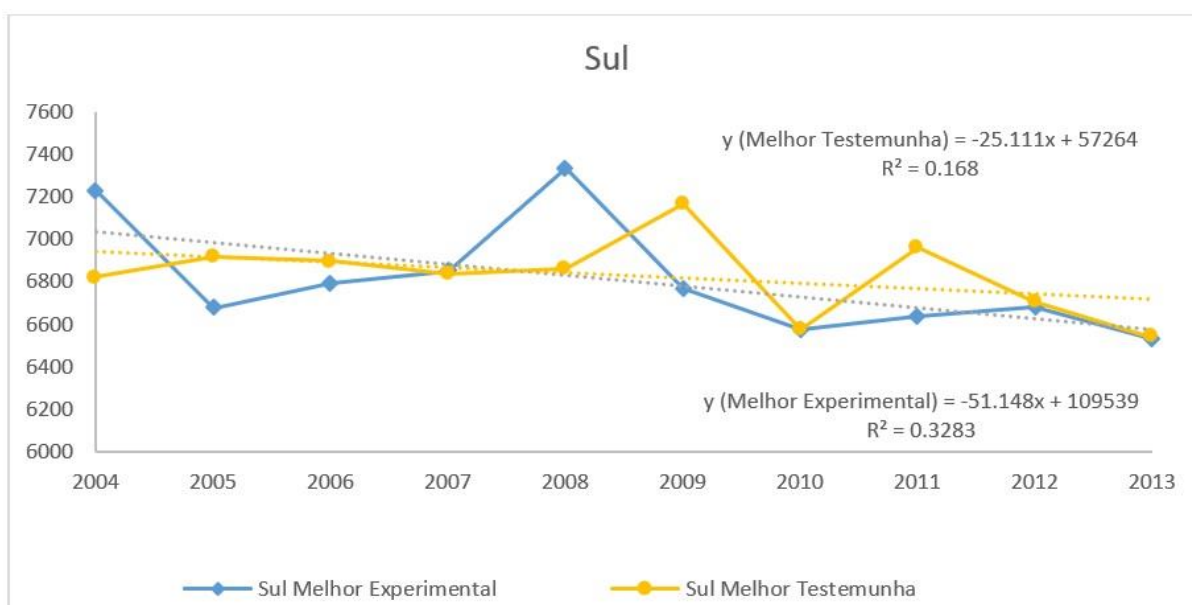


Figura 7. Progresso genético da produtividade de milho para a região Sul entre os anos de 2004 a 2013 por meio de análise de regressão linear do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.

No ano de 2008, há uma clara superioridade do melhor híbrido experimental

em relação à melhor testemunha de mercado (Figura 7). Para esta, o progresso genético também foi negativo na região Sul, em $-25,11 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, o que representa um progresso relativo de $-0,45\%$ (Figura 7).

Em análise da característica umidade de colheita para a região Sul, assim como o ocorrido na região Centro, a umidade dos híbridos experimentais ficou abaixo ou muito próxima à umidade das testemunhas, na maioria dos anos de estudo (Figura 8).

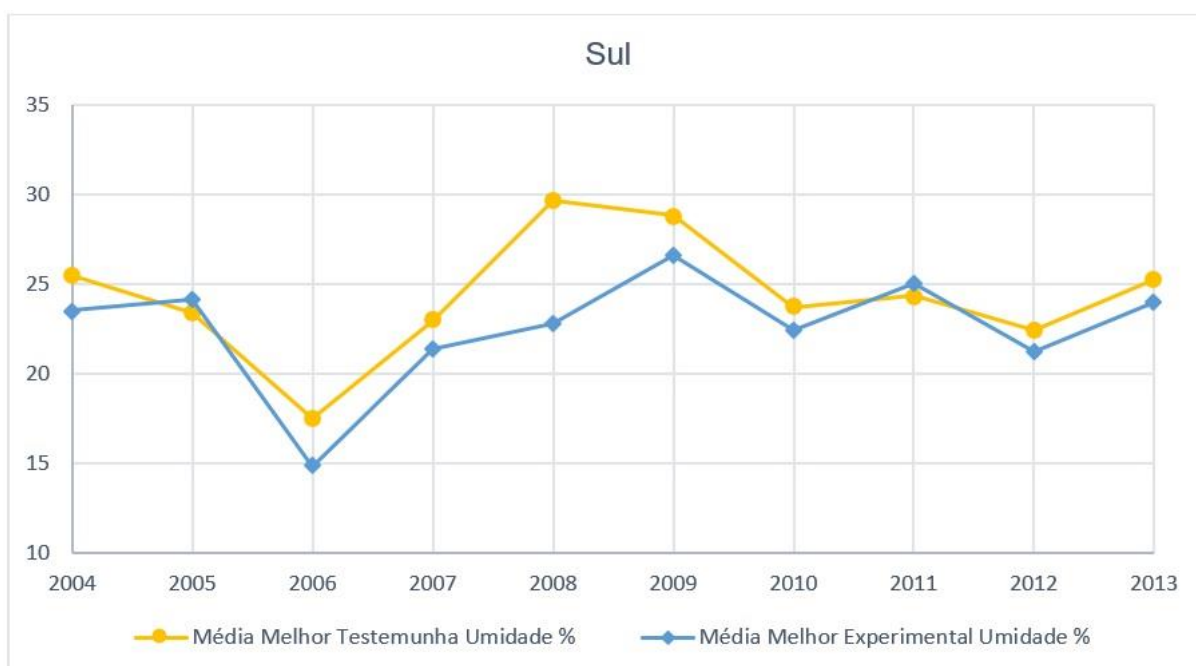


Figura 8. Umidade de colheita para a região Sul entre os anos de 2004 a 2013 do melhor híbrido experimental e da melhor testemunha.

Com o presente estudo, foi possível quantificar o progresso obtido pelo programa de melhoramento e demonstrar os ganhos obtidos pelos híbridos perante o mercado nas regiões Sul e Centro.

A análise do progresso genético é dinâmica e depende muito do foco de cada programa de melhoramento, sujeita a grandes mudanças de um ano para o outro.

É preciso um estudo de médio a longo prazo para quantificar o progresso nos anos posteriores aos estudados neste trabalho.

Anualmente, o objetivo de mercado pode ser modificado de acordo com o surgimento de uma nova praga/patógeno ou até mesmo por uma necessidade de ciclo ou qualidade de grãos, o que pode afetar o ganho para produtividade.

5 CONCLUSÕES

Com o presente trabalho, foi possível quantificar o progresso genético de híbridos de milho para as regiões centro e sul do Brasil por um período de 10 anos.

De modo geral, encontrou-se progresso negativo para as regiões Centro e Sul.

Para a região Centro, constatou-se recuperação no progresso genético nos últimos anos de estudo.

Para a região Sul, o progresso deve ser estudado com maior atenção, pois, nesta região, os ganhos foram menores.

REFERÊNCIAS

- Abreu AFB, Ramalho MAP, Santos JB, Martins LA (1994) Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas Regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 29:105-112.
- Adrian EA, Sam GA, Yiching S (2016) Sustainable maize production and consumption in China: practices and politics in transition **Journal of Cleaner Production** 134:259-268. doi:10.1016/j.jclepro.2015.12.001
- Assefa Y, Prasad PVV, Carter P, Hinds M, Bhalla G, Schon R, Jeschke M, Paszkiewicz S, Ciampitti IA (2017) A new insight into corn yield: trends from 1987 through 2015. **Crop Science** 57:2799-2811. doi:10.2135/cropsci2017.01.0066
- APPS – Associação Paulista dos Produtores de Sementes e Mudanças (2017) **Online**. Disponível em: <<http://apps.agropecuaria.ws/site/home>>. Acesso em: 23 dez. 2017.
- Borges V, Soares AA, Resende MDV, Reis MS, Cornélio VMO, Soares PC (2009) Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Biometria** 27:478-490.
- Breseghele F, Rangel PHN, Moraes OP (1999) Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 34:399-407.
- Cardwell VB (1982) Fifty years of Minnesota corn production: Sources of yield increase. **Agronomy Journal** 74:984-990. doi:10.2134/agronj1982.00021962007400060013x
- Chiorato AF (2008) **Progresso genético para produtividade do feijoeiro o programa de melhoramento do Instituto Agrônomo (IAC) entre 1989 e 2007**. 86 f. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.
- Chiorato AF, Carbonell SAM; Vencovsky R; Fonseca Júnior NS; Pinheiro JB (2010) Genetic gain in the breeding program of common beans at IAC from 1989 to 2007. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 10:329-336. doi:10.1590/S1984-70332010000400007
- Cordova HS, Trifunovic S, Ramirez A, Sierra M (2007) CIMMYT maize hybrids for latin america: Head-to-head analysis and probability of outperforming the best check. **Maydica** 52:471-476.
- Conab – Companhia Nacional de Abastecimento (2018). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 9, Safra 2017/18 – Nono Levantamento, Brasília, p. 1-178, junho 2018. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 1º jul. 2018.

Cooper M, Smith OS, Graham G, Arthur L, Feng L, Podlich DW (2004) Genomics, genetics, and plant breeding: a private perspective. **Crop Science** 44:1907-1913.

Crow JF (1998) 90 years ago: the beginning of hybrid maize. **Genetics** 148:923-928.

Cruz CD (2006) **Programa GENES: biometria**. Viçosa: UFV, 382p.

Duvick DN (1977) Genetic rates of gain in hybrid maize yields during the past 40 years. **Maydica** 22:187-196.

Duvick DN (1992) Genetic contributions to advances in yield of U.S. maize. **Maydica** 37:69-79. doi:10.1016/S0065-2113(05)86002-X

Duvick DN (2005a) The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy** 86:83-145. doi:10.1016/S0065-2113(05)86002-X

Duvick DN (2005b) Genetic progress in yield of United States maize (*Zea mays* L.). **Maydica** 50:193-202.

Duvick DN, Smith JSC, Cooper M (2004) Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. In: Janick J (Ed.) **Plant breeding reviews**. New York: John Wiley & Sons, p. 109-151.

Eyhéabide GH, Damilano AL, Colazo JC (1994) Genetic gain for grain yield of maize in Argentina. **Maydica** 39:207-211.

Fischer RA, Edmeades GO (2010) Breeding and cereal yield progress. **Crop Science** 50:S-85-S-98. doi:10.2135/cropsci2009.10.0564

Fonseca Junior NS (1997) Progresso genético na cultura do feijão no Estado do Paraná para o período de 1977 a 1995. 1997. 168 f. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

FAO – Food and Agriculture Organization (2013) Committee on World Food Security. High Level Panel of Experts (HLPE). 2013. **Biofuels and food security**. A report by the High Level Panel of Experts on food security and nutrition of the Committee on World Food Security. Disponível em: <http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/hlpe/hlpe_documents/HLPE_Reports/HLPE-Report-5_Biofuels_and_food_security.pdf>. Acesso em: 17 dez. 2013.

FAO – Food and Agriculture Organization (2018) **Production: crops**. 2018. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#home>>. Acesso em: 1º jul. 2018.

Fornasieri Filho D (2007) **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep, 576p.

Fritsche-Neto R, Vieira RA, Scapim CA, Miranda GV, Rezende LM (2012) Updating the ranking of the 940 coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum: Agronomy** 34:99-101. doi:10.4025/actasciagron.v34i1.13115

Hammer GL, Dong Z, McLean G, Doherty A, Messina C, Schussler J, Zinselmeier C, Paszkiewicz S, Cooper M (2009) Can changes in canopy and/or root system architecture explain historical maize yield trends in the U.S. Corn Belt? **Crop Science** 49:299-312. doi:10.2135/cropsci2008.03.0152

Jones DF (1918) The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 4:246-250.

Masuka B, Magorokosho C, Olsen M, Atlin GN, Bänziger M, Pixley KV, Vivek BS, Labuschagne M, Matemba-Mutasa R, Burgueño J, MacRobert J, Prasanna BM, Bish Dasb, Dan Makumbib, Amsal Tarekegnea, Jose Crossaf, Mainassara Zaman-Allaha, van Biljon A, Cairns JE (2017) Gains in maize genetic improvement in Eastern and Southern Africa: II. CIMMYT Open-Pollinated Variety Breeding Pipeline. **Crop Science** 57:180-191.

Matos JW, Ramalho MAP, Abreu ÁFB (2007) Trinta e dois anos do programa de melhoramento do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia** 31:1749-1754. doi:10.1590/S1413-70542007000600022

Michelotto MD, Crosariol JNO, Freitas RS, Duarte AP, Busoli AC (2013). Milho transgênico (BT): efeito sobre pragas alvo e não alvo. **Nucleus** 3:67-82. doi:10.3738/nucleus.v0i0.903

Miranda Filho JB, Viégas GP (1987) **Milho híbrido**. In: Paterniani E, Viégas GP (Eds.) Melhoramento e produção do milho. Campinas: Fundação Cargill, p. 277-340.

Moraes ARA, Lourencao AL, Paterniani MEAGZ (2015) Resistência de híbridos de milho convencionais e isogênicos transgênicos a *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). **Bragantia** 74:50-57. doi:10.1590/1678-4499.0367

Paranzini Faria A, Fonseca Junior NS, Destro D, Faria RT (2007) Ganho genético na cultura da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, 28:71-78.

Pavão AR, Ferreira Filho JBS (2011) Impactos econômicos da introdução do milho Bt11 no Brasil: uma abordagem de equilíbrio geral inter-regional. **Revista de Economia e Sociologia Rural** 49:81-108. doi:10.1590/S0103-20032011000100004

Pompeu AS, (1993) Feijão. In Furlani AMC, Viégas GO (Eds.) **O melhoramento genético de plantas no Instituto Agrônomo**. Campinas: IAC, p. 11-156.

Ramalho AR, Rocha RB, Souza FF, Veneziano W, Teixeira AL (2016) Progresso genético da produtividade de café beneficiado com a seleção de clones de cafeeiro 'Conilon. **Revista Ciência Agrônoma** 47:516-523.

Ranum P, Pena RJP, Garcia CMN (2014) Global maize production, utilization, and consumption. **Annals of the New York Academy of Sciences** 1312:105-112. doi:10.1111/nyas.12396

Ribeiro ND, Possebon SB, Storck L (2003) Progresso genético em caracteres agrônômicos no melhoramento do feijoeiro. **Ciência Rural** 33:629-633.

Russell WA (1991) Genetic improvement of maize yields. **Advances in Agronomy** 46:245-298. doi:10.1016/S0065-2113(08)60582-9

Sangoi L, Silva PR, Silva A, Ernani P, Horn D, Strieder M, Schmitt A, Schweitzer C (2006) Desempenho agrônômico de cultivares de milho em quatro sistemas de manejo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo** 5:218-231. doi:10.18512/1980-6477/rbms.v5n02p%25p

SAS – Institute Inc. (2016) **SAS/STAT University Edition**. SAS Institute Inc. Cary, NC, USA.

Schneider M, Sharma S (2014). **China's pork miracle?** Agribusiness and development in China's pork industry. Institute for Agriculture and Trade Policy.

Shull GH (1908) The composition of a field of maize. **Journal of Heredity** 4:296-301. doi:10.1093/jhered/os-4.1.296

Silva WJ, Miranda LT, Viegas GP (1963) Estimativa do progresso genético médio em ensaios de cultivares de milho. **Bragantia** 22:247-258. doi:10.1590/S0006-87051963000100020.

Smith BD (2001). Documenting plant domestication: the consilience of biological and archaeological approaches. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 98:1324-1326. doi:10.1073/pnas.98.4.1324

Toledo FHRB (2014) **Progresso genético simultâneo: um exemplo de aplicação no melhoramento do Tabaco**. 75 f. Tese (Doutorado em Ciência – Genética e Melhoramentos de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

Vencovsky R, Barriga P (1992) **Genética biométrica aplicada no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.

Vencovsky R, Moraes AR, Garcia JC, Teixeira NM (1988) Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa/CNPMS. p.300-307.

Watson JD (2005) **DNA o segredo da vida**. São Paulo: Companhia das letras, 470p.