

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

NATHÁLIA BATISTA DE OLIVEIRA

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS ENTRE AS POPULAÇÕES ISANÃO VF-1 E ISANÃO VD-1
DE MILHO BRAQUÍTICO**

Ilha Solteira
2020

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

NATHÁLIA BATISTA DE OLIVEIRA

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS ENTRE AS POPULAÇÕES ISANÃO FV-1 E
ISANÃO VD-1 DE MILHO BRAQUÍTICO**

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

Orientador

Bruno Éttore Pavan

Co-orientador

João Antonio da Costa Andrade

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

Oliveira, Nathália Batista de Oliveira.
O48h Híbridos cripticos entre as populações Isanão VF-1 e Isanão VD-1 de milho braquítico / Nathália Batista de Oliveira Oliveira. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2020 54 f.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de Produção, 2020

Orientador: Bruno Éttore Pavan
Coorientador: João Antonio da Costa Andrade
Inclui bibliografia

1. Milho híbrido. 2. Milho braquítico. 3. Prolificidade em milho.


Raiane da Silva Santos
Supervisora Técnica do Setor
Setor Técnico de Referência, Atendimento ao usuário e Documentação
Unidade Técnica de Biblioteca e Documentação
CIBD - 9999

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: Híbridos crípticos entre as populações Isanão VF-1 e Isanão VD-1 de milho braquítico

AUTORA: NATHÁLIA BATISTA DE OLIVEIRA

ORIENTADOR: BRUNO ETTORE PAVAN

COORIENTADOR: JOÃO ANTONIO DA COSTA ANDRADE

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA, área:
Sistemas de Produção pela Comissão Examinadora:



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



Profa. Dra. GLAUCIA AMORIM FARIA
Departamento de Matemática / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP



Prof. Dr. EDESIO FIALHO DOS REIS
Unidade Acadêmica de Ciências Biológicas / Universidade Federal de Jataí - UFJ

Ilha Solteira, 21 de agosto de 2020

AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar a toda a minha família, pelo carinho e amor que sempre me foi dado, mas principalmente meus pais, Cláudia e José Luis, por sempre terem me dado as melhores condições para estudo e por me apoiarem, independentemente de qualquer escolha que eu tenha feito, sempre estando ao meu lado acreditando em mim mais do que eu mesma.

Agradeço ao meu orientador Bruno Éttore Pavan e ao meu co-orientador João Antonio da Costa Andrade pela oportunidade que me foi dada e por terem aberto as portas de suas salas na faculdade, sempre que precisei e por tornarem possível este trabalho.

Agradeço aos técnicos da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão FEPE da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira UNESP pela orientação e auxílio nas análises.

Deixo um enorme obrigada ao meu namorado Tiago Oliveira, por ter me apoiado durante esses anos.

Agradeço ao Leonardo Queiroz, por me aguentar e me ajudar em todas as etapas desse Mestrado, sempre que precisei.

Todos vocês foram fundamentais na minha formação, jamais esquecerei cada um.

RESUMO

O cultivo de milho ocorre em todo o território brasileiro e, na maioria das regiões, é realizado em duas épocas: primeira safra ou safra de verão e segunda safra ou safrinha. Tecnologias como o desenvolvimento de cultivares híbridas proporcionaram aos produtores uma evolução considerável de rendimento. Entretanto, para que os níveis de rendimento evoluam continuamente, o processo de obtenção de novas cultivares é contínuo. O método dos híbridos crípticos é utilizado no sentido de avaliar os cruzamentos desde o começo da obtenção das linhagens, avançando apenas as progênies de cruzamentos promissores, explorando fortemente a capacidade específica de combinação. O objetivo deste trabalho foi verificar o potencial das populações Isanão VF-1 e Isanão VD-1 de milho braquítico para obtenção de futuros híbridos simples, mas promissores e com características agronômicas de um híbrido moderno e também possíveis cruzamentos promissores para serem utilizados como híbridos intermediários. Foram avaliados 100 cruzamentos entre plantas das duas populações, em látice triplo, na primeira safra 2018/19, e 94 cruzamentos, em delineamento em blocos casualizados, na segunda safra, para os caracteres altura de plantas, altura de espigas, tombamento e produtividade de grãos. Foi verificado que as populações possuem potencial para prosseguimento do programa, com avanço de 20 cruzamentos para cada safra. Paralelamente há possibilidade de avaliar um grupo de dez cruzamentos de cada safra com bom rendimento e característica desejáveis para desenvolvimento de híbridos intermediários $S_1 \times S_1$.

Palavras-chave: *Zea mays*. Prolificidade. Heterose. Hibridação. Cruzamento.

ABSTRACT

Maize cultivation occurs throughout Brazil and, in most regions, is carried out in two seasons: first crop or summer crop and second crop. Technologies such as the development of hybrid cultivars have provided producers with considerable yield developments. However, for yield levels to evolve continuously, the process of obtaining new cultivars is continuous. The cryptic hybrids method is used to evaluate crossbreeding since the beginning of the breeding, advancing only the promising cross progenies, strongly exploiting the specific combining ability. The objective of this study was to verify the potential of the Isanão VF-1 and Isanão VD-1 populations of brachytic maize to obtain future more promising simple hybrids with agronomic characteristics of a modern hybrid and also possible promising crosses to be used as intermediate hybrids. One hundred crosses between S_0 plants of the two populations were evaluated, in triple lattice, in the first crop of 2018/19 and 94 crosses, in randomized block design at the second crop of 2018/19 for the traits plant height, ear height, overturned plants and grain yield. It was found that the populations have potential to continue the program, advancing 20 crossings of each crop season. At the same time, it is possible to evaluate a group of ten crosses with good yield and desirable characteristics for development of intermediate hybrids $S_1 \times S_1$).

Keywords: *Zea mays*. Prolificacy. Heterosis. Hybridization. Mating.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com altura de planta (AP – cm), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	48
Figura 2 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com a variância da altura de planta (VAP – cm ²), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	48
Figura 3 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com a altura de espiga (AE – cm), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	49
Figura 4 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com a variância da altura de espiga (VAE – cm ²), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	49
Figura 5 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com o tombamento (TOMB – %), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	50
Figura 6 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com a altura de planta (AP – cm), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	50
Figura 7 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com a variância da altura de planta (VAP – cm ²), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	51
Figura 8 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com a altura de espiga (AE – cm), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	51
Figura 9 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com a variância da altura de espiga (VAE – cm ²), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	52
Figura 10 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹) com o tombamento (TOMB – %), segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.....	52

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Esquema da análise de variância individual para cada experimento.....	28
Tabela 2 – Esquema da análise de variância conjunta para as duas safras.....	29
Tabela 3 – Quadrados médios da análise de variância, variância genética interpopulacional (V_g), herdabilidade (h^2) e ganho esperado com seleção (intensidade de 20%) dos híbridos mais produtivos (G_e - %), para os caracteres altura de planta (AP - cm), variância da altura de plantas (VAP – cm^2), altura de espiga (AE - cm), variância da altura de espigas (VAE – cm), tombamento (TOMB - %) e produtividade de grãos (PG – kg ha ⁻¹).....	42
Tabela 4 – Médias dos 20% melhores híbridos crípticos (H) da primeira safra para os caracteres: altura de plantas (AP – em cm); variância da altura de plantas (VAP – em cm^2); altura de espigas (AE – em cm); variância da altura de espigas (VAE – em cm^2) e tombamento (TOMB – em %).	43
Tabela 5 – Médias dos 20% melhores híbridos crípticos (H) da segunda safra para os caracteres: altura de plantas (AP – em cm); variância da altura de plantas (VAP – em cm^2); altura de espigas (AE – em cm); variância da altura de espigas (VAE – em cm^2) e tombamento (TOMB – em %).	44
Tabela 6 – Heteroses sobre a população Isanão-VF1 PROL 7 (h%) e médias dos híbridos crípticos (H) do primeiro grupo do agrupamento pelo teste de Scott-Knott para produtividade de grãos (PG), na primeira safra, e sua caracterização para altura de plantas (AP), variância da altura de plantas (VAP), altura de espigas (AE), variância da altura de espigas (VAE) e tombamento (TOMB).	45
Tabela 7 – Média dos 20% melhores híbridos crípticos (H) para produtividade de grãos (PG), na segunda safra, e sua caracterização para altura de plantas (AP), variância da altura de plantas (VAP), altura de espigas (AE), variância da altura de espigas (VAE) e tombamento (TOMB).	46
Tabela 8 – Coeficientes de correlação genética entre os caracteres altura de plantas (AP – em cm); variância da altura de plantas (VAP – em cm^2); altura de espigas (AE – em	

cm); variância da altura de espigas (VAE – em cm^2), tombamento (TOMB – em %) e produtividade de grãos (PG – em kg ha^{-1})..... 47

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1	IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO MILHO	14
2.2	ORIGEM E EVOLUÇÃO	15
2.3	MILHO BRAQUÍTICO	16
2.4	PROLIFICIDADE EM MILHO.....	19
2.5	MELHORAMENTO E O MILHO HÍBRIDO	20
2.6	MÉTODO DOS HÍBRIDOS CRÍPTICOS.....	22
3	MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1	DESCRIÇÃO DO LOCAL DE INSTALAÇÃO E ÉPOCAS.....	26
3.2	DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS	26
3.3	CARACTERES AVALIADOS	27
3.4	ANÁLISES DE VARIÂNCIA	28
4	RESULTADOS E DISCUÇÃO	31
5	CONCLUSÕES	36
	REFERÊNCIAS	37

1 INTRODUÇÃO

O milho é um dos mais importantes cereais cultivados e consumidos no mundo. Tem um relevante papel socioeconômico devido a sua multiplicidade de aplicações, principalmente na alimentação animal e humana. Seu cultivo ocorre em praticamente todo o território brasileiro, sendo que somente na safra de 2018/19, 52,8% da produção total se concentrou na região Centro Oeste, apresentando a maior produção do país (CONAB, 2019). A produção mundial foi de 1.122,7 milhões de toneladas (USDA, 2019), sendo o Brasil responsável por 98,5 milhões de toneladas.

A manutenção do crescimento da produção brasileira se dá principalmente pelo aumento da produtividade, uma vez que a abertura de novas áreas agrícolas está limitada pelas exigências ambientais. Uma maneira de aumentar a produtividade é a obtenção de cultivares mais produtivas a cada ano, sendo de fundamental importância o trabalho dos melhoristas, tanto de entidades públicas como privadas. Esses pesquisadores, sempre estão procurando incorporar características interessantes nessas novas cultivares, de acordo com a tendência ou necessidade da cultura, como aumento do adensamento de plantas, tolerância a doenças, tolerância a pragas, tolerância à seca e adaptação à alguma exigência nova, entre outras.

Particularmente a busca por cultivares que suportem melhor o adensamento de plantas é uma das saídas para se romper os limites superiores de produtividade do milho no Brasil. Com isso, interessa o estudo de populações braquíticas que podem suportar melhor esse adensamento. Devido a semeadura mais adensada, a área sombreada nas entrelinhas aumenta mais rapidamente, evitando assim que plantas daninhas que necessitam de luz para o crescimento se desenvolvam (DURÃES, 1999). Por serem plantas de porte menor, geralmente também a taxa de tombamento é mais baixa. Também podem facilitar a colheita manual, para produtores de baixa renda que não tem acesso à mecanização (CRISTELI, 2018).

O gene braquítico pode ser introduzido na planta pelo melhoramento, havendo uma produção anormal da giberelina, regulador endógeno responsável pelo alongamento dos internódios. Combinado com o interesse particular nas cultivares braquíticas, na obtenção de híbridos com essa característica, existe também a preocupação em se obter cultivares mais uniformes, pois no tipo variedade braquítica há dificuldade em uniformizar a altura das plantas devido a segregação de genes modificadores de natureza quantitativa.

O milho híbrido de linhagens, foi o grande responsável pela evolução sobrevivida na produtividade da cultura, permitindo altos ganhos obtidos pelos agricultores mais tecnificados

(PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Mas novos métodos foram necessários para aumentar a eficiência na obtenção de linhagens e híbridos em um menor tempo. Assim surgiu o método dos híbridos crípticos (LONNQUIST; WILLIAMS, 1967; MAGNAVACA, 1973) que, em comparação com o método padrão de obtenção de linhagens, representa um ganho de tempo, visto que corresponde essencialmente a um teste precoce de combinação pelo cruzamento entre plantas individuais (TOPPA *et al.*, 2012) e tem mostrado ganhos relevantes na produtividade de grãos (LONNQUIST; WILLIAMS, 1967; HEDDEN, 2003; LOPES *et al.* 2005).

O método em questão baseia-se no fato de que cada planta de uma população é resultante da união de dois gametas produzidos por duas linhagens que o melhorista ainda não tem (linhagens ocultas ou crípticas), sendo consideradas híbridos simples. Portanto, cruzando-se duas plantas de populações diferentes, as quais se consideram híbridos simples crípticos, obtém-se um híbrido duplo críptico.

A aplicação do método dos híbridos crípticos é recomendada em populações previamente selecionadas para bons caracteres agronômicos, pois isto levará a uma diminuição do tempo requerido para o desenvolvimento de híbridos superiores (LONNQUIST; WILLIAMS, 1967), explorando-se a capacidade específica de combinação.

A ocorrência de prolificidade é a chave para a produção de híbridos duplos crípticos. Por isso é interessante populações que tenham essa tendência, para que o método seja realizado com sucesso.

O objetivo deste trabalho foi verificar o potencial de duas populações para obtenção de futuros híbridos simples promissores, com características agronômicas de um híbrido moderno, que gere possíveis cruzamentos promissores para serem utilizados como híbridos intermediários.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO MILHO

Consumido pelos povos americanos desde o ano 5 mil a.C., o milho (*Zea mays* L.) foi a alimentação básica de várias civilizações importantes ao longo dos séculos. A cultura do milho se expandiu para outras partes do mundo com as grandes navegações do século XVI e a descoberta da América. Hoje é cultivado e consumido em todos os continentes e sua produção só perde para a do trigo e do arroz. No Brasil, o cultivo do milho vem desde antes do descobrimento. Os índios, principalmente os guaranis, tinham o cereal como o principal ingrediente de sua dieta. Com a chegada dos portugueses, o consumo aumentou e novos produtos à base de milho foram incorporados aos hábitos alimentares dos brasileiros. Atualmente, embora o nível de consumo do milho no Brasil venha crescendo, ainda está longe de ser comparado a países como o México e aos da região do Caribe. O milho é um dos cereais mais cultivados em todos os continentes (ABIMILHO, 2019).

Muito energético, o milho traz em sua composição vitaminas A e do complexo B, proteínas, gorduras, carboidratos, cálcio, ferro, fósforo e amido. As cascas dos grãos são ricas em fibras. Cada 100 gramas do alimento têm cerca de 360 kcal, sendo 70% de glicídios, 10% de protídeos e 4,5% de lipídios. O milho é um dos alimentos mais nutritivos que existem. Puro ou como ingredientes de outros produtos, é uma importante fonte de energia para o homem.

Maior que as qualidades nutricionais do milho, só mesmo sua versatilidade para o aproveitamento na alimentação humana. Ele pode ser consumido diretamente ou como componente para a fabricação de balas, biscoitos, pães, chocolates, geleias, sorvetes, maionese e até cerveja. Cultivado em todo país, é a matéria prima principal de vários pratos culinários como cuscuz, polenta, angu, bolos, canjicas, mingaus, cremes, entre outros. Além disso a maior parte de sua produção é utilizada na alimentação animal e chega até nós por meio dos diversos tipos de carne (bovina, suína, aves e peixes). O milho ainda pode ser utilizado na indústria também, na forma de etanol, goma xantana, óleo (ABIMILHO, 2019).

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 pífia no início dessa prática, hoje se equipara ao da safra normal (CONAB, 2017).

Segundo dados da CONAB (2020), a produção de grãos da safra 2019/20 teve um aumento de 3,5% em relação a safra 2018/19. Obteve-se um aumento de 8,5 milhões de toneladas de grãos, totalizando 250,5 milhões de toneladas na safra atual. Desse total, o milho fica responsável pela produção de 101 milhões de toneladas.

Na 1ª safra, a área semeada passou a ser de 4,22 milhões de hectares, apresentando um aumento de 2,9% em relação à safra 2018/19. Essa safra apresenta pouca representatividade na oferta total brasileira, uma vez que o cereal tem a difícil tarefa de competir com a soja, que detém, pelo menos, até o momento a preferência dos produtores brasileiros. Na região Centro Oeste ocorreu forte incremento da semeadura com a área cultivada apresentando percentuais de elevação de 3,6% em relação a semeadura anterior, cultivando nesta safra 357,3 mil hectares (CONAB, 2020).

Na 2ª safra, a expectativa é de que ocorra um aumento de 1,4% na área cultivada. No estado do Mato Grosso do Sul, a estimativa de área semeada é de 1,84 milhão de hectares. Em maio houve a retomada das precipitações que, associadas aos dias curtos e com temperatura mais amenas, encerrou o período de déficit hídrico que chegou a perdurar por 40 dias em alguns municípios produtores. Assim, perdas de produtividade foram consolidadas, uma vez que parte das lavouras não conseguiram compensar esse período crítico (CONAB, 2020).

A produção total de 1ª e 2ª safras está estimada para 101 milhões de toneladas, totalizando um aumento de 0,3% em relação à safra 2018/19 (CONAB, 2020).

2.2 ORIGEM E EVOLUÇÃO

O milho, mediante a seleção orientada de genótipos, bem como o aprimoramento de métodos de manejo, vem sendo cultivado 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 Brasil não é o centro de origem desta cultura. O México e a Guatemala é quem são considerados os países de origem. A mais antiga espiga de milho foi encontrada no vale do Tehucan, na região onde hoje fica localizado o México, há 7000 anos a.C. O Teosinte, ou “alimento dos deuses” (gramínea com várias espigas sem sabugo e que pode cruzar com o milho e produzir descendentes férteis), como também é conhecido pelos maias, provavelmente deu origem ao milho, pela seleção artificial, feita pelo próprio homem. O Teosinte ainda é encontrado na América Central (CIB, 2006).

O milho era cultivado pelos índios, na América do Sul sob diferentes condições, épocas de semeadura, altitudes e tratos culturais. Mais tarde, as variedades indígenas foram melhoradas pelos povos do hemisfério Norte, que desenvolveram as primeiras raças comerciais. E posteriormente reintroduziram na América do Sul, dando origem as raças recentes (PATERNIANI *et al.*, 2000).

Ao longo do tempo, o homem promoveu uma crescente domesticação do milho por meio da seleção visual no campo, considerando importantes características, tais como produtividade, resistência a doenças e capacidade de adaptação, dentre outras, dando origem às variedades hoje conhecidas. Inicialmente, os grãos eram expostos fora da casca, formando um sabugo, parecido com a forma atual. Os nativos antecessores dos astecas ficaram atraídos pela nova estrutura, que retinha os grãos e os organizavam em pequenos pares de fileiras. Por meio de um processo de seleção, realizado de forma inconsciente, os nativos escolhiam as espigas mais fáceis de serem colhidas e armazenadas. Logo, de forma natural, essa seleção levou a redução do número de espigas por planta e ao aumento do número de fileiras de grãos no comprimento das espigas, que se tornaram maiores. Ao longo do tempo, foram sendo colhidas plantas mais vigorosas, produtivas e de maior qualidade. Essas plantas mais “fortes” contribuíram para o surgimento de variedades com capacidade de adaptação em altas e baixas altitudes, como é o relevo da América Central (CIB, 2006).

2.3 MILHO BRAQUÍTICO

Plantas de baixa arquitetura têm tido um grande impacto na agricultura, sendo benéficas para várias culturas. Cultivares anãs de arroz e trigo foram importantes para a “Revolução Verde” (MULTANI *et al.*, 2003; PILU *et al.*, 2007), marcando, assim, o seu início no final do século XX. Esse tipo de planta passou a ter o uso aumentado devido às altas produtividades.

Plantas de milho de porte baixo vem chamando a atenção dos melhoristas, justamente por conta de suas características fisiológicas e morfológicas (BANDEL, 1987), embora o seu uso comercial ainda seja muito incipiente.

Esse tipo de planta é de fácil identificação em campo, o que facilita o processo de seleção massal. Além de sua característica mais marcante – o porte baixo – essas plantas possuem folhas largas e espessas. Se semeadas em alta densidade, por serem de porte baixo, as entrelinhas ficam logo sombreadas, resultando na competição com plantas daninhas, diminuindo a ocorrência destas na área de cultivo (DURÃES, 1999).

Plantas mais altas são mais susceptíveis ao acamamento e, no Brasil, a produtividade do milho tem sido afetada pelas perdas com plantas tombadas por vento. Por isso, a utilização de cultivares anãs e semi-anãs, posteriormente melhoradas visando uma alta produtividade, podem ser a solução para a resistência ao acamamento (GALE; YOUSSEFIAN, 1985; SALAMINI, 2003).

Algumas regiões com ocorrência de ventos fortes têm optado por incluir cultivares anãs em seus programas, ainda que não muito utilizadas no melhoramento. Cultivares anãs de milho possuem vantagens em áreas com ocorrência de ventos fortes durante praticamente todo o ano (ENTRINGER, 2015). Além da ventania, esse tipo de planta é resistente a doenças e suporta cultivos em alta densidade.

Em relação à morfologia, uma das principais características das plantas portadoras do gene braquítico é o encurtamento dos entrenós. Quando comparadas com plantas de altura normal, há uma notável redução da altura da planta, que é causada por distúrbios de uma auxina responsável pelo alongamento da parede celular. As folhas possuem uma arquitetura diferenciada, apresentam cor mais escura, conferindo maior “stay green” que plantas do tipo normal (ANDERSON; CHOW, 1963; ZANETTE; PATERNIANI, 1992).

As raízes dessas plantas são mais finas e fibrosas, dando assim, mais eficiência na extração de nutrientes e água, porque há um aumento na superfície de contato com o solo, influenciando positivamente no aumento da produtividade de grãos. Todas essas peculiaridades morfológicas e fisiológicas se devem ao gene braquítico (HEDDEN, 2003; MASHINGAIDZE; CHINHEMA, 2004).

O milho braquítico é uma variação anã de milho em que o comprimento dos entrenós diminui, mas as outras partes da planta permanecem iguais (KEMPTON, 1920). Segundo Peng *et al.* (1999) e Monna *et al.* (2002) o braquitismo está associado a defeitos na biossíntese ou percepção da giberelina. Existem três tipos de genes mutantes braquíticos com maior valor

comercial – br-1, br-2 e br-3. Esses tipos expressam fenótipos semelhantes, responsáveis por condicionar a presença de um tipo diferente de giberelina, menos ativa na promoção de crescimento. O br-2 é o que se destaca dentre os genes braquíticos, sendo um dos mutantes mais promissores em populações de milho, promovendo a redução dos internódios sem afetar outros órgãos da planta. O encurtamento do entrenó acontece porque a planta perde uma glicoproteína-P, que modula o transporte de auxinas polares no caule (MULTANI *et al.*, 2003). Este mecanismo é um complexo fenômeno mediado por muitos hormônios vegetais, incluindo auxinas e brassinoesteróides, bem como a giberelina (VOGLER; KUHLE MEIER, 2003).

Os estudos iniciais de populações braquíticas foram realizados na década de 60, mas não foram obtidos bons resultados, porque a produtividade de grãos dessas plantas era muito inferior em relação ao de plantas normais; mas ainda assim, os programas de melhoramento insistiram em trabalhos com as populações. O insucesso, naquela época, foi dado devido à falta de programas de melhoramento genético com este tipo de material, número insuficiente de retrocruzamentos e práticas culturais não adequadas (CAMPBEL, 1965).

Em relação ao milho de porte normal, os primeiros resultados de trabalho sobre milho braquítico não era sobre apresentar uma alta produtividade de grãos; as vezes, eles apresentaram até o inverso: uma produtividade de grãos de 8 a 20% menor que do milho de porte normal. Esses resultados tinham relação com a recuperação incompleta do genótipo original após a incorporação do gene br-2, a pouca oportunidade de seleção para capacidade específica de combinação, a altura de plantas e o ataque de roedores (LENG, 1957). Para outro autor, havia outros motivos para esses resultados, como, por exemplo, programas reduzidos, sendo semeados em áreas onde a altura de planta não era um fator decisivo, ao número insuficiente de retrocruzamentos e as práticas culturais ineficientes (CAMPBEL, 1965). Ele apresenta resultados semelhantes para milho híbrido braquítico e milho híbrido de porte normal quando se diz respeito a produtividade de grãos.

Paterniani (1982) realizou diversos trabalhos com milho de porte baixo devido ao gene br-2. Nestes estudos, a variedade “Piranão”, portadora do genótipo br2br2, apresentou produtividade de grãos em torno de 7.000 kg ha⁻¹, compatível aos melhores híbridos comerciais disponíveis no mercado na época. Por terem raízes mais finas e fibrosas do que os híbridos de arquitetura normal, podem ser mais eficientes em extrair nutrientes imóveis e água, uma vez que existirá maior área de raiz em contato com o solo (MASHINGAIDZE; CHINHEMA, 2004; MUTENGWA *et al.*, 2012). Os genes que conferem o porte mais baixo

as plantas de milho podem ter favorecido a resistência ao acamamento e tolerância a altas densidades populacionais (BEGNA *et al.*, 1999; CASSANI *et al.*, 2009).

2.4 PROLIFICIDADE EM MILHO

A prolificidade é a capacidade da planta de milho produzir duas ou mais espigas com grãos. A prolificidade útil é considerada pela produção de uma espiga principal e outras (uma ou duas) subapicais produtivas por planta.

A domesticação e o melhoramento colaboraram com a seleção de plantas com grãos em uma única inflorescência. Porém, o surgimento de várias espigas, além da ação ambiental, é também um caráter genético herdável, porque surge pela ação de fitohormônios responsáveis por complexos processos fisiológicos que influenciam o desenvolvimento da espiga. Esta é uma característica quantitativa e de alta correlação com a produtividade de grãos (DURÃES, 1999; SANGOI *et al.*, 2010).

A prolificidade não tem sido prioridade nos programas de melhoramento (ELIAS *et al.*, 2010), mas é um caráter que deveria ser mais explorado, pois leva as plantas a apresentar maior tolerância a condições adversas, por conta de sua capacidade de produzir uma espiga em condição de estresse e a segunda ou mais quando o ambiente favorecer a planta, podendo aumentar a produtividade quando a densidade estiver abaixo do ideal (TOKATLIDIS; KOUTROUBAS, 2004).

Considerando que a prolificidade correlaciona-se positivamente com a produtividade de grãos e possui maior herdabilidade, Paterniani (1978) propôs a utilização desse conhecimento para a seleção massal, visando o incremento na produtividade de grãos. O método foi denominado seleção massal para prolificidade e sua descrição foi apresentada por Paterniani e Campos (2005), do seguinte modo: “por ocasião do florescimento da população de seleção, as segundas “bonecas”, inflorescências femininas que correspondem às segundas espigas (a primeira é a superior, a segunda é a mais baixa, podendo existir a terceira, etc...) são protegidas com saquinhos próprios, antes da saída dos estilo-estigmas (“barbas” ou “cabelos”). Depois de cinco a sete dias, dependendo da uniformidade da população, as plantas com apenas uma espiga são despendoadas ou eliminadas. A seguir retira-se as proteções das segundas espigas, agora já com os estilo-estigmas aparentes, sendo estas polinizadas somente por pólen de plantas prolíficas. As sementes dessas segundas espigas serão utilizadas para a próxima semeadura, repetindo-se o procedimento idêntico nos ciclos seguintes.” É

interessante a utilização da seleção massal para prolificidade para melhorar duas populações, visando aplicação do método dos híbridos crípticos para obtenção de híbridos pois, além de oferecer populações com um bom desempenho como base, como exigido pelo sistema críptico, também aumenta a prolificidade, outra condição necessária para aplicação do método.

2.5 MELHORAMENTO E O MILHO HÍBRIDO

O processo de hibridação é de grande interesse no melhoramento de espécies cultivadas, principalmente na cultura do milho, seja para promover a variabilidade genética em populações base ou para exploração do vigor híbrido (MIRANDA FILHO; NASS, 2001). A hibridação é recomendada como o método adequado de melhoramento para o milho, pela facilidade de produção de sementes híbridas, tanto para pesquisa como comercialmente, também pela facilidade de se obter bons níveis de heterose. O milho híbrido de linhagens foi o grande responsável pela evolução sobrevinda na produtividade da cultura, permitindo altos ganhos obtidos pelos agricultores mais tecnificados (PATERNIANI; CAMPOS, 2005).

Um dos principais objetivos do melhoramento é a busca pela heterose e, por isso, ela tem sido extensivamente explorada no milho. Heterose ou vigor híbrido é o aumento de vigor do indivíduo, do conteúdo de carboidratos, da produtividade e da intensidade de outros fenômenos fisiológicos decorrente do cruzamento entre indivíduos contrastantes (fonte). Como explicam Borém e Miranda (2005), um híbrido expressa heterose quando é superior à média dos genitores e, do ponto de vista comercial, quando é superior ao melhor genitor, embora em híbridos triplos e duplos a geração F_1 possa ser inferior ao melhor pai. Isso pode acontecer quando a produção das sementes de alguns híbridos simples é economicamente inviável e este passa a ser apenas o parental feminino de um híbrido triplo ou duplo. Para alguns caracteres, como tempo de florescimento, a heterose também pode ser negativa, quando a dominância é dos alelos para diminuir o caráter. Então a melhor definição de heterose é “a diferença positiva entre a média do F_1 e a média dos pais”.

Shull (1909) foi um botânico e geneticista norte-americano que criou o primeiro esquema para a produção de sementes híbridas de milho. Ao realizar autofecundação, que nada mais é que fecundar a planta com o próprio pólen, eram produzidos descendentes menos vigorosos. Porém, havia descoberto que repetindo o processo nas seis ou oito gerações seguintes, os descendentes fixavam características agrônômicas e econômicas importantes e

esses descendentes tornavam-se semelhantes por meio de seleção. O autor nomeou como linha pura as plantas que geravam filhos geneticamente semelhantes, bem como iguais aos progenitores. Duas linhas puras diferentes ao serem cruzadas, produziam descendentes com grande vigor, chamado vigor híbrido ou heterose, dando origem ao milho híbrido.

A partir de 1909 a heterose em híbridos de linhagens começou a ficar conhecida, pelos trabalhos do autor. Porém, somente na década de 20 que essa tecnologia foi explorada comercialmente, por trabalhos realizados por Jones (1918), que propôs o sistema de cruzamentos para obtenção de híbridos duplos, tendo em vista que híbridos simples não foram aceitos pelos agricultores de imediato. Por volta de 1930, na região conhecida como “Corn Belt”, nos Estados Unidos, é que os híbridos comerciais foram introduzidos. Desde então, as variedades de polinização aberta foram deixando de serem usadas e, a partir de 1960, a área conduzida na região do “Corn Belt” com esse tipo de variedade correspondia a menos de 5% do total da área cultivada com milho (BUENO *et al.*, 2001). No Brasil esse tipo de mudança está em curso e os híbridos simples estão ganhando espaço na faixa de agricultores de alta tecnologia. Os híbridos duplos estão diminuindo no mercado de sementes, sendo utilizados principalmente pela faixa de média tecnologia, e os híbridos triplos dominam a faixa de média/alta tecnologia.

O processo de obtenção do milho híbrido é trabalhoso, o que requer 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, existe a necessidade do uso 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). O método padrão ainda é o principal para obtenção das linhagens, apesar das empresas produtoras de sementes de milho estarem direcionando grandes esforços no método do duplo haploides. Esse método consiste em autofecundar, por contínuas gerações, plantas selecionadas de acordo com o objetivo do melhoramento e o duplo haploides em duplicar os cromossomos de plantas haploides, identificadas por um marcador genético.

As espigas colhidas são selecionadas e semeadas seguindo o esquema de uma espiga por fileira. Na segunda geração as melhores fileiras são selecionadas e, dentro delas, as melhores plantas, repetindo-se o processo. A partir da sétima geração por autofecundação (S₇), considera-se a linhagem “pura” ou “homozigótica” (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Com um grupo de linhagens de origens diferentes ou dois grupos oriundos de populações

contrastantes é possível a produção de híbridos simples, simples modificados, triplos, triplos modificados e duplos. Em síntese, os híbridos podem ser divididos da seguinte maneira:

Simples - resultante do cruzamento de duas linhagens endogâmicas, sendo o potencialmente mais produtivo e uniforme entre os híbridos;

Simples modificado - semelhante ao híbrido simples, porém com o genitor feminino sendo resultado do cruzamento de duas linhagens aparentadas e o genitor masculino uma linhagem. Entre as vantagens apresenta menor custo de produção de sementes quando comparados ao híbrido simples;

Híbrido triplo - resultado do cruzamento de um híbrido simples com uma terceira linhagem como genitor masculino;

Híbrido triplo modificado - semelhante ao híbrido triplo, no entanto com a substituição da linhagem masculina por um híbrido entre linhagens aparentadas;

Híbrido duplo - resultado do cruzamento de dois híbridos simples, ou seja, envolve quatro linhagens endogâmicas, apresentando maior variação genética, maior estabilidade, menor uniformidade, menor potencial de produtividade e custo de sementes;

Híbrido “top cross” - resultado do cruzamento entre um híbrido simples e uma variedade ou uma linhagem e uma variedade;

Híbrido intervarietal - resultado do cruzamento entre duas variedades, sendo possível aproveitar a heterose sem a necessidade da obtenção de linhagens. São menos exigentes e apresentam maior variabilidade genética. No entanto, entre as desvantagens estão a falta de uniformidade das plantas, o que o torna pouco utilizado;

Híbrido intermediário - cruzamento entre dois parentais com endogamia acima de zero e abaixo de um. Praticamente não são utilizados devido à dificuldade na produção de sementes e desuniformidade, como os intervarietais. Podem ser usados como indicativo para iniciar o processo de obtenção de linhagens. Bons híbridos intermediários indicam a possibilidade da obtenção de bons híbridos de linhagens extraídas de seus parentais.

2.6 MÉTODO DOS HÍBRIDOS CRÍPTICOS

Como consequência do melhoramento de populações, novas ideias e métodos surgiram, procurando melhorar a eficiência na obtenção de linhagens e híbridos, bem como diminuir o tempo requerido na sua obtenção. Este é o caso do método dos Híbridos Crípticos (MAGNAVACA, 1973).

O método dos Híbridos Crípticos foi sugerido por Lonnquist e Williams (1967), visando a obtenção de híbridos superiores com base no aumento da frequência de genes complementares e no consequente aumento da capacidade específica de combinação (LOPES *et al.*, 2005). Por este método, pelo menos uma das plantas utilizadas nos cruzamentos deve ser prolífica, sendo uma das estruturas reprodutivas usada para o cruzamento interpopulacional e a outra para a produção de família endogâmica. Os híbridos resultantes do primeiro cruzamento interpopulacional ($S_0 \times S_0$) são avaliados de acordo com as características agrônômicas de interesse. As sementes autofecundadas de cada planta constituirão a primeira geração de autofecundação (S_1) para a obtenção das linhagens. Selecionam-se as melhores progênes S_1 correspondentes aos híbridos $S_0 \times S_0$ superiores, as quais são semeadas em linhas pareadas. Autofecundam-se e cruzam-se novamente os pares de plantas em que pelo menos uma delas seja prolífica. Os cruzamentos $S_1 \times S_1$ são avaliados e as progênes S_2 correspondentes aos híbridos superiores são selecionadas e semeadas novamente em fileiras pareadas. Recomenda-se que o procedimento descrito seja repetido por várias gerações de autofecundação, até se atingir um grau de endogamia satisfatório, avaliando-se a cada geração as linhagens obtidas para capacidade específica de combinação. Os autores do método, conceituam as famílias de irmãos germanos interpopulacionais como sendo híbridos duplos crípticos. Isto porque os indivíduos das populações, são caracterizados como os híbridos simples oriundos do cruzamento entre duas linhagens que o melhorista ainda não tem e, portanto, são linhagens ocultas ou crípticas. Desse modo, o método dos Híbridos Crípticos consiste na identificação dos híbridos duplos crípticos superiores e posterior tentativa de isolamento das linhagens crípticas que poderiam reconstituir este cruzamento.

O trabalho de Lonnquist e Williams (1967) realizado com a cultura do milho, demonstra o comportamento quanto a produção de grãos de famílias de irmãos germanos interpopulacionais derivadas de duas variedades sintéticas melhoradas. Neste estudo foram utilizadas as populações SSS_{III} e B_{IV}, nos ciclos III e IV de seleção recorrente para capacidade geral de combinação. Um total de 102 híbridos crípticos ($S_0 \times S_0$) foram obtidos e avaliados em dois anos consecutivos, constatando uma grande variação para a heterose que apresentou média de 31%, com uma amplitude de -8% a 51%. Dos cinco melhores híbridos crípticos selecionados ($S_0 \times S_0$), foi obtido, dentro de cada par, um bom número de cruzamentos $S_1 \times S_1$. Em experimentos de competição, a produção de grãos dos dois tipos de híbridos ($S_0 \times S_0$ e $S_1 \times S_1$) foi essencialmente igual. Os autores concluíram ser conveniente aplicar o referido método em populações previamente selecionadas para bons caracteres agrônômicos, pois isto

levará a uma diminuição do tempo solicitado para o desenvolvimento de híbridos superiores. Como o melhoramento prévio das populações é feito à custa da variabilidade genética aditiva, o desenvolvimento preliminar de grande número de linhagens, e sua avaliação para capacidade geral de combinação, tornam-se desnecessários. A seleção para capacidade específica de combinação pode ser feita imediatamente, poupando muito tempo e esforço no desenvolvimento de híbridos. O aumento da prolificidade, como consequência do melhoramento das populações, é a chave para a produção dos híbridos duplos crípticos.

Hallauer (1973) descreve os resultados de ganho de produção obtidos pela utilização do método dos Híbridos Crípticos, após seis gerações de teste. O trabalho foi realizado com as populações “Iowa Two-ear Synthetic” (BSTE) e “Pioneer Two-ear Composite” (PHPRC). Dos 144 cruzamentos $S_0 \times S_0$ inicialmente testados, apenas dois excederam os seis híbridos testemunhas. No entanto, em $S_5 \times S_5$ todos os 14 híbridos simples selecionados excederam a média das testemunhas, sendo sete destes significativamente superiores a melhor das testemunhas.

Os experimentos de Magnavaca (1973) com a aplicação da metodologia proposta por Lonquist e Williams (1967), discriminam resultados de duas gerações (S_0 e S_1) de obtenção de linhagens em duas populações de milho, Cateto Colômbia Composto e Dentado Composto A. O autor revela que a produtividade de alguns híbridos crípticos $S_1 \times S_1$, foram superiores a dois dos melhores híbridos comerciais para a época, o que leva a prever a possibilidade de se obter linhagens para a síntese de híbridos de alta produtividade.

Em suma, analisando as considerações expostas sobre o método dos Híbridos Crípticos, teoricamente, este é excelente para a obtenção de híbridos de linhagens, uma vez que ao longo de sua execução estão previstos cerca de seis ciclos de seleção para avaliar a capacidade específica de combinação. Entretanto, atualmente, pode ser considerado de uso relativamente restrito em comparação com o processo convencional de obtenção de linhagens e híbridos. Parcialmente isto se deve ao fato das autofecundações levarem a perda de vigor das linhagens fêmeas. O maior vigor das plantas nas fileiras femininas, durante a síntese dos híbridos, tende a baratear o custo das sementes híbridas e tornar mais competitiva a exploração prática da heterose.

Existem poucos estudos publicados sobre o método dos híbridos crípticos em programas de melhoramento no momento apenas tendo-se notícias, não publicadas, de que algumas firmas privadas o utilizam em seus programas, explorando sintéticos obtidos de linhagens elites. Em razão desse problema, torna-se relevante realizá-lo para obter mais

resultados que possam ser discutidos e aproveitados em posteriores pesquisas. No presente trabalho foi realizado o primeiro ciclo do método dos híbridos crípticos, utilizando-se as populações Isanão - VF1 e Isanão - VD1 de milho braquítico, que foram submetidas a sete ciclos de seleção massal recorrente para aumento da prolificidade.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 DESCRIÇÃO DO LOCAL DE INSTALAÇÃO E ÉPOCAS

Os experimentos foram conduzidos em área experimental da Fazenda de Ensino e Pesquisa da UNESP - Campus de Ilha Solteira, localizada no município de Selvíria-MS, apresentando as coordenadas geográficas 51° 22' de longitude Oeste e 20° 22' de latitude Sul com altitude de 335 metros.

Os experimentos foram instalados em duas épocas, sendo na primeira safra 2018/2019, de outubro/2018 a fevereiro/2019, e segunda safra 2018/2019, entre março e agosto/2019.

3.2 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS

As populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 foram obtidas pela reincorporação do gene braquítico, isolado na geração S₄ de autofecundação dos Compostos Flintisa e Dentado (altura normal). A reincorporação foi feita pelo cruzamento das progênes S₄ braquíticas com suas respectivas populações de origem, sendo obtida a geração F₂ e realizada a recombinação das plantas braquíticas (CANDIDO; ANDRADE, 2008). Em seguida foram realizados sete ciclos de seleção massal recorrente para prolificidade de acordo com o método proposto por Paterniani (1978), adaptando-se a recombinação para polinização manual, com “sib” entre as plantas prolíficas, obtendo-se as populações Isanão-VF1 PROL 7 e Isanão-VD1 PROL 7.

Um total de 100 cruzamentos (irmãos germanos interpopulacionais S₀ x S₀) e as respectivas progênes S₁ das plantas parentais (S₀) entre as populações Isanão-VF1 PROL 7 e Isanão-VD1 PROL 7 foram obtidas no primeiro semestre 2018.

Foram semeadas vinte e quatro linhas de 50 m, espaçadas de 0,85m, de Isanão-VF1 PROL 7 e Isanão-VD1 PROL 7, sendo doze linhas de cada população, de forma intercalada. No processo de polinização foram escolhidas as plantas prolíficas para, em cada par interpopulacional, realizar as seguintes etapas: autofecundação da espiga inferior das duas plantas constituintes de cada cruzamento e, dois dias depois, o cruzamento nos dois sentidos, obtendo-se duas espigas cruzadas de cada par e uma autofecundada de cada parental. Foi realizado um total de 300 cruzamentos, com as respectivas autofecundações e selecionados 100 para avaliação. Na colheita as espigas autofecundadas foram debulhadas e guardadas em

câmara seca para esperar o resultado da avaliação dos cruzamentos e as duas espigas cruzadas de cada par foram debulhadas juntas para montagem dos ensaios de avaliação.

Para a primeira safra, foram avaliados os 100 cruzamentos $S_0 \times S_0$ em delineamento látice triplo 10x10 (COCHRAN; COX, 1957). A cada bloco do látice (10 parcelas) foi colocada uma parcela com o parental Isanão-VF1 PROL 7. A parcela experimental foi constituída por duas linhas de 5 m espaçadas de 0,45 m, com um total de 27 plantas (60.000 plantas/ha), sendo utilizada integralmente. Foi semeado o dobro de sementes com desbaste no estádio de cinco folhas.

Na segunda safra, foram avaliados 94 cruzamentos (seis não tinham sementes suficientes) com três repetições no delineamento em blocos casualizados, também repetindo-se o parental Isanão-VF1 PROL7 a cada 10 parcelas. A parcela experimental e a condução do experimento foi idêntica à primeira safra.

Em ambos os experimentos adubações de base (250 kg/ha da fórmula 8-28-16) e cobertura (230 kg de ureia/ha) foram feitas de acordo com a análise de solo, visando uma produtividade de 8 t/ha. Os demais tratos culturais, como aplicação de herbicida e inseticida foram realizados conforme as necessidades da cultura na safra.

3.3 CARACTERES AVALIADOS

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

- a) Altura de plantas (AP) – medida em centímetros, do nível do solo ao final da bainha da folha bandeira (média de dez plantas da parcela);
- b) Altura de espigas (AE) – medida em centímetros, do nível do solo à inserção da espiga superior (média de dez plantas da parcela);
- c) Estande final (EF) – número total de plantas de cada parcela na colheita;
- d) Plantas tombadas (PT) – número de plantas acamadas por parcela (colmo formando um ângulo maior que 20° com a vertical) e quebradas [colmo quebrado abaixo da inserção da (s) espiga (s)];
- e) Umidade dos grãos (U) – medida em porcentagem, com utilização de aparelho eletrônico após debulha da das parcelas e no momento da pesagem;
- f) Massa de grãos (MG): obtido em kg ha^{-1} com a pesagem dos grãos colhidos na parcela total.

Em seguida foram calculados os caracteres variância para AP (VAP), variância para AE (VAE), % de tombamento ($TOMB = 100PT/EF$) e produtividade de grãos em $kg\ ha^{-1}$ e corrigidos para 13% de umidade base úmida [$PG = 10.000\ MG\ (1-U)/(4,5\ (1-0,13))$]. A PG também foi corrigida para estande ideal de 27 plantas por parcela pelo método da covariância (CRUZ, 2006).

3.4 ANÁLISES DE VARIÂNCIA

A análise estatística foi realizada para os caracteres AP, VAP, AE, VAE, TOMB e PG, inicialmente para cada experimento e posteriormente a análise conjunta. Na primeira safra, foi inicialmente feita a análise em látice e depois em blocos casualizados como descrito por Gomes (1978).

Para as análises individuais de cada experimento (Tabela 1), o modelo matemático empregado foi:

$$Y_{ij} = m + b_j + t_i + e_{ij}, \text{ onde:}$$

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

m : média geral;

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

t_i : efeito aleatório do tratamento i ;

e_{ij} : erro devido a fatores não controlados em nível das parcelas

Tabela 1 - Esquema da análise de variância individual para cada experimento

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	$j - 1$	SQB	QMB	QMB/QMR
Cruzamentos	$i - 1$	SQT	QMT	QMT/QMR
Resíduo	$(i - 1)(j - 1)$	SQR	QMR	
Total	$ij - 1$	SQtotal		

Fonte: própria autora

A análise de variância conjunta (Tabela 2) foi feita conforme o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = m + B/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}, \text{ em que:}$$

Y_{ijk} : valor observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente e no k -ésimo bloco;

m : média geral;

B/A_{jk} : efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente;

G_i : efeito aleatório do i -ésimo genótipo;

A_j : efeito do j -ésimo ambiente;

GA_{ij} : efeito da interação entre o i -ésimo genótipo e o j -ésimo ambiente;

E_{ijk} : efeito do erro experimental.

Tabela 2 – Esquema da análise de variância conjunta para as duas safras.

FV	GL	QM	E(QM)*	F
Blocos/Safra	$(r-1)a$	QMB	$Ve + gVb$	QMB/QMR
Cruzamentos (C)	$g-1$	QMC	$Ve + raVg$	QMC/QMR
Safras (S)	$a-1$	QMS	$Ve + gVb + ra/(a-1)Vga + rg\Box s$	$(QMS + QMR)/(QMB + QMSC)$
SxC	$(g-1)(a-1)$	QMSC	$Ve + ra/(a-1)Vga$	QMSC/QMR
Erro médio	$a(r-1)(g-1)$	QMR	Ve	
Total	$rga-1$			

* - Ve : variância ambiental; Vb : variância de blocos; Vg : variância genética interpopulacional;
 Vga : variância da interação genótipo x ambiente; $\Box s$: Componente quadrático de safras.

Fonte: própria autora.

Como a amostragem das plantas S_0 foi feita aleatoriamente em cada população, a natureza aleatória dos cruzamentos fica bem caracterizada. Então também foi calculada a herdabilidade e o ganho esperado no cruzamento entre as populações após um ciclo de seleção das melhores plantas S_0 em cruzamento, com intensidade de 20%, da seguinte forma: $h^2 = Vg/(Vg + QMR)$; $G_e = d_s h^2 = (m_s - m_0)h^2$; $G_e(\%) = 100G_e/m_0$, onde:

h^2 : herdabilidade interpopulacional;

Vg : variância genética interpopulacional ($Vg = (QMC - QMR)/ra$;

QMR : quadrado médio do resíduo (ou variância ambiental).

G_e : ganho esperado em unidades de cada caráter;

$G_e(\%)$ = ganho esperado em porcentagem da média

geral; d_s : diferencial de seleção ($d_s = m_s - m_0$); m_s : média

dos 20% melhores híbridos; m_0 : média de todos os

híbridos.

Também foram calculadas as respostas correlacionadas nos caracteres AP, VAP, AE, VAE e TOMB, com base na seleção dos cruzamentos mais produtivos, com intensidade de 20%. As respostas correlacionadas foram calculadas com base no diferencial de seleção e das

herdabilidades: $RC_{x/PG} = ds_x h_x^2$), onde x é o caráter diferente de PG, ds_x é a diferença entre a média do caráter x nos híbridos selecionados para PG e a média geral do caráter x .

Para auxiliar na visualização dos melhores cruzamentos foram construídos gráficos de dupla entrada dos caracteres AP, VAP, AE, VAE e TOMB em função do PG.

Todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa Genes (CRUZ, 2006).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após a análise no delineamento em látice triplo para a primeira safra, verificou-se eficiência abaixo de 110% para todos os caracteres estudados. Portanto optou-se pela análise em blocos casualizados também na primeira safra.

O Teste F indicou diferenças significativas em nível de 1% de probabilidade para o efeito de tratamentos em todos os caracteres analisados nas primeira e segunda safras, sendo a primeira evidência de variabilidade entre os híbridos duplos crípticos. Isso foi confirmado pelo agrupamento de Scott-Knott (Tabelas 4 e 5) que indicou a existência de seis grupos de híbridos para altura de plantas, seis grupos para altura de espigas, dois grupos para tombamento e quatro grupos para produtividade de grãos para primeira safra. Na segunda safra ocorreram quatro grupos de híbridos para altura de plantas, quatro grupos para altura de espigas, três grupos para tombamento e dois grupos para produtividade de grãos.

Com base nos quadrados médios da análise de variância para produtividade de grãos na primeira safra (Tabela 3) foi calculada uma variância genética interpopulacional de $812217,09 \text{ (kg ha}^{-1}\text{)}^2$ e herdabilidade interpopulacional de 49,40%, indicando possibilidade real de se obter ganho da ordem de 11,36%, resultado próximo ao do trabalho de Carvalho *et al.* (2003), que estimaram o ganho médio com a seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos de 13,62% para a produtividade de grãos.

As médias da altura de plantas dos híbridos na primeira e segunda safras (209,05 cm e 207,45 cm, respectivamente) foram maiores do que a do IVF-1 (194,14 cm na primeira safra e 190,47 cm na segunda safra) e apresentaram as médias da produtividade de grãos mais elevadas, que, segundo Schneider *et al.* (2015), tem relação com a altura de plantas.

Para altura de plantas a variância genética interpopulacional foi $249,44 \text{ (cm/pl)}^2$; para altura de espigas foi de $184,36 \text{ (cm/planta)}^2$, valor bem maior do que o encontrado no trabalho de Cárdenas (2005), que foi $87,20 \text{ (cm/planta)}^2$. As herdabilidades foram 75,27 e 81,71%, também indicando possibilidade real de obtenção de híbridos com menor estatura nos ciclos seguintes, com respostas correlacionadas de -8,54% e -17,31%, respectivamente para altura de plantas e espigas, considerando a seleção dos 20% melhores para produtividade de grãos. Para tombamento, a herdabilidade foi menor (26,86%), abaixo do encontrado no trabalho de Garcia (2009), que observou herdabilidade de 50,35%, que também utilizou populações de Isanão VF1 e Isanão VD-1; mas a resposta correlacionada esperada foi de 15,07%.

Na segunda safra, com base nos quadrados médios da análise de variância (Tabela 3),

para produtividade de grãos foi estimada uma variância genética interpopulacional de $242642,21 \text{ (kg ha}^{-1}\text{)}^2$, observando uma herdabilidade interpopulacional de 40,96%, um pouco inferior à encontrada por Garcia (2009), que foi de 54,78%. Com esses dados, a possibilidade de ganho é de 10,60% em relação a produtividade de grãos do ciclo anterior.

Para altura de plantas e altura de espigas, a variância genética interpopulacional foi de 277,36 e 170,04 (cm/planta)^2 , respectivamente. Atingiram herdabilidade interpopulacional de 68,67% para altura de plantas e 74,63% para altura de espigas, que indicaram possibilidade real de ganho da ordem de 8,71% e 16,20%, respectivamente para altura de plantas e altura de espigas, considerando a seleção dos 20% melhores híbridos, valores próximos aos resultados encontrados por Garcia (2009), 8,49% para altura de plantas e 13,25% para altura de espigas. Para tombamento, a herdabilidade foi de 34,38% e o ganho esperado foi de 19,12%, o maior entre as variáveis da segunda safra, próximo ao ganho esperado constatado por Garcia (2005) em seu trabalho (22,03%). Essas predições favoráveis foram comprovadas em avaliações de cruzamentos $S_1 \times S_1$, $S_2 \times S_2$ e $S_3 \times S_3$ por Lopes *et al.* (2005).

Na primeira safra a menor altura de planta observada foi de 159,17 cm, diferindo significativamente dos demais tratamentos. Além desse, nove outros híbridos são de interesse para esse caráter estando também entre os mais produtivos (Tabela 4). Na segunda safra, a menor altura de planta observada foi de 160,83 cm, estando dentro de um grupo com mais 15 híbridos (Tabela 5). Menores alturas de plantas e espigas, uma das modificações verificadas na arquitetura das plantas de milho (ALMEIDA *et al.*, 2000), tem sido caracteres desejáveis entre os produtores por permitir cultivos em maiores densidades (MUNDSTOCK, 1977; RIZZARDI; PIRES, 1996) e maior eficiência na colheita mecânica, ao mesmo tempo em que reduz problemas relacionados ao acamamento e quebramento de plantas antes do ponto de colheita, comumente evidenciado com plantas de porte elevado. Além disso, a menor altura de plantas tem permitido maior penetração de luz no dossel (mesmo com alto índice de área foliar) e diminuição de competição intraespecífica por recursos naturais em altas populações de plantas. No entanto, com uma boa qualidade de colmo é possível aceitar híbridos altos que não apresentam correlação positiva da altura de plantas e de espigas com tombamento.

Neste trabalho as correlações de altura de plantas e espigas com tombamento foram baixas ($<0,4$), justificando a possibilidade de seleção também de híbridos altos (Tabela 8). Souza *et al.* (2008) encontraram valores negativos para essas correlações (-0,48 para altura de plantas e tombamento e -0,59 para altura de espigas e tombamento). Garcia (2009) também

observou valores negativos para essas correlações, -0,53 para altura de plantas e tombamento e -0,40 para altura de espigas e tombamento.

A correlação entre altura de plantas e altura de espigas é alta em todas as análises (0,90 na primeira safra, 0,92 na segunda safra e 0,92 na análise conjunta) (Tabela 8), como demonstrado no trabalho de Coimbra *et al.* (2001), que acharam valores para o coeficiente de correlação de 0,96, Souza *et al.* (2008), com correlação igual a 0,85 e Garcia (2009) com correlação igual a 0,86. Isso significa que grande parte dos genes envolvidos na determinação de altura de plantas está também envolvido na determinação da altura de espigas.

Produtividade de grãos teve correlações baixas com tombamento em todas as safras, 0,16 na primeira safra, -0,07 na segunda safra e 0,03 na conjunta, assim como no trabalho de Garcia (2009), que observou correlação -0,12.

Produtividade de grãos apresenta valores altos de correlação com altura de plantas (0,74 na primeira safra, 0,55 na segunda safra e 0,75 na análise conjunta) (Tabela 8), indicando efeito direto positivo dessas duas variáveis, valores maiores que no trabalho de Marconato (2018), que encontrou uma correlação igual a 0,31, e de Garcia (2009), constatou correlação 0,41.

Produtividade de grãos e altura de espigas apresentaram correlação variando de 0,43 a 0,75. Garcia (2009) identificou em seu trabalho correlação de 0,53 para esses caracteres. Tratando-se de milho braquítico, que possui altura de plantas e espigas menores, é permissível aceitar híbridos produtivos mais altos, embora também seja interessante tentar quebrar essa correlação e obter híbridos produtivos e com, pelo menos, espigas baixas, conforme pode-se verificar nas Figuras 1 e 2.

Devido aos locos modificadores, as populações parentais apresentam muita variação para altura de plantas e espigas como resposta à seleção para prolificidade, em populações braquíticas. Como consequência ocorreu uma grande variação dentro de muitos cruzamentos para altura de plantas e espigas, medidas pelas variâncias de altura de planta e espiga (Tabelas 4 e 5). Percebe-se que há pouca coincidência entre os melhores cruzamentos para altura de planta e altura de espiga e para produtividade de grãos (Tabelas 4, 5, 6 e 7). Porém, os superiores para produtividade de grãos devem avançar para o ciclo seguinte, esperando-se que com o aumento da homozigose das linhagens, ao longo dos ciclos, os caracteres altura de planta e altura de espiga sejam uniformizados de modo aceitável. De fato, pelos quadrados médios da Tabela 3, as herdabilidades para VAP e VAE foram de 50,54% e 64,77% na primeira safra e 29,81% e 62,34% na segunda safra.

Com a seleção dos 22 cruzamentos mais produtivos (Tabela 6) a previsão de redução dessas variâncias dentro, como respostas correlacionadas foi de 29,81% e 44,66% na primeira safra. E com a seleção dos 18 cruzamentos mais produtivos (Tabela 7) da segunda safra, a previsão de redução dessas variâncias dentro, foi de 14,93% para VAP e 41,77% para VAE.

O agrupamento considerado mais produtivo da primeira safra possui uma média de 7278,90 kg ha⁻¹, variando de 6938,48 até 8106,41 kg ha⁻¹ (Tabela 6) e os 20 melhores prosseguirão no ciclo seguinte, mas há possibilidade de se especular sobre bons cruzamentos para possível exploração de híbridos intermediários em curto prazo. Na segunda safra essa média foi de 4029,47 kg ha⁻¹, variando de 3738,91 a 4412,32 kg ha⁻¹ (Tabela 7).

Nos gráficos de dispersão da produtividade de grãos em função da altura de plantas, da variância da altura de plantas, da altura de espiga, da variância da altura de espiga e do tombamento (Figuras 1 a 10), os híbridos ideais, são aqueles colocados nos quadrantes inferiores à direita, ou seja, os mais produtivos, menores, com pouco tombamento e mais uniformes para alturas de planta e espiga. Nessas condições é possível identificar seis híbridos promissores (10, 26, 39, 41, 54 e 80) para a primeira safra e seis híbridos promissores (7, 39, 50, 54, 75 e 78) para a segunda safra, sendo esses considerados os melhores. O melhor deles (54) apresentou produtividade de grãos de 7171,33 kg ha⁻¹, altura de plantas de 202,00 cm, altura de espigas de 82,17 cm, 17,56% de tombamento e variância de 543,89 cm² e 124,17 cm² para altura de plantas e altura de espigas, respectivamente, na primeira safra. Na segunda safra, este mesmo híbrido apresentou produtividade de grãos de 4199,35 kg ha⁻¹, altura de plantas de 204,83 cm, altura de espigas de 71,00 cm, 7,74% de tombamento e variância de 551,02 cm² para AP e 99,82 cm² para AE. Porém, para altura de plantas e altura de espigas, pode-se estender a seleção para o quadrante superior direito, entendendo-se que híbridos altos, mas uniformes e com baixo acamamento, também possam ser aproveitados.

Assim foi possível identificar mais quatro híbridos na primeira safra (35, 46, 74 e 90) que também se aproximaram das condições ideais, produzindo entre 6938,48 e 7243,09 kg ha⁻¹, com altura de plantas entre 208,17 e 221,67 cm, altura de espigas entre 84,50 e 108,17 cm, tombamento entre 8,80 e 15,16% e baixa variância para AP e AE (Tabela 6). Na segunda safra, de acordo com essa seleção mais estendida, foi possível identificar mais quatro híbridos (25, 46, 76 e 77), produzindo entre 3981,13 e 4341,08 kg ha⁻¹, com altura de plantas entre 225,33 e 236,33 cm, altura de espigas entre 90,00 e 110,83 cm, tombamento entre 8,92 e 21,01% e baixa variância para AP e AE (Tabela 7). Deste modo, pode-se explorar híbridos

intermediários ($S_1 \times S_1$), como uma derivação do programa que continuará normalmente com os 20% mais produtivos.

5 CONCLUSÕES

Em condições de primeira e segunda safras verifica-se que as populações Isanão – VF1 e Isanão - VD1 tem excelente potencial para retirada de linhagens para produção de híbridos superiores pelo método dos híbridos crípticos.

Também foram identificados dez cruzamentos na primeira safra (10, 26, 35, 39, 41, 46, 54, 80 e 90) e dez cruzamentos na segunda safra (7, 25, 39, 46, 50, 54, 75, 76, 77 e 78) produtivos e uniformes, que poderão ser avaliados para uso em curto prazo como híbridos intermediários.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, M. L.; MEROTTO JÚNIOR, A.; SANGOI, L.; ENDER, M.; GUIDOLIN, A. F. Incremento na densidade de plantas: uma alternativa para aumentar a produtividade de grãos de milho em regiões de curta estação estival de crescimento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n. 1, p. 23-29, 2000.
- ANDERSON, J. C.; CHOW, P. N. Phenotypes and grain yield associated with brachytic-2 gene in single-cross hybrids of dent corn. **Crop Science**, Madison, v. 3, p. 111-113, apr. 1963.
- BANDEL, B. Genética. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 795 p.
- BEGNA, S. H.; HAMILTON, R. I.; DWYER, L. M.; STEWART, D. W.; SMITH, D. L. Effects of population density on the vegetative growth of leafy reduced stature maize in short season areas. **Journal of Agronomy and Crop Science**, Somerset, v. 182, n. 1, p. 49-55, 1999.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. p. 441-463.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de Plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2001. 282 p.
- CAMPBELL, C. M. New dwarfs and modifiers. In: NA. HY. CORN IND. CONF., 20., 1965, Washington. **Proceedings** [...] [S. l.: s. n.], 1965. p. 22-30.
- CANDIDO, L. S. **Potencial do composto Flintisa anão de milho para melhoramento em condições de espaçamento reduzido e na Safrinha**. 2005. 92 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, São Paulo, 2005.
- CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C. Breeding potential of maize composite Isanão VF1 in small spacing in the second growing season. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 1, p. 56-64, 2008.
- CÁRDENAS, F.E.N. **Valor genético de populações de milho adaptadas para a região sudoeste de Goiás**. 2005. 196 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 2005.
- CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X.; SOUZA, E. M. S. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 1, p. 73-78, 2003.
- CASSANI, E.; BERTOLINI, E.; BADONE, F. C.; LANDONI, M. GAVINA, D.; SIRIZZOTTI, A.; PILU, R. Characterization of the first dominant dwarf maize mutant carrying a single amino acid insertion in the VHYNP domain of the dwarf8 gene. **Molecular Breeding**, New York, v. 24, n. 1, p. 375-385, 2009.

COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental Design**. 2ª. ed.. New York: John Wiley & Sons, 1957. 611 p.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D. Correlações entre caracteres na população de milho-pipoca DFT 1 – Ribeirão. **Revista Ceres**, Campinas, v. 48, n. 278, p. 427-435, 2001.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, terceiro levantamento, dezembro 2017**. Brasília, DF: Conab, 2017.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, nono levantamento, Julho de 2020 – Brasília, DF: Conab, 2020.**

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2018/19**. Décimo levantamento, Julho de 2019. Disponível em: https://www.conab.gov.br/component/k2/item/download/27148_784c4d4368c35979df1ea007136999ae. Acesso em: 20 ago. 2018.

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: 20 abr. 2020.

CRISTELI, D. S. **Variabilidade genética em duas populações braquíticas de milho após sete ciclos de seleção massal para prolificidade**. 2018. 78 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Departamento de Biologia e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2018. Disponível em: https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/154981/cristeli_ds_me_ilha.pdf?sequence=3&isAllowed=y. Acesso em: 20 abr. 2020.

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

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

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

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

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.

GALE, M. D.; YOUSSEFIAN, S. Dwarfing genes in wheat. In: RUSSELL, G. E (ed). **Progress in Plant Breeding**. Londres: [s.n.], 1985. p. 1-35.

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

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

JONES, D. F. The effects of inbreeding and cross breeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, New Haven, v. 207, n. 4, p. 5-100, 1918.

KEMPTON, J. H. Heritable characters of maize. **Journal of Heredity**, Washington, v. 11, n. 1, p. 111-115, 1920.

LENG, E. R. Genetic production of short stalked hybrids. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 12., 1957, Chicago. **Proceedings** [...] Chicago: [s.n.], 1957. p. 80-89.

LONNQUIST, J. H.; WILLIAMS, N. E. Development of maize hybrids through selection among full sib families. **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 369-70, 1967.

LOPES, M. T. G., VIANA, J. M. S.; LOPES, R. Capacidade produtiva de híbridos de famílias endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) obtidos pelo método dos híbridos crípticos. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 52, n. 303, p. 613-632, 2005.

MAGNAVACA, R. **Aplicação do método dos híbridos crípticos para obtenção de linhagens de milho (*Zea mays*, L.)**. 1973. 52 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1973.

MARCONATO, M. B. **Associação entre caracteres e formação de grupos divergentes em linhagens de milho**. 2018. 40 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista – UNESP, Jaboticabal, 2018.

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

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

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.

MONNA, L.; KITAZAWA, N.; YOSHINO, R.; SUZUKI, J.; MASUDA, H.; MAEHARA, Y.; TANJI, M.; SATO, M.; NASU, S.; MINOBE, Y. Positional cloning of rice semi dwarfing gene, sd-1: rice ‘green revolution gene’ encodes a mutante enzyme involved in gibberellin synthesis. **DNA Research**, Tokyo, v. 9, n. 1, p. 11-17, 2002.

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

MUNDSTOCK, C. M. Densidade de semeadura no milho para o Rio Grande do Sul. **Embrapa Trigo**. Porto Alegre: UFRGS/ASCAR, 1977. 35 p. (Boletim Técnico, 1).

MUTENGWA, C. S.; GANDIWA, N.; MUCHENA, S. C. Genetic analysis of resistance to maize streak virus disease in dwarf maize germplasm. **African Journal of Agricultural Research**, Lagos, v. 7, n. 48, p. 6456-6460, 2012.

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

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

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 969 p.

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.

PENG, J.; RICHARDS D. E.; HARTLEY, N. M.; MURPHY, G. P.; DEVOS, K. M.; FLINTHAM, J. E.; BEALES, J.; FISH, L. J.; WORLAND, A. J.; PELICA, F.; SUDHAKAR, D.; CRHISTOU, P.; SNAPE, J. W.; GALE, M. D.; HARBERD, N. Greenrevolution genes encode mutant gibberellin response modulators. **Nature**, London, v. 400, n. 1, p. 256-261, 1999.

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

RIZZARDI, M. A.; PIRES, J. L. Resposta de cultivares de milho à distribuição de plantas na linha, com e sem controle de plantas daninhas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 26, n. 1, p. 1317, 1996.

SALAMINI, F. Hormones and the green revolution. **Science**. Washington, v. 302, n. 1, p. 7172, 2003.

SANGOI, L.; SCHWEITZER, C.; SCHMITT, A.; PÍCOLI JUNIOR, G. J.; VARGAS, V. P.; VIEIRA, J.; SIEGA, E.; CARNIEL, G. Perfilhamento e prolificidade como características estabilizadoras do rendimento de grãos de milho em diferentes densidades. **Revista brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 9, n. 3, 2010.

SCHNEIDER, L. I.; MUNIZ, M. F. B.; SOMAVILLA, I.; GIEHL, J.; FRUET, S. F. T. IX CONGRESSO BRASILEIRO DE AGROECOLOGIA, 2015, Belém. Estimação de parâmetros e correlação genética em progênies de meios-irmãos de milho crioulo. **Cadernos de Agroecologia**, [s. l.], v. 10, n. 3, 2015.

SHULL, G. H. A pure line method of corn breeding. **Report American Breeders Association**, Washington, v. 5, n. 2, p. 51-59, 1909.

SOUZA, A. R. R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIR, P. L. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Revista Caatinga**, v. 21, n. 4, p. 183-190, outubro-dezembro, 2008.

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

TOPPA, E.V.B.; Silva, C.J.; Zoz, T.; Silva, T. M. N. Análise comparativa dos métodos de obtenção de linhagens “Standart” e híbridos crípticos. **Revista Verde**, Mossoró, v. 7, n. 1, p. 29-32, 2012.

U.S. Department of Agriculture, USDA. 3º levantamento da safra 2019/20 – Julho/19. Disponível em: <<http://www.usda.gov/wps/portal/usda/usdahome>>. Acesso em: 06/09/2019. VOGLER H.; KUHLEMEIER, C. Simple hormones but complex signalling. **Current Opinion Plant Biology**, Pompano Beach, v. 6, n. 1, p. 51-56, 2003.

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

APÊNDICE A – TABELAS

Tabela 3 – Quadrados médios da análise de variância, variância genética interpopulacional (V_g), herdabilidade (h^2) e ganho esperado com seleção (intensidade de 20%) dos híbridos mais produtivos (G_e - %), para os caracteres altura de planta (AP - cm), variância da altura de plantas (VAP - cm^2), altura de espiga (AE - cm), variância da altura de espigas (VAE - cm^2), tombamento (TOMB - %) e produtividade de grãos (PG - $kg\ ha^{-1}$).

FV	GL	AP	VAP ^a	AE	VAE ^a	TOMB	PG ^a
Primeira safra							
Blocos	2	766,63	1,1735	14,30	0,9589	160,11	48,6312
Híbridos	99	830,29**	5,9434**	594,34**	2,3975**	328,93**	32,6851**
Resíduo	198	81,95	1,4621	41,26	0,3679	156,47	8,3185
Média		209,05	829,16	92,47	446,28	21,83	5944,57
IVF-1 P7		194,15	912,88	78,44	504,18	17,34	4143,78
CV(%)		4,33	46,11	6,95	42,98	57,30	15,34
V_g		249,44	1,4938	184,36	0,6765	57,49	8,1222
h^2		75,26	50,54	81,71	64,77	26,87	49,40
G_e (%)		-8,54	-29,81	-17,31	-44,66	-15,07	11,36
Segunda safra							
Blocos	2	6,127,695	0,3422	37,90	0,2345	135,02	36,0037
Híbridos	93	958,59**	3,0513**	567,92**	1,2471**	300,49**	10,7768**
Resíduo	186	126,52	1,3418	57,81	0,2091	116,84	3,4975
Média		207,45	739,68	85,30	308,65	22,69	3201,27
IVF-1 P7		190,47	873,88	72,32	341,58	22,18	2591,72
CV(%)		5,42	49,52	8,91	46,84	47,63	18,47
V_g		277,36	0,5698	170,04	0,3460	61,22	2,4264
h^2		68,67	29,81	74,63	62,34	34,38	40,96
G_e (%)		-8,71	-14,93	-16,20	-41,77	-19,12	10,60
Conjunta							
Blocos/S	4	674,58	0,8432	22,63	0,4893	197,10	35,0095
Híbridos	93	1623,00**	7,6306**	1086,28**	3,4443**	469,06**	29,8860**
Safra (S)	1	153,78	8,9580	5985,23**	24,4703**	70,27	103135,5990**
Híbr x S	93	175,98**	1,5673	79,49**	0,3185	175,26	13,2162**
Resíduo	372	105,47	13,6826	49,51	0,2946	136,93	5,9058
Média		207,98	779,54	88,56	374,53	22,34	4553,55
IVF-1 P7		192,31	893,38	75,38	422,88	19,76	3367,75
CV(%)		4,94	47,45	7,95	45,83	52,38	16,88
V_g		252,92	1,0437	172,80	0,5249	55,35	3,9967
h^2		70,57	43,27	77,73	64,05	28,79	40,36

** - Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. ^a – Valores dos quadrados médios e variância genética estão divididos por 10^5 .

Fonte: dados da pesquisa da autora.

Tabela 4 – Médias dos 20% melhores híbridos crípticos (H) da primeira safra para os caracteres: altura de plantas (AP – em cm); variância da altura de plantas (VAP – em cm²); altura de espigas (AE – em cm); variância da altura de espigas (VAE – em cm²) e tombamento (TOMB – em %).

AP		VAP		AE		VAE		TOMB	
H	Média	H	Média	H	Média	H	Média	H	Média
57	159,17 ^a	50	165,37a	57	57,33 ^a	56	85,65a	1	3,85a
67	176,50b	47	266,76a	36	65,50 ^a	31	108,15a	84	5,33a
12	176,83b	53	272,04a	18	67,83 ^a	45	119,45a	36	6,70a
36	182,17b	12	283,80a	3	69,17 ^a	7	120,83a	18	6,89a
7	182,50b	70	303,80a	67	70,83b	23	122,78a	31	6,98a
32	182,67b	56	314,72a	63	71,17b	78	122,96a	74	8,80a
18	184,17b	67	317,50a	4	71,83b	53	123,89a	53	9,27a
75	184,50b	58	317,59a	70	72,17b	54	124,17a	99	9,66a
56	185,17b	40	318,70a	44	74,00b	68	127,13a	59	9,79a
70	185,17b	45	328,43a	75	74,17b	50	132,78a	25	9,80a
63	186,17b	49	337,41a	32	74,33b	3	138,61a	72	10,02a
23	186,50b	13	353,42a	7	74,50b	67	144,17a	100	10,65a
40	188,33b	3	357,50a	34	75,33b	73	148,61a	3	10,90a
47	188,83b	35	400,09a	12	75,67b	47	153,80a	21	11,13a
44	191,17b	85	401,30a	56	76,17b	70	154,17a	73	11,31a
45	192,17c	18	406,39a	45	76,33b	12	160,55a	46	11,54a
68	192,50c	80	407,78a	31	77,00b	35	161,11a	12	11,78a
9	192,67c	38	412,69a	49	77,33b	40	173,43a	10	12,01a
2	194,50c	74	417,50a	40	78,17b	49	174,26a	96	12,51a
34	194,83c	73	418,61a	47	78,83c	57	174,44a	17	12,76a
m	185,33	m	340,07	m	72,88	m	138,55	m	9,58

Médias com a mesma letra não diferem pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Fonte: dados da pesquisa da autora.

Tabela 5 – Médias dos 20% melhores híbridos crípticos (H) da segunda safra para os caracteres: altura de plantas (AP – em cm); variância da altura de plantas (VAP – em cm²); altura de espigas (AE – em cm); variância da altura de espigas (VAE – em cm²) e tombamento (TOMB – em %).

AP		VAP		AE		VAE		TOMB	
H	Média	H	Média	H	Média	H	Média	H	Média
7	160,83 ^a	30	271,67a	57	56,50 ^a	75	68,61a	85	1,75a
57	163,50 ^a	49	281,11a	38	59,67 ^a	4	71,20a	73	4,06a
12	176,50 ^a	12	321,20a	7	62,33 ^a	38	80,18a	36	6,41a
67	176,83 ^a	45	327,50a	56	64,00a	40	87,59a	54	7,74 ^a
40	177,67 ^a	3	331,30a	67	64,00a	7	92,96a	76	8,92a
32	179,17 ^a	85	352,31a	18	66,67 ^a	91	99,63a	93	9,49a
6	180,83 ^a	67	355,09a	32	67,33 ^a	54	99,82a	53	9,72a
60	181,00a	38	359,72a	63	67,33 ^a	63	102,41a	50	9,81a
56	183,67 ^a	18	367,13a	13	67,59 ^a	41	104,44a	77	9,97a
2	184,50a	26	378,70a	100	68,00a	30	106,02a	57	10,13a
30	184,67a	78	385,19a	2	68,33 ^a	45	109,81a	84	10,17a
44	184,83a	36	386,02a	3	69,00a	26	110,09a	58	11,66a
70	185,17a	80	390,83a	40	69,00a	57	110,65a	34	13,10a
63	185,33a	13	393,15a	12	69,33 ^a	23	111,29a	3	13,26a
38	185,50a	57	429,54a	75	70,17 ^a	73	116,67a	33	13,49a
53	188,50a	39	432,69a	44	70,83 ^a	12	118,15a	99	13,59a
18	190,50b	4	437,59a	54	71,00a	56	119,44a	28	13,96a
13	191,33b	32	445,28a	70	71,00a	3	124,26a	78	14,01a
<i>m</i>	181,13	<i>m</i>	369,22	<i>m</i>	66,78	<i>m</i>	101,85	<i>M</i>	10,07

Médias com a mesma letra não diferem pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Fonte: dados da pesquisa da autora.

Tabela 6 – Heteroses sobre a população Isanão-VF1 PROL 7 (h%) e médias dos híbridos crípticos (H) do primeiro grupo do agrupamento pelo teste de Scott-Knott para produtividade de grãos (PG), na primeira safra, e sua caracterização para altura de plantas (AP), variância da altura de plantas (VAP), altura de espigas (AE), variância da altura de espigas (VAE) e tombamento (TOMB).

Híbridos	PG		AP (cm)	VAP (cm ²)	AE (cm)	VAE (cm ²)	TOMB (%)
	(kg ha ⁻¹)	h%					
83	8106,41	95,63	231,83	1137,87	107,00	666,11	39,59
55	7983,73	92,67	225,83	903,06	120,33	659,63	36,16
87	7673,45	85,18	242,83	1581,02	113,00	770,18	17,80
14	7575,28	82,81	207,83	1122,68	96,17	659,35	18,25
69	7568,43	82,65	224,00	1239,81	109,83	804,17	18,13
94	7356,41	77,53	220,00	1187,85	110,50	644,87	17,09
88	7319,54	76,64	214,33	1341,30	106,83	800,09	25,97
29	7274,66	75,56	212,67	1380,56	100,67	758,33	14,71
97	7269,71	75,44	225,50	1000,09	106,17	874,17	44,05
90	7243,09	74,79	221,67	792,04	108,17	566,76	15,16
79	7208,77	73,97	236,00	905,00	108,83	457,87	18,94
54	7171,33	73,06	202,00	543,89	82,17	124,17	17,56
27	7151,74	72,59	233,83	1302,69	114,67	991,85	14,68
26	7133,88	72,16	202,83	419,35	83,17	270,46	18,70
92	7123,07	71,90	241,17	428,98	125,17	236,76	33,28
46	7121,52	71,86	208,17	1026,39	95,50	584,17	11,54
89	7026,98	69,58	231,83	673,98	101,33	464,26	31,42
81	6988,37	68,65	221,83	1337,13	106,00	669,44	15,28
84	6975,25	68,33	227,50	1116,94	100,83	708,98	5,33
35	6967,11	68,13	212,50	400,09	92,00	161,11	13,73
95	6958,59	67,93	241,50	1192,31	108,67	360,18	35,59
74	6938,48	67,44	210,83	417,50	84,50	223,05	8,80
Média	7278,90	75,66	222,56	974,75	103,71	566,09	21,45

Fonte: dados da pesquisa da autora.

Tabela 7 – Média dos 20% melhores híbridos crípticos (H) para produtividade de grãos (PG), na segunda safra, e sua caracterização para altura de plantas (AP), variância da altura de plantas (VAP), altura de espigas (AE), variância da altura de espigas (VAE) e tombamento (TOMB).

Híbridos	PG		AP (cm)	VAP (cm ²)	AE (cm)	VAE (cm ²)	TOMB (%)
	kg ha ⁻¹	h%					
8	4412,32	70,25	227,33	1059,26	96,50	474,91	40,4
25	4341,08	67,50	236,33	467,96	110,83	416,76	21,01
76	4297,76	65,83	225,33	1018,89	90,00	370,55	8,92
93	4253,09	64,10	217,83	1261,02	98,67	646,11	9,49
54	4199,35	62,03	204,83	551,02	71,00	99,82	7,74
77	4195,94	61,90	233,00	563,89	98,17	274,91	9,97
23	4108,41	58,52	203,83	543,80	81,00	111,29	24,20
89	4007,91	54,64	230,33	326,85	95,83	248,80	30,90
87	3984,30	53,73	227,50	1137,87	100,00	377,04	19,61
46	3981,13	53,61	226,67	864,26	94,17	416,39	15,48
55	3959,01	52,76	235,83	467,87	106,67	316,30	25,10
92	3939,07	51,99	227,5	627,13	99,83	271,20	17,67
15	3929,30	51,61	232,00	682,04	104,83	260,65	42,95
11	3815,75	47,23	218,00	806,85	96,17	506,02	29,30
20	3801,51	46,68	201,83	720,83	84,83	386,58	31,02
16	3786,66	46,11	222,33	1265,74	101,00	762,04	18,14
21	3778,87	45,81	211,50	789,54	83,00	292,04	30,16
29	3738,91	44,26	227,33	855,74	105,17	404,54	21,64
Média	4029,47	55,47	222,74	778,36	95,43	368,66	22,43

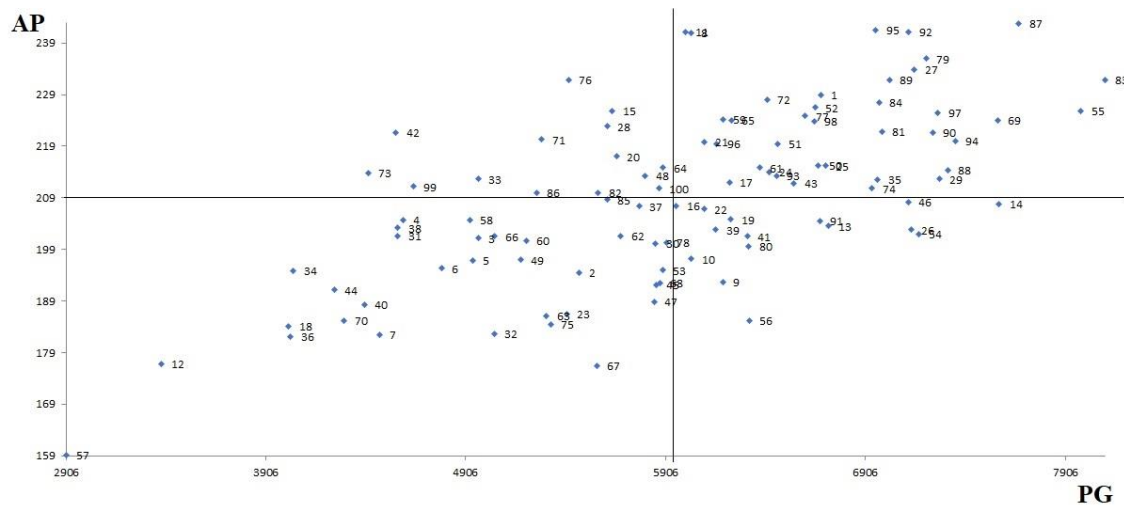
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Tabela 8 – Coeficientes de correlação genética entre os caracteres altura de plantas (AP – em cm); variância da altura de plantas (VAP – em cm²); altura de espigas (AE – em cm); variância da altura de espigas (VAE – em cm²), tombamento (TOMB – em %) e produtividade de grãos (PG – em kg ha⁻¹).

	AP	VAP	AE	VAE	TOMB	PG
1 ^a safra						
AP		0,53	0,90	0,55	0,28	0,74
VAP	0,53		0,68	0,97	0,27	0,46
AE	0,90	0,68		0,72	0,39	0,75
VAE	0,55	0,97	0,72		0,22	0,56
TOMB	0,28	0,27	0,39	0,22		0,16
PG	0,74	0,46	0,75	0,56	0,16	
2 ^a safra						
AP		0,85**	0,92**	0,74**	-0,01	0,55**
VAP	0,85**		0,92**	1,05	0,35**	0,14
AE	0,92**	0,92**		0,85**	0,16	0,43**
VAE	0,74**	1,05	0,85**		0,29**	0,11
TOMB	-0,01	0,35**	0,16	0,29**		-0,07
PG	0,55**	0,14	0,43**	0,11	-0,07	
Conjunta						
AP		0,68	0,92	0,66	0,17	0,75
VAP	0,68		0,79	0,99	0,29	0,36
AE	0,92	0,79		0,78	0,30	0,71
VAE	0,66	0,99	0,78		0,28	0,40
TOMB	0,17	0,29	0,30	0,28		0,03
PG	0,75	0,36	0,71	0,40	0,03	

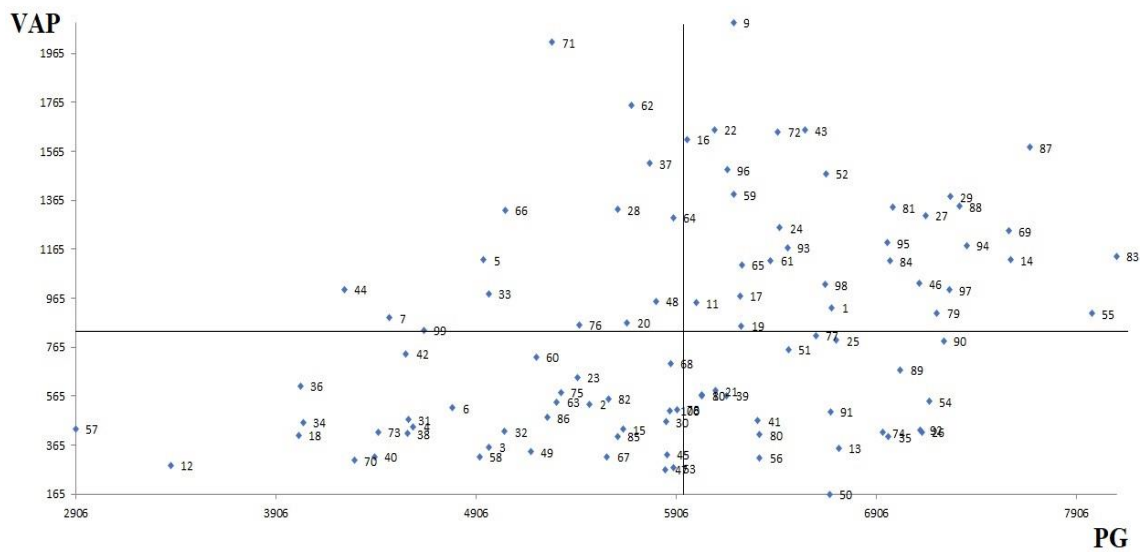
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 1 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com altura de planta (AP – cm), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



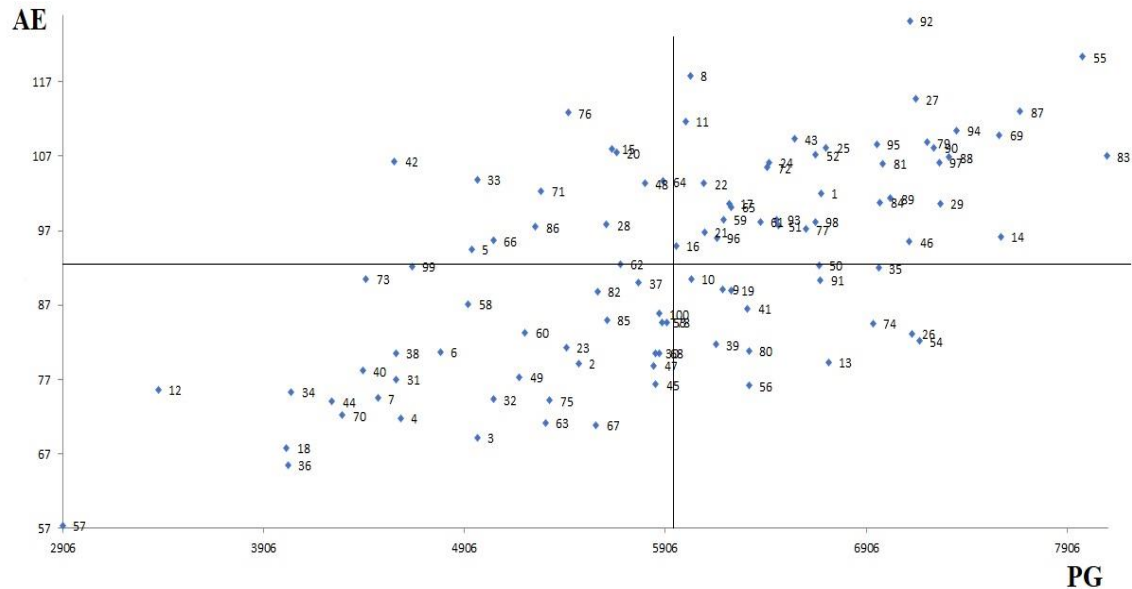
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 2 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com a variância da altura de planta (VAP – cm²), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



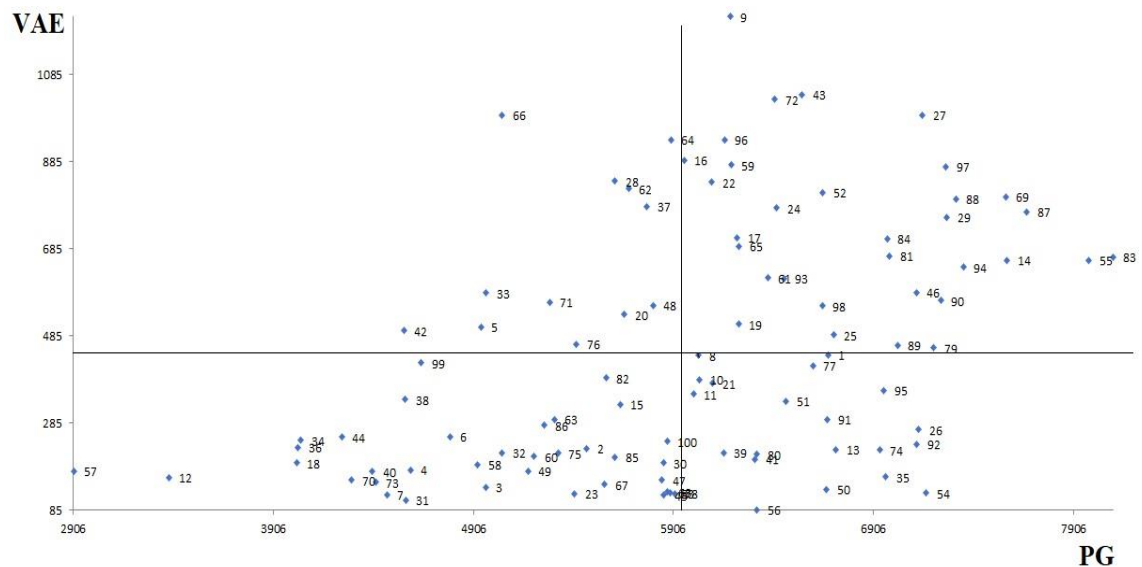
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 3 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com a altura de espiga (AE – cm), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



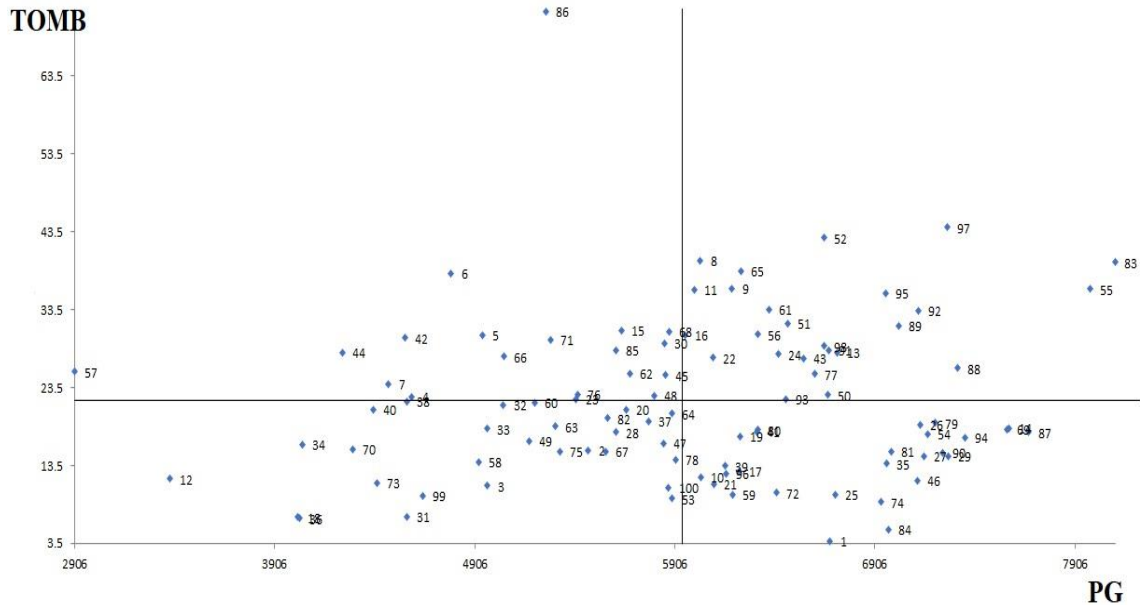
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 4 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com a variância da altura de espiga (VAE – cm²), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



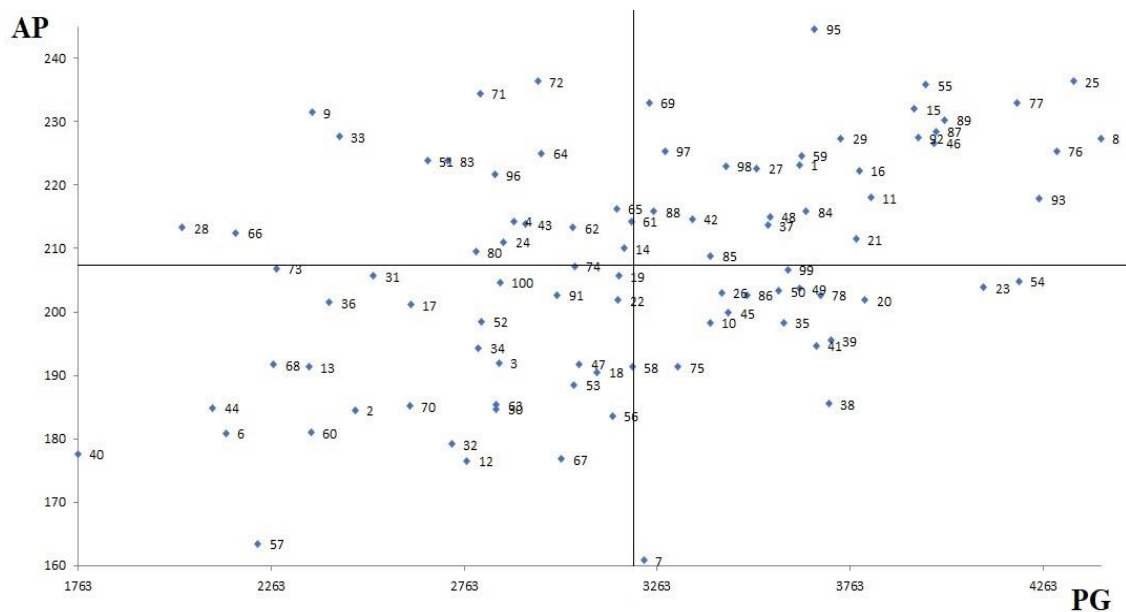
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 5 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com o tombamento (TOMB – %), na primeira safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



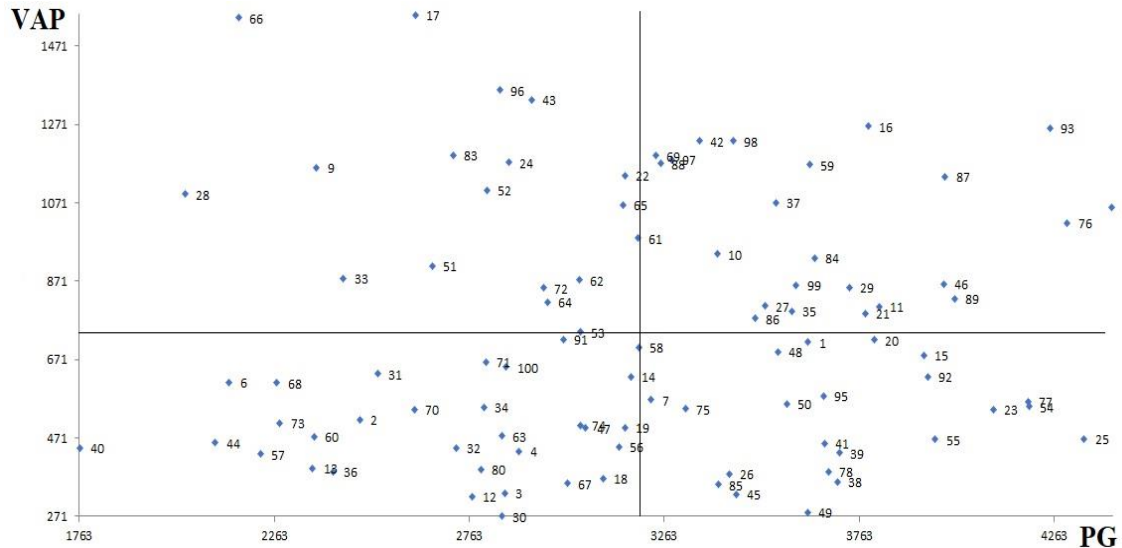
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 6 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com a altura de planta (AP – cm), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



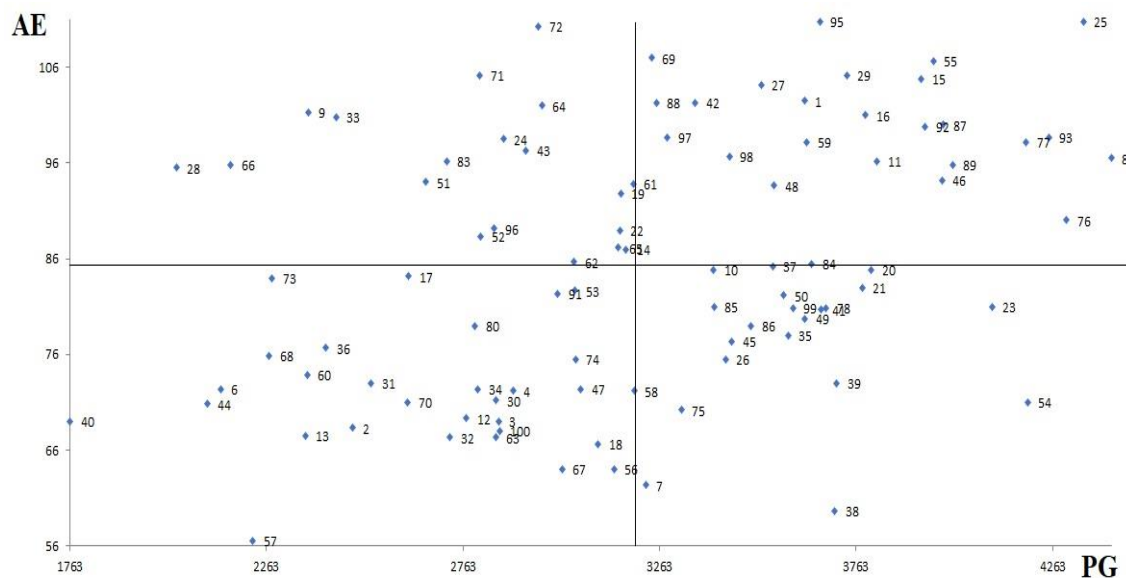
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 7 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com a variância da altura de planta (VAP – cm²), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



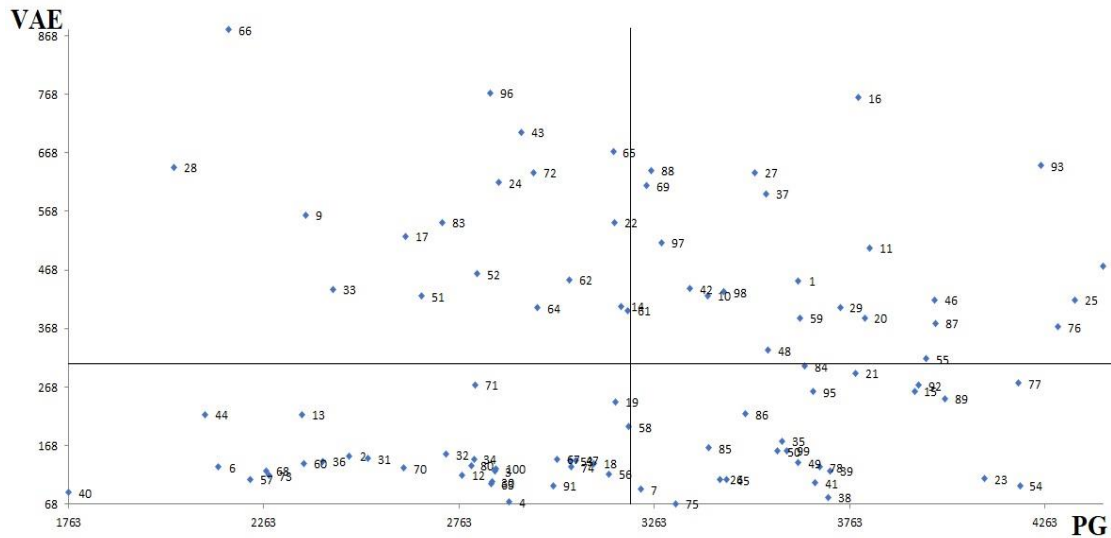
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 8 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com a altura de espiga (AE – cm), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



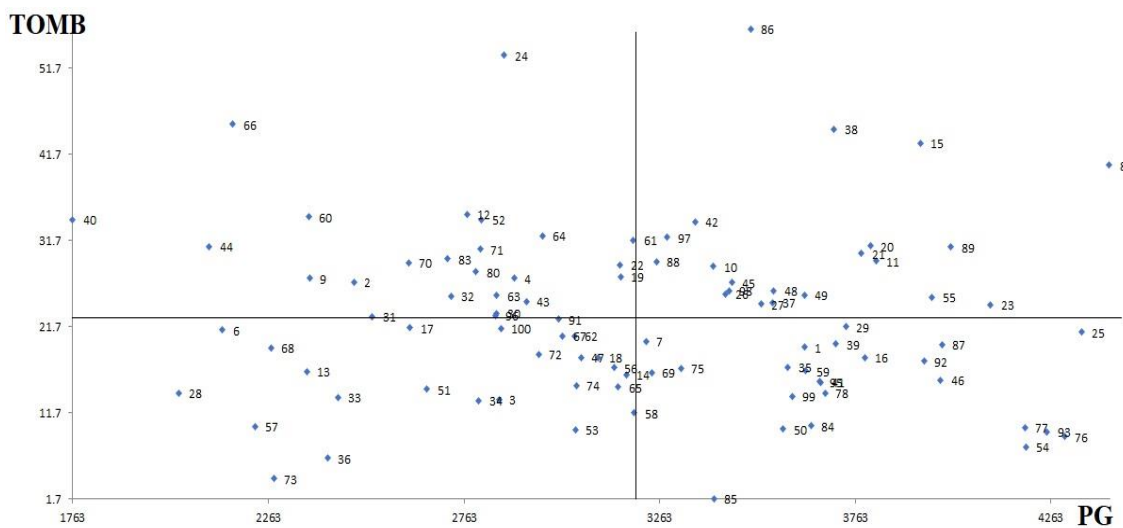
Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 9 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com a variância da altura de espiga (VAE – cm²), na segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



Fonte: dados da pesquisa da autora.

Figura 10 - Dispersão da produtividade de grãos (PG – kg ha⁻¹) com o tombamento (TOMB – %), segunda safra. As linhas cheias cruzadas indicam as médias dos dois caracteres.



Fonte: dados da pesquisa da autora.