UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

REGIONAL JATAÍ

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO RECORRENTE EM POPULAÇÃO DE MILHO COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE

Maraiza Lima Costa

Engenheira Agrônoma

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL

Fevereiro de 2020

UFG

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
UNIDADE ACADÊMICA ESPECIAL DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei 9.610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

[x] Dissertação [ ] Tese

2. Nome completo da autora: MARAIZA LIMA COSTA

3. Título do trabalho: VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO RECORRENTE EM POPULAÇÃO DE MILHO COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento [x] SIM [ ] NÃO[1]

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:
a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);
b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação.
O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.
Casos de embargo:
- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.

Documento assinado eletronicamente por **Edésio Fialho Dos Reis**, **Professor do Magistério Superior**, em 19/06/2020, às 13:23, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.

Documento assinado eletronicamente por **MARAIZA LIMA COSTA**, **Discente**, em 22/06/2020, às 19:02, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1391962** e o código CRC **D54D5723**.

Referência: Processo nº 23070.006561/2020-46 SEI nº 1391962

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

REGIONAL JATAÍ

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO RECORRENTE EM POPULAÇÃO DE MILHO COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE

Maraiza Lima Costa

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis
Co-orientador: Prof. Dr. Willame dos Santos Candido

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Goiás – Campus Jataí, para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Produção Vegetal)

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL

Fevereiro de 2020

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do
Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Costa, Maraiza Lima
VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO RECORRENTE EM POPULAÇÃO DE MILHO COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE [manuscrito] / Maraiza Lima Costa. - 2020.
2, 67 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis; co-orientador Dr. Willame dos Santos Candido.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Unidade Acadêmica Especial de Ciências Agrárias, Programa de Pós Graduação em Agronomia, Jataí, 2020.
Bibliografia.
Inclui siglas, fotografias, abreviaturas, símbolos, tabelas.

1. Diversidade genética. 2. Caracterização de espigas verdes. 3. Ganho predito. 4. Índice de seleção. 5. Produtividade de espigas verdes. I. Reis, Edésio Fialho dos, orient. II. Título.

CDU 631/635

UFG

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

COORDENAÇÃO DE PÓS-GRADUAÇÃO - REGIONAL JATAÍ

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº **003/2020-PPGA** da sessão de Defesa de Dissertação de **MARAIZA LIMA COSTA**, que confere o título de Mestra em **AGRONOMIA**, na área de concentração em **Produção Vegetal**.

Ao vigésimo oitavo dia do mês de fevereiro de dois mil e vinte, a partir das 13:30 horas, no Auditório do Prédio da Agronomia da Universidade Federal de Jataí-GO, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada **"VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO RECORRENTE EM POPULAÇÃO DE MILHO COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE".** Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, Professor Doutor Edésio Fialho dos Reis (UAECIBIO/UFG) com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Professor Doutor Pablo Diego Silva Cabral (Instituto Federal Goiano - Rio Verde/GO), membro titular externo; Professora Doutora Carla gomes Machado (CIAGRA/UFG), membro titular interno. Durante a arguição os membros da banca **não fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sida a candidata **Aprovada** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Orientador, Professor Doutor Edésio Fialho dos Reis, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, ao vigésimo oitavo dia do mês de fevereiro de 2020.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

Documento assinado eletronicamente por **Edésio Fialho Dos Reis**, **Coordenador-Geral**, em 28/02/2020, às 17:48, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.

Documento assinado eletronicamente por **Carla Gomes Machado**, **Professora do Magistério Superior**, em 28/02/2020, às 17:50, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.

Documento assinado eletronicamente por **Pablo Diego Silva Cabral**, **Usuário Externo**, em 04/03/2020, às 11:34, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1157587** e o código CRC **E8BB9BEB**.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

MARAIZA LIMA COSTA – Nascida em 24 de abril de 1995, em Jataí, Goiás. Graduada em Agronomia em abril de 2018, pela Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí. Iniciou o curso de Pós-graduação *stricto sensu* em nível de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, linha de pesquisa em Genética e Melhoramento de Plantas, na Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí, em março de 2018.

“Talvez não tenha conseguido fazer o melhor, mas lutei para que o melhor fosse feito. Não sou o que deveria ser, mas graças a Deus, não sou o que era antes.”

Martin Luther King

Aos meus pais Ernesto e Eisla, por todo o apoio e sacrifício durante todos os anos da minha formação profissional e pessoal.

Ofereço e dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço á Deus, que guiou meus passos e me protege de todo mal, me concedendo mais esta conquista.

Aos meus pais Ernesto Lima da Silva e Eisla Costa Campos Lima por minha formação pessoal, por terem me ensinado a virtude da honestidade e do respeito pelas pessoas e pela natureza das coisas.

Aos meus irmãos Ernesto Lima da Silva Filho e Letícia Campos Lima, que sempre estiveram ao meu lado quando precisei, trazendo alegria nos momentos difíceis que passei nesses anos de formação.

Ao meu tio-avô Corival Cândido (*in memoriam*), como exemplo de pesquisador.

Aos meus amigos, Gustavo, Vanusa, Jéssica, Alisson, Rafael, Lucas e Patrícia, pelo apoio e companheirismo.

Ao meu orientador Professor Dr. Edésio Fialho dos Reis e aos professores, Carla Gomes Machado, Danielle Fabíola Pereira da Silva e Willame dos Santos Candido pelo exemplo de dedicação e comprometimento com a ciência.

Ao CNPq pelo aporte financeiro, através de bolsa de estudos; FAPEG e CAPES pelo aporte de equipamentos adquiridos por meio dos projetos de pesquisa.

As minhas colegas de Pós-graduação, Bruna, Fabiana Larissa, Fracielly, Izamara, Beatriz, Ingrid Maressa, Jaciele e Isabela; e graduandos, Caíque, Beatriz, Micaela, Nayara e Pedro Henrique pela parceria nos trabalhos e o apoio sempre que precisei.

Aos amigos que aqui formei e levarei comigo por toda a vida, Jefferson Naves, Gilmar Amaral e Cristiano Aparecido, por todos os ensinamentos, apoio, confiança e respeito.

A todos os professores e técnicos do PPGA-UFG que tiveram uma importante contribuição para minha formação.

SUMÁRIO

Página

RESUMO....1
SUMMARY....2
CAPÍTULO 1 CONSIDERAÇÕES GERAIS....3
1. INTRODUÇÃO....3
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA....5
2.1. Importância do Milho....5
2.2. Milhos Especiais: Milho Verde....6
2.3. Variabilidade genética e estimação de parâmetros genéticos....9
2.4. Seleção Recorrente e ganhos por seleção....11
2.5. Dissimilaridade e métodos de agrupamento....14
3. REFERÊNCIAS....15
CAPÍTULO 2 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE GANHOS NA POPULAÇÃO PMVJ01, COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE....19
RESUMO....19
SUMMARY....20
1. INTRODUÇÃO....21
2. MATERIAL E MÉTODOS....22
2.1. Material genético e delineamento experimental....22
2.2. Caracteres avaliados....24
2.3. Análise estatística....25
2.4. Estimativas de parâmetros genéticos....26
2.5. Índice de seleção e predição de ganhos....28
2.6. Dissimilaridade e agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean)....28
3. RESULTADOS E DISCUÇÃO....29
3.1. Análise de variância....29
3.2. Médias e estimação de parâmetros genéticos....30
3.3. Predição de ganhos....35
3.4. Progênies selecionadas nas 5 estratégias....38
4. CONCLUSÕES....39
5. REFERÊNCIAS....39

CAPÍTULO 3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO DE POPULAÇÕES DE POLINIZAÇÃO ABERTA COM VISTAS À PRODUÇÃO DE MILHO VERDE....43
RESUMO....43
SUMMARY....44
1. INTRODUÇÃO....45
2. MATERIAL E MÉTODOS....46
2.1. Material genético....46
2.2. Delineamento experimental....48
2.3. Caracteres avaliados....48
2.4. Análise estatística....51
2.4.1. Experimento 1....51
2.4.2. Experimento 2....52
2.4.2.1. Análise individual....52
2.4.2.2. Análise agrupada....53
2.4.2.3. Estimação de parâmetros genéticos....54
3. RESULTADOS E DISCUÇÃO....55
3.1. Análise descritiva e análise de variância (experimento 1)....55
3.2. Teste de Dunnett (experimento 1)....56
3.3. Análises descritiva e de variância conjunta (experimento 2)....60
3.4. Estimação de parâmetros genéticos (experimento 2)....62
4. CONCLUSÕES....64
5. REFERÊNCIAS....65

RESUMO

VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO RECORRENTE EM POPULAÇÃO DE MILHO COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE

O milho verde possui importante papel na alimentação humana sendo uma atividade comum entre pequenos produtores que em muitos casos, não dispõe de sementes de qualidade e adequadas a esse fim. Assim, objetivou-se selecionar progênies, com aptidão para a produção de milho verde, recombiná-las, e gerar populações de polinização aberta, acessíveis aos produtores. Para tanto, na safrinha 2017/18, avaliou-se 167 progênies provenientes do cruzamento TG-02R2 X AG1051; em arranjo Látice 13x13, sendo testemunhas a população de polinização aberta (TG-02R2) e o híbrido (AG1051). Foram avaliados: florescimento feminino e masculino, altura de plantas e de espigas, produtividade com e sem palha, empalhamento, diâmetro e comprimento de espigas, rendimento de massa, formato de espigas, número de fileiras, alinhamento das fileiras e cor dos grãos. As palhas foram avaliadas quanto a largura e comprimento. Os dados foram submetidos à Análise de Variância e estimados os parâmetros genéticos, além do ganho genético predito com a seleção de aproximadamente 20% das progênies, formando 4 diferentes populações, com base no índice de Mulamba & Mock 1978 e uma quinta população com o método de agrupamento UPGMA. As 5 populações foram recombinadas e testadas na segunda safra 2018/19, no delineamento de blocos casualizados; em experimento adjacente verificou-se a variabilidade genética da população 5; para ambos os experimentos foram considerados basicamente os mesmos critérios de avaliação. Conclui-se que duas das populações geradas foram semelhantes ao híbrido testemunha, sugerindo a possibilidade de uso destas; e que a população 5, possui variabilidade genética passível de ser explorada em um posterior ciclo de seleção recorrente.

Palavras-chave: diversidade genética, caracterização de espigas verdes, ganho predito, índice de seleção, produtividade de espigas verdes, *Zea mays L.*

SUMMARY

GENETIC VARIABILITY AND RECURRENT SELECTION IN CORN POPULATION WITH POTENTIAL FOR GREEN CORN

Green maize has an important role in human nutrition and is a common activity among small producers who in many cases do not have quality seeds suitable for this purpose. Thus, the objective was to select progenies, capable of producing green corn, recombine them, and generate open pollination populations, accessible to producers. Therefore, in the 2017/18 off-season, 167 progenies from the crossing TG-02R2 X AG1051 were evaluated; in a Lattice 13x13 arrangement, the open pollination population (TG-02R2) and the hybrid (AG1051) being witnesses. The following were evaluated: female and male flowering, height of plants and ears, productivity with and without straw, stuffing, diameter and length of ears, mass yield, shape of ears, number of rows, row alignment and grain color. Straws were evaluated for width and length. The data were submitted to Analysis of Variance and the genetic parameters were estimated, in addition to the genetic gain predicted with the selection of approximately 20% of the progenies, forming 4 different populations, based on the Mulamba & Mock 1978 index and a fifth population using the method UPGMA grouping. The 5 populations were recombined and tested in the second harvest 2018/19, in a randomized block design; in an adjacent experiment the genetic variability of the population was verified 5; for both experiments, basically the same evaluation criteria were considered. It was concluded that two of the populations generated were similar to the control hybrid, suggesting the possibility of using them; and that population 5 has genetic variability that can be explored in a subsequent recurrent selection cycle.

Key-words: genetical diversity, characterization of green ears, predicted gain, selection index, productivity of green ears, *Zea mays L.*

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

A demanda por alimentos vem crescendo continuamente ao longo dos anos. Segundo estimativas da Organização das Nações Unidas (ONU), em 2050 a população mundial será de 9,8 bilhões de pessoas; um aumento de 29% em relação a 2017, sendo necessário um incremento de 3 bilhões de t ano^{-1} na produção de cereais para atender a essa demanda (CONAB, 2018). Diante dessa projeção, o Brasil apresenta-se como um dos principais países para produção de alimentos, pois tem se mantido entre os principais produtores e exportadores de grãos no *ranking* mundial, possuindo áreas que podem ainda serem exploradas e grandes possibilidades de aumento da produtividade.

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais de maior importância mundial e no Brasil ocupa lugar de destaque juntamente com a soja (*Glycine max* L. Merrill). Segundo dados da CONAB (2019) a produção total de milho na safra 2018/2019 atingiu 99.312,3 mil toneladas. A importância desse cereal está veiculada ao seu valor na cultura brasileira, uma vez que, além de ser uma importante commoditie, com expressiva representatividade na balança comercial, tem função social relevante, já que é fonte de renda e empregos para pequenos produtores e agricultores familiares; é um dos principais insumos na produção animal e integra diversos pratos culinários.

Sua importância como alimento é evidenciada por sua composição nutricional, por apresentar proteínas, carboidratos, lipídios, fibra alimentar, ferro, magnésio, zinco, selênio, vitaminas do complexo B (tiamina - vitamina B1, riboflavina - vitamina B2 e niacina) e carotenoides (B-caroteno, luteína e zeaxantina) (OLIVEIRA JUNIOR et al., 2011). Para a alimentação humana, o milho pode ser consumido processado, na forma de farinha, fubá, canjica, polenta cuscuz, dentre outras; ou fresco, como milho verde, podendo ser consumido assado, cozido ou ainda como ingrediente na fabricação de pamonhas, mingaus, bolos, broas, sorvetes, etc.

Por muito tempo a produção de milho verde foi uma atividade quase que exclusiva de pequenos produtores e agricultores familiares, mas o consumo crescente e a boa rentabilidade dessa forma de cultivo têm causado mudanças no cenário

nacional de desenvolvimento, produção e comercialização dessa hortaliça. O mercado de milho verde está se tornando tão promissor que algumas empresas de sementes estão desenvolvendo materiais mais específicos e grandes produtores já estão aderindo a essa opção de produção acreditando nas perspectivas futuras (EMBRAPA, 2017).

Tendo em vista tal cenário, os pequenos produtores tendem a perder espaço no mercado, sendo necessário desenvolver alternativas para apoiá-los. Uma das maiores dificuldades de cultivo é o elevado preço de sementes híbridas e a indisponibilidade de cultivares com aptidão para produção de milho verde. De um total de 315 cultivares de milho disponíveis para a safra 2016/2017, apenas quatro eram recomendadas para a produção de milho verde; além disso, tais cultivares necessitam de alto ou médio/alto investimento tecnológico para atingirem sua capacidade produtiva, dificultando assim o acesso dos pequenos produtores às sementes recomendadas (PEREIRA FILHO & BORGHI, 2016).

Como base em sua importância econômico/social; na crescente demanda pela produção de milho verde no país e frente a uma das grandes dificuldades de produção, sementes de qualidade e acessíveis ao pequeno produtor, torna-se necessário o desenvolvimento de cultivares específicas para a produção dessa hortaliça e ao alcance dos produtores.

Neste sentido, objetivou-se com o presente trabalho selecionar progênies, com aptidão para a produção de milho verde, recombiná-las, e gerar populações de polinização aberta, acessíveis aos pequenos produtores.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Importância do Milho

O milho (*Zea mays*) é um cereal americano com centro de origem no México, que teria sido descrito pela primeira vez após a chegada dos europeus à América. Sua domesticação ocorreu a cerca de 7 a 10 mil anos atrás, por meio de intensas seleções, o que teria contribuído efetivamente na manutenção de civilizações inteiras, como os Astecas, Maias e Incas, porém, as teorias sobre sua evolução ainda são divergentes, uma das hipóteses mais difundida coloca o milho e o teosinte na mesma rota de evolução; no entanto, tais teorias não são capazes de afirmar de qual espécie o milho teria se originado, provavelmente pelo fato de seus ancestrais estarem extintos ou pela domesticação do milho estar evoluída de tal forma que não seja mais possível estabelecer relação direta a seus ancestrais (BARBOSA NETO et al., 2008).

O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho e o segundo maior exportador do grão; a produção total brasileira, primeira e segunda safras, 2018/2019 atingiu 99.312,3 mil toneladas, 23% a mais que o volume obtido ao final do período anterior (CONAB, 2019). Embora tais números sejam expressivos e o milho ser o cereal mais produzido no Brasil (ALVES et al., 2015), a produtividade média brasileira ainda é considerada baixa, 5,6 t ha^{-1}, em comparação aos Estados Unidos, que na safra 2016/2017 produziu em média 11 t ha^{-1} (USDA, 2018).

A importância da produção desse cereal está relacionada a sua ampla utilização como alimento, tanto para humano como animal, além da crescente utilização como biocombustível (CHUM et al., 2014; VETTORAZZI et al., 2016); de forma direta ou não, apresenta mais de 3500 possibilidades de uso em diferentes segmentos de produção (BARETTA et al., 2017).

2.2. Milhos Especiais: Milho Verde

Os chamados “milhos especiais” são todos aqueles que não são cultivados com o propósito de grãos secos, são esses: milho verde comum, milho para pipoca, milho verde doce, minimilho para conserva, milho para alto teor de óleo, milho para canjica, dentre outros; tais tipos de milho, mesmo quando colhidos secos, não são considerados commodities, uma vez que atendem a um mercado restrito (RODRIGO & BORÉM, 2018).

A produção de milho verde se assemelha a de milho grão, porém algumas particularidades como o espaçamento de plantio e densidade populacional permitem aos produtores de milho verde obter maior produção de espigas comerciais; tal produção se destina principalmente ao consumo direto, uma vez que o milho verde compõe diversos pratos da culinária brasileira seja na forma de espigas/grãos verdes ou como subprodutos: mingaus, pamonhas, bolos, sorvetes, etc.

Os principais produtores de milho verde no mundo são Estados Unidos, México e Croácia, sendo registradas produções de 4.010.800 t, 999.105 t e 858.058 t, respectivamente (FAOSTAT, 2019). No Brasil, Pereira Filho (2002), relatou que a área destinada ao cultivo de milho verde foi de aproximadamente 102.000 ha e Paiva Júnior et al. (2001) observou produtividades variando de 9 a 15 t ha^{-1} de espigas empalhadas.

Registros do IBGE (2006) apontaram maiores produções na Região Nordeste, com 115.960 t de espigas produzidas, principalmente nos estados de Pernambuco, Paraíba e Bahia; já no Centro-Oeste, com produção de 32.009 t, Goiás se destaca com produção de 18.117 t de espigas. Porém, grande parte da produção é comercializada informalmente, em feiras livres e semelhantes, e não é contabilizada, sendo escassas as informações recentes sobre essa produção.

O milho verde é considerado uma hortaliça, considerando algumas características como o tempo de permanência da cultura em campo, que varia de 70 a 120 dias, de acordo com as condições ambientais; tratos culturais intensivos; a alta perecibilidade; a forma de consumo, dentre outras. O cultivo dessa hortaliça se distribui nas diferentes épocas do ano possuindo função socioeconômica uma vez que está relacionada diretamente a pequenos e médios produtores e principalmente a agricultores familiares que tem nesse cultivo uma opção de grande valor econômico (PEREIRA FILHO et al., 2008).

Com base em dados apresentados por Pereira Filho et al. (2008), o ponto de colheita de milho verde ocorre por volta de 20 a 25 dias após a floração, quando os grãos apresentam, internamente, um fluído com aspecto leitoso, que confere o reconhecimento do estádio como de “grão leitoso” com umidade entre 70 a 80%.

Para o cultivo de milho verde deve-se considerar como características desejáveis: espigas grandes, cilíndricas, bem granadas e com fileiras de alinhamento retilíneo, de sabugo branco, grãos do tipo dentado e de cor amarela com longo período de colheita (PEREIRA FILHO, 2002).

Quanto a cor das espigas, pode-se identificar de acordo com a escala de notas proposta por Albuquerque et al. (2008), em que a nota 1 corresponde a espigas de cor creme; nota, 2 a espigas de cor amarelo-clara; nota 3 a espigas de cor amarela dos grãos; nota 4, a espigas de grãos amarelo-escuro e nota 5, a espigas de cor alaranjada (Figura 1).

Figura 1: Escala de notas atribuídas às espigas para classificação de cor, em que 1: representa cor creme, 2: representa cor amarelo-clara, 3: representa cor amarela, 4: representa cor amarelo-escura e 5: representa cor laranja. Foto: Maraiza Lima Costa (2019).

Já quanto ao formato dos grãos adota-se notas 1, 2 e 3 conforme as espigas são cilíndricas, cônico-cilíndricas ou cônicas, respectivamente (Figura 2); e notas 1, quando o alinhamento das fileira na espiga são retilíneas, 2 para levemente curvadas, 3 quando as fileira formam um espiral ou 4 para fileiras totalmente irregulares (Figura 3) (SANTOS et al., 2005).

Figura 2: Escala de notas atribuídas às espigas para classificação de formato, em que 1: representa formato cilíndrico, 2: representa formato cônico-cilíndrico e 3: representa formato cônico.
Foto: Maraiza Lima Costa (2019).

Figura 3: Escala de notas atribuídas às espigas para classificação de alinhamento de fileiras, em que 1: representa alinhamento retilíneo, 2: representa alinhamento levemente curvado, 3: representa alinhamento em espiral e 4: representa alinhamento irregular.
Foto: Maraiza Lima Costa (2019).

Características como pericarpo fino, com bom empalhamento e palha de cor verde escura, foram citadas por Paiva Junior et al. (2001), como preferíveis entre os consumidores, uma vez que o pericarpo fino confere maior maciez aos grãos após o cozimento e, o bom empalhamento resulta na maior proteção da espiga contra o ataque de pragas, evitando a depreciação do produto além de auxiliar na conservação da espiga.

O empalhamento de espigas pode ser avaliado segundo escala proposta pelo Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (Figura 4), que classifica o nível de empalhamento, atribuindo nota 1 ao empalhamento excelente, quando a palha recobre toda a espiga se estendendo além de sua ponta; nota 2 ao empalhamento bom, quando a palha recobre somente até a ponta da espiga; nota 3 ao empalhamento que recobre vagamente a ponta da espiga; nota 4 ao empalhamento que não cobre adequadamente a ponta da espiga, deixando-a exposta e, por fim, a nota 5, quando o recobrimento da espiga é totalmente frouxo deixando as pontas com grãos expostos (CIMMYT, 1999).

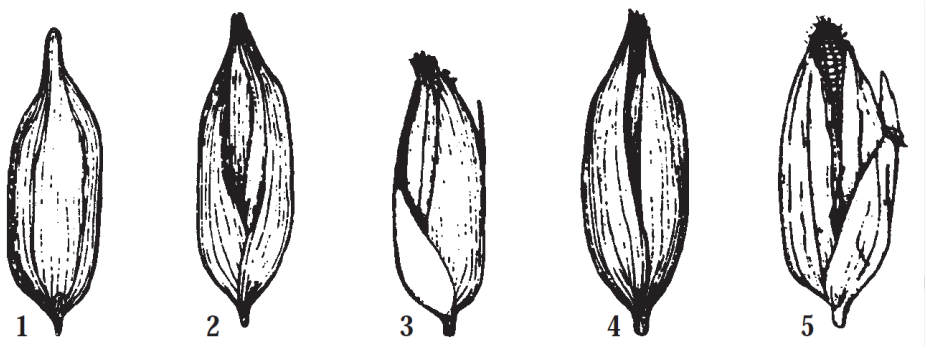

Figura 4: Escala de notas atribuídas às espigas para classificação de empalhamento, em que 1: representa empalhamento excelente, 2: representa empalhamento bom, 3: representa empalhamento frouxo na ponta da espiga, 4: representa empalhamento que expõe a ponta da espiga e 5: representa empalhamento totalmente frouxo expondo parte dos grãos. Fonte: CIMMYT, (1999).

2.3. Variabilidade genética e estimação de parâmetros genéticos

O milho, como representante das plantas alógamas, mantêm suas frequências gênicas por meio da fecundação cruzada em um mesmo local e época, formando um conjunto de indivíduos organizados que refletem as propriedades da população; sendo essa forma de reprodução, responsável pela mistura de genótipos dos quais, são em sua maioria, heterozigotos e, permite a manutenção da frequência de alelos favoráveis a caracteres agronômicos (BORÉM et al., 2017).

O melhoramento genético tem buscado sobretudo o aumento da produtividade, no entanto, sem prejudicar a qualidade nutricional existente (ALVES et al., 2015). A base de um programa de melhoramento é totalmente dependente da variabilidade genética entre os indivíduos que compõe as populações em estudo (OLIVEIRA et al.,

2013), e devido ao acasalamento aleatório, característico de populações alógamas, a variabilidade genética é garantida com a alta heterogeneidade entre os genótipos formados.

Nesse sentido, as estimativas de parâmetros genéticos funcionam como indicadores numéricos do nível de variabilidade existente em uma população; sugerem o potencial genético desta, expondo a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres e permitem aferir a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento, além de possibilitar o acompanhamento da manutenção da variabilidade adequada na população (CÂMARA et al., 2007); de uma forma direta as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são de grande utilidade para direcionar o melhorista nas tomadas de decisões (RODRIGUES et al., 2011).

A variância fenotípica (σ_F^2) representa a variabilidade total existente dentro da população, sendo resultante, num mesmo ambiente, do somatório entre a variância genética (σ_G^2) e a variância ambiental (σ_E^2); a variância genética pode ser compreendida como aquela resultante da interação entre os diferentes genótipos e é subdividida em variância aditiva (σ_A^2) e de dominância (σ_D^2), que correspondem às respectivas ações gênicas que coordenam a expressão dos caracteres; os componentes da variância fenotípica podem ser estimados de modo simples utilizando os quadrados médios da análise variância, que quando igualados às esperanças matemáticas, permite a estimação das variâncias de diferentes naturezas (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; CRUZ et al., 2012).

Á partir das estimativas das variâncias é possível calcular outro parâmetro essencial ao trabalho do melhorista, a herdabilidade (h^2). Tal parâmetro, corresponde à parte da variação total que é devido a causas genéticas, em outras palavras, reflete a proporção da variação fenotípica passível de ser herdada; dessa forma, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (HALLAUER et al., 2010; RODRIGUES et al., 2011; RAMALHO et al., 2012). Sua importância está intimamente ligada à sua influência na predição de ganhos, uma vez que representa elevação do valor genético sob o fenotípico, permite antever a possibilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores (YOU et al., 2016).

O coeficiente de variação genético é um parâmetro diretamente proporcional à variância genética e, portanto, permite ao melhorista antever a grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento (SILVA et al., 2012). A relação entre o coeficiente de variação genético

e o coeficiente de variação experimental, o chamado índice de variação também se presta ao papel de indicar se a situação é favorável ou não à seleção, segundo Vencovsky & Barriga (1992), quando o índice atinge valores próximos ou acima da unidade, para famílias de meios-irmãos, os materiais apresentam possibilidade de seleção bem sucedida.

Em suma, as informações sobre os parâmetros genéticos, permitem estimar a variabilidade em uma população passível de ser explorada, identificar os tipos de ação gênica envolvidas na expressão dos caracteres em estudo (RIBEIRO et al., 2016; SILVA et al., 2016), além de auxiliar o melhorista sobre o melhor método de obtenção de materiais superiores (FALUBA et al., 2010).

2.4. Seleção Recorrente e ganhos por seleção

Como é de se esperar, o método de melhoramento a ser escolhido para certa espécie, depende, dentre outros fatores, do modo de reprodução dessa espécie (BORÉM et al., 2017). Segundo os autores, alguns dos métodos de melhoramento mais recomendados para espécies alógamas como o milho são: seleção massal, método genealógico e seleção recorrente.

A seleção recorrente é o método de melhoramento que tem por objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis na população, sem diminuir sua variabilidade genética de forma significativa; o que pode ocorrer durante processos de seleção sucessivos, comprometendo o potencial genético de populações e a obtenção de genótipos superiores (SOUZA JÚNIOR, 2001).

Tal método é subdividido em intrapopulacional, quando é conduzido visando a melhoria de uma população *per se*; e interpopulacional, quando objetiva melhorar simultaneamente duas populações ou o resultado do cruzamento de suas populações, visando o desenvolvimento de linhagens com alta capacidade combinatória para obter híbridos (HALLAUER et al., 2010; BORÉM et al., 2017).

O processo de seleção recorrente é dividido basicamente em três etapas, sendo estas: obtenção das progênies (meios-irmãos, irmãos germanos, linhagens endogâmicas, etc.); avaliação e identificação das progênies superiores e recombinação das progênies superiores que formarão a geração seguinte (BORÉM et al., 2017).

Segundo Hallauer et al. (2010), quando a seleção recorrente é feita entre progênies de meios-irmãos, funciona com base em avaliações das famílias em testes com repetições, que ao longo de ciclos consecutivos, podem resultar na redução da variância genética pela ruptura de blocos gênicos o que segundo Vencovsky & Barriga (1992) nem sempre ocorre. Assim sendo, para escolha do método de seleção recorrente deve-se considerar o objetivo do programa.

Sendo assim, torna-se necessário acompanhar a variação dos parâmetros genéticos no decorrer dos ciclos de seleção, principalmente em populações de polinização aberta, de modo a continuar estabelecendo corretas estratégias seletivas, que possibilitem a obtenção de materiais superiores no programa de melhoramento, em que diversos fatores podem influenciar na magnitude da variabilidade genética durante os consecutivos ciclos (RAMALHO et al., 2012; BERILI et al., 2013; MORAES JÚNIOR et al., 2017).

O objetivo da seleção recorrente, assim como para os demais métodos de melhoramento, é a obtenção de genótipos superiores, e como já comentado, podemos antever o sucesso com seleção por meio da predição de ganhos; parâmetro que expressa o progresso com a seleção ao longo dos ciclos (HALLAUER et al., 2010).

A seleção em espécies alógamas, forma populações compostas por indivíduos heterozigotos, com médias populacionais e frequências alélicas diferentes das iniciais, caracterizando assim o ganho com a seleção (BORÉM et al., 2017). Porém, com sucessivos ciclos de seleção, os ganhos tendem a diminuir, demonstrando que a população está atingindo a estabilidade.

Entende-se como ganho por seleção, o ganho esperado, após a seleção e; recombinação em uma população. O processo consiste em partir de uma população de indivíduos, chamada de população original, procede-se testes com base nos caracteres desejáveis, selecionar uma porcentagem de indivíduos que obtiveram melhor desempenho e, com base na herdabilidade obtida para os caracteres em questão, estimar qual o ganho esperado na nova população, formada a partir dos indivíduos selecionados, ou seja, qual a melhoria esperada, promovida a partir da seleção para as características consideradas.

Existem diversas formas de predição desses ganhos, porém, quando considera-se que algumas características são controladas por um grande número de genes e que quando se deseja selecionar indivíduos com base em mais de uma característica, pode haver correlação negativa entre elas, o que acarreta maiores

dificuldades em predizer esses ganhos; uma alternativa para minimizar essa dificuldade é a utilização do índice de seleção (RODRIGUES et al., 2011).

O índice de seleção é uma técnica de seleção multivariada, ou seja, que reúne informações relativas a vários caracteres de interesse ao mesmo tempo para selecionar os melhores genótipos e predizer os ganhos com base no complexo de caracteres escolhidos (FREITAS JÚNIOR et al., 2009; RODRIGUES et al., 2011). Em adição, espera-se que os demais caracteres não considerados no índice, permaneçam inalterados ou sejam melhorados de forma indireta no caso da existência de correlações favoráveis (CRUZ et al., 2012).

Existem na literatura diversas propostas de índice de seleção: índice proposto por Smith (1936) & Hazel (1943), índice de Kempthorne & Nordskog (1959), índice de Tallis (1962), índice de James (1968), índice de Pesek & Baker (1969), índice de Kunningham et al. (1970), índice de Tai (1977), índice de Williams (1962), índice de Mulamba & Mock (1978), índice de Elston (1963), dente outros (CRUZ et al., 2012); devendo ser preterido aquele que mais se adequa às características e ao métodos de melhoramento, já que o objetivo principal é a estimação do ganho com a seleção.

Diversos estudos demonstraram a eficiência do índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) sob outros métodos de seleção, garantindo melhor ajuste de dados e maiores ganhos. Santos et al. (2007) obtiveram ganhos de 7,16% para capacidade de expansão e 10% para produção de grãos, além de ganhos favoráveis para espigas doentes e atacadas por lagartas, plantas quebradas e acamadas, quando comparou com os índices de Smith (1936) & Hazel (1943), Pesek & Baker (1969) e o de Williams (1962) em que obtiveram resultados inferiores, avaliando populações de milho-pipoca sob seleção recorrente; resultado que também foi observado por Freitas et al. (2013) comparando os mesmos índices.

Freitas Júnior et al. (2009) também obtiveram resultados superiores com o índice de Mulamba & Mock (1978), quando compararam com o de Smith (1936) & Hazel (1943), superando 10% e 8%, para capacidade de expansão e produção respectivamente, avaliando a mesma população em ciclo subsequente e; Berili et al. (2013), compararam os índices de Smith (1936) & Hazel (1943), Williams (1962) e Mulamba & Mock (1978), colhendo melhores resultados neste último para produtividade de grãos.

2.5. Dissimilaridade e métodos de agrupamento

A diversidade genética em grupos de progênies geralmente é avaliada com o objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e que permita a recuperação de genótipos superiores em gerações segregantes; porém, também pode ser uma estratégia de identificação da similaridade genética entre progênies permitindo o agrupamento daquelas mais semelhantes entre si; para tais avaliações, pode-se lançar mão de vários métodos, como o de componentes principais, o de variáveis canônicas e os aglomerativos (CRUZ et al., 2012; SUDRÉ et al., 2005).

Neste sentido, a diversidade genética pode ser representada em medidas de dissimilaridade, que expressam múltiplas informações a partir das avaliações de caracteres agronômicos, morfológicos, moleculares, dentre outros e, podem ser obtidas de três formas: por variáveis quantitativas, binárias ou multicategóricas; sendo a primeira, mais utilizada (CRUZ et al., 2014).

Segundo tais autores, dentre as medidas de dissimilaridade comumente utilizadas está a distância de Mahalanobis, que diferente de outras medidas, exige experimentos com repetições, leva em conta as variâncias e covariâncias residuais, o que possibilita obter matrizes de dispersão residual, e quantificar a contribuição relativa dos caracteres considerados para a avaliação da divergência.

Em programas de melhoramento, geralmente busca-se analisar um grande número de características em um grande número de acessos, principalmente em fases iniciais, o que acaba por dificultar a interpretação dos dados. Dessa forma, métodos de agrupamento podem auxiliar o melhorista a identificar grupos de genótipos com características similares dentro do conjunto em avaliação e divergentes entre grupos sendo os métodos UPGMA e o de otimização de Tocher os mais utilizados (ALVARES et al., 2012; CRUZ et al., 2012; CRUZ et al., 2014).

Sudré et al. (2005) enfatizaram a importância de se utilizar mais de um método de agrupamento para verificar a coerência dos resultados, contudo Rigon et al. (2015) constataram que o método UPGMA foi mais sensível que o de otimização de Tocher no estudo da divergência genética entre híbridos comerciais de milho e, Alvares et al. (2012) relataram a formação de um maior número de grupos com a utilização do método UPGMA quando comparado ao Tocher, assinalando sua maior sensibilidade

na formação de grupos, o que corrobora com o observado por Silva et al. (2016) analisando progênies de meios-irmãos de milho verde.

3. REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, R. G.; BORGES, I. D.; SOUZA FILHO, A. X.; FIORINI, I. V. A. Desempenho de híbridos experimentais e comerciais de milho para produção de milho verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 3, p. 768-775, 2008.

ALVARES, R. C.; REIS, E. F.; PINTO, J. F. N. Genetic divergence in pepper genotypes from Southwest Goiás. **Ciência e Agrotecnologia,** Lavras, v. 36, n. 5, p. 498-506, 2012.

ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C. TOEBE, M.; SILVA, L. P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural.** Santa Maria, v. 45, n. 5, p. 884-891, maio 2015. Disponível em <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782015000500884&lng=pt&nrm=iso>. Acesso em: 11 nov. 2019.

BARBOSA NETO, J. F.; TERRA, T. F.; WIETHÖLTER, P.; BISPO, N. B.; SERENO, M. J. C. M. Editores técnicos: Rosa Lía Barbieri, Elisabeth Regina Tempel Stumpf. Milho – uma cultura sob domínio humano. In. **Origem e evolução de plantas cultivadas**. 1 ed. Brasília, DF, Embrapa Informação Tecnológica, 2008, p. 575 – 598.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; PELEGRIN, A. J.; FERRARI, M.; SZARESKI, V. J.; BARROS, W. S.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Estimates of genetic parameters and genotypic values prediction in maize landrace populations by REML/BLUP procedure. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, p. 1-14, 2017.

BERILLI, A. P. C. G.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. S.; COSTA, F. R.; CUNHA, K. S. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 4, p. 435-441, 2013.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHE NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7 ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2017. 543 p.

CÂMARA, T. M. M.; BENTO, D. A. V.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 595-603, 2007.

CHUM, H. L.; WARNER, E.; SEABRA, J. E. A.; MACEDO, I. C. A comparison of commercial ethanol production systems from Brazilian sugarcane and US corn. **Biofuels, Bioproducts and Biorefining**, Chichester, v. 8, n. 2, p. 205-223, 2014.

CIMMYT. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. **Managing Trials and Reporting Data for CIMMYT's International Maize Testing Program**, México, 1999. Disponível em: <https://repository.cimmyt.org/xmlui/bitstream/handle/10883/697/13201.pdf>. Acesso em: 11 nov. 2019.

CONAB. Companhia Nacional De Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira– grãos**: 12º levantamento, setembro 2018 – safra 2017/2018. Brasília, 2018. Disponível em: <https://https://www.conab.gov.br/component/k2/item/download/22227_378630c35e68682d6>. Acesso em: 31 out. 2019.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira– grãos**: 11º levantamento, agosto 2019 – safra 2018/2019. Brasília, 2019. Disponível em: <https:// https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/down>. Acesso em: 31 out. 2019.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 1, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 2, 2014. 668 p.

EMBRAPA. **Encontro técnico do milho verde reúne produtores na Ceasa Minas - Portal Embrapa**. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/25715493/encontro-tecnico-do-milho-verde-reune-produtores-na-ceasaminas>. Acesso em: 31 out. 2019.

FALUBA, J. F.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 6, p. 1250-1256, 2010.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics. **Crops (Production)**, 2019. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 11 nov. 2019.

FREITAS, I. L. J.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, 2013.

FREITAS JÚNIOR, S. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RANGEL, R. M.; VIANA, A. P. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. **Seminário de Ciências Agrárias,** Londrina, v. 30, n. 4, p. 803-814, 2009.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 3. ed. Berlin: Springer-Verlag, 2010. 500 p.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **CENSO Agropecuário 2006 - Brasil, Grandes Unidades da Federação**. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/51/agro_2006.pdf>. Acesso em: 11 jun. 2018.

JÚNIOR, O. P. M.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; COLOMBARI FILHO, J. M. Variabilidade genética durante quatro ciclos de seleção recorrente em arroz. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 52, n. 11, p. 1033-1041, 2017.

LIMA, R.; BORÉM, A. **Melhoramento de milho.** 1. Ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2018. 396 p.

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

OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F.; MIRANDA FILHO, J. B. Variabilidade genética e potencial produtivo em três populações semiexóticas de milho (*Zea mays L*.). [Jataí, GO] Universidade Federal de Goiás Regional - Jataí, 2013. Disponível em: < https://posagronomia.jatai.ufg.br/p/22127-dissertacoes-defendidas-em-2013>. Acesso em: 11 nov. 2019.

OLIVEIRA JUNIOR, G. I.; MORAES, V. B.; COSTA, N. M. B.; PAES, M. C. D. Importância nutricional do milho. In: Borém, A.; Rios, S. A. (Org.). **Milho biofortificado.** 1. ed. Viçosa, MG: Suprema Gráfica e Editora, v. 1, 2011, p. 107-124.

PAIVA JUNIOR, M. C.; VON PINHO, R. G.; VON PINHO E. V. R.; RESENDE, S. G. Desempenho de cultivares para a produção de milho verde em diferentes épocas e densidades de semeadura em Lavras-Mg. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 5, p. 1235 –1247, 2001.

PEREIRA FILHO, I. A. **O cultivo do milho verde.** 1. Ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2002. 217 p.

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. **Mercado de sementes de milho no Brasil safra 2016/2017**. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/155505/1/doc-202-1.pdf>. Acesso em: 31 out. 2019.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012. 522 p.

RIBEIRO, L. P.; TEODORO, P. E.; CORRÊA, C. C. G.; OLIVEIRA, E. F.; SILVA, F. A.; TORRES, F. E. Correlations and genetic parameters in maize hybrids. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 32, n. 1, p. 48-54, 2016.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; RIGON, C. A. G. Genetic divergence among maize hybrids by morphological descriptors. **Bragantia,** Campinas, v. 74, n. 2, p.156-160, 2015.

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, É. V. R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011.

SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca unb-2u sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

SANTOS, I. C.; MIRANDA, G. V.; MELO, A. V; MATTOS, R. N.; OLIVEIRA, L. R.; LIMA, J. S.; GALVÃO, J. C. C. Comportamento de cultivares de milho produzidos organicamente e correlações entre características das espigas colhidas no estádio verde. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Viçosa, v. 4, n. 1, p. 45–53, 2005.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; REIS, R. V. Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. **Revista Ciência Agronômica,** Fortaleza, v. 43, n. 3, p. 493-499, 2012.

SILVA, T. N. MORO, G. V.; MORO, F. V.; SANTOS, D. M. M.; BUZINARO, R. Correlation and path analysis of agronomic and morphological traits in maize. **Revista Ciência Agronômica,** Fortaleza, v. 47, n. 2, p. 351-357, 2016.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 159-198, 2001. 1183 p.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira,** Brasília, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.

TSUNECHIRO, A.; VASCONCELLOS, C. A.; MORETTI, C. L.; KARAM, D.; OLIVEIRA, E.; GAMA, E. E. G.; FERNANDES, F. T.; DURÃES, F. O. M.; HENZ, G. P.; PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, I.; DUARTE, J. O.; CRUZ, J. C.; WAQUIL, J. M.; MATTOSO, M. J.; VIANA, P. A.; MAGALHÃES, P. C.; ALBUQUERQUE, P. E. P. Editor técnico: Israel Alexandre Pereira Filho. **Coleção Plantar: Milho verde.** Brasília, DF, Embrapa Informação Tecnológica, 2008, 61 p.

USDA. UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production** – Foreign Agricultural Service/USDA, agosto 2018. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em: 20 ago. 2018.

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

VETTORAZZI, J. C. F.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; DURÃES, N. N. L.; CREVELARI, J. A.; GONÇALVES, V. M. L.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índice de seleção no 15º ciclo de seleção recorrente recíproca. In. CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 31: 2016, Bento Gonçalves. **Anais eletrônicos**, Sete Lagoas: ABMS, 2016. Disponível em: <http://www.abms.org.br/cnms2016_trabalhos/docs/929.pdf>. Acesso em: 11 nov. 2019.

YOU, F. M.; SONG, Q.; JIA, G.; CHENG, Y.; DUGUID, S.; BOOKER, H.; CLOUTIER, S. Estimation of genetic parameters and their sampling variances for quantitative traits in the type 2 modified augmented design. **The Crop Journal**, Beijing, v. 4, n. 2, p. 107-118, 2016.

CAPÍTULO 2

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE GANHOS NA POPULAÇÃO PMVJ01, COM POTENCIAL PARA MILHO VERDE

RESUMO – A produção de milho verde é uma atividade contínua durante o ano e o produto compõe diversos pratos na culinária brasileira. Devido à escassez de cultivares direcionadas a esse cultivo, objetivou-se com o presente trabalho estimar parâmetros genéticos e utilizar diferentes estratégias de seleção em famílias de meios-irmãos da população PMVJ01, com a produção de novos cultivares. Para tanto, foram avaliadas 167 progênies da população PMVJ01, originada do cruzamento TG-02R2 X AG1051. Como testemunhas foi utilizada a população de polinização aberta (TG-02R2) e o híbrido (AG1051). O experimento foi estabelecido em Látice 13x13, com 2 repetições, com parcelas de uma linha de quatro metros com 20 plantas. Foram avaliados: florescimento feminino e masculino, altura de plantas e de espigas. No estágio de milho verde, foram avaliados a produtividade com palha e sem palha, empalhamento, diâmetro, comprimento, peso de espigas e de massa, formato de espigas, número e alinhamento das fileiras e cor dos grãos. As palhas foram avaliadas quanto ao diâmetro e comprimento. Os dados foram submetidos à Análise de Variância e estimados os parâmetros genéticos, além do ganho genético predito com a seleção de 20% das progênies mais promissoras, formando 4 diferentes populações, com base no índice de Mulamba & Mock 1978. Uma quinta população foi obtida por meio de método de agrupamento UPGMA, evidenciando o grupo que apresentava, aproximadamente, 20% das famílias e nele estava inserido o híbrido testemunha. Concluiu-se que a população possui potencial genético sendo passível a exploração em programas de melhoramento e que duas das populações geradas, com base no índice de seleção, possuem potencial para a produção de milho verde.

Palavras-chave: diversidade genética, ganhos por seleção, índice de seleção, seleção recorrente, variabilidade genética, *Zea mays* L.

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND EARNINGS PREDICTION IN PMVJ01 POPULATION, WITH POTENTIAL FOR GREEN CORN

SUMMARY - The production of green corn is a continuous activity throughout the year and the product makes up several dishes in Brazilian cuisine. Due to the scarcity of cultivars directed to this cultivation, the objective of this study was to estimate genetic parameters and use different selection strategies in families of half brothers of the PMVJ01 population, with the production of new cultivars. For this purpose, 167 progenies from the PMVJ01 population were evaluated, originated from the crossing TG-02R2 X AG1051. The open pollination population (TG-02R2) and the hybrid (AG1051) were used as controls. The experiment was established in Látice 13x13, with 2 replicates, with plots of a four meter line with 20 plants. Were evaluated: female and male flowering, height of plants and ears. In the green corn stage, the productivity with straw and without straw, stuffing, diameter, length, weight of ears and mass, shape of ears, number and alignment of the rows and color of the grains were evaluated. Straws were evaluated for diameter and length. The data were submitted to Analysis of Variance and genetic parameters were estimated, in addition to the genetic gain predicted with the selection of 20% of the most promising progenies, forming 4 different populations, based on the Mulamba & Mock 1978 index. A fifth population was obtained through the UPGMA grouping method, showing the group that had approximately 20% of the families and the control hybrid was inserted in it. It was concluded that the population has genetic potential and can be exploited in breeding programs and that two of the populations generated, based on the selection index, have potential for the production of green corn.

Key-words: genetical diversity, selection gains, selection index, recurrent selection, genetic variability, *Zea mays L.*

1. INTRODUÇÃO

A importância do milho verde está veiculada à cultura dos povos, uma vez que é componente de diversos pratos típicos, como mingaus, pamonhas, bolos, broas, sorvetes, além de ser consumido cozido, assado e refogado. Os principais países produtores de milho verde no mundo são os Estados Unidos (4010,800 t), México (999,105 t) e Croácia (858,058 t) (FAOSTAT, 2019). No Brasil, em 2006, a produção de milho verde estava concentrada na Região Nordeste, com 115,960 t de espigas produzidas e no Centro-Oeste, com produção de 32,009 t, Goiás se destacava com produção de 18,117 t de espigas (IBGE, 2006); embora seja importante destacar que grande parte da produção é comercializada informalmente, em feiras livres e semelhantes, e acaba não sendo contabilizado, o que dificulta estimativas de produção.

Segundo Camilo et al. (2015), para garantia de bons resultados sensoriais o milho verde deve ser colhido em um intervalo de 26 a 28 dias após o florescimento; porém a longevidade do período de colheita é uma das características mais importantes de cultivares de milho verde, como salienta Pereira Filho et al. (2003), dentre outras como possuir produtividade acima de 12 t ha^{-1}, bom empalhamento, alto rendimento de espigas comerciais, diâmetro de espigas acima de 3 cm e comprimento acima de 15 cm, cor dos grãos variando de creme à amarelo, formato cilíndrico de espigas e alinhamento retilíneo das fileiras nas espigas (PEREIRA FILHO et al., 2003; ALBUQUERQUE et al., 2008), além da possibilidade de plantio durante o ano todo.

Apesar dos valores modestos de produção, quando comparados à produção de milho grão, o cultivo do milho verde oferece bom retorno econômico, uma vez que apresenta alto valor agregado (CORREIA JÚNIOR et al., 2014); fato que coloca o milho verde como uma alternativa rentável para pequenos agricultores como renda extra, além da possibilidade de cultivo na entressafra com uso de irrigação. O produtor, por sua vez tem buscado tecnificar o processo produtivo visando atender a demanda crescente, mas acaba esbarrando em dificuldades como o alto preço de sementes híbridas e a escassez de cultivares próprias para essa finalidade (SILVA et al., 2015).

Perante tal cenário, o melhoramento genético utiliza métodos-chave na identificação de genótipos superiores; e nos casos em que se deseja melhorar uma

população *per se*, a seleção recorrente é um dos métodos mais utilizados. O método consiste em concentrar alelos favoráveis em detrimento dos desfavoráveis e, assim, obter uma população com média superior a média da população original e sobretudo, sem diminuir drasticamente a variabilidade genética desta população (BORÉM et al., 2017).

Diante da necessidade em reunir um grande número de características direcionadas à produção de milho verde, o melhoramento genético utiliza de estratégias como a seleção simultânea envolvendo várias características, com base em estimativas de parâmetros genéticos dispondo de maior chance de sucesso na obtenção de genótipos promissores para o mercado (RODRIGUES et al., 2011). Nesse sentido, os índices de seleção permitem a combinação de características pré-determinadas pelo melhorista e a previsão de ganhos genéticos que direcionam o melhorista no processo de seleção (FREITAS et al., 2013).

Diante o exposto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e utilizar diferentes estratégias de seleção em famílias de meios-irmãos da população PMVJ01, com potencial para a produção de milho verde.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material genético e delineamento experimental

O experimento foi composto por 167 progênies de meios-irmãos da população de polinização aberta PMVJ01 originada do cruzamento entre a população, também de polinização aberta, TG-02R2 e o híbrido comercial AG1051.

A população TG-02R2 foi obtida em experimentos anteriores pelo Programa de Melhoramento Vegetal da Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí. O sintético TG-02 foi originado de um esquema de cruzamento *topcross intragrupo* entre 31 populações segregantes (F_2), cujas sementes foram obtidas dos campos de produção de grãos na região de Jataí-GO (MIRANDA FILHO et al., 2012).

Em trabalho subsequente foram selecionadas progênies de irmãos germanos que apresentavam potencial para prolificidade; quando avaliadas durante o ano agrícola de 2012/2013 apresentavam média de comprimento de espiga de 15,23 cm e diâmetro de espiga de 4,72 cm, foram selecionadas 18 famílias com maior produção

de grãos e, após recombinação, em lote isolado, originou-se do primeiro ciclo de seleção recorrente a população designada como TG-02R1. Desta, foram extraídas e avaliadas 162 famílias de meios irmãos, obtidas das linhas recombinadas e selecionadas visualmente para tamanho de espigas. Após avaliação de campo, selecionou-se as 60 mais produtivas, que apresentavam comprimento de espiga superior a 15 cm e diâmetro de espiga superior a 4 cm. Em seguida, foi feita a seleção visual para maior profundidade de grãos, sendo nesta etapa selecionadas 21 famílias. Essas foram semeadas em lote isolado para recombinação gerando a população designada como TG-02R2, do segundo ciclo de seleção recorrente.

O híbrido de milho AG 1051 da empresa de sementes Agroceres, é um dos cultivares mais plantados na região Centro-Oeste com o objetivo de obter espigas verdes. É um híbrido duplo com tripla aptidão, recomendado para obtenção de grãos, silagem de planta inteira e milho verde (PEREIRA FILHO & BORGHI, 2016).

Visando aumento do tamanho da espiga e qualidade dessas em estágio verde, foi realizada a hibridação entre a população TG-02R2 e o híbrido AG1051. Utilizou-se a população como doadora de pólen e o híbrido como receptor, formando, então, a população objeto deste estudo, denominada PMVJ01.

Após a recombinação, 167 famílias de meios-irmãos da população PMVJ01 foram avaliadas na segunda safra 2017/2018 na fazenda experimental da Universidade Federal de Goiás - Regional Jataí (17º53´ S e 52º43´ W e 700 m de altitude aproximadamente).

O experimento foi estabelecido em 20/02/2018, em esquema Látice 13X13 com duas repetições, em que as parcelas foram representadas por linhas de 4 metros espaçadas 0,9 metros entre si, com espaçamento entre plantas de 0,2 metros, em que cada linha representava uma parcela útil. A semeadura foi feita com 2 sementes a cada 20 cm e, após emergência, o *stand* foi ajustado para 20 plantas por parcela. Juntamente com as progênies foram semeados como testemunhas o híbrido AG1051 e um *bulk* da população PMVJ01.

A adubação de semeadura foi feita com 400 Kg ha^{-1} de N-P-K (08-20-18) e, a adubação de cobertura, com 150 Kg ha^{-1} de N-P-K (20-00-20) no estádio V_4 e 8 dias após com 150 Kg ha^{-1} de sulfato de amônio. Foram feitas duas aplicações de herbicida, posteriores à dessecação, e uma de inseticida, posterior ao tratamento de sementes, para controle de *Spodoptera frugiperda*. Tais tratos culturais foram realizados conforme recomendação e a necessidade da cultura.

2.2. Caracteres avaliados

As famílias foram identificadas no período de pré-florescimento; época em que também foi feita a avaliação do *stand* de plantas.

Com o início do florescimento foram avaliados em campo os caracteres:

a) Florescimento feminino (FF) em GDU: da semeadura até que 50% das plantas da parcela apresentassem espigas emitindo estilo-estigma;
b) Florescimento masculino (FM) em GDU: da semeadura até que 50% das plantas da parcela apresentassem anteras emitindo pólen;

Utilizando para o cálculo a seguinte expressão (ARNOLD, 1959 - citado por RENATO et al., 2013):

$$\mathrm{GDU} = \frac{\mathrm{T_{Máx}} + \mathrm{T_{Min}}}{2} - \mathrm{T_b}$$

em que:

$\mathrm{T_{Máx}}$: Temperatura máxima, em °C (com limite superior em 30°C);

$\mathrm{T_{Min}}$: Temperatura mínima, em °C (com limite inferior em 10°C);

$\mathrm{T_b}$: Temperatura basal, de 10°C.

c) Altura de plantas (AP) em metros: altura média de cinco plantas, obtida da superfície do solo até a inserção da folha bandeira;
d) Altura de espigas (AE) em metros: altura média de cinco plantas, obtida da superfície do solo até a inserção da primeira espiga formada na planta.

A colheita ocorreu quando as espigas atingiram o estádio de milho verde, quando apresentavam grãos no estádio leitoso. Cada parcela foi colhida integralmente e avaliados os seguintes caracteres:

Considerando o total por parcela:

a) Número de espigas (NEsp): contagem do total de espigas;
b) Número de espigas com lagartas (NEspLag): contagem de espigas com presença de lagartas;
c) Peso de espigas com palha (PCPal) em Kg: peso total de espigas empalhadas;
d) Peso de espigas sem palha (PSPal) em Kg: peso total de espigas despalhadas, exceto as 5 espigas que seguiram para as avaliações de palha.

Considerando 5 espigas aleatórias por parcela.

e) Empalhamento das espigas (EMP): média de cinco espigas, segundo escala de notas que variam de 1 a 5, Figura 4 (CIMMYT, 1999);
f) Comprimento de espigas (CEsp) em cm: comprimento médio de cinco espigas aleatórias despalhadas;
g) Diâmetro de espigas (DEsp) em cm: diâmetro médio de cinco espigas aleatórias despalhadas, considerando a região mediana das espigas;
h) Comprimento útil de espigas (CÚtil) em cm: comprimento médio de cinco espigas aleatórias após a retirada da parte não granada;
i) Peso útil das espigas (PÚtil) em Kg: peso médio de uma espiga, considerando as cinco espigas do CÚtil;
j) Rendimento de Massa (RMss) em Kg: rendimento médio da massa de uma espiga, considerando as mesmas 5 espigas utilizadas para CÚtil e PÚtil, com o auxílio de um ralador elétrico.

Cinco espigas ainda empalhadas foram avaliadas quanto:

a) Largura de palha (LgPal) em cm: largura média, considerando uma palha aleatória de cada uma das cinco espigas, medindo a parte basal da palha, utilizando régua graduada em cm;
b) Comprimento de palha (CmPal) em cm: comprimento médio considerando as mesmas palhas usadas na avaliação anterior, medindo da parte basal até o ápice da palha, utilizando régua graduada em cm;

As 5 espigas remanescentes das avaliações de palha foram avaliadas quanto:

c) Número de fileiras das espigas (NFL): média da contagem das fileiras das cinco espigas;
d) Alinhamento das fileiras na espiga (AL): média de notas atribuídas às cinco espigas, Figura 3 (SANTOS et al., 2005);
e) Formato das espigas (FMEsp): média de notas atribuídas às cinco espigas, Figura 2 (SANTOS et al., 2005);
f) Cor dos grãos da espiga (COR): média de notas atribuídas às cinco espigas, Figura 1 (ALBUQUERQUE et al., 2008).

2.3. Análise estatística

Em experimentos conduzidos em esquema Látice quadrado, em que a eficiência, comparado com blocos ao acaso, não atingir 20%, as análises

genético/estatísticas podem ser feitas considerando um delineamento em blocos ao acaso (FEDERER, 1955).

Verificando-se tal condição, foram realizadas as análises de variância para todos os caracteres avaliados, com base no modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij}: observação da i-ésima família no bloco j;

m: média geral do experimento;

g_i: efeito de tratamento suposto aleatório, com distribuição normal e independente distribuído com média zero e variância σ^2_G;

b_j: efeito de repetições suposto aleatório;

e_{ij}: erro experimental suposto aleatório.

O esquema da análise de variância individual para cada variável e as esperanças matemáticas dos quadrados médios, segundo Vencovsky & Barriga (1992), estão representados na Tabela 1.

Tabela 1. Esquema das análises de variância individuais e esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	b -1	QMB	$\sigma_e^2 + g\sigma_B^2$
Genótipos	g -1	QMG	$\sigma_e^2 + b\sigma_G^2$
Resíduo	(b-1)(g-1)	QMR	σ_e^2

g: número de genótipos; b: número de blocos; FV: fonte de variação; GL: grau de liberdade; QM: quadrado médio; QMB: quadrado médio de blocos; QMG: quadrado médio de genótipos; QMR: quadrado médio de resíduo; E (QM): esperança de quadrados médios.

2.4. Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros estatísticos-genéticos foram realizadas para as variáveis avaliadas de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky & Barriga (1992), Nass et al. (2001) e Cruz et al. (2004):

a) Variância genética entre famílias de meios-irmãos (σ^2_G)

$$\sigma^2_G = \frac{QMG - QMR}{b}$$

b) Variância fenotípica entre médias de famílias de meios-irmãos (σ_F^2):

$$\sigma_F^2 = \frac{QMG}{b}$$

c) Variância genética aditiva entre famílias de meios-irmãos (σ_A^2):

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_G^2$$

d) Coeficiente de herdabilidade para médias de famílias em sentido amplo (h_m^2):

$$h_m^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

e) Coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$):

$$CVe\% = 100\frac{\sqrt{QMR}}{m}$$

f) Coeficiente de variação genética ($CV_g\%$):

$$CVg\% = 100\frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{m}$$

g) Índice de variação (θ):

$$\theta = \frac{CVg}{CVe}$$

em que:

QMG: quadrado médio de tratamento;

QMR: quadrado médio de resíduo;

σ_G^2: variância genética;

σ_F^2: variância fenotípica;

σ_A^2: variância aditiva;

CVg: coeficiente de variação genético;

CVe: coeficiente de variação experimental;

Θ: índice de variação;

h_m^2: herdabilidade para média de famílias;

b: número de blocos;

m: média da população.

2.5. Índice de seleção e predição de ganhos

Baseando-se no índice da soma dos postos de Mulamba & Mock (1978) e nos parâmetros genéticos obtidos, foram utilizadas quatro estratégias de seleção levando em consideração aspectos de produção, visual das espigas, uso em pamonharias, consumo *in natura* e ataque de lagartas nas espigas. Assim, foram selecionadas 20% das melhores famílias em cada um dos critérios, resultando em quatro grupos de famílias para recombinação:

A estratégia 1 levou em conta os caracteres relacionados a produção, com ênfase à fabricação de pamonhas: peso útil das espigas, peso de massa, largura de palha e ataque de lagartas.

Para a estratégia 2 foram considerados os caracteres relacionados à aspectos físicos: diâmetro de espigas, número de fileiras e alinhamento destas nas espigas, comprimento de espigas, empalhamento, formato e comprimento útil de espigas, e ataque de lagartas.

A estratégia 3 foi baseada em caracteres relacionados à produção com foco no consumo *in natura*: peso útil e peso de espigas sem palha, comprimento e diâmetro das espigas, número de fileiras e alinhamento destas, cor dos grãos da espiga e ataque de lagartas.

Por fim, a estratégia 4 indicou as famílias superiores quanto aos caracteres: diâmetro e comprimento de espigas, peso de massa, número de fileiras da espiga e ataque de lagartas.

2.6. **Dissimilaridade e agrupamento UPGMA** (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean)

A inferência da diversidade genética entre as 167 progênies + testemunhas (*bulk* da população e híbrido AG 1051) foi feita por meio de medidas de dissimilaridade entre variáveis quantitativas pelo método da distância quadrada de Mahalanobis, conforme Cruz et al. (2014).

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade foi realizado o agrupamento dos genótipos utilizando o método de agrupamento UPGMA, descrito por Cruz et al. (2014). Com base em tal análise, essa estratégia de seleção considerou o agrupamento de 24 progênies mais próximas ao híbrido testemunha (AG1051) e

calculou-se o ganho predito com a seleção segundo Cruz et al. (2012). As sementes dessas progênies foram misturadas e semeadas formando um campo de recombinação que deu origem a uma quinta população.

As análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013) ou de forma direta em planilhas de Excel.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Análise de variância

A análise de variância demonstrou diferença significativa ($p \leq 0,05$), entre as 169 famílias de meios-irmãos avaliadas, para a maioria dos caracteres (Tabela 2), exceto para empalhamento (EMP), alinhamento (AL), formato (FMEsp), comprimento útil das espigas (CÚtil) e largura de palha (LgPal). Tal resultado sugere a existência de variabilidade genética na população PMVJ01, permitindo, desse modo, a exploração dessa variabilidade, a fim de melhorar a população com ciclos de seleção recorrente com perspectivas de ganhos em caracteres de interesse.

Os coeficientes de variação, para maioria dos caracteres, apresentaram baixa magnitude (abaixo de 20%), indicando boa precisão experimental e, portanto, confiabilidade na estimação de parâmetros genéticos a serem utilizados para predição de ganhos e consequentemente, maior eficiência na seleção (SCAPIM et al., 1995; CARVALHO et al., 2003; COIMBRA et al., 2010; BERILLI et al., 2013). Para os caracteres número de espigas com lagartas (NEspLag) e empalhamento das espigas (EMP), os altos valores de CV% podem ser explicados pela estratégia de avaliação, baseada em contagem e escala de notas, respectivamente; casos em que os dados não seguem uma distribuição normal; a qual também não foi obtida com a transformação dos dados.

Tabela 2. Resumo da análise de variância para 19 caracteres avaliados em 167 progênies de meios-irmãos e as testemunhas (população TG- 02R2 e híbrido AG1051) em segunda safra. Jataí/GO – 2017/2018

	FV	Bloco	FMI	Resíduo	Média	CV (%)
QM	FM	948,636	519,359**	169,800	947,030	1,380
	FF	2.106,255	861,822**	219,086	969,610	1,530
	AP	0,652	0,020*	0,015	2,250	5,500
	AE	1,435	0,012**	0,008	1,350	6,430
	NEspLag	94,796	10,977**	5,391	5,160	45,030
	EMP	0,720	$0,319^{ns}$	0,255	1,590	31,720
	AL	0,185	$0,109^{ns}$	0,099	1,960	16,030
	FMEsp	0,001	$0,038^{ns}$	0,030	2,030	8,560
	COR	3,792	0,284**	0,147	2,570	14,950
	NFL	0,462	1,284**	0,657	15,050	5,390
	PCPal	10,244	0,402**	0,204	5,260	8,590
	PSPal	4,689	0,223**	0,119	2,900	11,860
	PÚtil	0,021	0,001*	0,001	0,170	13,180
	RMss	0,011	0,000**	0,000	0,090	17,660
	CEsp	0,405	1,946**	1,042	18,000	5,670
	DEsp	1,676	0,080*	0,059	4,400	5,540
	CÚtil	2,627	$1,922^{ns}$	1,852	14,510	9,380
	LgPal	210,283	$3,417^{ns}$	2,774	21,890	7,610
	CmPal	0,796	2,515**	1,139	23,040	4,630
	GL	1	168	168		

FV: fonte de variação; FMI: famílias de meios-irmãos; CV: coeficiente de variação; QM: quadrado médio; GL: grau de liberdade; ns: não significativo, * significativo a 5% de probabilidade, ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste de F.
FM: florescimento masculino (GDU), FF: florescimento feminino (GDU), AP: altura de plantas (m), AE: altura de espigas (m), NEspLag: número de espigas com lagarta, EMP: empalhamento das espigas, AL: alinhamento de fileiras da espiga, FMEsp: formato de espigas, COR: cor dos grãos da espiga, NFL: número de fileiras da espiga, PCPal: peso de espigas com palha (Kg), PSPal: peso de espigas sem palha (Kg), PÚtil: peso útil de espigas (Kg), RMss: rendimento de massa (Kg), CEsp: comprimento de espigas (cm), DEsp: diâmetro de espigas (cm), CÚtil: comprimento útil de espigas (cm), LgPal: largura de palha (cm) e CmPal: comprimento de palha (cm).

3.2. Médias e estimação de parâmetros genéticos

As médias das famílias de meios-irmãos foram próximas às médias do híbrido testemunha (AG1051) (Tabela 3), exceto para os caracteres número de espigas com lagartas (NEspLag), empalhamento de espigas (EMP), peso de espigas empalhadas (PCPal), peso de espigas despalhadas (PSPal), comprimento de espigas (CEsp), comprimento útil de espigas (CÚtil), número de fileiras (NFL) e largura de palha

(LgPal); em que a maior discrepância entre as médias das progênies em relação ao híbrido foi para o caráter número de espigas com lagartas (NEespLag), com diferença de 2,67 espigas mais atacadas para a população PMVJ01. Porém, os valores de CV_g% (Tabela 3) e a diferença significativa entre as progênies (Tabela 2), principalmente para PCPal e PSPal, indicam possibilidade de seleção bem sucedida sob tais caracteres.

As progênies apresentaram melhores médias quanto à empalhamento de espigas (EMP) quando comparadas às médias da testemunha AG1051 (Tabela 3), uma vez que médias menores indicam espigas mais bem empalhadas segundo escala do CIMMYT (1999) que indica melhor proteção da espiga.

As estimativas de variância aditiva (σ^2_A) e herdabilidade média (h^2_m) de progênies para florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF) foram 699,120 GDU^2; 67,310% e 1.285,472 GDU^2; 74,580%, respectivamente (Tabela 3). A combinação entre tais valores sugere facilidade e eficiência na seleção para melhoramento dessas características, uma vez que essas medidas indicam possibilidade de sucesso no processo seletivo; além das herdabilidades maiores que 50% ressaltarem a maior representatividade do valor genético pelo valor fenotípico, os valores de índice de variação (θ) superiores a unidade, reafirmam a situação favorável à seleção (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; CRUZ et al., 2012). Valores semelhantes de CV_g% para FM e FF foram obtidos por Paterniani et al. (2015) ao estudar progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho, com finalidade de produção de grãos, quanto à tolerância a seca.

Para os caracteres Altura de plantas (AP) e altura de espigas (AE) os valores de herdabilidade média para progênies (23,040% e 36,520%, respectivamente), coeficiente de variação genético (2,130% e 3,450%, respectivamente) e o índice de variação (0,390 e 0,540, respectivamente) corroboram com os obtidos por Faluba et al. (2010) estudando o potencial genético da população UFV 7 para o melhoramento de milho com aptidão para produção de grãos. As médias apresentadas para altura de plantas (AP) e altura de espigas (AE) foram 2,244 m e 1,352 m, respectivamente (Tabela 3), performance semelhante ao híbrido testemunha (2,375 m e 1,530 m), de forma que não seria necessário fazer seleção na população sob tais caracteres visando diminuir os valores médios, já que esses, semelhantes aos do híbrido, atendem os requisitos desejados pelos produtores.

Tabela 3. Médias de famílias ($\bar{x}_0$), da testemunha AG1051 ($\bar{x}_H$) e estimativas de variâncias genética (σ^2_G), fenotípica média (σ^2_F), genética aditiva (σ^2_A), da herdabilidade com base na média de progênies (h^2_m%), coeficientes de variação genético (CV_g%), experimental (CV_e%) e índice de variação (θ). Jataí/GO – 2017/2018

			Parâmetros Genéticos						
Caráter	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_H$	σ^2_G	σ^2_F	σ^2_A	h^2_m%	CV_e%	CV_g%	θ
FM	947,042	944,300	174,780	259,680	699,120	67,310	1,380	1,400	1,010
FF	969,605	969,800	321,368	430,911	1.285,472	74,580	1,530	1,850	1,210
AP	2,244	2,375	0,002	0,010	0,009	23,040	5,500	2,130	0,390
AE	1,352	1,530	0,002	0,006	0,009	36,520	6,430	3,450	0,540
NEspLag	5,173	2,500	2,793	5,489	11,172	50,890	45,030	32,410	0,720
EMP	1,587	2,200	0,032	0,160	0,128	20,120	31,720	11,260	0,350
AL	1,959	1,800	0,005	0,055	0,020	9,370	16,030	3,650	0,230
FMEsp	2,029	2,000	0,004	0,019	0,015	19,560	8,560	2,980	0,350
COR	2,568	2,400	0,069	0,142	0,274	48,210	14,950	10,200	0,680
NFL	15,041	16,600	0,313	0,642	1,254	48,830	5,390	3,720	0,690
PCPal	5,254	6,021	0,099	0,201	0,395	49,220	8,590	5,980	0,700
PSPal	2,898	3,456	0,052	0,112	0,210	46,960	11,860	7,890	1,790
PÚtil	0,170	0,185	0,000	0,001	0,000	25,270	13,180	5,420	0,100
RMss	0,093	0,098	0,000	0,000	0,000	32,950	17,660	8,750	0,050
CEsp	17,997	19,100	0,452	0,973	1,808	46,450	5,670	3,730	0,660
DEsp	4,402	4,500	0,011	0,040	0,042	26,030	5,540	2,320	0,420
CÚtil	14,502	15,800	0,035	0,961	0,141	3,670	9,380	1,290	0,140
LgPal	21,880	22,750	0,321	1,709	1,285	18,800	7,610	2,590	0,340
CmPal	23,043	23,100	0,688	1,258	2,753	54,730	4,630	3,600	0,780

FM: florescimento masculino (GDU), FF: florescimento feminino (GDU), AP: altura de plantas (m), AE: altura de espigas (m), NEspLag: número de espigas com lagarta, EMP: empalhamento das espigas, AL: alinhamento de fileiras da espiga, FMEsp: formato de espigas, COR: cor dos grãos da espiga, NFL: número de fileiras da espiga, PCPal: peso de espigas com palha (Kg), PSPal: peso de espigas sem palha (Kg), PÚtil: peso útil de espigas (Kg), RMss: rendimento de massa (Kg), CEsp: comprimento de espigas (cm), DEsp: diâmetro de espigas (cm), CÚtil: comprimento útil de espigas (cm), LgPal: largura de palha (cm) e CmPal: comprimento de palha (cm).

Os caracteres COR e número de fileiras da espiga (NFL) apresentaram estimativas de h^2_m (48,210% e 48,830%, respectivamente) além de índices de variação próximos a unidade (Tabela 3), ressaltando que a seleção sobre esses caracteres pode ser realizada com eficiência, uma vez que tais valores sugerem maior representatividade do valor genético sobre o fenotípico (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; CRUZ et al., 2012). Tais caracteres, juntamente com comprimento (CEsp) e diâmetro (DEsp) de espigas despalhadas são de fundamental importância para comercialização do milho verde, uma vez que exercem grande influência sobre o julgamento do consumidor (PEREIRA FILHO, 2002 e RODRIGUES et al., 2011).

Segundo Pereira Filho (2002) e Rodrigues et al. (2011), as espigas devem apresentar cor variando de creme a amarelo, diâmetro (DEsp) superior a 3 cm e comprimento (CEsp) superior a 15 cm; o que corrobora com os resultados encontrados no presente trabalho em que o valor médio de cor (2,568) (Tabela 3) indica cor amarelo claro, segundo escala apresentada por Albuquerque et al. (2008), e as médias de DEsp e CEsp superaram os valores indicados por esses autores, assim como relatado por Paiva Júnior et al. (2001); Santos et al. (2005) e Ferreira et al. (2009). No entanto, a seleção sobre os caracteres CEsp e NFL ainda se justifica pelas médias inferiores em relação à performance do híbrido AG1051 e os valores de h^2_m (46,450% e 48,830%, respectivamente) e índice de variação (0,660 e 0,690, respectivamente) (Tabela 3) reforçam tal possibilidade.

A herdabilidade média de progênies para os caracteres peso de espigas com palha (PCPal) e peso de espigas sem palha (PSPal), ficaram próximos a 50% (Tabela 3), indicando representatividade do valor genético, o que juntamente com os índices de variação (0,7 e 1,7, respectivamente) próximos a unidade e estimativas de σ^2_A (0,395 Kg² para PCPal e 0,210 Kg² para PSPal), representam um cenário favorável à seleção com base em tais caracteres; o que é confirmado pelos valores de CV_e%, que revelam confiabilidade dos dados experimentais, reforçando o pressuposto de eficiência na seleção.

Os valores médios de produção de espigas empalhadas (PCPal) e despalhadas (PSPal) (Tabela 3) foram semelhantes aos obtidos por Câmara (2007) ao estudar o rendimento de grãos verdes e secos em 13 cultivares de milho, dentre eles, híbridos duplos, triplos, sintéticos e compostos de alto rendimento, assim como tais valores não foram discrepantes dos observados para o híbrido testemunha AG1051 neste

trabalho, evidenciando a existência de progênies de alta performance e produtivas dentro da população estudada, como pode ser observado na Tabela 4.

Tabela 4. Produtividades médias estimadas para as famílias de meios-irmãos (FMI) e o híbrido testemunha (AG1051). Jataí/GO – 2017/2018

	Produtividade (Kg ha^{-1})		
	PCPal	**PSPal**	**RMss**
FMI	11675,25	6440,53	4018,01
AG1051	13379,99	7679,99	3405,55
Máximo (FMI)	15584,44	10324,44	7982,22
Mínimo (FMI)	7660,66	3977,77	1668,88

PCPal: peso de espigas com palha, PSPal: peso de espigas sem palha e RMss: rendimento de massa.

Segundo Silva & Teixeira (2019), produtores e comerciantes de milho verde e pratos típicos da cidade de Jataí – GO, uma característica importante na produção é o rendimento de massa; sendo esperado que 60 espigas de milho tenham um rendimento médio de 6,5 Kg de massa fresca e o híbrido AG1051 satisfaz tal expectativa, sendo o mais utilizado na fabricação de pratos típicos. A produtividade média para rendimento de massa das progênies foi semelhante à produtividade do híbrido AG1051 (Tabela 4) e o valor máximo obtido (7982,22 Kg ha^{-1}), reafirma a existência de progênies de alta performance produtiva na população PMVJ01, que apresentando valores de h^2_m (32,950%) e CV_g% (8,750%) (Tabela 3), juntamente com a diferença significativa apresentada na ANOVA (Tabela 2) expõe a situação favorável à seleção, indicando que tal característica é passível de ser explorada.

Os caracteres largura (LgPal) e comprimento (CmPal) de palha apresentaram valores de σ^2_A (1,285 cm^2 e 2,753 cm^2, respectivamente) que em conjunto com a h^2_m (18,800% e 54,730%, respectivamente) (Tabela 3) evidenciam a possibilidade de manejar tais caracteres em métodos de seleção, que se justifica pela importância desses para a comercialização, uma vez que as palhas são utilizadas para fabricação de pamonhas e existe preferência pelos consumidores por espigas bem empalhadas e de coloração verde escura (PAIVA JÚNIOR et al., 2001 e SANTOS et al., 2005).

Neste sentido o empalhamento (EMP) e o número de espigas com lagartas (NEspLag) também exercem importante papel, uma vez que medem o nível de qualidade do produto; para EMP a média de progênies demonstrou performance superior ao híbrido com um bom fechamento de espiga de acordo com a escala de notas utilizada (CIMMYT, 1999) (Tabela 3).

Outras características de igual importância para comercialização, principalmente após pré-beneficiamento, são o formato de espigas (FMEsp) e o alinhamento das fileiras na espiga (AL), em que as médias das progênies (2,029 e 1,959) foram próximas às do híbrido AG1051 (2,000 e 1,800) (Tabela 3), indicando boa performance das progênies, uma vez que tais valores nas escalas de notas representam espigas de formato cilíndrico e com alinhamento de fileiras retilíneo; espigas esteticamente preferidas pelos consumidores (PEREIRA FILHO, 2002).

3.3. Predição de ganhos

Diversos estudos demonstraram a eficiência do índice de seleção de Mulamba & Mock (1978), sob outros índices de seleção, garantindo melhor ajuste de dados e maiores ganhos (SANTOS et al., 2007; FREITAS JUNIOR et al., 2009; BERILI et al., 2013 e FREITAS et al., 2013). Tal método permite estimar os ganhos com base na seleção de um conjunto de caracteres e observar os ganhos obtidos de forma direta e indireta para os demais. Desta forma, os ganhos obtidos para o conjunto de caracteres pré-selecionados são em função da magnitude da herdabilidade, podendo apresentar respostas em outros caracteres, desde que estes estejam altamente correlacionados com aqueles objetos da seleção.

Para número de espigas com lagartas (NEspLag) todos os critérios de seleção apresentaram progresso esperado no sentido desejado (Tabela 5), em que os valores negativos representam redução do número de espigas atacadas por lagartas, o que já era esperado uma vez que tal característica foi considerada para seleção direta no sentido de redução; os ganhos esperados foram ainda maiores quando utilizou-se os critérios de seleção 1, em que se considerou os caracteres peso útil, rendimento de massa, largura de palha e número de espigas com lagartas, e 4, que considerou os caracteres diâmetro e comprimento de espigas, rendimento de massa, número de fileiras das espigas e número de espigas com lagartas.

Os caracteres relacionados à ciclo e altura não foram considerados para seleção direta, uma vez que as médias observadas (Tabela 3) demonstraram boa performance das famílias com relação a esses. No entanto, o critério 5 alcançou ganhos indiretos expressos pelos valores negativos para florescimento masculino e feminino, indicando redução do ciclo (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas de herdabilidade (h^2) e ganho esperado pela seleção (GS %) para quatro critérios de seleção utilizando o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) e para o critério de seleção em que foi utilizado o agrupamento UPGMA (critério 5). Jataí/GO – 2017/2018

		GS %				
Caráter	**h^2**	**Critério 1**	**Critério 2**	**Critério 3**	**Critério 4**	**Critério 5**
FM	67,310	0,655	0,117	-1,459	0,852	0,077
FF	74,580	0,376	-0,315	-1,901	1,446	1,588
AP	23,037	0,503	0,491	0,253	0,359	0,140
AE	36,517	0,407	0,679	0,654	0,702	-0,116
NEspLag	50,889	-10,610	-9,888	-9,270	-16,667	-2,986
EMP	20,119	1,423	-0,417	0,426	0,886	0,436
AL	9,369	0,129	-0,495	-1,068	0,297	-0,420
FMEsp	19,562	-0,247	-0,294	0,283	0,112	0,159
COR	48,206	-0,186	-1,236	-4,817	0,319	-4,944
NFL	48,828	1,012	1,730	0,368	1,088	1,170
PCPal	49,218	3,803	2,579	2,653	2,920	0,469
PSPal	46,957	4,177	2,783	3,222	3,333	1,398
PÚtil	25,268	3,299	1,955	1,802	2,473	0,993
RMss	32,946	6,391	2,916	2,140	4,185	1,166
CEsp	46,449	0,767	1,850	1,277	1,467	0,893
DEsp	26,027	1,175	0,568	0,344	1,126	0,475
CÚtil	3,672	0,119	0,238	0,110	0,138	0,029
LgPal	18,802	0,844	0,387	0,066	0,485	-0,092
CmPal	54,732	0,115	0,893	0,871	0,035	0,232

FM: florescimento masculino (GDU), FF: florescimento feminino (GDU), AP: altura de plantas (m), AE: altura de espigas (m), NEspLag: número de espigas com lagarta, EMP: empalhamento das espigas, AL: alinhamento de fileiras da espiga, FMEsp: formato de espigas, COR: cor dos grãos da espiga, NFL: número de fileiras da espiga, PCPal: peso de espigas com palha (Kg), PSPal: peso de espigas sem palha (Kg), PÚtil: peso útil de espigas (Kg), RMss: rendimento de massa (Kg), CEsp: comprimento de espigas (cm), DEsp: diâmetro de espigas (cm), CÚtil: comprimento útil de espigas (cm), LgPal: largura de palha (cm) e CmPal: comprimento de palha (cm).

Para empalhamento (EMP) e formato (FMEsp) de espigas, o critério de seleção 2 obteve maiores ganhos (Tabela 5), o que era previsto uma vez que tais caracteres foram considerados na seleção direta para esse critério, levando em conta os aspectos físicos das espigas empalhadas e despalhadas; já para alinhamento de fileiras (AL), o maior ganho predito foi alcançado com o critério 3 e para o caráter COR dos grãos na espiga, o maior ganho é esperado quando se utiliza os critérios 5 e 3, sendo para o último, um ganho calculado de forma direta, pois tal caráter foi considerado como aspecto importante na seleção de espigas para consumo *in natura*.

É importante lembrar que para os caracteres número de espigas com lagartas (NEspLag), empalhamento (EMP), alinhamento (AL), formato (FMEsp) e cor de espigas, os valores negativos indicam melhores ganhos, no sentido de redução das médias, uma vez que nas escalas de notas os valores menores correspondem a melhor empalhamento, alinhamento retilíneo, formato cilíndrico e cor mais clara dos grãos, características preferíveis pelos consumidores; assim como valores de ganhos negativos para florescimento feminino (FF) e masculino (FM) indicam ganho no sentido de redução do ciclo e para NEspLag, uma redução do número de espigas atacadas por lagartas.

Para os caracteres ligados a produção, peso de espigas empalhadas (PCPal), peso de espigas despalhadas (PSPal), peso útil de espigas (PÚtil) e rendimento de massa fresca (RMss), os maiores ganhos foram observados com a utilização do critério 1 (Tabela 5), como previsto, já que estes foram considerados de forma direta em tal critério por se tratarem de componentes relacionados à produção de pamonhas. Outro fator importante a ser observado é a herdabilidade que atingiu valores próximos a 50%, principalmente para PCPal (49,218%) e PSPal (46,957%) (Tabela 5), que revelam a porcentagem de variação devido a causas genéticas, reforçando a possibilidade de sucesso com seleção sob tais caracteres.

Considerando os ganhos preditos no primeiro critério de seleção (Tabela 5), seria possível aumentar as médias de produtividade observadas na Tabela 4, de 11675,25 para 12119,25 Kg ha^{-1} no PCPal, uma vez que o ganho predito para o critério é de 3,803%; de 6440,53 para 6709,55 Kg ha^{-1} no PSPal, com ganho predito de 4,177% e por fim, de 4018,01 Kg ha^{-1} para 4274,80 Kg ha^{-1} no RMss, considerando o ganho predito de 6,391% em tal critério.

Para a característica comprimento de espigas (CEsp), foram observados melhores ganhos utilizando os critérios 2, 3 e 4, sendo maior para o 2; critérios estes, que consideraram CEsp, de forma direta na seleção, o que nos permite dizer que a seleção para tal característica pode ser praticada com facilidade. Já para diâmetro de espigas (DEsp), os critérios 1 e 4 se destacaram, alcançando maiores ganhos. Para comprimento útil (CÚtil), e número de fileiras (NFL), o critério 2 prevê um melhor desempenho para esses caracteres após a seleção.

A largura de palha (LgPal), utilizada diretamente na composição do critério de seleção 1, relacionado à produção de pamonhas, obteve ganho menor que 1%, provavelmente relacionado a baixa estimativa de h^2, que não chegou a 20%,

demonstrando que a maior parte da variação observada não é decorrente de causas genéticas. O critério 2 prevê ganho de magnitude semelhante para comprimento de palha (CmPal), mesmo não tendo sido considerado para seleção, o que denota a influência da h^2 acima de 50%, caracterizando a representatividade do valor genético.

É conveniente lembrar que comparações de ganhos por seleção entre diferentes ensaios, assim como para demais parâmetros genéticos, são de difícil conexão, por conta de diversos fatores como, natureza do material, delineamento experimental e até mesmo o método de análise estatístico (HALLAUER et al., 2010).

3.4. Progênies selecionadas nos 5 critérios

As famílias selecionadas para cada critério de seleção, estão listadas na Tabela 6, onde pode-se observar que várias famílias foram selecionadas para mais de um critério, e dentre elas, o híbrido testemunha AG1051 (169) sempre está presente como referencial, evidenciando a semelhança dessas famílias com o híbrido com relação aos caracteres avaliados neste trabalho.

Tabela 6. Progênies selecionadas para as cinco estratégias de seleção. Jataí/GO – 2017/2018

Estratégia	Famílias selecionadas (FMI)
1	1, 4, 10, 13, 18, 31, 34, 41, 44, 47, 48, 53, 55, 63, 69, 70, 76, 78, 98, 114, 118, 119, 121, 122, 123, 124, 125, 128, 135, 150, 156, **168, 169**
2	1, 10, 23, 27, 31, 34, 35, 38, 42, 44, 46, 51, 55, 63, 65, 69, 75, 88, 89, 93, 95, 98, 103, 121, 122, 128, 135, 156, 158, 163, 167, **168, 169**
3	4, 13, 23, 38, 44, 45, 46, 48, 51, 53, 55, 63, 64, 65, 69, 88, 92, 95, 98, 101, 109, 123, 134, 144, 150, 152, 154, 156, 158, 161, 163, 167, **169**
4	1, 10, 18, 31, 34, 37, 47, 48, 51, 55, 61, 65, 68, 69, 75, 76, 94, 95, 98, 114, 120, 121, 123, 124, 125, 126, 128, 135, 150, 156, 165, **168, 169**
5	6, 11, 14, 31, 35, 38, 48, 51, 55, 60, 63, 69, 88, 104, 108, 109, 112, 143, 153, 155, 158, 161, 163, 164, **169**

A quinta estratégia de seleção, diferentemente das outras 4, reuniu as progênies mais próximas ao híbrido testemunha com base nos caracteres avaliados;

observou-se, no entanto, que 2 das progênies selecionadas em tal critério (FMI 55 e FMI 69), também foram selecionadas nos outros 4. Outras 4 FMI, também foram selecionadas em 3 dos demais critérios; e outras 4, em 2 dos outros critérios. Tal resultado permite inferir que quase metade das FMI selecionadas no critério 5, também se enquadraram em pelo menos 2 dos demais critérios de seleção.

4. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre as famílias de meios-irmãos da população PMVJ01 passível de ser explorada no programa de seleção.

Dentre as FMI, existem progênies de performance semelhante e até superior à do híbrido testemunha AG1051, quanto aos caracteres produtivos.

Os critérios de seleção 1 e 4 alcançaram maiores estimativas de ganho principalmente para os caracteres relacionados à produção de espigas.

Aproximadamente 42% das progênies selecionadas no critério de seleção multivariada também foram selecionadas nos critérios 2 e 3.

5. REFERÊNCIAS

ARNOLD, C. Y. A determinação e o significado da temperatura base em um sistema linear de unidades de calor. **Anais da Sociedade Americana de Ciência Horticultural**, Alexandria, v. 74, n. 1, p. 430-445, 1959.

ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, R. G.; BORGES, I. D.; SOUZA FILHO, A. X.; FIORINI, I. V. A. Desempenho de híbridos experimentais e comerciais de milho para produção de milho verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 3, p. 768-775, 2008.

BERILLI, A. P. C. G.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. S.; COSTA, F. R.; CUNHA, K. S. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 4, p. 435-441, 2013.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHE NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2017. 543 p.

CÂMARA, T. M. M.; Rendimento de grãos verdes e secos de cultivares de milho. **Revista Ceres.** Viçosa, v. 54, n. 311, p. 87-92, 2007.

CAMILO, J. S.; BARBIERI, V. H. B.; RANGEL, R. M.; BONNAS, D. S.; LUZ, J. M. Q.; OLIVEIRA, R. C. Aceitação sensorial de híbridos de milho doce e híbridos de milho verde em intervalos de colheita. **Revista Ceres,** Viçosa, v. 62, n. 1, p. 001-008, 2015.

CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X.; SOUZA, E. M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 1, p. 73-78, 2003.

CIMMYT. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. **Managing Trials and Reporting Data for CIMMYT's International Maize Testing Program**, México, 1999. Disponível em: <https://repository.cimmyt.org/xmlui/bitstream/handle/10883/697/13201.pdf>. Acesso em: 11 nov. 2019.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V.; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas de Sudeste de Minas Gerais. **Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 1, p. 159-166, 2010.

CORRÊA JUNIOR, D.; GARCIA, R. F.; MANHÃES, C. M. C.; KLAVER, P. P. C.; VALE, W. G.; GRAVINA, G. A. Influência da adubação de plantio na produtividade do milho verde. **Global Science and Technology,** Rio Verde, v. 07, n. 03, p.12–18, 2014.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 2, 2014. 668 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 1, 2012. 514 p.

FALUBA, J. F.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 6, p. 1250-1256, 2010.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics. **Crops (Production)**, 2019. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 11 nov. 2019.

FEDERER, W. T. **Experimental design.** New York: Macmillan, 1955. 544 p.

FERREIRA, R.; GARDINGO, J. R.; MATIELLO, R. R. Seleção de progênies de irmãos germanos destinadas à produção de milho-verde. **Scientia Agraria,** Curitiba, v. 10, n. 1, p. 023-030, 2009.

FREITAS, I. L. J.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, 2013.

FREITAS JÚNIOR, S. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RANGEL, R. M.; VIANA, A. P. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. **Seminário: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 4, p. 803–814, 2009.

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

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **CENSO Agropecuário 2006 - Brasil, Grandes Unidades da Federação**. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/51/agro_2006.pdf>. Acesso em: 11 jun. 2018.

MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F.; OLIVEIRA, A. S.; RODRIGUES, L. O. Desenvolvimento de Sintéticos de Milho para o Sudoeste de Goiás. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 29, 2012, Águas de Lindóia. **Anais.** Sete Lagoas: ABMS, 2016, p 2710-2716.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (Zea mays L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

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

PAIVA JUNIOR, M. C.; VON PINHO, R. G.; VON PINHO E. V. R.; RESENDE, S. G. Desempenho de cultivares para a produção de milho verde em diferentes épocas e densidades de semeadura em Lavras-Mg. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 5, p. 1235 –1247, 2001.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P. S.; BERNINI, C. S.; GALLO, P. B. Caracteres secundários relacionados à tolerância à seca em progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 14, n. 1, p. 130-144, 2015.

PEREIRA FILHO, I. A. **O cultivo do milho verde**. 1. ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2002. 217 p.

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; GAMA, E. E. G. Cultivares para o consumo verde. In: **O cultivo do milho verde.** Brasília: Embrapa Informação tecnológica, 2003. p. 17-30.

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. **Mercado de Sementes de Milho no Brasil Safra 2016/2017**. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/155505/1/doc-202-1.pdf>. Acesso em: 31 out. 2019.

RENATO, N. S.; SILVA, J. B. L.; SEDIYAMA, G. C.; PEREIRA, E. G. Influência dos métodos para cálculo de graus-dia em condições de aumento de temperatura para as culturas de milho e feijão. **Revista Brasileira de Meteorologia,** São José dos Campos. v. 28, n. 4, p. 382-388, 2013.

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Índice de seleção e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011.

SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca unb-2u sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

SANTOS, I. C.; MIRANDA, G. V.; MELO, A. V; MATTOS, R. N.; OLIVEIRA, L. R.; LIMA, J. S.; GALVÃO, J. C. C. Comportamento de cultivares de milho produzidos

organicamente e correlações entre características das espigas colhidas no estádio verde. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Viçosa, v. 4, n. 1, p. 45–53, 2005.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SILVA, G. C.; SCHMITZ, R.; SILVA, L. C.; CARPANINI, G. G.; MAGALHÃES, R. C. Desempenho de cultivares para produção de milho verde na agricultura familiar do sul de Roraima. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Viçosa, v. 14, n. 2, p. 273-282, 2015.

SILVA, L. R.; TEIXEIRA, M. N. (Pamonharia Vitória, Jataí – GO). Comunicação pessoal, 2019.

TSUNECHIRO, A.; VASCONCELLOS, C. A.; MORETTI, C. L.; KARAM, D.; OLIVEIRA, E.; GAMA, E. E. G.; FERNANDES, F. T.; DURÃES, F. O. M.; HENZ, G. P.; PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, I.; DUARTE, J. O.; CRUZ, J. C.; WAQUIL, J. M.; MATTOSO, M. J.; VIANA, P. A.; MAGALHÃES, P. C.; ALBUQUERQUE, P. E. P. Editor técnico: Israel Alexandre Pereira Filho. **Coleção Plantar: Milho verde.** Brasília, DF, Embrapa Informação Tecnológica, 2008, 61 p.

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

CAPÍTULO 3

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO DE POPULAÇÕES DE POLINIZAÇÃO ABERTA COM VISTAS À PRODUÇÃO DE MILHO VERDE

RESUMO – O cultivo do milho verde é uma tradição brasileira, já que essa hortaliça compõe diversos pratos típicos; contudo, os produtores lidam com falta de informações atuais sobre esse cultivo e com a escassez de cultivares específicos a este fim. Nesse sentido, objetivou-se caracterizar agronomicamente 5 populações de polinização aberta, com vistas a produção de milho verde e verificar a variabilidade genética da população com base em múltiplos caracteres inferindo sobre seu potencial genético para dar sequência em programa de melhoramento. Para tanto, as 5 populações foram avaliadas no delineamento de blocos ao caso, com 4 repetições, no espaçamento de 0,9 X 0,2 m, sendo as parcelas de 4 linhas de 5 m e a parcela útil, as duas linhas centrais. Utilizou-se como testemunha o híbrido comercial AG1051. Foram avaliados: florescimento feminino e masculino, altura de plantas e de espigas. No estágio de milho verde, foi avaliada a produtividade com e sem palha e de espigas comerciais, número de espigas atacadas por lagarta, empalhamento, diâmetro, comprimento e formato de espigas, número e alinhamento das fileiras, cor dos grãos e peso de massa. Os dados foram submetidos à Análise de Variância e ao teste de Dunnett a 5% de probabilidade. Paralelamente, 158 FMI da população 5 foram testadas em blocos ao acaso, com 3 repetições; avaliando-se basicamente os mesmos caracteres e estimou-se os parâmetros genéticos. Conclui-se que as populações 3 e 4 se sobressaíram, apresentando performances semelhantes ao híbrido testemunha AG1051; e a população 5 (obtida com base no agrupamento UPGMA), possui variabilidade genética entre suas FMI podendo ser conduzida em um posterior ciclo de seleção recorrente.

Palavras-chave: performance pós-seleção recorrente, potencial genético, produtividade de espigas verdes, variabilidade genética, *Zea mays L.*

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND CHARACTERIZATION OF OPEN POLLINATION POPULATIONS WITH A VIEW OF GREEN CORN PRODUCTION

SUMMARY - The cultivation of green corn is a Brazilian tradition, since this vegetable makes up several typical dishes; however, growers deal with a lack of current information on this crop and the scarcity of specific cultivars for this purpose. In this sense, the objective was to characterize 5 open pollinated populations, aiming at green corn production, and to verify the genetic variability of the population based on multiple characters, inferring about its genetic potential to follow a breeding program. To this end, the 5 populations were evaluated in a case-by-block design with 4 replications, spacing 0.9 X 0.2 m, with the plots 4 lines 5 m and the useful plot the two central lines. The commercial hybrid AG1051 was used as a control. Were evaluated: female and male flowering, plant and ear height. In the green corn stage, yield was evaluated with and without straw and commercial ears, number of ears attacked by caterpillar, stuffing, diameter, length and shape of ears, row number and alignment, grain color and mass weight. Data were submitted to analysis of variance and Dunnett test at 5% probability. At the same time, 158 IMF from population 5 were tested in randomized blocks with 3 replicates; basically evaluating the same characters and estimating the genetic parameters. It was concluded that the populations 3 and 4 stood out, presenting performances similar to the control hybrid AG1051; and population 5 (obtained from the UPGMA group), has genetic variability among its IMF and can be conducted in a subsequent recurrent selection cycle.

Key-words: recurrent post-selection performance, genetic potential, green ear yield, genetic variability, *Zea mays L.*

1. INTRODUÇÃO

A produção de espigas de milho verdes para o consumo *in natura*, cozido, assado ou para a produção de pratos típicos, mingaus, pamonhas, sucos, bolos, etc. é uma prática muito presente entre os pequenos produtores e agricultores familiares (MORAES et al., 2010; SILVA et al., 2015), principalmente no estado de Goiás, um dos maiores produtores do país (PEREIRA FILHO & CRUZ, 2003). É uma boa alternativa para diversificação da produção na propriedade e possui maior valor agregado quando comparado ao milho grão, no entanto, ainda apresenta produção modesta (CORREIA JÚNIOR et al., 2014).

Apesar da tradição brasileira em produzir milho verde, sua comercialização é feita, em sua maior parte, de modo informal e acaba não entrando nas estatísticas. Desse modo, não se dispõe de informações recentes e precisas sobre esse tipo de produção e principalmente de cultivares específicas para consumo *in natura* (PEREIRA FILHO et al., 2008; MORAES et al., 2010).

O milho verde é considerado uma hortaliça com ciclo variando de 70 a 120 dias dependendo da época do ano (PEREIRA FILHO et al., 2003) e da longevidade de colheita do cultivar. Tais autores concluíram que um bom cultivar para milho verde deve apresentar produtividade de espigas empalhadas acima de 12 t ha^{-1}, bom empalhamento, alto rendimento de espigas comerciais, diâmetro de espigas acima de 3 cm e comprimento acima de 15 cm, cor dos grãos variando de creme à amarelo, formato cilíndrico de espigas e alinhamento retilíneo das fileiras nas espigas, o que também se alinha com o exposto por Albuquerque et al. (2008). Segundo Camilo et al. (2015) o período de colheita que garante boa aceitação sensorial deve variar de 26 a 28 dias após o florescimento.

Nesse sentido, a busca e caracterização de novos materiais que atendam a esse nicho de mercado é essencial, porém o melhorista enfrenta grande dificuldade ao tentar reunir um grande número de atributos num mesmo cultivar; sobretudo, um dos métodos de grande utilização no melhoramento convencional é a seleção recorrente, que se destaca por promover a concentração de alelos favoráveis ao longo de sucessivos ciclos de seleção, e quando combinada a estratégias multivariadas, permite a seleção com base em conjuntos de caracteres (BORÉM et al., 2017; MORAES JÚNIOR et al., 2017). Para tanto, o conhecimento dos parâmetros genéticos

de uma população traz informações sobre a variabilidade disponível e auxilia o melhorista na tomada de decisão sobre os próximos ciclos de seleção.

Dessa forma, objetivou-se caracterizar agronomicamente 5 populações de polinização aberta, visando a produção de milho verde e verificar a variabilidade genética da população com base em múltiplos caracteres inferindo sobre seu potencial genético para dar sequência em programa de melhoramento.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material genético

Foram utilizadas 4 populações provenientes de 4 estratégias de seleção com base no índice de seleção de Mulamba & Mock (1978). Em experimento anterior (segunda safra 2017/2018) foram avaliadas 167 progênies de meios-irmãos da população de polinização aberta PMVJ01, obtida por meio de hibridação de uma população de polinização aberta (TG-02R2) com o híbrido comercial AG1051 e posterior recombinação. As 167 progênies foram testadas em esquema Látice 13 X 13 com duas repetições, sendo as testemunhas, o híbrido AG1051 e um *bulk* da população PMVJ01.

Considerando as estimativas dos parâmetros genéticos utilizou-se o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) para estabelecer quatro estratégias de seleção, duas delas levando em conta objetivo comercial e outras duas com objetivo de cunho agronômico e visual; que resultaram em quatro populações:

A população 1 foi formada com base nos caracteres relacionados a produção, com ênfase à fabricação de pamonhas: peso útil das espigas, peso de massa, largura de palha e ataque de lagartas.

Para a população 2 foram considerados os caracteres relacionados à aspectos físicos: diâmetro de espigas, número de fileiras e alinhamento destas nas espigas, comprimento de espigas, empalhamento, formato e comprimento útil de espigas, e ataque de lagartas.

A população 3 foi baseada em caracteres relacionados à produção com enfoque no consumo *in natura*: peso útil e peso de espigas sem palha, comprimento

e diâmetro das espigas, número de fileiras e alinhamento destas, cor dos grãos da espiga e ataque de lagartas.

Por fim, a população 4 foi formada pelas famílias superiores quanto aos caracteres: diâmetro e comprimento de espigas, peso de massa, número de fileiras da espiga e ataque de lagartas.

Foram selecionadas 20% das famílias de melhor performance em cada critério de seleção. Cada população foi semeada individualmente em agosto de 2018 para recombinação: as sementes das famílias selecionadas foram misturadas e semeadas em 18 linhas de 5 metros, com espaçamento de 0,9 m entre linhas e 0,2 m entre plantas; as quatro populações formadas foram separadas por corredores de 1,0 m.

Antes da emissão dos estilo-estigmas, as espigas foram cobertas com sacos plásticos para evitar a possível contaminação por pólen das outras populações. As polinizações foram feitas manualmente dentro de cada população de forma a simular uma recombinação ao acaso. Foi coletado o pólen de pelo menos cinquenta pendões cobertos pela manhã, antes da emissão natural de pólen, que poderia contribuir para uma contaminação; este pólen foi misturado e depositado sobre os estilo-estigmas correspondentes àquela população e imediatamente depois as espigas foram cobertas com sacos de papel *kraft* impermeável e continuaram assim até a colheita.

As quatro populações foram colhidas e debulhadas separadamente desconsiderando as espigas atacadas por pragas (que poderiam vir a inviabilizar as sementes após armazenamento). De cada espiga debulhada foi retirada uma amostra de sementes para compor a população, garantindo a representatividade da população recombinada. As sementes das quatro populações formadas foram armazenadas em câmara fria até o momento da semeadura.

Além das quatro populações foi gerada uma quinta utilizando-se o método de agrupamento UPGMA baseado nas medidas de dissimilaridade obtidas pelo método da distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ et al., 2014). Tal estratégia de seleção possibilitou utilizar simultaneamente todos os caracteres avaliados e a obtenção do agrupamento de 24 progênies mais próximas ao híbrido testemunha (AG1051). As sementes dessas progênies foram misturadas e semeadas formando um campo de recombinação isolado dando origem a quinta população. As espigas foram colhidas e debulhadas sendo retiradas amostras de cada espiga para se formar a população.

2.2. Delineamento experimental

Após a geração das cinco populações, estas foram testadas na segunda safra 2018/2019 no delineamento de blocos casualizados com 4 repetições tendo como testemunha o híbrido AG1051 (mais a frente denominado como “experimento 1”). A semeadura ocorreu em 22/02/2019 e as parcelas foram compostas de 4 linhas de cinco metros, espaçadas 0,9 m entre linhas e 0,2 m entre plantas; a semeadura foi feita com 2 sementes a cada 20 cm e, após emergência, o *stand* foi ajustado para 25 plantas por parcela.

Em experimento secundário foram testadas 158 famílias de meios-irmãos provenientes da quinta população gerada, baseada no agrupamento UPGMA (mais a frente denominado como “experimento 2”). A semeadura ocorreu em 21/02/2019, de modo que as progênies foram divididas em dois grupos de 3 repetições cada, juntamente com *bulks* das demais populações e o híbrido AG1051 como testemunha disposto a cada dez parcelas. As parcelas foram representadas por linhas de 5 metros espaçadas 0,9 m entre linhas e 0,2 m entre plantas; a semeadura foi feita no sistema 2:1 e, após emergência, o *stand* foi ajustado para 25 plantas por parcela.

A adubação de semeadura, nos dois experimentos, foi feita com 270 Kg ha^{-1} de N-P-K (04-30-16) e, a adubação de cobertura, com 100 Kg ha^{-1} de sulfato de amônio no estádio V_4 e 12 dias depois com 200 Kg ha^{-1} de sulfato de amônio. Foram feitas três aplicações de herbicida posteriores a dessecação e duas aplicações de inseticida para controle de percevejos e *Spodoptera frugiperda* após o tratamento de sementes. Todos os tratos culturais foram realizados conforme recomendação e a necessidade da cultura.

2.3. Caracteres avaliados

A identificação das parcelas, nos dois experimentos, foi feita no período de pré-florescimento; época em que também foi feita a avaliação do *stand* de plantas.

Com o início do florescimento foram avaliados nos dois experimentos os caracteres:

a) Florescimento feminino (FF) em GDU: da semeadura até que 50% das plantas da parcela apresentassem espigas emitindo o estilo-estigma;

b) Florescimento masculino (FM) em GDU: da semeadura até que 50% das plantas da parcela apresentassem anteras emitindo pólen;

Utilizando para o cálculo a seguinte expressão (ARNOLD, 1959 - citado por RENATO et al., 2013):

$$\mathrm{GDU} = \frac{\mathrm{T_{Máx}} + \mathrm{T_{Min}}}{2} - \mathrm{T_b}$$

em que:

$\mathrm{T_{Máx}}$: Temperatura máxima, em °C (com limite superior em 30°C);

$\mathrm{T_{Min}}$: Temperatura mínima, em °C (com limite inferior em 10°C);

$\mathrm{T_b}$: Temperatura basal, de 10°C.

c) Altura de plantas (AP) em metros: altura média de cinco plantas, obtida da superfície do solo até a inserção da folha bandeira, com o auxílio de régua;

d) Altura de espigas (AE) em metros: altura média de cinco plantas, obtida da superfície do solo até a inserção da espiga na planta, com o auxílio de régua.

A colheita ocorreu quando as espigas atingiram o estádio de milho verde.

No experimento 1, composto pelas 5 populações geradas e o híbrido testemunha, foi colhida uma das duas linhas centrais e avaliados, por parcela, os caracteres:

e) Número de espigas (NEsp): contagem das espigas colhidas;

f) Peso de espigas com palha (PCPal) em Kg: peso total das espigas empalhadas;

g) Peso de espigas sem palha (PSPal) em Kg: peso total das espigas despalhadas;

h) Número de espigas comerciais (NEspCom): contagem de espigas despalhadas com comprimento maior ou igual a 15 cm e diâmetro maior ou igual a 4 cm (PAIVA JÚNIOR et al., 2001);

i) Peso de espigas comerciais (PCom) em Kg: peso das espigas comerciais despalhadas;

j) Ataque de lagartas (NEspLag): contagem de espigas com presença de lagartas.

Considerando 5 espigas aleatórias por parcela, avaliou-se os caracteres:

k) Empalhamento das espigas (EMP): média de notas de cinco espigas, segundo escala de notas que variam de 1 a 5, Figura 4 (CIMMYT, 1999);

l) Comprimento de espigas (CEsp) em cm: comprimento médio de cinco espigas, despalhadas;

m) Diâmetro de espigas (DEsp) em cm: diâmetro médio de cinco espigas, despalhadas;
n) Número de fileiras das espigas (NFL): média da contagem das fileiras de cinco espigas;
o) Alinhamento das fileiras na espiga (AL): média de notas atribuídas às cinco espigas, Figura 3 (SANTOS et al., 2005);
p) Formato das espigas (FMEsp): média de notas atribuídas às cinco espigas, Figura 2 (SANTOS et al., 2005);
q) Cor dos grãos da espiga (COR): média de notas atribuídas às cinco espigas, Figura 1 (ALBUQUERQUE et al., 2008);
r) Rendimento de Massa (RMss) em Kg: peso médio da massa de cinco espigas.

No experimento 2, composto pelas 158 famílias de meios-irmãos, as 5 populações e o híbrido testemunha, foi colhida cada parcela integralmente e avaliados os caracteres:

e) Peso de espigas sem palha (PSPal) em Kg: peso das espigas despalhadas, por parcela;

Considerando cinco espigas aleatórias por parcela:

f) Empalhamento das espigas (EMP): média de cinco espigas, segundo escala de notas que variam de 1 a 5, Figura 4 (CIMMYT, 1999);
g) Comprimento de espigas (CEsp) em cm: comprimento médio de cinco espigas, despalhadas;
h) Diâmetro de espigas (DEsp) em cm: diâmetro médio de cinco espigas, despalhadas;
i) Número de fileiras das espigas (NFL): média da contagem das fileiras de cinco espigas;
j) Cor dos grãos da espiga (COR): média de notas atribuídas às cinco espigas, Figura 1 (ALBUQUERQUE et al., 2008);
k) Rendimento de Massa (RMss) em Kg: rendimento médio de massa fresca de cinco espigas raladas com auxílio de ralador elétrico.

2.4. Análise estatística

2.4.1. Experimento 1

Os resultados, para o experimento 1, composto pelas 5 populações geradas e o híbrido testemunha, foram submetidos a uma análise descritiva para os caracteres empalhamento (EMP), alinhamento de fileiras (AL), formato (FMEsp) e cor de espigas, número de espigas comerciais (NEspCom) e atacadas por lagartas (NEspLag). Os demais caracteres foram submetidos à análise de variância, segundo o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij}: observação da i-ésima família no bloco j;

m: média geral das observações;

g_i: efeito de tratamento suposto aleatório, com distribuição normal e independente distribuído com média zero e variância σ^2_G;

b_j: efeito de repetições suposto aleatório;

e_{ij}: erro experimental suposto aleatório.

O esquema da análise de variância individual para cada variável e as esperanças matemáticas dos quadrados médios segundo Vencovsky & Barriga (1992), estão representados na Tabela 7.

Tabela 7. Esquema das análises de variância individuais e esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	b-1	QMB	$\sigma_e^2 + g\sigma_B^2$
Genótipo	g-1	QMG	$\sigma_e^2 + b\sigma_G^2$
Resíduo	(b-1)(g-1)	QMR	σ_e^2

g: número de genótipos; b: número de blocos; FV: fonte de variação; GL: grau de liberdade; QM: quadrado médio; QMB: quadrado médio de blocos; QMG: quadrado médio de genótipos; QMR: quadrado médio de resíduo; E (QM): esperança de quadrados médios.

Foi realizado o Teste de Dunnett a 5% de probabilidade; no intuito de estabelecer uma comparação entre cada população e o híbrido testemunha (AG1051).

2.4.2. Experimento 2

Para o experimento 2, composto pelas 158 famílias de meios-irmãos, as 5 populações e o híbrido testemunha, considerando que o conjunto de famílias avaliadas foram divididas em 2 grupos com testemunhas comuns foram realizadas as análises de variâncias agrupada para blocos ao acaso, conforme Cruz et al. (2014), sendo adotadas dois modelos para análise. O primeiro baseado na análise para cada ensaio e o segundo a análise agrupada.

2.4.2.1. Análise individual

O esquema da análise de variância individual com famílias e testemunhas, para cada variável, está apresentado na Tabela 8.

Tabela 8. Esquema da análise de variância individual com famílias e testemunhas para modelo em blocos ao acaso.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade (GL)	Ensaio 1	Ensaio 2
Blocos (B)	b - 1	QMB_1	QMB_2
Tratamentos (T)	G - 1	QMT_1	QMT_2
Famílias (F)	f - 1	QMF_1	QMF_2
Testemunhas (Te)	t - 1	$QMTe_1$	$QMTe_2$
F *versus* Te	1	$QMGr_1$	$QMGr_2$
Resíduo	(b - 1)(G - 1)	QMR_1	QMR_2
Total	bG - 1	$QMTo_1$	$QMTo_2$

Sendo G = f + t o número total de tratamentos, incluindo as famílias (f) e as testemunhas (t).
QMB: quadrado médio de blocos; QMT: quadrado médio de tratamentos; QMF: quadrado médio de famílias; QMR: quadrado médio de resíduo; QMTo: quadrado médio total.

Foi utilizado o seguinte modelo para análise de cada experimento, conforme sugerido por Cruz et al. (2014).

$$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij}: valor observado no i-ésimo tratamento (família ou testemunha) no j-ésimo bloco;

μ: média geral do ensaio;

t_i: efeito do i-ésimo tratamento. Para i = 1,2,...g, tem-se o efeito aleatório das famílias, e para i = g+1, g+2, ... g+t, tem-se o efeito fixo das testemunhas;

b_j: efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij}: efeito do erro aleatório.

2.4.2.2. Análise agrupada

O esquema da análise de variância agrupada com famílias e testemunhas, para cada variável, está apresentado na Tabela 9.

Tabela 9. Esquema da análise de variância agrupada dos dois ensaios, nos quais são avaliados tratamentos comuns (testemunhas) e não-comuns (famílias).

Fonte de Variação	Grau de Liberdade (GL)	SQ
Blocos/Ensaios	(r - 1)e	SQB
Ensaios (E)	e - 1	SQE
Testemunhas (Te)	t - 1	SQTe
E x Te	(t - 1)(e - 1)	SQTe x E
Genótipos (G)/Ensaios	$\sum_{k=1}^{e} g_k - e$	SQG
(Te *versus* G)/E	e	SQGrupo
Resíduo	$(r-1)\left(\sum_{k=1}^{e} g_k + et + e\right)$	SQR
Total	$\left(ret + r\sum_{k=1}^{e} g_k\right) - 1$	

Sendo $G_k = g_k + t$. SQ: Soma de quadrados; SQB: soma de quadrados de blocos; SQE: soma de quadrado de ensaios; SQTe: soma de quadrado de testemunhas; SQR: soma de quadrado de resíduo.

A análise de variância agrupada foi realizada conforme o esquema 1 de variância agrupada proposta por Cruz et al. (2014), onde foram avaliadas testemunhas e famílias. Para realização da análise agrupada foi utilizado procedimento recomendado por Gomes (2009) que indica a análise agrupada quando a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo entre os experimentos for menor que 7.

2.4.2.3. Estimação de parâmetros genéticos

Foram realizadas as estimativas de parâmetros estatísticos-genéticos para as variáveis avaliadas de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky & Barriga (1992), Nass et al. (2001) e Cruz et al. (2004):

h) Variância genética entre famílias de meios-irmãos (σ_G^2):

$$\sigma_G^2 = \frac{QMG - QMR}{b}$$

i) Variância fenotípica entre médias de famílias de meios-irmãos (σ_F^2):

$$\sigma_F^2 = \frac{QMG}{b}$$

j) Variância genética aditiva entre famílias de meios-irmãos (σ_A^2):

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_G^2$$

k) Coeficiente de herdabilidade para médias de famílias (h_m^2):

$$h_m^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

l) Coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$):

$$CV_e\% = 100\frac{\sqrt{QMR}}{m}$$

m) Coeficiente de variação genética ($CV_g\%$):

$$CV_g\% = 100\frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{m}$$

n) Índice de variação (θ):

$$\theta = \frac{CV_g}{CV_e}$$

em que:

QMG: quadrado médio de tratamento;

QMR: quadrado médio de resíduo;

σ_G^2: variância genética;

σ_F^2: variância fenotípica;

σ_A^2: variância aditiva;

CV_g :coeficiente de variação genético;

CV_e : coeficiente de variação experimental;

Θ: índice de variação;

h_m^2: herdabilidade para média de famílias;

b: número de blocos;

m: média da população original.

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Análise descritiva e análise de variância (experimento 1)

A análise descritiva para as variáveis empalhamento (EMP), alinhamento (AL), formato de espigas (FMEsp), número de espigas comerciais (NEspCom) e número de espigas com lagartas (NEspLag) está presente na Tabela 10; em que observou-se média de 2,050 para EMP, que sugerem espigas bem empalhadas segundo escala proposta pelo CIMMYT (1999); para FMEsp, a média 2,150 sugere formato de espigas cônico-cilíndrico (SANTOS et al., 2005), a média 2,100 indica cor amarela dos grãos (ALBUQUERQUE et al., 2008) e poucas espigas atacadas por lagartas.

Porém, também revelou médias que sugerem fileiras em espiral (SANTOS et al., 2005), e baixa quantidade de espigas comerciais; evidenciando a necessidade de continuação no processo de seleção sob tais caracteres.

Tabela 10. Análise descritiva para 6 caracteres avaliados em 5 populações de polinização aberta de milho e no híbrido testemunha (AG1051) em segunda safra. Jataí/GO – 2018/2019

Variável	Média	Mínimo	Máximo	CV%	DP
EMP	2,050	1,0	3,2	30,344	0,622
AL	3,056	1,8	4,0	21,539	0,658
FMEsp	2,150	1,6	3,0	13,227	0,284
COR	2,100	1,4	2,6	14,593	0,307
NEspCom	5,158	2,2	9,4	42,744	2,205
NEspLag	1,350	1,0	3,0	49,690	0,671

CV%: coeficiente de variação, DP: desvio padrão.
EMP: empalhamento das espigas, AL: alinhamento de fileiras da espiga, FMEsp: formato de espigas, COR: cor dos grãos da espiga, NEspCom: número de espigas comerciais e NEspLag número de espigas atacadas por lagartas.

A análise de variância para os caracteres listados na Tabela 11 revelou diferença significativa entre os tratamentos somente para peso de espigas

empalhadas (PCPal), despalhadas (PSPal) e comerciais (PCom), caracteres estes diretamente relacionados à produção, o que sugere a superioridade de algumas populações em relação a outras. Os coeficientes de variação experimental se mantiveram baixos, de acordo com o padrão esperado para a cultura do milho (SCAPIM et al., 1995).

Tabela 11. Resumo da análise de variância para 12 caracteres avaliados em 5 populações de polinização aberta de milho e no híbrido testemunha (AG1051) em segunda safra. Jataí/GO – 2018/2019

		Bloco	Genótipos	Resíduo	Média	CV (%)
QM	**FM**	242,008	389,269^{ns}	266,310	935,990	1,740
	FF	666,235	431,951^{ns}	615,701	955,420	2,600
	AP	0,008	0,010^{ns}	0,004	2,000	3,050
	AE	0,005	0,008^{ns}	0,004	1,300	4,690
	Nesp	5,486	17,842^{ns}	9,153	17,290	17,500
	CEsp	1,139	2,350^{ns}	2,186	17,690	8,400
	Desp	0,096	0,059^{ns}	0,036	4,180	4,510
	NFL	0,018	1,419^{ns}	0,604	15,270	5,090
	PCPal	0,029	1,016*	0,265	5,060	10,180
	PSPal	0,103	0,349*	0,092	3,090	9,830
	PCom	0,096	0,517*	0,138	0,960	38,770
	RMss	0,011	0,013^{ns}	0,010	0,410	24,510
	GL	3	5	15		

QM: quadrado médio; CV: coeficiente de variação; GL: grau de liberdade; ns – não significativo, * significativo a 5%, pelo teste de F.
FM: florescimento masculino (GDU), FF: florescimento feminino (GDU), AP: altura de plantas (m), AE: altura de espigas (m), NEsp: número de espigas por parcela, CEsp: comprimento de espigas (cm), DEsp: diâmetro de espigas (cm), NFL: número de fileiras da espiga, PCPal: peso de espigas com palha (Kg), PSPal: peso de espigas sem palha (Kg), PCom: peso de espigas comerciais (Kg) e RMss: rendimento de massa (Kg).

3.2. Teste de Dunnett (Experimento 1)

O teste de Dunnett a 5% de probabilidade, detectou diferença significativa entre as médias das populações para os caracteres altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), número de espigas comerciais (NEspCom), peso de espigas empalhadas (PCPal), despalhadas (PSPal) e peso comercial (PCom) (Tabela 12); resultado que identifica as populações de performance semelhante ao híbrido testemunha AG1051 e inferiores a ele. Os demais caracteres não apresentaram diferenças significativas

entre médias, assim como já expresso na análise de variância (Tabela 11); o que sugere semelhança das populações ao híbrido testemunha AG1051.

As médias de florescimento masculino e feminino foram de aproximadamente 939,52 e 953,55 GDUs, respectivamente, não diferindo entre si e nem em relação à testemunha AG1051 (Tabela 12), que apresenta um ciclo semi precoce (MORAES et al., 2010).

Tabela 12. Comparação de médias pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade para 18 caracteres avaliados em cinco populações promissoras para milho verde e a testemunha comercial AG1051. Jataí/GO – 2018/2019

	Médias para as Populações					Médias
Caracteres	**1**	**2**	**3**	**4**	**5**	**AG1051**
FM	947,38	940,31	933,13	936,46	940,31	918,35
FF	954,29	964,95	936,59	957,48	954,44	964,8
AP	2,01	1,96*	2,03	1,98	1,97*	2,09
AE	1,31	1,26	1,30	1,30	1,25*	1,37
EMP	2,00	1,85	2,00	1,85	1,95	2,65
AL	3,34	3,10	2,70	3,15	3,45	2,60
FMEsp	2,05	2,00	2,10	2,10	2,40	2,25
COR	2,15	2,20	2,00	2,05	2,10	2,10
NEspLag	1,00	1,00	1,25	1,25	1,00	1,25
Nesp	15,25	18,00	18,75	16,75	14,75	20,25
NEspCom	5,15	4,57	4,49	5,22	3,46*	8,06
PCPal	4,98*	4,76*	5,08	4,89*	4,61*	6,03
PSPal	2,98*	2,9*	3,15	3,02*	2,84*	3,65
PCom	0,89*	0,82*	0,80*	0,96	0,63*	1,66
CEsp	17,05	18,20	18,65	16,75	17,00	17,90
DEsp	4,25	4,20	4,20	4,10	4,00	4,35
NFL	14,70	15,90	14,80	14,90	15,20	16,10
RMss	0,38	0,42	0,42	0,40	0,32	0,50

Médias seguidas pela mesma letra na linha não diferem entre si pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.
FM: florescimento masculino (GDU), FF: florescimento feminino (GDU), AP: altura de plantas (m), AE: altura de espigas (m), EMP: empalhamento das espigas , AL: alinhamento de fileiras da espiga, FMEsp: formato de espigas, COR: cor dos grãos da espiga, NEspLag: número de espigas com lagartas, NEsp: número de espigas por parcela, NEspCom: número de espigas comerciais, PCPal: peso de espigas com palha (Kg), PSPal: peso de espigas sem palha (Kg), PCom: peso de espigas comerciais (Kg), CEsp: comprimento de espigas (cm), DEsp: diâmetro de espigas (cm), NFL: número de fileiras da espiga e RMss: rendimento de massa (Kg).

A variável altura de planta (AP) apresentou média de aproximadamente 2 m (Tabela 11) entre as populações 1, 3 e 4, semelhantes ao híbrido testemunha, já as

populações 2 e 5 apresentaram média de 1,97 m (Tabela 12) sendo inferiores a testemunha, resultado semelhante ao obtido por Albuquerque et al. (2008) em condições de safra. Já a média de altura de espigas (AE) observada para as populações foi de aproximadamente 1,30 m, não diferindo significativamente do híbrido testemunha; exceto para população 5 que teve média de 1,25 m.

A característica empalhamento (EMP) é determinante para a conservação da espiga e consequentemente para o estado final do produto; espigas mal empalhadas facilitam a entrada de água e o ataque de pragas e/ou patógenos, resultando na deterioração da espiga, inviabilizando a comercialização. As médias de notas para essa característica ficaram em torno de 2,0 não diferindo da testemunha (Tabela 12). Tal nota representa espigas com fechamento firme da palha até a ponta da espiga (CIMMYT, 1999), o que confere proteção contra as intempéries do ambiente dificultando o ataque de pragas e patógenos.

Juntamente ao empalhamento, o alinhamento das fileiras (AL), a cor dos grãos, o formato (FMEsp), diâmetro (DEsp) e comprimento (CEsp) das espigas exercem grande influência sob a aceitação do produto pelos consumidores; as médias observadas para tais caracteres (Tabela 12) em todas as populações estudadas não diferiram estatisticamente do híbrido e demonstraram performance dentro dos padrões exigidos pelos consumidores: espigas cônico-cilíndricas, de diâmetro maior que 4 cm, comprimento maior que 15 cm, de fileiras levemente curvadas e grãos amarelo-claros (PEREIRA FILHO et al., 2003).

O caráter número de espigas comerciais (NEspCom) está diretamente relacionado aos caracteres anteriores, sendo as espigas maiores que 15 cm de comprimento, de diâmetro superior a 4 cm e isentas de pragas ou doenças (PAIVA JÚNIOR et al., 2001). As médias de número de espigas comerciais por parcela não diferiram significativamente do híbrido AG1051 (Tabela 12).

As populações formadas apresentaram diferença significativa em relação ao híbrido para as variáveis peso de espigas com palha (PCPal), sem palha (PSPal) e comerciais (PCom) (Tabela 12), em que a população 3 foi a única a apresentar semelhança com a testemunha para os caracteres PCPal e PSPal; já para PCom, a população 4 sobressaiu dentre as demais. As cinco populações apresentaram semelhança com o híbrido testemunha para a característica rendimento de massa (RMss).

As produtividades médias para os caracteres PCPal, PSPal, PCom e RMss estão apresentados na Tabela 13, em que o híbrido testemunha AG1051 exibe performance superior à média das populações; porém a semelhança exposta pelo teste de Dunnett entre o hibrido e as populações (Tabela 12) é exemplificada pelos valores máximos obtidos de produtividade de espigas empalhadas, despalhadas e comerciais que até superaram às médias do híbrido.

Produtividades semelhantes de espigas empalhadas e despalhadas foram obtidas por Moraes et al. (2010) estudando cultivares comerciais de milho verde em São Paulo; resultados estes que também corroboram com os encontrados por Rodrigues et al. (2018), com produtividades de espigas empalhadas variando de 5 a 8 t ha^{-1} e espigas despalhadas variando de 3 a 5 t ha^{-1} na safra 2014/15.

Tabela 13. Produtividades médias estimadas para as 5 populações de polinização aberta de milho, seus valores máximos e mínimos e do híbrido testemunha AG1051 para 4 dos caracteres avaliados em segunda safra. Jataí/GO – 2018/2019

Populações	Produtividades (Kgha^{-1})			
	PCPal	**PSPal**	**PCom**	**PMss**
1	7424.444	4246.666	1604.444	847.778
Máximo	8564.444	5111.111	3355.555	1062.222
Mínimo	6502.222	3426.666	346.667	657.778
2	8682.221	5284.444	1594.444	818.889
Máximo	11906.665	7693.333	3333.333	933.333
Mínimo	5968.888	3311.111	0.000	551.111
3	8948.888	5471.111	1538.889	942.222
Máximo	9311.110	6031.111	2111.111	1200.000
Mínimo	8262.221	4853.333	857.778	702.222
4	7788.888	4696.666	1372.222	880.000
Máximo	10795.554	6719.999	2822.222	1155.555
Mínimo	5577.777	3266.666	0.000	720.000
5	6426.666	3815.555	758.889	712.222
Máximo	8275.555	4795.555	1431.111	1004.444
Mínimo	4564.444	2853.333	0.000	533.333
AG1051	10903.332	6419.999	3087.777	1208.889

PCPal: peso de espigas com palha, PSPal: peso de espigas sem palha, PCom: peso de espigas comerciais e RMss: rendimento de massa.

3.3. Análises descritiva e de variância conjunta (experimento 2)

A análise descritiva para os caracteres qualitativos cor dos grãos e empalhamento de espigas, (Tabela 14) revelou médias que sugerem cor amarela dos grãos e bom fechamento de espigas, de acordo com as escalas de notas utilizadas.

Tabela 14. Análise descritiva para duas variáveis em famílias de meios-irmãos de populações de milho com potencial para milho verde. Jataí/GO – 2018/2019

Variável	Média	Mínimo	Máximo	CV%	DP
COR	2,83	1,00	4,60	23,82	0,67
EMP	1,82	1,00	3,80	31,07	0,57

CV%: coeficiente de variação, DP: desvio padrão. COR: cor dos grãos da espiga e EMP: empalhamento das espigas.

O resumo da análise de variância (Tabela 15) demonstrou diferença significativa ($p \leq 0,05$) entre as progênies para os nove caracteres avaliados a 1% de probabilidade; revelou diferença também entre as progênies de meios-irmãos e o híbrido testemunha AG1051 para os caracteres diâmetro de espigas (DEsp), peso de espigas sem palha (PSPal) e rendimento de massa (RMss) a 1% e para florescimento masculino (FM) e número de fileiras (NFL) a 5% de probabilidade; resultados estes que sugerem a existência de variabilidade genética na população de meios-irmãos, sendo a mesma, passível de ser explorada para melhoria em ciclos de seleção recorrente.

Os coeficientes de variação observados são considerados baixos segundo a classificação de Scapim et al. (1995) e se mantiveram abaixo de 10% para a grande maioria dos caracteres avaliados, ressaltando a boa precisão experimental; exceto para peso de espigas sem palha (PSPal) e rendimento de massa (RMss).

Tabela 15. Resumo da análise de variância para nove caracteres avaliados em 158 famílias de meios-irmãos, provenientes da quinta população gerada, baseada no agrupamento UPGMA; os *bulks* das outras 5 populações e o híbrido AG1051, em segunda safra. Jataí/GO – 2018/2019

		QM								
FV	**GL**	**FM**	**FF**	**AP**	**AE**	**CEsp**	**DEsp**	**NFL**	**PSPal**	**RMss**
Blocos (B)	4	1.558,116	403,956	0,066	0,064	1,719	0,217	0,968	1,02	0,001
Famílias (F)	162	915,006**	1435,674**	0,035**	0,023**	4,150**	0,172**	1,495**	0,920**	0,001**
Testemunhas (Te)	1	281,301	277,441	0,020	0,023	0,750	0,120	0,653	0,969	0,000
F *versus* Te	2	2.539,399*	451,854^{ns}	0,009^{ns}	0,004^{ns}	3,484^{ns}	0,627**	2,456*	7,090**	0,005**
Resíduo	330	547,885	580,309	0,012	0,007	2,238	0,109	0,785	0,442	0,000
Média geral		995,583	1.023,728	1,872	1,211	18,370	4,490	14,975	1,876	0,087
Média de (F)		996,108	1.023,884	1,871	1,211	18,351	4,482	14,964	1,852	0,086
Média de (Te)		974,167	1.017,375	1,894	1,238	19,150	4,800	15,433	2,861	0,111
CV (%)		2,351	2,353	5,790	7,106	8,143	7,359	5,916	35,438	25,289

FV: fonte de variação; QM: quadrado médio; GL: grau de liberdade; CV: coeficiente de variação; ns – não significativo, * significativo a 5%, ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste de F.
FM: florescimento masculino (GDU), FF: florescimento feminino (GDU), AP: altura de plantas (m), AE: altura de espigas (m), CEsp: comprimento de espigas (cm), DEsp: diâmetro de espigas (cm), NFL: número de fileiras da espiga, PSPal: peso de espigas sem palha (Kg) e RMss: rendimento de massa (Kg).

As médias de produtividade de espigas despalhadas e peso de massa (Tabela 16), exemplificam a possibilidade de seleção dentro da população, uma vez que valores máximos apresentados pelas progênies são superiores às médias do híbrido testemunha. Nesse sentido, a correlação significativa entre produtividade de espigas empalhadas e despalhadas com a produtividade de espigas comerciais leva a inferência de que a seleção sob a produtividade de espigas empalhadas ou despalhadas também trará resultados positivos para produtividade de espigas comerciais (ALBUQUERQUE et al., 2008).

Tabela 16. Produtividades médias estimadas para as famílias de meios-irmãos (FMI) de milho e o híbrido testemunha AG1051 (HB) para dois dos caracteres avaliados em segunda safra. Jataí/GO – 2018/2019

	Produtividades (Kg ha^{-1})	
	PSPal	**RMss**
FMI	4114,50	937,75
AG1051	6358,15	1281,72
Mínimo (FMI)	546,67	0,00
Máximo (FMI)	10333,33	1848,89

PSPal: peso de espigas sem palha, PCom: peso de espigas comerciais e RMss: rendimento de massa.

3.4. Estimação de parâmetros genéticos (experimento 2)

Uma das premissas da seleção recorrente é a manutenção da variabilidade genética na população durante os sucessivos ciclos de seleção, garantindo assim, a o sucesso no processo seletivo. Portanto, a estimação de parâmetros genéticos após o ciclo de seleção auxilia o melhorista a verificar a sustentação de tal premissa. Nesse sentido as estimativas de variâncias genética (σ^2_G), fenotípica (σ^2_F) e aditiva (σ^2_A), após a seleção recorrente demonstraram a conservação da integridade genética da população sendo semelhantes às originais (Tabela 17).

As variâncias genéticas para a maioria dos caracteres aumentaram (Tabela 17), após o ciclo de seleção, o que evidencia a exploração moderada da variabilidade existente no ciclo inicial, efeito que também foi observado por Carvalho et al. (2003), em discordância com os estudos de Carvalho et al. (1998) e Paterniani (1968) que observaram a mesma tendência descrita por Ramalho (1977), de redução drástica no

primeiro ciclo de seleção sob efeito da alta pressão de seleção e estabilização da variabilidade a partir do segundo ciclo.

Tabela 17. Estimativas de variâncias genética (σ^2_G), fenotípica média (σ^2_F), genética aditiva (σ^2_A), da herdabilidade com base na média de progênies (h^2_m), coeficientes de variação genético (CV_g%), experimental (CV_e%) e índice de variação (θ). Jataí/GO – 2018/2019

	Parâmetros Genéticos Iniciais						
Caráter	σ^2_G	σ^2_F	σ^2_A	h^2_m	CV_e%	CV_g%	θ
FM	174,780	259,680	699,120	67,310	1,380	1,400	1,010
FF	321,368	430,911	1.285,472	74,580	1,530	1,850	1,210
AP	0,002	0,010	0,009	23,040	5,500	2,130	0,390
AE	0,002	0,006	0,009	36,520	6,430	3,450	0,540
EMP	0,032	0,160	0,128	20,120	31,720	11,260	0,350
COR	0,069	0,142	0,274	48,210	14,950	10,200	0,680
CEsp	0,452	0,973	1,808	46,450	5,670	3,730	0,660
DEsp	0,011	0,040	0,042	26,030	5,540	2,320	0,420
NFL	0,313	0,642	1,254	48,830	5,390	3,720	0,690
PSPal	0,052	0,112	0,210	46,960	11,860	7,890	1,790
PMss	0,000	0,000	0,000	32,950	17,660	8,750	0,050
	Parâmetros Genéticos Ciclo I						
Caráter	σ^2_G	σ^2_F	σ^2_A	h^2_m	CV_e%	CV_g%	θ
FM	122.374	305.002	489.496	40.122	2.351	1.111	4,724.000
FF	285.122	478.558	1,140.488	59.579	2.353	1.649	0.701
AP	0,008	0,012	0,031	66,590	5,790	4,721	0,815
AE	0,005	0,008	0,021	67,525	7,106	5,919	0,833
EMP	0,057	0,142	0,228	40,086	27,697	13,138	0,474
COR	0,104	0,211	0,416	49,298	20,030	11,412	0,570
CEsp	0,637	1,383	2,549	46,070	8,143	4,350	0,534
DEsp	0,021	0,057	0,084	36,469	7,359	3,224	0,438
NFL	0,237	0,498	0,947	47,496	5,916	3,251	0,550
PSPal	0,159	0,307	0,637	51,971	35,438	21,561	0,608
PMss	0,000	0,000	0,001	48,251	25,289	14,197	0,561

FM: florescimento masculino (GDU), FF: florescimento feminino (GDU), AP: altura de plantas (m), AE altura de espigas (m), EMP: empalhamento das espigas, COR: cor dos grãos da espiga, CEsp: comprimento de espigas (cm), DEsp: diâmetro de espigas (cm), NFL: número de fileiras da espiga, PSPal: peso de espigas sem palha (Kg) e PMss: peso de massa (Kg).

Os valores de h^2 variaram 36%, para diâmetro de espigas (DEsp), a 67%, para altura de plantas (AE), caracterizando a representatividade do valor genético sobre o fenotípico, que juntamente aos índices de variação, que estiveram em quase totalidade acima de 0,5 (Tabela 17), indicam a possibilidade de realização de um novo

ciclo de seleção recorrente com tendência a ser bem-sucedido; índices estes que corroboram com os encontrados por Cunha et al. (2012). Uma vez que o índice de variação “θ” representa a relação entre a variação genética e experimental, valores próximos à da unidade evidenciam a predominância da variação genética sobre a experimental e indicam situação favorável à novos ciclos de seleção (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

As estimativas de herdabilidade após a seleção foram maiores que as originais, para altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), empalhamento de espigas (EMP), cor dos grãos na espiga (COR), diâmetro de espigas (DEsp), peso de espigas sem palha (PSPal) e rendimento de massa (RMss) (Tabela 17), indicando uma maior concentração de alelos aditivos, uma vez que a seleção foi feita sob esses caracteres, e a herdabilidade nesse caso reflete a proporção da variância genética na variação total. Para a característica comprimento de espigas (CEsp), os valores de h^2 após a seleção foram semelhantes às originais e; para florescimento feminino (FF), masculino (FM) e número de fileiras da espiga (NFL) as estimativas foram menores após a seleção.

Alinhados com os valores de h^2, as estimativas de $CV_g\%$, superiores a 7%, também sugerem potencial genético para continuação do programa de seleção (RODRIGUES et al., 2011); assim como as estimativas de índice de variação (θ). Juntos, esses parâmetros medem a eficiência esperada para novo ciclo de seleção, com base na influência do ambiente sob a expressão genética das progênies.

4. CONCLUSÕES

As 5 populações diferiram para os caracteres produtivos NEspCom, PCPal, PSPal, PCom e ainda para AP e AE, em que as populações 3 e 4 se sobressaíram, apresentando performances semelhantes ao híbrido testemunha AG1051.

A população 5 (obtida com base no agrupamento UPGMA), não apresentou superioridade em relação as demais populações (obtidas por meio do índice de seleção de Mulamba & Mock 1978); entretanto, possui variabilidade genética entre suas famílias de meios-irmãos e, portanto, pode ser conduzida em um novo ciclo de seleção recorrente.

5. REFERÊNCIAS

ARNOLD, C. Y. A determinação e o significado da temperatura base em um sistema linear de unidades de calor. **Anais da Sociedade Americana de Ciência Horticultural**, Alexandria, v. 74, n. 1, p. 430-445, 1959.

ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, R. G.; BORGES, I. D.; SOUZA FILHO, A. X.; FIORINI, I. V. A. Desempenho de híbridos experimentais e comerciais de milho para produção de milho verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 3, p. 768-775, 2008.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHE NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7 ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2017. 543 p.

CAMILO, J. S.; BARBIERI, V. H. B.; RANGEL, R. M.; BONNAS, D. S.; LUZ, J. M. Q.; OLIVEIRA, R. C. Aceitação sensorial de híbridos de milho doce e híbridos de milho verde em intervalos de colheita. **Revista Ceres,** Viçosa, v. 62, n. 1, p. 001-008, 2015.

CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X.; SOUZA, E. M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 1, p. 73-78, 2003.

CARVALHO, H. L.; PACHECO, C. A. A. P.; SANTOS, M. X.; GAMA, E. E. C.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 no nordeste brasileiro**. Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 33, n. 5, p. 713-720, 1998.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 2, 2014. 668 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v.1, 2004, 480p.

CIMMYT. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. **Managing Trials and Reporting Data for CIMMYT's International Maize Testing Program**, México, 1999. Disponível em: <https://repository.cimmyt.org/xmlui/bitstream/handle/10883/697/13201.pdf>. Acesso em: 11 nov. 2019.

CORRÊA JUNIOR, D.; GARCIA, R. F.; MANHÃES, C. M. C.; KLAVER, P. P. C.; VALE, W. G.; GRAVINA, G. A. Influência da adubação de plantio na produtividade do milho verde. **Global Science and Technology,** Rio Verde, v. 07, n. 03, p.12–18, 2014.

CUNHA, K. S.; PEREIRA, M. G.; GONÇALVES, L. S. A.; BERILLI, A. P. C. G.; OLIVEIRA, E. C.; RAMOS, H. C. C.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. **Genetics and Molecular Research,** Ribeirão Preto (*online*), v. 11, n. 3, p. 3398-3408, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4238/2012.September.25.8>. Acesso em: 18 nov. 2019.

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

MORAES, A. R. A.; JUNIOR, E. U. R.; GALLO, P. B.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SAWASAKI, E.; DUARTE, A. P.; BERNINI, C. S.; GUIMARÃES, P. S. Desempenho de oito cultivares de milho verde na safrinha, no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo,** Sete Lagoas, v. 9, n. 1, p. 79-91, 2010.

MORAES JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S. MORAIS, O. P.; COLOMBARI FILHO, J. M. Variabilidade genética durante quatro ciclos de seleção recorrente em arroz. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 52, n. 11, p. 1033-1041, 2017.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (Zea mays L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

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

PAIVA JUNIOR, M. C.; VON PINHO, R. G.; VON PINHO E. V. R.; RESENDE, S. G. Desempenho de cultivares para a produção de milho verde em diferentes épocas e densidades de semeadura em Lavras-Mg. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 5, p. 1235–1247, 2001.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P. S.; BERNINI, C. S.; GALLO, P. B. Caracteres secundários relacionados à tolerância à seca em progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 14, n. 1, p. 130-144, 2015.

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. Colheita, transporte e comercialização. In: **O cultivo do milho-verde,** PEREIRA FILHO, I. A. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. cap. 11, p. 183-194.

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; GAMA, E. E. G. Cultivares para o consumo verde. In: **O cultivo do milho verde.** Brasília: Embrapa Informação tecnológica, 2003. p. 17-30.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012. 522 p.

RENATO, N. S.; SILVA, J. B. L.; SEDIYAMA, G. C.; PEREIRA, E. G. Influência dos métodos para cálculo de graus-dia em condições de aumento de temperatura para as culturas de milho e feijão. **Revista Brasileira de Meteorologia,** São José dos Campos. v. 28, n. 4, p. 382-388, 2013.

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Índice de seleção e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011.

RODRIGUES, F. P.; MELO, G. S.; RESENDE, C. L. P.; MROJINSKI, F.; MENDES, R. C.; SILVA, M. A. Aptidão de híbridos de milho para o consumo *in natura.* **Revista de Ciências Agrárias,** Lisboa, vol. 41, n. 2, p. 484-492, 2018.

SANTOS, I. C.; MIRANDA, G. V.; MELO, A. V.; MATTOS, R. N.; OLIVEIRA, L. R.; LIMA, J. S.; GALVÃO, J. C. C. Comportamento de cultivares de milho produzidos organicamente e correlações entre características das espigas colhidas no estádio verde. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Viçosa, v. 4, n. 1, p. 45–53, 2005.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SILVA, G. C.; SCHMITZ, R.; SILVA, L. C.; CARPANINI, G. G.; MAGALHÃES, R. C. Desempenho de cultivares para produção de milho verde na agricultura familiar do sul de Roraima. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Viçosa, v.14, n. 2, p. 273-282, 2015.

TSUNECHIRO, A.; VASCONCELLOS, C. A.; MORETTI, C. L.; KARAM, D.; OLIVEIRA, E.; GAMA, E. E. G.; FERNANDES, F. T.; DURÃES, F. O. M.; HENZ, G. P.; PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, I.; DUARTE, J. O.; CRUZ, J. C.; WAQUIL, J. M.; MATTOSO, M. J.; VIANA, P. A.; MAGALHÃES, P. C.; ALBUQUERQUE, P. E. P. Editor técnico: Israel Alexandre Pereira Filho. **Coleção Plantar: Milho verde.** Brasília, DF, Embrapa Informação Tecnológica, 2008, 61 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.