



UFG

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**POTENCIAL GENÉTICO E CORRELAÇÃO
ENTRE CARACTERES EM POPULAÇÃO DE
MILHO BRANCO**

IKIO ALINE MONTEIRO WATANABE

Orientador:

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Co-orientadora:

Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Rezende

IKIO ALINE MONTEIRO WATANABE

**POTENCIAL GENÉTICO E CORRELAÇÃO ENTRE
CARACTERES EM POPULAÇÃO DE MILHO BRANCO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas

Orientador:

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Co-orientadora:

Prof.^(a) Dr.^(a) Marcela Pedroso Mendes Resende

Goiânia, GO – Brasil

2020

“Seja menos curioso sobre as pessoas e mais curioso sobre as ideias.”
“Cada pessoa deve trabalhar para o seu aperfeiçoamento e, ao mesmo tempo, participar da responsabilidade coletiva por toda a humanidade.”
Marie Curie

Aos meus pais, Paulino Shideo Watanabe e Eunice Aparecida Monteiro Watanabe, e aos meus sobrinhos e afilhados Maxuel Rodrigo Monteiro Junior e Ana Beatriz Freitas Monteiro,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, pela vida e cuidar de cada detalhe ao longo deste caminho.

Aos meus pais, Paulino Shideo Watanabe e Eunice Aparecida Monteiro Watanabe, pelo amor, incentivo e apoio incondicional e, também, pelos puxões de orelha nos momentos necessários.

Ao meu namorado Wellington, por todo seu apoio, pela compreensão, confiança, carinho e amizade que foram muito importantes para eu concluir esse trabalho.

Aos meus amigos e colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, em especial ao Ailton Crispim, Angelina Ciappina, Bianca Muriel, Érica da Silva, Flávio Pereira, Jordana Cândido e Pedro Henrique, pelos momentos de descontração, ajuda em muitos trabalhos e companheirismo não só no âmbito acadêmico, mas pessoal. Estarei sempre torcendo por todos e os levarei sempre no coração, muito sucesso para nós!

Aos integrantes do Grupo de Estudos em Melhoramento de Plantas (GEMP), em especial a Marcela Lopes e Túlio Brito, pela amizade, convívio e ajuda em toda parte experimental deste trabalho.

À Universidade Federal de Goiás (Regional Goiânia), pela oportunidade de realização do curso e excelência em ensino, e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão de bolsa de estudo.

A todos os docentes do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UFG, em especial aos professores doutores João Batista, Marcela Mendes, Patrícia Melo e Sérgio Sibov, por todo conhecimento transmitido ao longo do curso.

Ao meu orientador Prof. Edésio Fialho dos Reis, que apesar da distância, me deu o suporte necessário para realização deste trabalho; pela sua disponibilidade e boa vontade em ajudar, e por todo conhecimento transmitido. A toda sua equipe da Universidade Federal de Jataí (UFJ), em especial ao Jefferson Naves, Sr. Gilmar e Cristiano, que me auxiliaram na condução e avaliações de parte dos meus experimentos.

A todos aqueles que, de alguma forma, contribuíram para a conclusão deste trabalho.

MUITO OBRIGADA!

SUMÁRIO

RESUMO	6
ABSTRACT	7
1 INTRODUÇÃO	8
2 REVISÃO DE LITERATURA	10
2.1 A CULTURA DO MILHO.....	10
2.2 O MILHO BRANCO.....	11
2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS	12
2.4 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES	14
2.5 SELEÇÃO RECORRENTE	17
3 MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1 MATERIAL GENÉTICO.....	20
3.2 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS.....	20
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	22
3.3.1 Análises de variância	22
3.3.2 Estimativação de parâmetros genéticos	23
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
4.1 ANÁLISE DA VARIAÇÃO FENOTÍPICA	26
4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	27
4.3 CORRELAÇÃO FENOTÍPICA, GENÉTICA E AMBIENTAL ENTRE CARACTERES	32
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	38
6. CONCLUSÕES	40
7 REFERÊNCIAS	41
APÊNDICES	50
ANEXOS	52

RESUMO

WATANABE, I. A. M. **Potencial genético e correlação entre caracteres em população de milho branco**. 2019. 52 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019.¹

O milho branco é utilizado na alimentação humana na forma de canjica, farinha e amido. Ele se destaca como uma alternativa para pequenos produtores rurais, por apresentar maior valor comercial. Entretanto, há poucas cultivares de milho branco no mercado, sendo importante o desenvolvimento de cultivares desse tipo de milho com maior produtividade. Dentre os métodos de melhoramento de milho, a seleção recorrente destaca-se por possibilitar o aumento da frequência dos alelos favoráveis da população durante ciclos seletivos. Contudo, a seleção recorrente só é eficiente quando se utilizam populações que apresentam variabilidade genética e a performance da população está relacionada à média original para o caráter de interesse. Assim, objetivou-se, com este trabalho, avaliar desempenho agrônomico, variabilidade genética e ganhos genéticos esperados, em uma população de milho branco; e estimar as correlações genéticas, fenotípicas e ambientais entre caracteres agrônomicos, incluindo produtividade de grãos. Para isso, 169 progênies de meios-irmãos foram avaliadas em delineamento látice triplo 13×13, na segunda safra 2018, na UFG, Goiânia-GO e UFJ, Jataí-GO. Os caracteres avaliados foram: florescimento masculino, florescimento feminino, intervalo de florescimento, altura de plantas, altura de espigas, posição relativa das espigas, plantas acamadas e quebradas, prolificidade, número de fileiras de grãos na espiga, número de grãos por fileiras, diâmetro de espigas, comprimento de espigas, diâmetro de sabugos, peso de espigas e produtividade de grãos. Foram encontradas diferenças significativas entre as progênies para todos os caracteres, com exceção de plantas acamadas e quebradas, indicando presença de variabilidade genética. Os ganhos genéticos com a seleção, considerando uma intensidade de seleção de 20%, variaram de -27,26% para intervalo de florescimento a 9,04% para prolificidade. Todos os caracteres, com exceção do diâmetro de espigas, apresentaram ao menos uma estimativa de correlação genética, fenotípica ou ambiental significativa, indicando que mudanças em um dado caráter podem alterar a média de outros correlacionados. Conclui-se que a população de milho branco apresenta variabilidade genética e médias satisfatórias para maioria dos caracteres agrônomicos, incluindo produtividade; conseqüentemente, a população tem potencial para ser utilizado em um programa de seleção recorrente. A seleção indireta para produtividade de grãos é possível através da seleção direta no número de grãos por fileiras e peso de espigas.

Palavras-chave: melhoramento de plantas, *Zea mays*, correlação genética, genética quantitativa, herdabilidade.

¹ Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis. UAECIBIO-UFJ.
Co-orientadora: Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende. EA-UFG.

ABSTRACT

WATANABE, I. A. M. **Genetic potential and correlation between traits in white maize population.** 2019. 52 f. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019.¹²

White maize is used for human consumption in the form of grits, flour and starch. It stands out as an alternative to small farmers, as it has a higher commercial value. However, there are few white maize cultivars on the market, and it is important to develop higher yield cultivars of this type. Among the several maize breeding methods, recurrent selection stands out for allowing the increase of the frequency of favorable alleles in population for several selective cycles. However, recurrent selection is only effective when using populations with good averages and genetic variability for the traits of interest. Thus, the objective of this study was to evaluate the agronomic performance, genetic variability and expected genetic gains of a white maize population; and to estimate the genetic, phenotypic and environmental correlations between agronomic traits, including grain yield.. For this purpose, 169 half-siblings progênies were evaluated using a 13 x 13 triple lattice design, in 2018 second crop, in the UFG, Goiânia-GO and UFJ, Jataí-GO. The traits evaluated were: number of days to anthesis, number of days to silking, anthesis-silking interval, plant height, ear height, ear ratio, stalk lodging, ear prolificacy, kernels per row, number of kernels per row, ear diameter, ear length, cob diameter, ear weight and grain yield. Significant differences were found among progenies for all traits, except stalk lodging, indicating the presence of variability. The genetic gains with selection ranged from -26.26%, for anthesis-silking interval, to 9.04%, for ear prolificacy. All traits, except ear diameter, exhibited at least one significant genetic, phenotypic or environmental correlation estimate, indicating that changes in one trait may change the mean of other correlated. It is concluded the white maize population presents genetic variability and satisfactory means for most agronomic traits, including grain yield; therefore, the population has the potential to be used in a recurrent selection program. Indirect selection for grain yield is possible through direct selection for number of kernels per row and ear weight.

Keywords: plant breeding, *Zea mays*, genetic correlation, quantitative genetics, heritability.

¹ Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis. UAECIBIO-UFJ.

² Co-orientadora: Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende. EA-UFG.

1 INTRODUÇÃO

O milho destaca-se como o cereal mais cultivado no mundo. Na safra 2018/2019, ultrapassou um bilhão de toneladas produzidas (USDA, 2019a). Isso se deve ao fato de ser o principal componente na alimentação animal, em especial aves e suínos. Além disso, é utilizado na alimentação humana como matéria prima para uma extensa gama de produtos alimentícios e, nestes últimos anos, firmou-se também como matriz energética para produção de etanol (Ota et al., 2011; Chum et al., 2014; Conab, 2019a).

O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho, atrás dos Estados Unidos e da China (USDA, 2019a). Em nível nacional, do total de agricultores que cultivam milho, 30,8 % cultivam menos de um hectare. Isso reflete sua importância social e cultural por representar a base da sustentabilidade para muitas famílias rurais (Cruz et al., 2011).

Para esses agricultores, o cultivo de milhos especiais, como o milho branco, surge como forma de incrementar a renda, visto que apresentam um valor comercial maior em relação ao milho comum (Rovaris et al., 2017). Entretanto, na safra 2017/2018, das 298 cultivares de milho que foram disponibilizadas no Brasil, apenas três são de grãos brancos, sendo um híbrido duplo, um híbrido simples e uma variedade de polinização aberta (Pereira Filho & Borghi, 2018).

O melhoramento genético do milho tem contribuído significativamente para o aumento da produtividade. Para se obter progresso em um programa de melhoramento, para qualquer característica, o fator primordial é a existência de variabilidade genética. Em milho, a maior parte dos esforços está concentrada em caracteres quantitativos. Nesse contexto, a seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento populacional de milho. Pode ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida por sua recombinação, mantendo-se a variabilidade genética (Fehr, 1987).

Um programa de seleção recorrente só é eficiente se forem utilizadas populações com potencial de melhoramento e se for conduzido de forma a maximizar o ganho para caracteres de interesse para o programa. Assim, para se conhecer o potencial dessas populações é imprescindível a estimação de parâmetros genéticos, tais como estimativas de

médias, variâncias, herdabilidade, ganhos esperados com a seleção e correlações genéticas. Esses parâmetros direcionam a tomada de decisão com relação ao método mais apropriado, assim como os caracteres que devem ser selecionados em cada etapa de um programa de melhoramento genético de milho.

O objetivo deste estudo foi avaliar o potencial genético de uma população de milho branco quanto à sua variabilidade e viabilidade para ser conduzida em esquema de seleção recorrente para produtividade de grãos e componentes de produção, no âmbito do programa de melhoramento genético de milho da Universidade Federal de Goiás, por meio do estudo dos seus parâmetros genéticos, tais como: estimativas de médias, componentes de variância fenotípica, herdabilidade e ganho de seleção, e identificar associações entre caracteres agronômicos que auxiliem na seleção.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A CULTURA DO MILHO

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea pertencente à família Poaceae, tribo Maydeae. É uma planta monóica, alógama e anual, com $2n=2x=20$ cromossomos (Paterniani & Campos, 2005). Sua origem data mais de sete mil anos atrás na América Central, mais precisamente o México, sendo sua linha evolutiva bastante discutida. A teoria mais aceita é a que relaciona a ascendência do milho ao teosinte, outra gramínea com várias espigas sem sabugo, que pode cruzar naturalmente com o milho, produzindo descendentes férteis (Buckler & Stevens, 2006).

Na safra 2018/19, a produção mundial superou um bilhão de toneladas, representando 42% da produção total de grãos, seguido do trigo (27%) e arroz (18%) (USDA, 2019b). Os principais países produtores foram os Estados Unidos (366,29 milhões de toneladas), China (257,33 milhões de toneladas) e o Brasil, com produção recorde de 101,00 milhões de toneladas (USDA, 2019a). Dentre as diferentes regiões do Brasil, o Centro-Oeste corresponde a mais da metade da produção nacional, com 52,83 milhões de toneladas. Os principais estados produtores são Mato Grosso (31,31 milhões de toneladas), Paraná (16,76 milhões de toneladas) e Goiás (11,49 milhões de toneladas) (Conab, 2019b).

Essa enorme produção está ligada à sua grande demanda como matéria prima nas indústrias de ração animal, alimentícias e, mais recentemente, de biocombustíveis (Ota et al., 2011; Chum et al., 2014). Devido a suas características como alta digestibilidade de nutrientes, elevada produtividade e custo relativamente baixo, cerca de 70% da produção é destinada ao consumo animal (Alves et al., 2015). Apenas 15% de toda a produção é destinada ao consumo humano, sendo de forma direta ou subprodutos (Couto et al., 2017).

Além disso, o milho é uma das espécies cultivadas alvo de intensas pesquisas científicas, cujos resultados não só tem contribuído para o aperfeiçoamento do seu cultivo, mas, também, tem influenciado as técnicas empregadas em outras culturas (Paterniani & Campos, 2005). No Brasil, também possui grande importância social, visto que grande parte

dos produtores de milho apresentam baixo nível tecnológico, pequenas propriedades e dependem de sua produção para viver (Cruz et al., 2011).

Existem tipos especiais de milho, como o milho pipoca, milho verde, mini milho e o milho branco, que são classificados assim por não serem comercializados na forma de grãos secos e/ou apresentarem nichos de mercados específicos. O milho branco se destaca por seu valor comercial, que pode atingir o dobro do valor do milho comum (Rovaris et al., 2017). Seu cultivo surge como uma alternativa de incrementar a renda do produtor.

2.2 O MILHO BRANCO

O milho branco pertence à mesma espécie do milho comum (*Z. mays* L.) sendo o manejo e os tratos culturais praticamente os mesmos (Valentini et al., 2017). É denominado como milho especial, por não ser cultivados para produção de grãos secos como *commodities*, e representar um nicho específico de mercado. No Brasil, a produção de milhos especiais caracteriza-se por agregar valor ao produto, gerando lucro ao agricultor (Rovaris et al., 2017).

A coloração do endosperma é expressa pela ação do gene Y (Yellow) que, em dominância, condiciona a cor amarela e na forma recessiva y, determina a cor branca. O endosperma é um tecido triplóide (3n); dessa forma, endosperma com genótipo yyy tem coloração branca e os outros genótipos (Yyy, YYy e YYY) apresentam uma intensificação da cor amarela, em direção à cor laranja, com o aumento do número de alelos Y (Oliveira et al., 2007). Isso implica no efeito xênia, que consiste na manifestação da expressão fenotípica na geração da planta mãe, sendo necessário o isolamento espacial ou temporal das áreas produtoras de milho branco.

No Brasil, esse tipo de grão é bastante difundido nos estados do Paraná, São Paulo e Minas Gerais. Entre os principais municípios produtores estão Londrina, Irati e Pato Branco, no estado do Paraná, com a finalidade de produção de farinha de milho. No estado de São Paulo, a produção concentra-se nos municípios de Quadra, considerada a "Capital do Milho Branco"; Tatuí e Itapetininga, onde é voltada para a fabricação de canjica (Sawazaki et al., 2008). Em Minas Gerais, no município de Barbacena, o milho branco é base na alimentação diária, sendo consumido *in natura* ou no preparo de mingaus, bolos, biscoitos, farinha de fubá branco, dentre outros (Souza et al., 2009). As indústrias moageiras, principal

destino do milho branco, situam-se principalmente nas regiões Sudeste e Sul, e em alguns estados da região Centro-Oeste, como Goiás (Bignotto, 2011).

Na safra 2017/2018, das 298 cultivares de milho que foram disponibilizadas, apenas três têm grãos brancos, sendo um híbrido duplo (IPR 119), um híbrido simples (IPR 127) e uma variedade de polinização aberta (RS 21) (Pereira Filho & Borghi, 2018). Para os pequenos produtores, as variedades de polinização aberta são mais interessantes pela possibilidade de produção de semente própria. Através da adoção de técnicas adequadas para seleção das sementes, o potencial produtivo se mantém, quando plantadas na safra seguinte.

2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS

O sucesso de um programa de melhoramento depende fundamentalmente da variabilidade genética existente nas populações escolhidas para estudos genéticos, sendo que, em milho, grande parte dos esforços estão concentrado nos caracteres quantitativos. Segundo Vencovsky (1987), a maior complexidade genética destes aliada a erros experimentais e efeitos do ambiente, que estão sempre presentes, obrigam os melhoristas a utilizarem técnicas específicas no seu tratamento, com o fim de separar e interpretar as variações genéticas e ambientais.

A variância genética é composta pela variância aditiva, variância dominante e variância epistática, as quais são ações gênicas envolvidas no controle genético da expressão de caracteres (Vencovsky & Barriga, 1992). Para fins de seleção, a variância genética aditiva é o componente mais importante, uma vez que é a principal causa da semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (Falconer & Mackay, 1996). Além disso, é o único componente que pode ser prontamente estimado através das observações feitas na população.

A variância aditiva tem sido uma das principais ferramentas do melhorista para ampliar os conhecimentos sobre caracteres sob seleção e auxiliar a escolha de métodos de melhoramento mais eficazes (Cruz, 2005). Uma metodologia frequentemente empregada para obtenção da variância genética aditiva, são os ensaios de famílias de meios-irmãos; pois, através destes ensaios obtém-se a variância entre progênies, sendo esta 1/4 da variância aditiva.

Com a estimação das variâncias e seus componentes, é possível estimar a herdabilidade. Sua importância está ligada principalmente ao seu poder preditivo ao estimar o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético e antever possibilidade de sucesso com a seleção (You et al., 2016). A herdabilidade, relacionada com o efeito médio dos genes, tem um papel importante na predição, expressando a confiança do valor fenotípico como guia para o valor genético. Estudos em milho têm enfatizado a importância desse parâmetro para a eficiência da seleção (Kassouf & Miranda Filho, 1986; Bigoto, 1988).

A predição de ganho para um ou mais caracteres quantitativos por diferentes métodos de seleção é um dos pontos principais da aplicação da genética quantitativa no melhoramento (Bonomo et al., 2000). Essa abordagem preditiva é feita mediante a estimação do ganho de seleção. Seu conceito pode ser entendido como sendo a alteração direcionada da média de uma ou mais características de dada população para patamares de interesse. De modo geral, o ganho de seleção é estimado levando-se em consideração a herdabilidade, seja ela no sentido amplo ou no sentido restrito, e a diferença entre a média dos indivíduos selecionados e a média original, este último denominado diferencial de seleção.

Na Tabela 1 estão apresentadas algumas estimativas de parâmetros genéticos como variância genética aditiva, herdabilidade e ganho de seleção, para alguns caracteres de interesse no melhoramento de milho relatados na literatura. É importante salientar que a amplitude de estimativas encontradas para esses parâmetros ocorre dada a constituição genética de cada população e as condições experimentais inerentes a cada estudo.

Tabela 1. Estimativas da variância genética aditiva (σ^2_A), herdabilidade (h^2) e ganho de seleção (GS) para os caracteres (1) peso de espigas ($g.planta^{-1}$)², (2) peso de espigas despalhadas ($kg.parcela^{-1}$)², (3) produtividade de grãos ($kg.ha^{-1}$)² em diferentes populações de milho.

Populações	σ^2_A	h^2	GS	Fontes
² C333	111,25	26,64 a 35,14	12,11	Raposo & Ramalho (2004)
¹ BR 5011	26,4 a 865	10 a 64,06	2,2 a 35	Carvalho & Souza (2007)
³ ESALQ-PB1	365,2	39,4	-	Andrade & Miranda Filho (2008)
³ Linhagens	-	60	-	Clovis et al. (2015)
³ Linhagens	-	61	-	Bolson et al. (2016)

2.4 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES

O conhecimento da associação entre caracteres é um importante estudo nos programas de melhoramento, porque mudanças em um determinado caráter podem ocasionar mudanças em outro (Vencovsky & Barriga, 1992). Essas associações podem auxiliar o melhorista quando um caráter apresenta dificuldade de avaliação e/ou baixa herdabilidade, mas é correlacionado com outro de fácil aferição e alta herdabilidade. No entanto, também podem atrapalhar o melhorista quando um caráter de interesse é fortemente correlacionado com um caráter indesejável.

Segundo Ramalho et al. (2012), a correlação mede o grau de associação entre duas variáveis e seu valor varia de -1 a 1. Quanto mais próximo de -1 ou 1 mais forte é a associação, e quando a correlação é igual a zero as variáveis não possuem associação. A correlação positiva indica caracteres variando na mesma direção, e a negativa em direção oposta. Para Carvalho et al. (2004), a magnitude do coeficiente de correlação pode ser classificada em nula ($r = 0$), fraca ($0 < |r| < 0,30$), média ($0,30 < |r| < 0,60$), forte ($0,60 < |r| < 0,90$), fortíssima ($0,90 < |r| < 1$) e perfeita ($|r| = 1$).

No melhoramento de plantas, as correlações podem ser genéticas, fenotípicas e ambientais. A correlação observada diretamente nos experimentos é a fenotípica, que pode ser decomposta em correlação genética e correlação ambiental (Vencovsky & Barriga, 1992). A correlação genética entre caracteres pode ser devido à pleiotropia, quando um loco é responsável pela expressão de mais de um caráter, e /ou devido a ligação entre locos que controlam diferentes caracteres. No caso de caracteres quantitativos, que são controlados por muitos genes, ambos os fatores podem ser responsáveis pela ocorrência de correlação genética. A correlação ambiental ocorre quando duas características são influenciadas pelas mesmas variações nas condições ambientais. Correlações negativas indicam que o ambiente beneficia uma das características em detrimento da outra, e quando positivas ambas características são beneficiadas ou prejudicadas pelas variações ambientais. A diferença no sinal entre as correlações genotípicas e ambiental ocorre porque as fontes de variação genética e ambiental afetam os caracteres através de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer & Mackay, 1996).

A literatura apresenta vários trabalhos que estimam essas correlações entre caracteres agrônômicos na cultura do milho (Yousuf & Saleem, 2001; Souza et al., 2008; Bello et al., 2010; Badu-Apraku et al., 2013; Suwarno et al., 2014; Nardino et al., 2016;

Chandana et al., 2018). Mesmo assim, estudos dessa natureza ainda são extremamente importantes porque essas associações variam nas diferentes estruturas genéticas populacionais.

Em um estudo realizado por Yousuf & Saleem (2001), foram estimadas correlações genéticas e fenotípicas entre vários caracteres agronômicos em 74 famílias S₁ obtidas da população de milho C-17. A produtividade de grãos apresentou correlação genética significativas com altura de plantas, número de fileiras por espigas e número de grãos por fileira. Os autores concluíram que a seleção indireta para produtividade é possível pela seleção direta para número de fileiras por espigas.

Visando averiguar a possibilidade de ganhos com a seleção indireta, Nardino et al. (2016) estimaram os coeficientes de correlação fenotípica e genética entre diferentes caracteres agronômicos com produtividade de grãos, em 27 híbridos simples comerciais de milho. Esses autores verificaram associações positivas e significativas de produtividade de grãos com diâmetro da espiga, massa da espiga, massa de grãos da espiga, número de grãos por fileira e massa de mil grãos. Porém, as magnitudes dos coeficientes de correlação foram fracas e o uso da seleção indireta para a produtividade de grãos não foi indicado.

Em outro estudo com 100 progênies de meios-irmãos de uma população crioula de milho branco, Souza et al. (2008) estimaram correlações genéticas entre diferentes caracteres a fim de definir estratégias para a obtenção de cultivares de milho para o sistema tradicional de produção. As correlações genéticas foram significativas entre os componentes primários da produção e a produtividade. Por outro lado, as correlações genéticas aditivas entre os componentes primários e secundários da produção foram quase sempre não significativas. Os caracteres relacionados ao florescimento mostraram-se correlacionados geneticamente com a produtividade e componentes primários de produção, mas não com os secundários. Esses autores concluíram que a seleção indireta para número de plantas/área e número de plantas com espigas com grãos pode ser estratégia viável em experimentos conduzidos em propriedades de pequeno agricultor ou por eles próprios ao invés de selecionar diretamente a produtividade.

Suwarno et al. (2014), visando obtenção de milho biofortificado para maiores teores de vitamina A, estimou o grau de associação entre o rendimento de grãos e as concentrações desta vitamina, em 156 híbridos resultante do cruzamento de grupos heteróticos distintos. As correlações fenotípicas indicaram que o rendimento de grãos apresentou unicamente uma pequena correlação positiva e significativa com β -criptoxantina.

Este composto fornece metade da atividade da vitamina A em relação ao fornecimento pelo β -caroteno, o qual é mais interessante para a biofortificação. Desse modo, o rendimento de grãos não apresentou correlação com a concentração total de vitamina A, indicando que ambos os caracteres podem ser melhorados de forma isolada.

Trabalhando com 10 variedades de polinização aberta e seus 45 híbridos F₁ em um dialelo parcial, Bello et al. (2010) observou correlações genótípicas e fenotípicas positivas e significativas entre florescimento masculino e peso de espigas, entre produtividade de grãos e altura de plantas, e entre número de grãos por fileira e peso de espigas. Os resultados apontaram que dias para o florescimento, altura de plantas e inserção da espiga, número de grãos por fileira podem ser importantes caracteres para melhoramento de populações de milho.

Chandana et al. (2018), em um estudo genético com populações F₂ proveniente do cruzamento entre 3 germoplasmas com baixo teor de ácido fítico, mostraram que a altura da planta e inserção da espiga, comprimento da espiga, diâmetro de espiga, número de fileiras por espiga, número de grãos por fileira, o peso da espiga, o peso de cem grãos exibiram correlação positiva com produtividade de grãos. A correlação entre produtividade de grãos e teor de ácido fítico foi não significativa, que revelou que a seleção pode ser progredida em ambas as direções de forma independente e é possível obter genótipos com baixo teor de ácido fítico e alto rendimento nas gerações posteriores através de estratégias de seleção. O ácido fítico reduz a digestibilidade do amido, proteínas, gorduras e retardam sua absorção, sua diminuição aumenta o valor nutricional do grão.

Badu-Apraku et al. (2013) com o objetivo de confirmar a confiabilidade dos caracteres secundários na seleção para melhor produtividade de grãos sob infestação por *Striga hermonthica*, avaliou dez cultivares super precoces resistentes a infestação dessa erva daninha em ambientes infestados e não infestados. O estudo identificou o aspecto da espiga (baseado em danos causados por doenças e insetos, comprimento, uniformidade e enchimento de grãos e foi pontuado em uma escala de 1 a 5, onde 1 = espigas saudáveis, uniformes, grandes e bem preenchidas e 5 = espigas com características indesejáveis) como o único caráter com efeito direto significativo no rendimento sob infestação artificial por *Striga*. Assim esse caráter deve ser incluído no índice de base para seleção de maior produtividade de grãos em genótipo super precoce sob infestação. Essa planta é uma grande restrição ao aumento da produção e produtividade de milho nas savanas da África Ocidental e Central que constitui o cinturão de milho da África.

A produção de grãos é um caráter complexo, altamente influenciado pelo ambiente e é o resultado da relação de seus vários componentes de produção (Souza Júnior, 2001; Nardino et al., 2016). Assim, informações sobre coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre vários caracteres de interesse ajudam a determinar o grau em que elas estão associadas à produtividade econômica. Essas correlações fornecem espaço para a seleção indireta em um programa de melhoramento de plantas. Tais estudos podem auxiliar o melhorista a selecionar características que contribuam indiretamente para caracteres de interesse. Para desenvolver genótipos promissores, é essencial conhecer as associações entre diferentes características, principalmente com a produtividade de grãos, que é o objetivo final mais importante em qualquer programa de melhoramento

2.5 SELEÇÃO RECORRENTE

A seleção recorrente consiste basicamente em identificar genótipos de interesse e recombiná-los para gerar uma população melhorada, mantendo-se a variabilidade genética. Busca-se assim, aumentar a frequência dos alelos favoráveis e, conseqüentemente, a probabilidade de ocorrer indivíduos desejáveis. A expressão “recorrente” indica que isso ocorre de maneira cíclica, ou seja, a população é melhorada continuamente (Paterniani & Campos, 2005).

Esse método envolve três fases distintas. A primeira é caracterizada pela obtenção de progênies; a segunda envolve a avaliação das progênies em experimentos com repetição; e a terceira fase é definida pela recombinação das progênies selecionadas, para formar a próxima geração (Paterniani & Miranda Filho, 1987). Cada ciclo termina com a recombinação das progênies que originarão a nova população. Vale destacar que apenas a fase de avaliação das progênies deve ser realizada, obrigatoriamente, durante o ano agrícola, para otimizar o processo de melhoramento (Souza Júnior, 2001).

De acordo com o objetivo, a seleção recorrente pode ser intrapopulacional ou interpopulacional. No primeiro caso busca-se o melhoramento *per se* da população, podendo utilizá-la como uma nova variedade ou obter linhagens superiores para formação de híbridos e material básico para programas de melhoramento. No segundo caso almeja-se a melhoraria da capacidade de combinação entre duas populações, uma em relação à outra, com ênfase nas performances dos cruzamentos, tentando aproveitar ao máximo o fenômeno da heterose nos híbridos.

As principais diferenças entre os vários métodos de seleção recorrente referem-se ao grau de controle parental das progênies avaliadas e selecionadas, existência ou não de avaliação dessas progênies, uso de testadores e controle do ambiente. Podem ser utilizadas progênies de meios-irmãos, em que apenas o genitor feminino é conhecido, progênies de irmãos completos ou irmãos germanos, em que há controle de ambos os genitores, e progênies endogâmicas, sendo mais comuns a avaliação de progênies S₁ ou S₂ (Hallauer et al., 2010).

No melhoramento de milho, dentre os métodos de seleção recorrente intrapopulacionais, o mais utilizado é o de famílias de meios-irmãos associadas com esquema de espiga por fileira, visto sua simplicidade, rapidez e eficiência na avaliação do potencial de populações para originar novas variedades ou para, a partir delas, serem extraídas linhagens (Carvalho et al., 2003; Carvalho & Souza, 2007; Mendes et al., 2015). Outro método também utilizado é a seleção entre famílias endogâmicas, sendo menos utilizado em função da endogamia induzida nas progênies pela autofecundação, a produção de menor quantidade de semnetes, além de ser mais trabalhosa e demorada (Souza Júnior, 2001; Dhliwayo et al., 2014). Também há a possibilidade da utilização da seleção massal, porém, seu uso é recomendado apenas quando a herdabilidade é alta, como para resistência ou tolerância a pragas e doenças (Souza Júnior, 2001).

Com o uso da seleção recorrente intrapopulacional, Carvalho et al. (2003), em três ciclos sucessivos de seleção em progênies de meios-irmãos da população de milho CPATC-3, conseguiram obter aumento de produtividade de 6.914 kg.ha⁻¹, no ciclo original, a 7.807 kg.ha⁻¹ no ciclo II de seleção, representando um aumento de 12,92%. Em trabalho similar, Carvalho & Souza (2007) verificaram aumento da produtividade média entre os ciclos 4 ao 17, de seleção recorrente intrapopulacional, de 6.024 a 8.340 kg.ha⁻¹ em progênies de milho BR 5011, o que atestou o alto potencial genético para produtividade dessa variedade, a qual também superou em todos os ciclos a testemunha. Dhliwayo et al. (2014), visando aumentar a concentração de vitamina A em grãos de milho para obtenção de variedades biofortificadas, conseguiram que a concentração total desse composto (luteína + zeaxantina + β-criptoxantina + β-caroteno), em três populações trabalhadas, aumentassem em média 74% durante três ciclos de seleção, indicando o potencial para obtenção de novas variedades biofortificadas.

Oliveira et al. (2015), em um estudo de adaptação de germoplasma exótico na região sudoeste de Goiás, avaliaram progênies de meios-irmãos e progênies S1 para estimar

parâmetros genéticos de interesse. As três populações semi-exóticas apresentam potencial para serem conduzida em esquema de seleção recorrente, estimando ganhos na produtividade de 9,27% a 11,81% no primeiro ciclo de seleção recorrente. Já Souza et al. (2018) que prosseguiram trabalhando com as mesmas populações do estudo anterior, estimaram ganhos na produtividade de 5,32 a 10,81% no segundo ciclo de seleção recorrente. A quantificação da variabilidade genética para as três populações no primeiro e segundo ciclo de seleção recorrente, bem como os ganhos estimados apontam a eficiência desse método para melhoria de caracteres de interesse em populações de milho.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO

O material básico do estudo teve origem em uma população F₂ do híbrido comercial IPR 127, que é um híbrido simples de grãos de coloração branca. Foram utilizadas 120 famílias de meios-irmãos (MI). Para ampliar a base genética e evitar efeitos negativos da endogamia, também foram incluídas 49 famílias MI originadas do cruzamento entre as populações PB2 (branco) x Embrapa branco, após recombinação.

As famílias MI F₂ do híbrido comercial IPR 127 foram coletadas em campo de produção, em área central para evitar contaminações. Para obtenção das famílias do cruzamento entre as populações PB2 (branco) e Embrapa branco, foi plantado um lote com 1000 sementes de forma isolada e, no momento de maturação, foram retiradas as 49 famílias MI.

3.2 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS

As 169 famílias MI foram avaliadas na segunda safra de 2018, em dois ambientes. O primeiro na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO (16°35'48''S; 49°16'39''O; altitude 730 m); e o segundo na área experimental da Universidade Federal de Jataí, em Jataí-GO (17°53'S; 51°43'O; altitude 700 m). O delineamento experimental foi látice triplo 13 x 13, sendo a parcela experimental de uma linha de 4,0 m, com espaçamento de 0,9 m entre linhas e 0,2 m entre plantas. Os tratos culturais foram os recomendados com base na necessidade da cultura para a região, bem como a aplicação de defensivos agrícolas.

As progênies foram avaliadas para os seguintes caracteres:

- a) Florescimento masculino: número de dias da sementeira até que 50% das plantas da parcela apresentassem anteras liberando pólen;
- b) Florescimento feminino: número de dias da sementeira até que 50% das plantas da parcela apresentassem emissão do estilo-estigma;

- c) Intervalo de florescimento: diferença, em dias, entre o florescimento feminino e o florescimento masculino;
- d) Altura de plantas: altura média, em cm, de cinco plantas aleatórias da parcela, medida após o florescimento masculino, do nível do solo até a inserção da última folha superior (folha bandeira);
- e) Altura de espigas: média da altura das espigas, em cm, de cinco plantas aleatórias da parcela, sendo medida após o florescimento masculino, do nível do solo até a inserção da espiga superior no colmo;
- f) Posição relativa das espigas: média da razão entre altura de espigas e altura de plantas dos mesmos indivíduos a que se referem os itens “d” e “e”;
- g) Plantas acamadas e quebradas: porcentagem de plantas com inclinação superior a 45° em relação à vertical ou deitadas no solo na época da colheita, incluindo ainda plantas quebradas abaixo da espiga principal, em relação ao estande total de plantas na parcela;
- h) Estande: número total de plantas na área útil da parcela por ocasião da colheita;
- i) Número de espigas: contagem do número de espigas total colhidas na parcela;
- j) Prolifidade: razão entre o número de espigas e o estande de plantas na parcela;
- k) Número de fileiras de grãos na espiga: número médio de fileiras de grãos de cinco espigas obtidas aleatoriamente de cada parcela;
- l) Número de grãos por fileira: número médio de grãos por fileira, tomado de cinco espigas obtidas aleatoriamente de cada parcela;
- m) Diâmetro de espigas: diâmetro médio das espigas, em cm, tomado na parte mediana de cinco espigas aleatórias de cada parcela;
- n) Comprimento de espigas: comprimento médio das espigas, em cm, de cinco espigas sem palha, obtidas aleatoriamente de cada parcela;
- o) Diâmetro de sabugos: diâmetro médio dos sabugos, em cm, tomado na parte mediana de cinco espigas aleatórias e debulhadas de cada parcela;
- p) Peso de espigas: peso de espigas despalhadas após a colheita na parcela, em kg parcela⁻¹;
- q) Produtividade de grãos: peso de grãos colhidos em toda área útil da parcela, em kg parcela⁻¹;
- r) Umidade de grãos: em porcentagem, determinada em amostras de grãos das parcelas com auxílio de medidores de umidade.

Os caracteres peso de espigas e produtividade de grãos foram corrigidos para 13% de umidade e para o estande ideal, por meio da análise de covariância, conforme

apresentado por Miranda Filho, em Vencovsky & Barriga (1992). Após estas correções, esses dados foram transformados para $t \text{ ha}^{-1}$.

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

3.3.1 Análises de variância

Foram realizadas análises de variância individuais, relativos a cada ambiente, para todos os caracteres, exceto estande, número de espigas e umidade de grãos, considerando o seguinte modelo, assumido como aleatório:

$$y_{il(j)} = \mu + t_i + r_j + (b/r)_{l(j)} + e_{il(j)}$$

em que:

$y_{il(j)}$: é o valor observado do i -ésimo tratamento, no l -ésimo bloco incompleto, da j -ésima repetição;

μ : é a média geral do experimento;

t_i : é o efeito do tratamento i ($i = 1, 2, 3, \dots, v = k^2$) $\sim \text{NID}(0, \sigma_t^2)$;

r_j : é o efeito da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$) $\sim \text{NID}(0, \sigma_r^2)$;

$(b/r)_{l(j)}$: é o efeito do bloco l ($l = 1, 2, 3, \dots, k$) dentro da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$) $\sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;

$e_{il(j)}$: é o erro associado à observação $y_{il(j)}$, com $e_{il(j)} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

O esquema da análise de variância individual e as esperanças matemáticas dos quadrados médios, segundo Silva et al. (2000), estão apresentados no Anexo A.

Foi testado o pressuposto de homocedasticidade entre os dois experimentos (Goiânia e Jataí, Goiás) por meio da relação entre os erros intrablocos das análises individuais. O valor obtido não ultrapassou sete unidades, assumindo-se atendido esse pressuposto da análise de variância conjunta (Pimentel-Gomes, 1990). Desse modo, também considerando todos os efeitos aleatórios, exceto a média, ajustou-se o seguinte modelo de análise conjunta:

$$y_{il(j)(p)} = \mu + t_i + a_p + (r/a)_{j(p)} + (b/r/a)_{k(j)(p)} + (ta)_{ip} + e_{il(j)(p)}$$

em que:

$y_{il(j)(p)}$: é o valor observado do i -ésimo tratamento, no l -ésimo bloco incompleto, da j -ésima repetição, no p -ésimo ambiente;

μ : é a média geral dos experimentos;

t_i : é o efeito do tratamento i ($i = 1, 2, 3, \dots, v = k^2$) \sim NID $(0, \sigma_g^2)$;

$(r/a)_{j(p)}$: é o efeito da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$) no ambiente p ($p = 1, 2, \dots, s$) \sim NID $(0, \sigma_r^2)$;

$(b/r/a)_{l(j)(p)}$: é o efeito do bloco l ($k = 1, 2, 3, \dots, k$) dentro da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$) no ambiente p ($p = 1, 2, \dots, s$) \sim NID $(0, \sigma_b^2)$;

a_p : é o efeito do ambiente p ($p = 1, 2, \dots, s$) \sim NID $(0, \sigma_a^2)$;

$(ta)_{ip}$: é o efeito da interação do tratamento i com o ambiente p \sim NID $(0, \sigma_{ga}^2)$;

$e_{il(j)(p)}$: é o erro médio associado à observação $y_{il(j)(p)}$ com $e_{il(j)(p)} \sim$ NID $(0, \sigma_e^2)$.

O esquema da análise de variância conjunta e as esperanças matemáticas dos quadrados médios, segundo Regazzi et al. (1999), estão apresentados no Anexo B.

3.3.2 Estimação de parâmetros genéticos

Por meio da análise conjunta foram estimados os componentes de variância fenotípica entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$), variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_P^2$), variância genética aditiva entre progênies de meios-irmãos ($\hat{\sigma}_A^2$) e variância da interação de progênies com ambientes ($\hat{\sigma}_{PA}^2$), para todos os caracteres. Seus respectivos estimadores, conforme Regazzi et al. (1999), foram:

$$\hat{\sigma}_E^2 = QM_E = Q_1$$

$$\hat{\sigma}_{PA}^2 = \left(\frac{Q_2 - Q_1}{r} \right) \times \left(\frac{k+1}{k} \right)$$

$$\hat{\sigma}_P^2 = \left(\frac{Q_3 - Q_2}{rs} \right) \times \left(\frac{k+1}{k} \right)$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_P^2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_P^2 + \left(\frac{\hat{\sigma}_{PA}^2}{s} \right) \times \left(\frac{\hat{\sigma}_E^2}{rs} \right)$$

em que:

“r” é número de repetições;

“k” é o número de parcelas por bloco;

e “s” o número de ambientes.

Também foram estimados os coeficientes de herdabilidade para seleção em nível de médias de progênes (\hat{h}_m^2) de acordo com a expressão:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

Os coeficientes de variação ambiental ($\widehat{CV}_E\%$) e genético ($\widehat{CV}_G\%$), e a razão entre eles ($\hat{\theta}$) foram determinados utilizando os estimadores:

$$\widehat{CV}_E\% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_E^2}}{m} \times 100$$

$$\widehat{CV}_G\% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_P^2}}{m} \times 100$$

$$\hat{\theta} = \frac{\widehat{CV}_G}{\widehat{CV}_E}$$

em que:

“m” é a média geral do caráter.

Os ganhos genéticos com a seleção entre progênes (\widehat{GS} e $\widehat{GS}\%$) para cada caráter individualmente foram calculados por:

$$\widehat{GS} = ic \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_F^2}}$$

$$\widehat{GS}\% = \frac{\widehat{GS}}{m} \times 100$$

em que:

“i” é o diferencial de seleção estandardizado para seleção das 20% melhores progênes para o caráter de interesse;

e “c” a proporção da variância genética aditiva explorada por progênes de meios-irmãos.

Os coeficientes de correlação genética (\hat{r}_{Gxy}), fenotípica (\hat{r}_{Fxy}) e ambiental (\hat{r}_{Exy}) entre pares de caracteres x e y foram estimados pelas expressões:

$$\hat{r}_{Gxy} = \frac{\widehat{COV}_{Gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Gx}^2 \hat{\sigma}_{Gy}^2}}$$

$$\hat{r}_{Fxy} = \frac{\widehat{COV}_{Fxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Fx}^2 \hat{\sigma}_{Fy}^2}}$$

$$\hat{r}_{Exy} = \frac{\widehat{COV}_{Exy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Ex}^2 \hat{\sigma}_{Ey}^2}}$$

em que:

\widehat{COV}_{Gxy} , \widehat{COV}_{Fxy} e \widehat{COV}_{Exy} são estimativas das covariâncias genética, fenotípica média e ambiental entre os caracteres x e y;

$\hat{\sigma}_{Gx}^2$, $\hat{\sigma}_{Fx}^2$ e $\hat{\sigma}_{Ex}^2$ são estimativas das variâncias genética, fenotípica média e ambiental do caracter x;

e $\hat{\sigma}_{Gy}^2$, $\hat{\sigma}_{Fy}^2$ e $\hat{\sigma}_{Ey}^2$ são estimativas das variâncias genética, fenotípica média e ambiental do caracter y.

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica foi avaliada pelo teste t-Student a 5% de probabilidade, e de correlação genética e ambiental por teste de permutação (n = 10.000).

Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do “software” livre R (R Core Team, 2019).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DA VARIAÇÃO FENOTÍPICA

As progênes apresentaram diferenças significativas ($p \leq 0,05$) para todos os caracteres nas análises individuais (Apêndices A e B), e, com exceção de plantas acamadas e quebradas, na análise conjunta (Tabela 2). Isso indica presença de variabilidade genética passível de ser explorada em ciclos recorrentes de seleção, para obtenção de ganhos em caracteres de interesse.

A fonte de variação “Ambientes” foi significativa para a maioria dos caracteres ($p \leq 0,01$), indicando que os ambientes são contrastantes. As interações entre as progênes com os ambientes ($P \times A$) foram significativas ($p \leq 0,05$) apenas para florescimento masculino, plantas acamadas e quebradas, comprimento de espiga, peso de espiga e produtividade grãos. Desse modo, para esses caracteres, a seleção deve ser realizada levando em consideração o ambiente, já que as progênes apresentaram desempenho diferenciado face às variações ambientais. Para os demais caracteres, em que as interações $P \times A$ não foram significativas, a seleção pode ser realizada na média deles.

A estimativa do erro experimental em relação à média geral do ensaio é uma estatística muito utilizada como medida de avaliação da qualidade experimental. Quanto menor a estimativa do coeficiente de variação experimental, maior será a precisão do experimento (Cargnelutti Filho & Storck, 2007). De acordo com a classificação proposta por Scapim et al. (1995), os valores dos coeficientes de variação experimental podem ser considerados médios para altura de plantas (4,5% a 9,0%), altura de espigas (6,5% a 13,0%), peso de espigas (10,5% a 22,0%) e peso de grãos (10,0% a 22,0%); e alto para prolificidade (20,0% a 25,0%). Para os demais caracteres, os valores dos coeficientes de variação experimental foram menores que 10%, exceto para número de grãos por fileira (13,08%), intervalo de florescimento (19,45%) e plantas acamadas e quebradas (53,88%). Essas estimativas estão de acordo com as encontradas na literatura (Coimbra et al., 2010; Gomes et al., 2010; Berilli et al., 2013; Revolti et al., 2016 ; Moraes & Brito, 2017).

Tabela 2. Resumo das análises de variância conjunta e coeficientes de variação ambiental ($CV_E\%$) para diferentes caracteres avaliados na população de milho branco em dois ambientes (Goiânia e Jataí).

FV	GL	QM			GL	QM	
		FM	FF	IF ⁽¹⁾		AP	AE
Ambiente	1	10204**	5526**	712**	1	364746**	235785**
Tratamentos	168	12**	13**	4**	168	401**	319**
Trat. × ambiente	164	3*	4 ^{ns}	2 ^{ns}	167	131 ^{ns}	58 ^{ns}
Resíduo	572	2	3	2	582	109	65
$CV_E\%$	-	2,44	2,70	19,45	-	5,43	7,67

FV	GL	QM	GL	QM	GL	QM	
		AP/AE		PAQ ⁽²⁾		CE	DE
Ambiente	1	0,700**	1	540**	1	82,7 ^{ns}	2,897**
Tratamentos	168	0,003**	168	5 ^{ns}	168	5,3**	0,132**
Trat. × ambiente	167	0,001 ^{ns}	167	5*	166	1,9*	0,057 ^{ns}
Resíduo	582	0,001	584	4	570	1,5	0,058
$CV_E\%$	-	6,009	-	53,88	-	8,97	5,61

FV	GL	QM					
		NFE	NGF	DS	PE	PG	PROL
Ambiente	1	8,68**	49,4 ^{ns}	2,732**	193,6**	92**	0,878**
Tratamentos	168	6,24**	35,7**	0,087**	1,3**	1**	0,074**
Trat. × ambiente	166	1,04 ^{ns}	14,9 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,8**	0,6**	0,042 ^{ns}
Resíduo	570	1,14	13,3	0,042	0,6	0,4	0,038
$CV_E\%$	-	7,14	13,08	6,96	21,30	22,0	24,92

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); CE: comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas (t ha⁻¹); PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹). **, *: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; 1: Dados originais somados a uma constante igual a 5 para evitar valores negativos; 2: Dados originais transformados pela equação: $xt = \sqrt{x_0 + 0.5}$, onde x_0 é o valor da observação na parcela.

4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

Na média das progênies, o florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo de florescimento (IF) apresentaram valores de 63,38 dias, 65,63 dias e 2,24 dias, respectivamente (Tabela 3). A amplitude entre o valor máximo e mínimo foi de 21 dias para FM e FF, e 14 dias para IF.

As estimativas de variância genética (σ_p^2) para FM, FF e IF foram iguais a 1,62 dias², 1,62 dias² e 0,37 dias², respectivamente (Tabela 4). Esses valores foram superiores aos

obtidos por Marino (2014) nos mesmos caracteres, com progênies de meios irmãos de uma população de milho superdoce avaliados em dois ambientes.

Tabela 3. Médias geral (m_0), média inferior (m_{inf}), média superior (m_{sup}) e média de progênies selecionadas (m_s , $i=20\%$), para diferentes caracteres numa população de milho branco em dois ambientes.

Médias	FM	FF	IF	AP	AE	AE/AP	PAQ	
m_0	63,39	65,63	2,24	192,59	105,04	0,54	17,30	
m_{inf}	58,33	60,33	0,00	172,52	89,13	0,48	0,00	
m_{sup}	66,83	69,50	4,50	230,33	129,33	0,61	49,26	
m_s	61,15	63,17	1,06	180,64	95,32	0,51	7,78	
Médias	PROL	CE	DE	NFE	NGF	DS	PE	PG
m_0	0,79	13,51	4,31	14,96	27,88	2,95	3,60	2,88
m_{inf}	0,57	11,28	3,83	12,90	22,05	2,58	2,63	1,96
m_{sup}	2,00	16,80	4,73	17,24	33,75	3,23	4,74	3,86
m_s	0,97	14,93	4,54	16,59	31,39	2,76	4,34	3,51

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DE: diâmetro de espigas (cm); CE: comprimento de espigas (cm); DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas (t ha⁻¹); PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹).

A herdabilidade na média de progênies (h_m^2) aferida para esses caracteres ficou em 76,25 % para florescimento masculino (FM), 70,39% para florescimento feminino (FF) e 51,65% para intervalo de florescimento (IF). Esses valores podem ser considerados altos para FM e FF e indicam pouca influência do ambiente na expressão do caráter, propiciando maiores ganhos com a seleção.

O índice de variação (θ) é considerado uma informação adicional ao melhorista a respeito da seleção de progênies. Segundo Vencovsky & BARRIGA (1992), uma situação favorável para seleção de progênies em milho é observada quando a estimativa desse índice apresenta valor próximo ou superior à unidade. Para os caracteres relacionados ao florescimento, observaram-se valores de 0,82, 0,72, e 0,43 respectivamente para FM, FF e IF. O que indica situação favorável a seleção de progênies mais precoces em relação ao FM e FF. Já para IF, caracteriza grande influência da variação ambiental nesse caráter, resultando em baixa eficiência seletiva.

As estimativas do ganho de seleção (GS e GS%) foram de -1,55 dias (-2,45%), -1,49 dias (-2,27%) e -0,61 dias (-27,26%), para FM, FF e IF, respectivamente. O sinal negativo indica a direção da seleção para reduzir o tempo de florescimento e intervalo entre eles no próximo ciclo.

Tabela 4. Estimativas de variâncias genética (σ_p^2), genética aditiva (σ_A^2), da interação de progênies com ambientes (σ_{PA}^2) e fenotípica média (σ_F^2), coeficientes de variação genética ($CV_G\%$), índice de variação (θ), herdabilidade com base na média de progênies (h_m^2) e ganho de seleção (GS e GS%) para diferentes caracteres na população de milho branco em dois ambientes.

Caráter	σ_p^2	σ_A^2	σ_F^2	σ_{PA}^2	$CV_G\%$	θ	h_m^2	GS	GS %
FM	1,62	6,46	2,13	0,36	2,01	0,82	0,76	-1,55	-2,45
FF	1,62	6,46	2,29	0,36	1,94	0,72	70,39	-1,49	-2,27
IF	0,37	1,49	0,72	0,03	8,41	0,43	51,65	-0,61	-27,26
AP	48,46	193,85	70,58	7,90	3,62	0,67	68,66	-8,08	4,20
AE	46,85	187,38	56,42	0,00	6,52	0,85	83,03	8,73	8,32
AP/AE	0,00	0,00	0,00	0,00	3,65	0,61	68,89	0,02	4,24
PROL	0,01	0,02	0,01	0,00	9,63	0,39	0,45	0,07	9,04
CE	0,61	2,44	0,93	0,14	5,80	0,65	0,65	0,88	6,57
DE	0,01	0,05	0,02	0,00	2,69	0,48	0,59	0,12	2,89
NFE	0,93	3,73	1,11	0,00	6,46	0,90	0,84	1,24	8,30
NGF	3,73	14,93	6,24	0,57	6,94	0,53	0,60	2,09	7,52
DS	0,01	0,03	0,02	0,00	3,11	0,45	0,56	0,10	3,26
PE	0,09	0,36	0,23	0,07	8,30	0,39	0,40	0,26	7,33
PG	0,07	0,29	0,17	0,07	9,31	0,41	0,41	0,24	8,36

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DE: diâmetro de espigas (cm); CE: comprimento de espigas (cm); DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas (t ha⁻¹); PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹).

Esses resultados indicam a possibilidade de seleção de progênies com menor ciclo, reduzindo o tempo da cultura no campo e tornando-a mais adequada para a prática de segunda safra (Chavaglia, 2016). Junto a isso, o menor intervalo de florescimento é uma característica importante para tolerância ao estresse hídrico. Este causa aumento desse intervalo, acarretando menor fertilização dos ovários e desenvolvimentos dos grãos, o que reduz significativamente a produtividade de grãos (Bolaños & Edmeades, 1996; Anami et al., 2009; Ngugi et al., 2013).

Foram observadas médias de 192,46 cm, 104,94 cm e 0,54 para altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e posição relativa das espigas (AE/AP) respectivamente. Esses resultados são bem inferiores ao encontrado por Souza et al. (2009) para AP e AE/AP e por Rovaris (2017) para AE, ambos trabalhando com populações de milho branco. Em populações derivadas de híbridos comerciais, é esperado menor variabilidade genética para caracteres como altura de plantas e altura de espigas.

As estimativas de variância genética (σ_p^2) para altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e posição relativa das espigas (AE/AP) foram iguais a 48,46 cm², 46,85 cm² e

0,0004 cm², respectivamente. A herdabilidade na média de progênes (h_m^2) e índice de variação (θ) aferida para esses caracteres ficou em 68,66 % e 0,67 na AP, 83,03% e 0,85 na AE e 68,89% e 0,61 na AE/AP. Esses valores indicam variabilidade genética entre as progênes, grau elevado de correspondência entre fenótipo e genótipo, favorecendo dessa forma uma seleção mais eficiente. Oliveira et al. (2015), avaliando o potencial genético de três populações semiexóticas de milho, encontraram valores de h_m^2 e θ inferiores a 50% e 0,69, para AP e AE.

De modo geral os programas de melhoramento de milho modernos buscam por plantas menores, compactas e com baixa altura de espigas, principalmente, por dois motivos. O primeiro visando adensamento de plantios e, assim, maior produção de grãos por unidade de área (Vieira et al., 2010); e o segundo fator está relacionado à forte correlação entre altura de plantas e de espigas com acamamento e/ou quebramento de plantas, que reduzem drasticamente o rendimento da cultura (Teng et al., 2013; Xue et al., 2017). Assim, as estimativas do ganho de seleção (GS e GS %) foram obtidas no sentido de diminuir altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e posição relativa das espigas (AE/AP), resultando em -8,08 cm (-4,20%), -8,73 cm (-8,32%) e -0,023 cm (-4,24%), respectivamente.

Para plantas acamadas e quebradas (PAQ), a população teve média de 17,26%, sendo um valor razoável em comparação a outros estudos. Por exemplo, Souza et al. (2009), que avaliaram uma população local de milho branco, e obtiveram médias de 27,67% a 93,38% de PAQ. Entretanto, neste estudo, as progênes não apresentaram variabilidade genética passível de ser explorada. Isso pode ter ocorrido devido à grande influência do ambiente na avaliação desse caráter. Para prolificidade (PROL), a média das progênes foi 0,79, isto é, existiam plantas sem espigas na população. Possivelmente, esse fato ocorreu devido à população ser derivada de F₂ de um híbrido simples, o que levou, nessa geração, à expressão da carga genética. A prolificidade foi um dos caracteres que apresentaram menor herdabilidade na média de progênes (45%), além de apresentar índice de variação de 0,39, indicando grande influência do ambiente na expressão do caráter, o que dificulta a seleção. As estimativas do ganho de seleção (GS e GS %) foram de 0,07 (espigas planta⁻¹) e 9,04%. Rovaris et al. (2017) obtiveram h_m^2 de 49,60% e 21,83% no primeiro e segundo ciclo de seleção recorrente, respectivamente, na população IPR 114.

Para os componentes de espigas: número de fileiras de grãos na espiga (NFE), número de grãos por fileiras (NGF), diâmetro de espigas (DE), comprimento de espigas (CE) e diâmetro de sabugos (DS), a população apresentou médias equivalentes a 14,97 fileiras,

27,83 grãos/fileira, 4,31 cm, 13,48 cm e 2,95 cm. As estimativas de variância genética (σ_p^2) foram 0,93 fileiras², 3,73 (grãos/fileira)², 0,01 cm², 0,61 cm² e 0,01 cm², para NFE, NGF, DE, CE e DS, respectivamente. As estimativas de herdabilidade na média de progênies (h_m^2) para esses caracteres variaram de 0,56 (DS) a 0,84 (NFE) e o índice de variação (θ) de 0,45 (DS) a 0,90 (NFE). Crispim Filho (2018), num estudo com a população CCR1 nos mesmos ambientes, obteve valores de σ_p^2 superior para DE e inferiores para NFE, NGF, CE e DS e valores de h_m^2 superiores para DE e DS e inferiores para NFE, NGF e CE. Os valores σ_p^2 e h_m^2 obtidos neste trabalho também foram superiores aos obtidos por Khan et al. (2018), para todas os caracteres de componente de espigas. As estimativas do ganho de seleção (GS e GS %) foram de 1,24 fileiras (8,30%), 2,09 grãos/fileira (7,52%), 0,12 cm (2,89%), 0,88 cm (6,57%) e -0,10 cm (3,26%) para NFE, NGF, DE, CE e DS, respectivamente.

Para os caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), que são os de maior interesse econômico no melhoramento de milho, a população apresentou médias de 3,61 t ha⁻¹ e 2,88 t ha⁻¹, respectivamente (Tabela 3). A média em PG é superior ao encontrado por Souza et al. (2009), trabalhando com uma população crioula de milho branco, e inferior ao encontrado por Rovaris et al. (2017), com híbridos de milho de branco. O valor relativamente baixo em PG pode ser decorrente das condições adversas encontradas nas áreas experimentais e a depressão por endogamia decorrente da geração F₂ do híbrido comercial.

As estimativas de herdabilidade na média de progênies (h_m^2) e os índice de variação (θ) foram 0,40 e 0,39 para peso de espigas (PE) e 0,41 e 0,41 para (PG). Esses valores são explicados pela natureza dos caracteres que são poligênicos e muito influenciados pelo ambiente e são parecidos aos encontrados em trabalhos semelhantes (Carvalho et al., 2003; Souza et al., 2009; Kist et al., 2010). As estimativas do ganho por seleção (GS %) foram moderadas, equivalendo a 7,33% para PE e 8,36% para PG. Desse modo, tomando-se apenas PG, ao se selecionar as 20% melhores progênies na população de milho branco, espera-se um aumento de 0.24 t ha⁻¹ na produtividade de grãos.

As estimativas dos parâmetros genéticos deste estudo foram semelhantes e, em alguns casos, superiores a outros estudos com melhoramento de milho envolvendo progênies de meios-irmãos (Carvalho et al., 2003; Carvalho & Souza, 2007; Faluba et al., 2010). Vale ressaltar que tais estimativas, quando obtidas em diferentes ensaios, são de difícil comparação, devido às particularidades de cada ensaio, como tipo de progênies utilizadas, número de ambientes, número de repetições, entre outros (Hallauer et al., 2010). Ainda assim

é interessante se levantar as estimativas na literatura para os caracteres analisados, a fim de conhecer suas magnitudes.

4.3 CORRELAÇÃO FENOTÍPICA, GENÉTICA E AMBIENTAL ENTRE CARACTERES

Por meio da correlação, o melhorista tem a possibilidade de conhecer as variações em um caráter provocadas por seleção praticada em outro. Desse modo, as correlações quantificam a relação entre os caracteres analisados na população sob seleção. Dos 91 pares de combinações entre os caracteres estudados, 19 apresentaram estimativas significativas de correlações, tanto genéticas (r_G), como fenotípicas (r_F) e ambientais (r_E); oito apresentaram estimativas significativas tanto de r_G quanto de r_F ; seis apresentaram estimativas significativas tanto de r_F quanto r_E , 35 apresentaram estimativas significativas apenas para r_F e 5 pares apresentaram estimativas significativas apenas para r_E (Tabelas 5, 6 e 7). Isso indica que mudanças em um dado caráter podem alterar a média de outros correlacionados.

A produtividade de grãos apresentou correlação genética positiva e forte com peso de espigas (PE); forte com número de grãos por fileira (NGF); e média com altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE) e prolificidade (PROL). São muitos os trabalhos que corroboram essas associações genéticas positivas e significativas entre estes caracteres (Yousuf & Saleem, 2001; Saidaiah et al., 2008; Rafiq et al., 2010; Pavan et al., 2011; Nzuve et al., 2014; Nardino et al., 2016; Alves & Cargnelutti Filho, 2017; Pandey et al., 2017; Crevelari et al., 2018). Esses resultados sugerem que genes que atuam favorecendo a ocorrência de plantas maiores, com inserção de espigas mais altas, maior comprimento de espigas, maior número de grãos por fileiras e mais prolíficas estão ligados ou também atuam positivamente sobre a produtividade de grãos, e que existe relação entre os componentes primários e secundários da produção. Além disso, tais estudos indicam NGF como um dos principais caracteres a ser utilizado na seleção indireta para maior produtividade de grãos, devido a altas associações genéticas existentes entre eles.

Uma atenção deve ser dada à correlação entre produtividade com altura de plantas e altura de espigas, visto que os programas de melhoramento de milho buscam genótipos mais baixos e com menor altura de inserção das espigas afim de diminuir o acamamento e quebraimento de plantas e também trabalhar com adensamento de plantios.

Assim, a existências de correlações fortes e positivas entre altura de plantas e inserção das espigas com produtividade de grãos dificulta o trabalho do melhorista. Nesta população, a correlação genética, fenotípica e ambiental entre esses caracteres (PG × AP; PG × AE) apesar de significativos e positivos, são medianos a fracos.

Nota-se que as correlações fenotípicas possuem menores magnitudes que as genéticas, porém são de mais fácil detecção de significância devido o tipo de teste estatístico utilizado. Lopes et al. (2002) comentam que na prática os melhoristas de plantas consideram correlações fenotípicas significativas apenas aquelas que apresentam magnitudes acima de 0,50, não importando o sinal.

Neste estudo, a produtividade de grãos (PG) apresentou correlação fenotípica negativa com florescimento masculino (FM) e feminino (FF), bem como o FM e FF correlacionaram positivamente entre si. Assim, quanto maior o número de dias para o FM, maior o número de dias para o FF, e conseqüentemente, menor será a produtividade. Magalhães & Durães, 2002 apontam que isso pode ocorrer devido a falta de sincronia entre o FM e FF levando à menor taxa de polinização, acarretando na perda de produtividade, entretanto na população de milho branco deste estudo o intervalo de florescimento não foi elevado, essa correlação negativa pode ter ocorrido devido a outros fatores. Resultados similares são reportados na literatura (Souza et al., 2008; Pandey et al. 2017, Reddy & Jabeen, 2016; Bhusal et al., 2017; Pavan et al., 2011).

De forma geral, a existência de correlação ambiental positiva indica que os efeitos ambientais atuam para aumentar a expressão fenotípica de um caráter também contribuem para aumentar a expressão de outro caráter (Ramalho et al., 2012). Já para correlação fenotípica, valores positivos indicam a existência de uma relação linear entre as variáveis de forma geral, ou seja, o aumento de uma variável conduz ao aumento da outra (Carvalho et al., 2004).

As estimativas de correlações ambientais foram de menor magnitude que as genotípicas e fenotípicas, com exceção de PROL com PG e PROL com PE. Isso indica que fatores genéticos tiveram maior influência na definição da correlação fenotípica do que os fatores ambientais. Resultados semelhantes são relatados em vários trabalhos (Ribeiro et al., 2016; Nardino et al., 2016; Baretta et al., 2016; Bello et al., 2010). As maiores magnitudes de correlações ambientais foram observadas entre PG × PROL e PROL × PE. O que mostra que esses pares de caracteres são afetados pelas mesmas condições de ambiente e de maneira semelhante.

Tabela 5. Estimativas de correlação genética entre pares de caracteres numa população de milho branco avaliada em dois ambientes.

	FF	IF	AP	AE	AE/AP	CE	DE	NFE	NGF	DS	PE	PG	PROL
FM	0.89**	-0.29	-0.19	-0.14	-0.08	-0.51	0.09	0.57**	-0.92	0.68**	-0.77	-0.78	-0.07
FF	-	0.20	0.10	0.16	0.16	-0.29	-0.01	0.30	-0.73	0.48**	-0.75	-0.75	-0.22
IF	-	-	0.63	0.67	0.47**	0.52	-0.18	-0.56	0.50	-0.43	0.09	0.13	-0.19
AP	-	-	-	0.92**	0.66**	0.52**	-0.14	-0.50	0.35*	-0.32	0.26	0.30*	-0.17
AE	-	-	-	-	0.83**	0.62**	-0.06	-0.55	0.47**	-0.25	0.34**	0.38**	-0.19
AE/AP	-	-	-	-	-	0.53	-0.06	-0.49	0.48	-0.19	0.31	0.41	-0.04
CE	-	-	-	-	-	-	-0.42	-0.88	0.73	-0.55	0.40	0.59**	0.40*
DE	-	-	-	-	-	-	-	0.43	-0.31	0.64*	0.18	0.03	-0.09
NFE	-	-	-	-	-	-	-	-	-0.88	0.60**	-0.59	-0.65	-0.25
NGF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0.86	0.83**	0.93**	0.40*
DS	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0.40	-0.58	-0.10
PE	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.96**	0.37
PG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.52*

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DE: diâmetro de espigas (cm); CE: comprimento de espigas (cm); DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas (t ha⁻¹); PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹).

** , * : significativo a 1 e 5%, respectivamente , por teste de permutação (n = 10.000).

Tabela 6. Estimativas de correlação fenotípica entre pares de caracteres numa população de milho branco avaliada em dois ambientes.

	FF	IF	AP	AE	AE.AP	CE	DE	NFE	NGF	DS	PE	PG	PROL
FM	0.84**	-0.28**	-0.17*	-0.12	-0.03	-0.38**	0.02	0.48**	-0.69**	0.44**	-0.52**	-0.57**	-0.07
FF	-	0.29**	0.03	0.12	0.16*	-0.19*	-0.06	0.27**	-0.56**	0.28**	-0.50**	-0.53**	-0.13
IF	-	-	0.37**	0.42**	0.30**	0.32**	-0.12	-0.38**	0.26**	-0.27**	0.02	0.04	-0.10
AP	-	-	-	0.83**	0.38**	0.45**	0.06	-0.36**	0.33**	-0.17*	0.31**	0.31**	-0.04
AE	-	-	-	-	0.78**	0.49**	0.00	-0.45**	0.37**	-0.17*	0.25**	0.29**	-0.07
AE.AP	-	-	-	-	-	0.37**	-0.04	-0.38**	0.30**	-0.13	0.12	0.18*	-0.03
CE	-	-	-	-	-	-	-0.11	-0.64**	0.61**	-0.31**	0.42**	0.53**	0.27**
DE	-	-	-	-	-	-	-	0.39**	-0.07	0.51**	0.30**	0.22**	-0.01
NFE	-	-	-	-	-	-	-	-	-0.63**	0.46**	-0.32**	-0.40**	-0.11
NGF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0.48**	0.60**	0.69**	0.25**
DS	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0.15	-0.27**	-0.06
PE	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.93**	0.50**
PG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.53**

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DE: diâmetro de espigas (cm); CE: comprimento de espigas (cm); DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas (t ha⁻¹); PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹).

** , * : significativo a 1 e 5%, pelo teste t, respectivamente.

Tabela 7. Estimativas de correlação ambiental entre pares de caracteres numa população de milho branco avaliada em dois ambientes.

	FF	IF	AP	AE	AE/AP	CE	DE	NFE	NGF	DS	PE	PG	PROL
FM	0.64	-0.29	-0.10	0.00	0.08	-0.15	-0.14	0.00	-0.15	0.00	-0.23	-0.22	-0.14
FF	-	0.55**	-0.22	-0.05	0.10	-0.13	-0.17	-0.04	-0.17	-0.06	-0.27	-0.27	-0.15
IF	-	-	-0.16	-0.07	0.05	0.01	-0.05	-0.04	-0.05	-0.07	-0.09	-0.09	-0.03
AP	-	-	-	0.68	-0.04	0.17**	0.23**	0.13	0.23**	0.06	0.27**	0.28**	0.05
AE	-	-	-	-	0.68**	0.16**	0.18**	0.07	0.11	0.01	0.20**	0.19**	0.10*
AE/AP	-	-	-	-	-	0.03	-0.01	-0.03	-0.10	-0.04	0.00	-0.01	0.10
CE	-	-	-	-	-	-	0.40**	0.05	0.48	0.23**	0.39**	0.40**	0.13**
DE	-	-	-	-	-	-	-	0.32	0.40	0.34**	0.40	0.42	0.13
NFE	-	-	-	-	-	-	-	-	0.08	0.16**	0.23	0.21	0.09*
NGF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.16*	0.40**	0.43**	0.14*
DS	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.16	0.14	0.03
PE	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.96**	0.65**
PG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.62**

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DE: diâmetro de espigas (cm); CE: comprimento de espigas (cm); DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas (t ha⁻¹); PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹).

** , * : significativo a 1 e 5%, respectivamente , por teste de permutação (n = 10.000).

Para a maioria dos pares de caracteres houve concordância na direção dos coeficientes de correlação genética, fenotípica e ambiental. Os poucos casos em que houve discordância, podem ser atribuídos a efeitos modificadores do ambiente e a diferentes mecanismos fisiológicos controlando a expressão dos caracteres (Falconer & Mackay, 1996).

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

As premissas básicas da seleção recorrente são a manutenção da variabilidade genética e obtenção de ganhos satisfatórios em ciclos contínuos de seleção. Esse processo só é possível se as populações utilizadas apresentarem variabilidade genética e médias aceitáveis para os caracteres de interesse. A estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos, como os que foram estimados neste estudo, permitem a verificação desses requisitos em diferentes populações.

A população de milho branco apresentou variabilidade genética para a maioria dos caracteres de interesse suficiente para garantir ganhos com a seleção recorrente intrapopulacional. Embora a média de produção possa ser considerada baixa quando comparada a produção do milho comum, ela é satisfatória para o milho branco, além disso, essa população encontra-se na fase inicial de melhoramento. Ademais, alguns fatores como a época de avaliação (safrinha), falta de chuva e ataques de pássaros, podem ter contribuído para diminuir a produtividade de grãos dessa população.

Tendo em vista que os programas de melhoramento buscam genótipos que tenham não somente alta produtividade, mas que englobem outros caracteres agronômicos de interesse, a estimação de correlação de diferentes naturezas entres esses caracteres auxiliam os melhoristas a delinear melhores estratégias de seleção dentro de seus programas. A correlação positiva e forte entre altura de plantas e produtividade de grãos é um exemplo de associação indesejada.

Neste estudo foram identificadas correlações genéticas, fenotípicas e ambientais entre a maioria dos caracteres, principalmente envolvendo a produtividade de grãos e peso de espigas. Entretanto, as correlações ocorreram no sentido desejável, exceto para altura de plantas e altura de espigas, mas neste caso, os valores foram de média a baixa magnitudes.

Os resultados do presente estudos deixam excelentes contribuições: a) O conhecimento sobre a variação quantitativa dos caracteres agronômicos de importância para o melhoramento, bem como a verificação das existências de correlações que auxiliam no processo de seleção de acordo com o interesse; b) O próprio germoplasma, representado pela população de milho branco com bom padrão agronômico, com possibilidade de sobrelevar

o seu valor genético após a recombinação das famílias selecionadas. Os ganhos esperados com seleção, com base em teorias consolidadas no contexto do melhoramento, apontam para essa direção.

6. CONCLUSÕES

A população de milho branco possui variabilidade genética para todos caracteres agronômicos avaliados, exceto para porcentagem de plantas acamadas e quebradas.

A produtividade de grãos verificada na população, foi considerada satisfatório, visto que a população está em processo inicial de melhoramento.

A população é apta para ser conduzida em esquema de seleção recorrente para produtividade de grãos e componentes de produção no âmbito do programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Goiás.

Todos os caracteres, com exceção do diâmetro de espigas, apresentaram ao menos uma estimativa de correlação genética, fenotípica ou ambiental significativa, indicando que mudanças em um dado caráter podem alterar a média de outros correlacionados.

A seleção direta no caráter número de grãos por fileira e peso de espigas podem resultar em ganhos indiretos na produtividade de grãos.

7 REFERÊNCIAS

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, 2015.

ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Genotypic correlation and path analysis in early and super-early maize genotypes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, gmr16029671, 2017.

ANAMI, S.; BLOCK, M.; MACHUKA, J.; LIJSEBETTENS, M. Molecular improvement of tropical maize for drought stress tolerance in sub-Saharan Africa. **Critical Reviews in Plant Science**, Boca Raton, v. 28, n. 1, p. 16-35, 2009.

ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population, ESALQ-PB1. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 65, n. 2, p. 174-182, 2008.

BADU-APRAKU, B.; AKINWALE, R.; OYEKUNLE, M. Efficiency of secondary traits in selecting for improved grain yield in extra-early maize under Striga-infested and Striga-free environments. **Plant Breeding**. v. 133, 2014.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; NORNBORG, R.; SOUZA, V. Q.; KONFLANZ, V. A.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Path analysis for morphological characters and grain yield of maize hybrids. **Australian Journal of Crop Science**, Lismore, v. 10, n. 12, p. 1655-1661, 2016.

BELLO, O. B.; ABDULMALIQ, S. Y.; AFOLABI, M. S.; IGE, S. A. Correlation and path coefficient analysis of yield and agronomic characters among open pollinated maize varieties and their F1 hybrids in a diallel cross. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v. 9, n. 18, p. 2633-2639, 2010.

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 fullsib families of maize. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 4, p. 435-441, 2013.

BHUSAL, T. N.; LAL, G. M.; MARKER, S.; SYNREM, G. J. Genetic variability and traits association in maize (*Zea mays* L.) genotypes. **Annals of Plant and Soil Research**,

Visakhapatnam, v. 19, n. 1, p. 59- 65, 2017.

BIGNOTTO, L.S. **Avaliação da capacidade combinatória de milho branco para canjica na região noroeste do Paraná.** 2011. 83 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2011.

BIGOTO, C.A. **Estudo da população ESALQ-PB1 de milho (*Zea mays* L.) em ciclos de seleção recorrente.** 1988. 124 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo. Piracicaba, 1988.

BOLAÑOS, J.; EDMEADES, G. O. The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 48, p. 65-80, 1996

BOLSON, E.; SCAPIM, C. A.; CLOVIS, L. R.; AMARAL JUNIOR, A. T.; FREITAS, I. L. J. Capacidade combinatória de linhagens de milho avaliada por meio de testadores adaptados à safrinha. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 63, n. 4, p. 492-501, 2016.

BONOMO, P.; SAMPAIO, N. F.; VIANA, J. M. S.; BORÉM, A. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da população de milho palha roxa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, n. 272, p. 383-392, 2000.

BUCKLER, E. S.; STEVENS, M. N. Maize Origins, Domestication, and Selection. In: MOTLEY T., ZEREGA N.; CROSS H. (Ed.). **Darwin's Harvest: New approaches to the origins, evolution, and conservation of crops.** Columbia University Press, 2006, p. 67-90.

CARGNELUTTI FILHO, A; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009.

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, jan. 2003.

CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal.** Pelotas: Editora e Gráfica Universitária - UFPel, 2004. 141 p.

CARVALHO, H. W. L.; SOUZA, E. M. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 6, p. 803-809, jun. 2007.

CHANDANA, A. S.; JOHN JOEN, A.; RAVIKESAVAN, R.; UMA, D. Genetic variability and correlation studies of yield and phytic acid in F2 populations of maize (*Zea mays* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 9, n. 4, p. 1469-1475, 2018.

CHAVAGLIA, A. C. **Potencial produtivo, variabilidade genética e depressão por endogamia em população derivada de híbridos comerciais de milho**. 2016. 73 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Pós Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Goiás Regional Jataí, Jataí, 2016.

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.

CLOVIS, L. R.; SACPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; BOLSON, E.; SENHORINHO, H. J. C. Avaliação de linhagens S3 de milho por meio de testadores adaptados à safrinha. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 28, n. 1, p. 109-120, 2015.

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

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Perspectivas para a agropecuária / Companhia Nacional de Abastecimento – v.7 – safra 2019/2020**. Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2019a.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: décimo segundo levantamento, setembro 2019 – safra 2018/19**. Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2019b.

COUTO, C. A.; SILVA, E. M.; SILVA, A. G.; OLIVEIRA, M. T. P.; VASCONCELOS, J. C.; SILVA, A. R.; SOBREIRA, E. A.; MOURA, J. B. Desempenho de Cultivares de Milho Destinados para Produção de Milho Verde e Silagem. **Fronteiras: Journal of Social, Technological and Environmental Science**, v. 6, n. 1, p. 232-251. 2017.

CREVELARI, J. A.; DURÃES, N. N. L.; BENDIA, L. C. R.; VETTORAZZI, J. C. F.; ENTRINGER, G. C.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; PEREIRA, M. G. Correlations between agronomic traits and path analysis for silage production in maize hybrids. **Bragantia**, Campinas, v. 77, n. 2, p. 243-252, 2018.

CRISPIM FILHO, A. J. **Estimação de parâmetros genéticos e análise de trilha em uma população de milho com potencial para seleção recorrente**. 2018. 95 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2018.

CRUZ, J. C. et al. **Produção de milho na agricultura familiar**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2011. 45 p.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, v. 1, 2005. 394 p.

DHLIWAYO, T.; PALACIOS-ROJAS, N.; CROSSA, J.; PIXLEY, K. V. Effects of S1 recurrent selection for provitamin A carotenoid content for three open-pollinated maize cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 54, n. 1, p. 2449-2460, 2014.

ENTRINGER, G. C.; SANTOS, P. H. A. D.; VETTORAZZI, J. C. F.; CUNHA, K. S.; PEREIRA, M. G. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, n. 3, p. 356-361, 2014.

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.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1996. 464 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987.

GOMES, L. S.; BRANDÃO, A. M.; BRITO, C. H.; MORAES, D. F.; LOPES, M. T. G. Resistência ao acamamento de plantas e ao quebramento do colmo em milho tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 2, p. 140-145, 2010.

HALLAUER, A. R.; CARENA M. J.; MIRANDA FILHO J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Spring, 2010. 500 p.

KASSOUF, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ-PB1. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15, 1984, Maceió. **Anais**. Brasília: EMBRAPA/DDT, 1986. p. 119-31.

KHAN, M. H.; AHMAD, M.; HUSSAIN, M.; HASSAN, M. U.; ALI, Q. Heritability and trait association studies in maize F1 hybrids. **International Journal of Biosciences**, v. 12, n. 1, p. 18-26, 2018.

KIST, V.; OGLIARI, J. B.; MIRANDA FILHO, J. B.; ALVES, A. C. Genetic potential of a maize population from Southern Brazil for the modified convergent divergent selection scheme. **Euphytica**, Wageningen, v. 176, p. 25-36, 2010.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y.

Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. Cultivo do milho, germinação e emergência. **Comunicado Técnico 39**, Ministério da Agricultura, pecuária e abastecimento, Sete lagoas-MG, 2002.

MARINO, T. P. **Estimação de parâmetros genéticos em populações de milho superdoce utilizando progênes de meio-irmãos**. 2014. 78 f. Dissertação (Mestrado em Genética e biologia molecular) – Centro de ciências biológicas, Universidade estadual de Londrina, 2014.

MENDES, U. C.; MIRANDA FILHO, J. B.; OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. Heterosis and combining ability in crosses between two groups of open-pollinated maize populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 15, n. 4, p. 235-243, 2015.

MORAES, D. F.; BRITO, C. H. Análise de possível correlação entre as características morfológicas do colmo do milho e o acamamento. **Plant Biotechnology Journal**, Uberlândia, v. 15, n. 11, p. 1439-1452, 2017.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Correlações fenotípica, genética e de ambiente entre caracteres de milho híbrido da região sul do Brasil. **Revista Brasileira de Biometria**, Lavras, v. 34, n. 3, p. 379-394, 2016.

NGUGI, K.; CHESEREK, J.; MUCHIR, C.; CHEMINING'W, G. nthesis to silking interval usefulness in developing drought tolerant maize. **Journal of Renewable Agriculture**, Roma, v. 1, n. 5, p. 84-90, 2013.

NZUVE, F.; GITHIRI, S.; MUKUNYA, D. M.; GETHI, J. Genetic variability and correlation studies of grain yield and related agronomic traits in maize. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 6, n. 9, p. 166-176, 2014.

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

OLIVEIRA, J.P.; CHAVES, L.J.; DUARTE, J.B.; BRASIL, E.M.; RIBEIRO, K. O. Qualidade física do grão em populações de milho de alta qualidade protéica e seus cruzamentos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 233-241, 2007.

OTA, E. C.; LOURENÇÃO, A. L.; DUARTE, A. P.; RAMOS JUNIOR, E. U.; ITO, M. A. Desempenho de cultivares de milho em relação à lagarta-do-cartucho. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 850-859, 2011.

PANDEY, Y.; VYAS, R. P.; KUMAR, J.; SINGH, L.; SINGH, H. C.; YADAV, P. C.; VISHWANATH. Heritability, correlation and path coefficient analysis for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize (*Zea mays* L.). **Journal of Pure Applied Bioscience**, Índia, v. 5, n. 2, p. 595-603, 2017.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005, p. 491-552.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap. 6, p. 217-265.

PAVAN, R.; LOHITHASWA, H. C.; WALI, M. C.; PRAKASH, G.; SHEKARA, B. G. Correlation and path coefficient analysis of grain yield and yield contributing traits in single cross hybrids of maize (*Zea mays* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**. v. 2. p. 253-257, 2011.

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. **Sementes de milho no Brasil**: a dominância dos transgênicos. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2018. 13 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 223).

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468 p.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. 2019.

RAFIQ, C. M.; RAFIQUE, M.; HUSSAIN, A.; ALTAF, M. Studies on Heritability, Correlation and Path Analysis in Maize (*Zea mays* L.). **J. Agric. Res.**, Punjab, v. 48, n. 1, p. 35-38, 2010.

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: Ed. UFLA, 2012. 522 p.

RAPOSO, F.V; RAMALHO, M.A.P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 3, n. 3, p. 402-413, 2004.

REDDY, V. R.; JABEEN, F. Narrow sense heritability, correlation and path analysis in maize (*Zea mays* L.). **Sabrao Journal of Breeding and Genetics**, v. 48, n. 2, p. 120-126, 2016.

REGAZZI, A. J.; SILVA, H. D.; VIANA, J. M. S; CRUZ, C. D. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. Análise conjunta. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 11, p.1987-1997, 1999.

REVOLTI, L. T. M.; MORAES, K. E.; AMARAL, C. B.; DUTRA, S. M. F.; SILVA, F. A. M.; CAPRIO, C. H.; MÔRO, G. V. Correlação entre caracteres de milho de ciclo superprecoce. **Ciência & Tecnologia: Fatec-JB**, Jaboticabal, v. 8, n.1, p. 1-6, 2016.

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.

ROVARIS, S. R. S.; OLIVEIRA, A. L. B.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P. B.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Genetic parameter estimates and identification of superior white maize populations. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 39, n. 2, p. 157-164, 2017.

SAIDAIAH, P.; SATYANARAYANA, E.; KUMAR, S. S. Association and Path Coefficient Analysis in Maize (*Zea mays* L.). **Agricultural Science Digest**, Hyderabad, v. 28, n. 2, p. 79-83, 2008.

SAWAZAKI, E.; RAMOS JUNIOR, E.U.; ITO, M. A.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; DUARTE, A. P.; AZEVEDO FILHO, J.A. Capacidade combinatória de variedades e híbridos de milho branco. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 27., 2008, Londrina. **Resumo expandido**. Londrina: IAPAR; 2008. 720 p.

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, H. D.; REGAZZI, A. J.; CRUZ, C. D.; VIANA, J. M. S. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. Análise individual. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 10, p.1811-1822, 2000.

SOUZA, A. R. R.; e et al. Predicting the genetic gain in the Brazilian white maize landrace. **Cienc. Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 1, p. 19-24, Feb. 2009.

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

SOUZA, A.C. ; MIRANDA FILHO, J.B. ; OLIVEIRA, A.S. ; PINTO, J.F.N. ; SILVA, C.M. ; REIS, E. F. . Genetic variability and expected gain in three maize populations. **Revista brasileira de milho e sorgo** (online), v. 17, p. 135-146, 2018.

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

SUWARNO, W. B.; PIXLEY, K. V.; PALACIOS-ROJAS, N.; KAEPLER, S. M.; BABU, R. Formation of heterotic groups and understanding genetic effects in a provitamin A biofortified maize breeding program. **Crop Science**, Madison, v. 54, n. 1, p. 14-24, 2014.

TENG, F.; ZHAI, L.; LIU, R.; BAI, W.; WANG, L.; HUO, D.; TAO, Y.; ZHENG, Y.; ZHANG, Z. ZmGA3ox2, a candidate gene for a major QTL, qPH3.1, for plant height in maize. **The Plant Journal**, Oxford, v. 73, n. 3, p. 405-416, 2013.

USDA. UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production** – Foreign Agricultural Service/USDA, november 2019. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>> Acesso em: 02 dez. 2019a.

USDA. UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Supply and Demand Estimates** – Foreign Agricultural Service/USDA, november 2019. Disponível em: <<https://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/wasde1119.pdf>> Acesso em: 02 dez. 2019b.

VALENTINI, L.; SHIMOYA, A.; FERREIRA, J. M.; ANDRADE W. B. A.; OLIVEIRA, L. A. A. **Milho branco**: opção de renda para o produtor. PESAGRO-RIO - Nº 116 - setembro/2017 - Niterói – RJ

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. v.1, p.137-214, 795 p.

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

VIEIRA, M. A.; CAMARGO, M. K.; DAROS, E.; ZAGONEL, J.; KOEHLER, H. S. Cultivares de milho e população de plantas que afetam a produtividade de espigas verdes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 1, p. 81-86, 2010.

XUE, J.; XIE, R.; ZHANG, W.; WANG, K.; HOU, P.; MING, B.; GOU, L.; LI, S. Research progress on reduced lodging of high-yield and density maize. **Journal of Integrative Agriculture**, Beijing, v. 16, n. 12, p. 2717-2725, 2017.

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.

YOUSUF, M.; SALEEM, M. Correlation Analysis of S1 Families of Maize for Grain Yield and its Components. **International Journal of Agriculture and Biology**, Pakistan, v. 3, n. 4, p.1-2, 2001.

APÊNDICES

Apêndice A. Quadrados médios das análises de variância individuais, coeficientes de variação ambiental ($CV_E\%$) e médias para diferentes caracteres avaliados numa população de milho branco em Goiânia-GO.

FV	Quadrado médio								
	GL	FM	FF	IF ⁽¹⁾	AP	AE	AE/AP	PROL	PAQ ⁽²⁾
Repetições	2	20.895	27.651	34.022	690.500	334.510	0.006	0.018	19.013
Bloco/Rep.	36	9.397	12.091	2.862	548.950	290.090	0.002	0.097	4.770
Tratamentos	167	8.253**	7.996**	3.610**	258.050**	183.570**	0.002**	0.074**	4.640**
Erro intrabloco	283	3.395	3.968	2.165	110.500	66.840	0.001	0.046	3.249
$CV_E\%$		2.766	2.929	23.016	6.077	9.157	7.053	26.303	64.491
Média		66.670	67.790	1.390	175.090	90.070	0.510	0.820	11.200

FV	Quadrado médio							
	GL	CE	DE	NFE	NGF	DS	PE	PG
Repetições	2	5.043	0.195	1.168	185.714	0.018	3.266	1.972
Bloco/Rep.	36	2.978	0.110	2.231	25.037	0.116	1.048	0.780
Tratamentos	167	4.299**	0.101**	3.777**	24.051**	0.079*	0.927**	0.675**
Erro intrabloco	283	1.587	0.067	1.375	15.037	0.058	0.521	0.373
$CV_E\%$		9.149	5.945	7.884	13.820	8.048	17.800	19.179
Média		13.820	4.360	14.930	28.490	2.980	4.090	3.220

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); CE: comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas ($t\ ha^{-1}$); PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹). **, *: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; 1: Dados originais somados a uma constante igual a 5 para evitar valores negativos; 2: Dados originais transformados pela equação: $xt = \sqrt{x_o + 0.5}$, onde x_o é o valor da observação na parcela.

Apêndice B. Quadrados médios das análises de variância individuais, coeficientes de variação ambiental ($CV_E\%$) e médias para diferentes caracteres avaliados numa população de milho branco em Jataí-GO.

FV	Quadrado médio									
	GL	FM	FF	IF ⁽¹⁾	GL	AP	AE	AE/AP	GL	PROL
Repetições	2	26.503	121.631	34.587	2	2377.310	1473.800	0.003	2	0.129
Bloco/Rep.	36	16.153	14.775	3.502	36	1143.250	426.510	0.003	36	0.058
Tratamentos	165	6.820**	8.207**	2.639**	168	274.50**	194.630**	0.002**	167	0.042*
Erro intrabloco	289	1.416	2.350	1.813	299	108.170	62.870	0.001	287	0.031
$CV_E\%$		1.977	2.410	16.631		4.923	6.603	5.028		23.197
Média		60.170	63.270	3.100		211.280	120.070	0.570		0.760

FV	Quadrado médio									
	GL	PAQ ⁽²⁾	GL	CE	DE	NFE	NGF	DS	PE	PG
Repetições	2	4.907	2	80.580	0.791	1.775	107.160	0.108	4.971	3.912
Bloco/Rep.	36	16.002	36	121.920	0.204	5.721	39.193	0.066	2.518	1.910
Tratamentos	168	5.652**	167	498.620**	0.0895**	3.525**	26.668**	0.049**	1.119**	0.898**
Erro intrabloco	300	4.019	287	384.820	0.049	0.909	11.493	0.026	0.659	0.469
$CV_E\%$		46.984		8.779	5.229	6.331	12.278	5.569	25.650	26.878
Média		23.110		13.190	4.250	15.060	27.610	2.900	3.170	2.570

FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); IF: intervalo de florescimento (dias); AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PAQ: plantas acamadas e quebradas (%); CE: comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm); NFE: número de fileiras de grãos na espiga; NGF: número de grãos por fileiras; DS: diâmetro de sabugos (cm); PE: peso de espigas ($t\ ha^{-1}$); PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$); PROL: prolificidade (espigas planta⁻¹). **, *: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; 1: Dados originais somados a uma constante igual a 5 para evitar valores negativos; 2: Dados originais transformados pela equação: $xt = \sqrt{x_o + 0.5}$, onde x_o é o valor da observação na parcela.

ANEXOS

Anexo A. Esquema das análises de variância individuais e esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Repetições	r-1	-	-	-
Bloco/Rep.	r(k-1)	-	-	-
Tratamentos	v-1	Q ₂	$\sigma_E^2 + \left(\frac{k}{k+1}\right) r\sigma_P^2$	Q ₂ /Q ₁
Erro intrabloco	(k-1)(rk-k-1)	Q ₁	σ_E^2	-

r: número de repetições; v: número de tratamentos; k: número de tratamentos por blocos.

Anexo B. Esquema da análise de variância conjunta e esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Ambiente				$Q_6 + \left(\frac{k+1}{k}\right) Q_1$
	s-1	Q ₆	-	$Q_5 + \left(\frac{k+1}{k}\right) Q_2$
Rep./Local	s(r-1)	Q ₅	-	-
Blocos/rep./local	sr(k-1)	Q ₄	-	-
Tratamentos	v-1	Q ₃	$\sigma_E^2 + \left(\frac{k}{k+1}\right) r\sigma_{PA}^2 + \left(\frac{k}{k+1}\right) r\sigma_P^2$	Q ₃ /Q ₂
Trat. X ambiente	(s-1)(v-1)	Q ₂	$\sigma_E^2 + \left(\frac{k}{k+1}\right) r\sigma_{PA}^2$	Q ₂ /Q ₁
Resíduo	s(k-1)(rk-k-1)	Q ₁	σ_E^2	

r: número de repetições; v: número de tratamentos; k: número de tratamentos por bloco; s: número de ambientes.