

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA**

**WEMERSON MENDONÇA REZENDE**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHO DE SELEÇÃO NA  
POPULAÇÃO DE MILHO UFVM100**

**VIÇOSA – MINAS GERAIS**

**2017**

**WEMERSON MENDONÇA REZENDE**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHO DE SELEÇÃO NA  
POPULAÇÃO DE MILHO UFVM100**

**Trabalho de conclusão de curso apresentado à  
Universidade Federal de Viçosa como parte das  
exigências para a obtenção do título de Engenheiro  
Agrônomo. Modalidade: trabalho científico.**

**Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima**

**Coorientadora: Livia Gomes Torres**

**VIÇOSA – MINAS GERAIS**

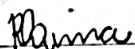
**2017**

**WEMERSON MENDONÇA REZENDE**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHO DE SELEÇÃO NA  
POPULAÇÃO DE MILHO UFVM100**

**Trabalho de conclusão de curso apresentado à  
Universidade Federal de Viçosa como parte das  
exigências para a obtenção do título de Engenheiro  
Agrônomo. Modalidade: trabalho científico.**

APROVADO: 08 de Maio de 2017

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Rodrigo Oliveira de Lima  
(orientador)  
(UFV)

## RESUMO

### Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção na variedade de milho UFVM100

O milho é um dos cereais mais cultivados no mundo, sendo o Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho e o segundo maior exportador mundial do grão. A população de milho UFVM100 é uma variedade de polinização aberta de grãos tipo dentado de coloração amarela. Essa população de milho vem sendo melhorada pelo método de seleção recorrente e se encontra no primeiro ciclo de seleção. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos na população de milho UFVM100, para produtividade de grãos e arquitetura de planta, pelo método da máxima verossimilhança residual / melhor predição linear não-viesada (REML/BLUP). Para isso, 114 progênies de meios-irmãos maternos foram avaliadas em três locais da Zona da Mata de Minas Gerais, na safra 2015/2016. O delineamento experimental utilizado foi alfa-látice 19x6, com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de cinco metros de comprimento, espaçada em 0,8 m. Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), umidade (UM, %) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>). As análises estatísticas foram feitas com o emprego da metodologia de modelos mistos via REML/BLUP com o auxílio de programa R. O coeficiente de variação do experimento variou de 3,39% a 21,35% para as médias individuais. A relação CV<sub>g</sub>/CV<sub>e</sub> na Horta Nova para altura de planta e altura de espiga foram de 1,03 e 1,01 respectivamente, que conjuntamente com os valores de herdabilidade, mostram que há possibilidade de seleção para essa característica. A média, para os três locais, da população original, para produtividade de grãos, altura de planta e espiga foi de 9479,25 kg ha<sup>-1</sup>, 233,04 cm e 129,50 cm respectivamente. Foram selecionadas as 20 progênies superiores em PG, resultando em uma intensidade de seleção de 17,54%. O ganho por seleção em AP, AE e PG foi de 1,3%, 1,95% e 10,42%, respectivamente, considerados satisfatórios. A média da população melhorada, após a recombinação das progênies selecionadas, foi estimada, para PG, de 10466,97 kg ha<sup>-1</sup>.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; seleção recorrente; ganho genético.

## Sumário

1. Introdução.....	6
2. Material e métodos.....	9
3. Resultados e discussão .....	13
4. Conclusões .....	19
5. Referências bibliográficas .....	19
6. Anexos.....	23

## 1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie da família das poáceas e está distribuída em quase todos os continentes do mundo, com exceção a Antártida, isso devido à capacidade de adaptar-se a diferentes condições edafoclimáticas devido à grande variedade de raças e cultivares. O centro de origem genético do milho é considerado como sendo o México e a Guatemala. A espiga mais antiga já encontrada foi encontrada no México e a cerca de 7.000 anos A.C. (BEADLE, 1978).

Mundialmente, o milho é um dos cereais mais cultivados desde o surgimento da agricultura, há 10 mil anos. Apresenta grande importância econômica, social e cultural que é caracterizada pela sua versatilidade no uso alimentar tanto humano, quanto animal e também a sua adaptabilidade a diferentes condições edafoclimáticas (GARCIA et al., 2008; MÔRO e FRITSCHÉ-NETO, 2015).

Os principais países produtores de milho são, em ordem decrescente, Estados Unidos, China, Brasil e Argentina. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho e o segundo maior exportador mundial do grão (USDA, 2017). Na safra 2015/2016, foram produzidos aproximadamente 66.500 mil toneladas em uma área de 15.922,5 milhões de hectares, tendo assim, uma produtividade média brasileira de 4,178 toneladas por hectares. Para a safra de 2016/2017 a estimativa da produção é de 88.969,4 mil toneladas, dos quais 29.299,5 mil toneladas serão produzidos na primeira safra, que representa um aumento de 11,1% em relação à produção da primeira safra de 2015/2016. A área estimada para a primeira safra é de 5.520 mil hectares, aumento de 2,5% em comparação à primeira safra de 2015/2016. Para a segunda safra, estima-se que serão produzidos cerca 59.669,9 mil toneladas do grão, tendo um aumento de 46,7% se comparada com a segunda safra de 2015/2016, sendo produzidos em uma área estimada de 11.520 mil hectares, 6,8% a mais do que na segunda safra de 2015/2016 (CONAB, 2017).

No Brasil, a cultura do milho apresenta grande dispersão geográfica, sendo produzida, praticamente, em todo o território nacional. O Centro-Oeste é a principal região produtora do cereal, representando cerca de 45,6% da produção nacional, sendo o Mato Grosso o estado que mais se destaca com uma produção estimada para a safra 2016/2017 de cerca de 23,663 milhões de toneladas, com uma área de 4,157 milhões de hectares, seguido pelo estado do Paraná e Mato Grosso do Sul, que juntos representa aproximadamente 29% da produção nacional (CONAB, 2017).

Em contrapartida, em outras regiões essa produção/productividade é baixa, o que acarreta uma redução drástica na média nacional. Entre os fatores responsáveis por tamanho contraste entre as regiões estão suas diferentes condições climáticas, as disparidades sociais e a prática de diferentes tipos de agricultura - familiar ou empresarial, que diferem no nível tecnológico adotado pelos produtores (MDA, 2009).

Pode-se observar um aumento da produtividade das lavouras nas principais regiões produtoras do país desde a metade do século passado, isso devido, dentre outros fatores, destaca-se o melhoramento genético com desenvolvimento de cultivares cada vez mais produtivos, mais precoces, tolerantes a secas e resistentes a doenças e pragas (CRUZ et al., 2010).

Os cultivares de milho podem ser divididos entre dois tipos principais: as variedades e os híbridos. Os cultivares híbridos são resultantes do cruzamento entre linhagens puras (que são plantas com aproximadamente 100% dos locus em homozigose), geneticamente distintas, visando explorar o vigor híbrido ou heterose (BORÉM e MIRANDA, 2013). Os híbridos apresentam maiores produtividades e maior uniformidade de plantas quando comparados às variedades. São indicados para sistemas de produção de média a alta tecnologia, pois apesar das maiores produtividades, demandam maiores investimentos em insumos, como no controle de pragas e doenças, na aquisição de sementes, nos fertilizantes e são mais susceptíveis a condições desfavoráveis (MÔRO e FRITSCHÉ-NETO et al., 2015). Os cultivares híbridos são divididos em híbrido simples, híbrido simples modificado, híbrido duplo, híbrido triplo e híbrido triplo modificado.

Os cultivares do tipo variedade ou também conhecidos como variedades de polinização aberta são obtidos pela livre polinização ou acasalamento ao acaso de um grupo de indivíduos selecionados. Geralmente possuem menores produtividades se comparadas às dos cultivares híbridos, principalmente devido a um menor aproveitamento da heterose. Dessa forma, são altamente heterozigóticos e heterogêneos, e na ausência de mudança nas frequências gênicas, as proporções genotípicas da população tendem a se manterem constantes, pois elas estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg (SOUZA JUNIOR, 2001; BORÉM e MIRANDA, 2013).

A característica de manter as propriedades genéticas ao longo das gerações, constitui-se uma das principais vantagens do uso de variedades de polinização aberta: diferentemente dos cultivares híbridos, ao se cultivar variedades pode-se utilizar sementes produzidas em uma safra para o plantio da safra seguinte, reduzindo o custo de produção do cereal, e sem que haja diminuição substancial da produtividade (BORÉM e MIRANDA, 2013).

As variedades de polinização aberta são geralmente desenvolvidas e melhoradas por empresas públicas de pesquisa. O custo das sementes de variedades é baixo e útil em regiões cujo emprego de cultivares híbridos se torna inviáveis por questões distintas, e também em sistemas orgânicos e agroecológicos. Embora esses sistemas de produção não restrinjam o uso de híbridos, a adoção de variedades permite ao produtor produzir sua própria semente a um preço menor e com menor utilização de recursos externos (CRUZ et al., 2010). As variedades vêm sendo muito utilizadas por pequenos produtores e por produtores que fazem cultivo orgânico. Dessa forma, algumas empresas de pesquisa estão desenvolvendo e realizando o melhoramento dessas variedades visando os caracteres que beneficiam os produtores.

O método de melhoramento de seleção recorrente intrapopulacional entre progênies de meios-irmãos é usado em melhoramento de populações de milho de polinização aberta (CARVALHO e SOUZA, 2007; SOUZA et al., 2009b). A seleção recorrente é qualquer sistema utilizado para aumentar a frequência de alelos desejáveis para características quantitativas,

através de repetidos ciclos de seleção, mantendo a variabilidade genética da população. Esse método envolve três fases: i) obtenção de progênies, na qual as espigas são colhidas e pré-selecionadas para caracteres de alta herdabilidade (qualitativas); ii) avaliação das progênies através de experimentos onde serão avaliados caracteres de baixa herdabilidade e selecionadas após realizar testes estatísticos e se identificar as melhores; e iii) recombinação das progênies superiores, na qual as progênies selecionadas são plantadas de modo a se recombinarem ao acaso de forma a reestabelecer o equilíbrio de Hardy-Weinberg, que posteriormente dará origem à população melhorada (BORÉM e MIRANDA, 2013).

A estimativa de parâmetros genéticos é importante no melhoramento de plantas porque permite avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para a obtenção de ganhos genéticos e manutenção da base genética adequada nas populações e identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos. Dessa forma, estimativas de médias, variância genética, variância de interação, herdabilidade e correlação entre caracteres avaliados possibilitam conhecer o potencial das populações para o melhoramento (SOUZA, 2009 a).

Alguns trabalhos obtiveram resultados satisfatórios, quanto aos ganhos esperados em produtividade de espigas, podem ser citados como com a variedade BR 5028-São Francisco (CARVALHO et al., 1998, 2003a); com a variedade BR 5033- Asa Branca (CARVALHO et al., 2000a, 2001, 2005a); com a variedade BRS Assum Preto (CARVALHO et al., 2003b); com a população CPATC-3 (CARVALHO et al., 2003c, 2005b); com as populações CMS-47 e BR 5039 (CARDOSO et al., 2003).

A seleção de progênies superiores para compor uma nova população melhorada deve cair sobre os verdadeiros valores genotípicos, baseados nas médias genotípicas e não fenotípicas (BORGES et al., 2010). Para se obter sucesso nos programas de melhoramento, a estruturação dos processos de seleção baseia-se na estimação dos componentes de variância e na predição dos valores genéticos das progênies candidatas à seleção para uma posterior recombinação (RESENDE, 2001). Tendo em vista a necessidade de se obter sucesso na seleção de progênies superiores, uma alternativa muito utilizada e que apresenta uma grande acurácia no processo de seleção é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança residual (REML) (PATTERSON e THOMPSON, 1971) e por valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) (RODRIGUES et al., 2013). Apesar desse método ainda não estar sendo muito utilizado para seleção em plantas anuais, se comparados com outros métodos, este tem mostrado grande potencial para progressos genéticos de maior relevância.

Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar as progênies de meios-irmãos e prever os ganhos genéticos obtidos através do método REML/BLUP das características de interesse ao programa de melhoramento da população UFVM100.



## 2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em três locais da Zona da Mata de Minas Gerais: Estação Experimental de Coimbra (20°49'46,5" S, 42°45'51,1" O, altitude 715m), Estação Experimental Clibas Vieira (20°44' 41"S, 42°50'31" O, altitude 659m) e Estação Experimental da Horta Nova (20°45' 14"S e 42°52'55"W, a altitude 648m), pertencentes ao Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais. O clima da região é tipicamente tropical de altitude.

Neste trabalho foi utilizada a variedade de milho UFVM100, que tem como características grão do tipo dentado e cor amarelo-alaranjado, altura de plantas de 2,2 m, ótimo empalhamento e ciclo precoce. Essa variedade foi desenvolvida pela UFV, e está registrada e protegida no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento desde 2003. Seu plantio é recomendado para Viçosa e região.

Em dezembro de 2014, a população UFVM100 foi plantada na Estação Experimental Diogo Alves de Melo, onde foram obtidas 114 progênies de meios-irmãos maternos. Os critérios utilizados na seleção destas progênies na etapa de obtenção foram caracteres de altura de planta e espiga, resistência ao acamamento, empalhamento, disposição uniforme das fileiras na espiga e tipo e coloração de grãos (dentado e amarelado).

Na safra de 2015/2016, cento e quatorze progênies de meios-irmãos maternos da população de milho UFVM100 foram avaliadas nos três locais. Foi feito um desbaste quando as plantas estavam em V5 (cinco folhas completamente desenvolvidas) deixando uma população final de plantas de 50000 plantas ha<sup>-1</sup>. O delineamento experimental utilizado foi o de alfa-látice, com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de cinco metros, espaçadas em 0,80 m. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para cultura do milho na região (CRUZ et al., 2010). Realizou-se uma adubação de plantio com 400 kg ha<sup>-1</sup> de NPK com formulação 8-28-16, e uma adubação de cobertura a 46 dias após plantio, no estágio de V6 (seis folhas completamente desenvolvidas), com 150 Kg ha<sup>-1</sup> de nitrogênio (N) na forma de ureia.

Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP, cm), obtida da média das medições feitas do nível do solo à inserção da folha-bandeira, em quatro plantas tomadas ao acaso na parcela; altura de espiga (AE, cm), obtida da média das medições feitas do nível do solo à inserção da espiga superior, nas mesmas quatro plantas que foram usadas para medir a altura de planta, umidade (UM, %), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), peso de grãos por unidade de área, corrigido para 14,5% de umidade.

As análises estatísticas foram feitas com o emprego da metodologia de modelos mistos via REML/BLUP, a qual combina o procedimento de predição de valores genéticos de médias BLUP (melhor predição linear não-viesada) com o procedimento de estimação de componentes de variância REML (máxima verossimilhança residual), associados a um modelo linear misto, que é um modelo que contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro experimental. Para experimentos não balanceados, esta metodologia tem se mostrado adequada, como foi o caso desse trabalho. Para análise conjunta dos experimentos (três locais), foi adotado o seguinte modelo estatístico:  $y = Xa + Zr + Wg + Tb + Qi + e$ , em que:  $y$ ,  $a$ ,  $r$ ,  $g$ ,  $b$ ,  $i$  e  $e$ : são vetores de observações, de efeitos de ambiente (assumidos como fixo) somados à média geral, de efeitos de repetição (assumidos como aleatórios), de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), blocos (assumidos como aleatórios), de efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e, de erros (aleatórios), respectivamente.  $X$ ,  $Z$ ,  $W$ ,  $T$  e  $Q$ : são matrizes de incidência para os efeitos de  $a$ ,  $r$ ,  $g$ ,  $b$  e  $i$ , respectivamente. Para cada ambiente (experimento individual), foi adotado o seguinte modelo estatístico:  $y = Xr + Zg + Wb + e$ , em que:  $y$ ,  $r$ ,  $g$ ,  $b$  e  $e$ : são vetores de observações, de efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), de efeitos de blocos (assumidos como aleatórios) e de erros (aleatórios), respectivamente.  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são matrizes de incidência para os efeitos  $r$ ,  $g$  e  $b$  respectivamente. Com o emprego dos modelos acima, estimaram-se os componentes de variância: variância genotípica ( $\hat{\sigma}_G^2$ ), aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) e ambiental ( $\hat{\sigma}^2$ ) para as análises individuais, e para as conjuntas, além da variância da interação genótipos x ambientes ( $\hat{\sigma}_{GE}^2$ ), obtidos com auxílio do pacote “lme4” (BATES, 2015) implementado no software R (R Development Core Team, 2015).

No caso desse estudo, para os efeitos aleatórios, o teste recomendado é o teste da razão de verossimilhança (TRV), por meio da análise de deviance (ANADEV). Os modelos foram comparados pela diferença entre os logaritmos do ponto máximo da função de verossimilhança residual (Log L) dos modelos completo e reduzido (sem o efeito a ser testado). A deviance de cada modelo foi calculada da seguinte maneira:  $D = -2 \text{ Log L}$ . A estimativa TRV foi obtida pela expressão:

$$TRV_{cr} = 2(\text{Log } L_c - \text{Log } L_r)$$

em que:  $\text{Log } L_c$  = função de verossimilhança para o modelo completo;  $\text{Log } L_r$  = função de verossimilhança para o modelo reduzido. O TRV permite a comparação de modelos com diferentes efeitos aleatórios, porém com uma mesma estrutura de efeitos fixos.

A estimativa TRV foi calculada e comparada pelo teste do qui-quadrado tabelado, com  $n$  graus de liberdade e níveis de significância de 1%, 5% e 10%, em que  $n$  é a diferença entre o

número de parâmetros dos modelos completo e reduzido, sendo n utilizado igual a um. Se o  $TRV_{cr}$  for superior ao qui-quadrado tabelado, a variável incluída no modelo completo teria efeito significativo.

Os valores preditos de cada progênie de meio-irmão (BLUPs) foram usados para a seleção de 20 melhores progênies superiores para produtividade de grãos. As estimativas de componentes de variância foram usadas para estimar a herdabilidades ( $\hat{h}_X^2$ ) com base em média de progênie, em cada local:  $\hat{h}_X^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_G^2 + \frac{\hat{\sigma}^2}{r}}$ , e, na média dos três locais:  $\hat{h}_X^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_G^2 + \frac{\hat{\sigma}_{GE}^2}{a} + \frac{\hat{\sigma}^2}{r \cdot a}}$

(HALLAUER et al., 2010); e os coeficientes de variação genotípico ( $\widehat{CV}_{g\%}$ ) e variação

experimental ( $\widehat{CV}_{e\%}$ ), com base nos seguintes estimadores:  $\widehat{CV}_g = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_G^2}}{m}\right) * 100$ , e  $\widehat{CV}_e =$

$\left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}^2}}{m}\right) * 100$  em que média geral da população para cada caractere em estudo, a é o número de

locais (ambientes), e r o número de repetições. A seleção das progênies foi feita com base

na média da produtividade de grãos e, assim, selecionou-se as 20 progênies superiores. O ganho

genético por seleção para a média de produtividade de grãos ( $\widehat{GS}_{PG}$ ) foi estimado de acordo

com a seguinte expressão (COMPTON e COMSTOCK, 1976):  $\widehat{GS}_{PG} = i * p * \hat{h} * \hat{\sigma}_g$ , em

que:  $\widehat{GS}_{PG}$  corresponde ao ganho genético por seleção; p corresponde ao controle parental;  $\hat{\sigma}_g$

corresponde à raiz quadrada da estimativa da variância genética, ou seja, o desvio-padrão

genético-aditivo entre unidades de teste;  $\hat{h}$  corresponde à raiz quadrada da estimativa da

herdabilidade; i corresponde ao diferencial de seleção em desvio padrão e está relacionado à

intensidade de seleção.

Para estimar o ganho por seleção indireto nos demais caracteres com seleção em produtividade de grãos, foi utilizado o seguinte estimador (FALCONER e MACKAY, 1996):

$$\widehat{RY}(PG) = p * i_{PG} * \hat{h}_{PG} * \hat{\sigma}_{gY} * \hat{r}_{PGXY},$$

em que:  $\widehat{RY}(PG)$  é a estimativa do ganho indireto por seleção no caractere em estudo (altura de

planta ou altura de espiga); p é o controle parental;  $i_{PG}$  corresponde ao diferencial de seleção

em desvio padrão e está relacionado à intensidade de seleção no caractere produtividade de

grãos;  $\hat{h}_{PG}$  é raiz quadrada da estimativa da herdabilidade do caractere produtividade de grãos;

$\hat{\sigma}_{gY}$  corresponde à raiz quadrada da estimativa da variância genética do caractere produtividade

de grãos; e  $\hat{r}_{PGXY}$  é a correlação entre a produtividade de grãos e o caractere em estudo.

O ganho de seleção em porcentagem ( $\widehat{GS}_{\%}$ ) foi estimado como:  $\widehat{GS}_{\%} = \left(\frac{\widehat{GS}}{\widehat{X}_0}\right) * 100$ , em que:  $\widehat{GS}_{\%}$  é o ganho por seleção em porcentagem;  $\widehat{GS}$  é o ganho por seleção estimado unitário;  $\widehat{X}_0$  corresponde à média da população original para cada caractere em estudo.

A média de produtividade de grãos esperada na população melhorada, após o ciclo de seleção, ( $\widehat{X}_m$ ) foi estimada de acordo com o seguinte estimador:

$$\widehat{X}_m = \widehat{X}_0 + \widehat{GS} ,$$

em que:  $\widehat{X}_m$  corresponde à média para cada caractere em estudo na população melhorada;  $\widehat{X}_0$  corresponde à média para cada caractere em estudo da população original; e  $\widehat{GS}$  corresponde ao ganho por seleção estimado.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em relação à precisão experimental, a estimativa do coeficiente de variação experimental ( $\widehat{CV}_{e\%}$ ) nesse experimento variou de 3,39% a 21,35 % (Tabela 1). Isso indica que houve média a alta precisão experimental para os caracteres avaliados (FRITSCHÉ-NETO et al., 2012). Houve diferença significativa para quase todos os caracteres avaliados ( $P < 0,10$ ), nos três locais, a exceção de umidade (UM) em Coimbra e na Horta Nova. Dessa forma, há variabilidade genética na população de milho UFVM100, e o emprego de alguma técnica seletiva possibilitará ganhos genéticos nos caracteres avaliados. A  $\hat{h}_x^2$  foi 0,30 para UM no aeroporto, variou de 0,59 a 0,68, para arquitetura de planta e de 0,40 a 0,54 para PG. Assim, as  $\hat{h}_x^2$  foram de magnitude baixa para UM e de magnitude intermediária para PG e arquitetura de planta (HALLAUER et al., 2010). Como a população está estruturada em progênies de meios-irmãos, a  $\hat{h}_x^2$  corresponde à herdabilidade no sentido restrito, sendo assim mais útil ao objetivo deste trabalho, já que nela é quantificada apenas a proporção aditiva da variância genética, que é a parcela que é transmitida à próxima geração. Com isso, a  $\hat{h}_x^2$  representa a porcentagem de controle genético. Para esse experimento, como o interesse é identificar progênies mais produtivas e com estatura mais baixa, os valores obtidos de  $\hat{h}_x^2$  estão favoráveis para tal objetivo. Fabula et al. (2010) encontraram estimativas médias de herdabilidade que variaram de 0,47 a 0,52 nos três locais estudados, para produtividade de grãos, altura de plantas e de espiga e prolificidade. Esses mesmos autores consideraram a herdabilidade como parâmetro que mede a confiabilidade dos dados e o sucesso na seleção de genótipos superiores. Souza et al. (2009) ao avaliar uma população crioula de milho branco, estimou a herdabilidade para produtividade de grãos em três locais distintos, sendo esta de 0,58 e 0,66 para os dois locais onde houve variabilidade genética significativa para produtividade.

A média da produtividade de grãos para as 114 progênies avaliadas, em Coimbra, foi a maior obtida entre os três locais. Nesse local, a PG foi de 9326,49 kg ha<sup>-1</sup>, ou seja, 155 sacas ha<sup>-1</sup>. Para os demais locais, a média de produtividade foi de 6782 kg ha<sup>-1</sup> e 7324 kg ha<sup>-1</sup>, para Aeroporto e Horta Nova, respectivamente (Tabela 1). Além disso, os caracteres AP e AE tiveram as maiores médias na Horta Nova, com valores de 237,7 e 160,89 cm respectivamente, nos outros locais esses caracteres obtiveram valores menores e aproximadamente iguais. O caractere umidade não teve muita variação na média dentre os três locais avaliados.

Tabela 1 – Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), umidade (UM, %) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) avaliados em 114 progênies de meios-irmãos maternos da população de milho UFVM100, nos três locais na safra 2015/2016

Parâmetro	AP	AE	UM	PG
<b>Coimbra</b>				
Média	231,46	127,92	18,55	9326,49
$\hat{\sigma}_G^2$	75,32***	51,57***	0,00 <sup>ns</sup>	472375,00***
$\hat{\sigma}_A^2$	301,28	206,28	0,00	1889500,00
$\hat{\sigma}^2$	86,51	59,48	1,25	1004707,00
$\hat{h}_x^2$	0,64	0,63	0,0	0,48
$\widehat{CV}_{g\%}$	3,75	5,61	0,00	7,37
$\widehat{CV}_{e\%}$	4,02	6,03	6,03	10,75
$\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$	0,93	0,93	0,00	0,69
<b>Aeroporto</b>				
Média	234,21	134,70	17,18	6782,22
$\hat{\sigma}_G^2$	103,00***	91,69***	0,074*	696486,00**
$\hat{\sigma}_A^2$	412,00	366,77	0,30	2785944,00
$\hat{\sigma}^2$	134,00	128,63	0,34	2096204,00
$\hat{h}_x^2$	0,61	0,59	0,30	0,40
$\widehat{CV}_{g\%}$	4,33	7,11	1,58	12,31
$\widehat{CV}_{e\%}$	4,95	8,42	3,39	21,35
$\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$	0,87	0,84	0,47	0,58
<b>Horta Nova</b>				
Média	273,70	160,89	16,57	7324,01
$\hat{\sigma}_G^2$	157,25***	117,61***	0,039 <sup>ns</sup>	1211965,00***
$\hat{\sigma}_A^2$	629,00	470,45	0,15	4847860,00
$\hat{\sigma}^2$	148,10	115,72	0,35	2076129,00
$\hat{h}_x^2$	0,68	0,67	0,18	0,54
$\widehat{CV}_{g\%}$	4,58	6,74	1,18	15,03
$\widehat{CV}_{e\%}$	4,45	6,69	3,55	19,67
$\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$	1,03	1,01	0,33	0,76

\*\*\*, \*\*, \* Significativo a 1%, 5% e 10% de probabilidade respectivamente, e <sup>ns</sup> não significativo respectivamente pelo teste qui-quadrado.

A razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental ( $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$ ), assim como a herdabilidade ( $\hat{h}^2$ ) estão relacionados com a influência do ambiente sobre o fenótipo (Tabela 1). Em casos de relação  $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$  maior que 1,00, isso indica que existe uma situação favorável à seleção. A relação  $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$  foi menor que 1,00 em quase todos os caracteres de todos locais, com exceção para os caracteres altura de planta e altura de espiga na

Horta Nova, que foram de 1,03 e 1,01 respectivamente, mostrando que há possibilidade de seleção para essa característica. Mas, esses resultados para razão  $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$  menores que 1,00, para produtividade de grãos, foi encontrado por Souza et al. (2009) em avaliações de progênies de meios-irmãos de milho em Minas Gerais.

Quando se avalia um experimento em apenas um local, a variância genética está inflacionada pela interação genótipos x ambientes. Na análise conjunta, o componente da interação pode ser isolado (RAMALHO et al., 2000). As análises conjuntas de variância genotípicas confirmam a presença de variabilidade genética da população UFVM100 para os caracteres AP, AE e PG (Tabela 2). A estimativa da variância da interação genótipos x ambientes ( $\hat{\sigma}_{GE}^2$ ) para umidade foi não significativa. A estimativa da variância da interação genótipos x ambientes para produtividade de grãos foi não significativa, e como esse caractere é o de maior interesse, foi feito as análises com base na média dos três locais, analisando assim os caracteres que foram significativos, AP e AE, e também, mesmo sendo não significativo, o caractere PG. A estimativa da variância da interação genótipos x ambientes ( $\hat{\sigma}_{GE}^2$ ) para AP e AE foram significativos a 1% de probabilidade pelo teste da razão da verossimilhança. O coeficiente de variação ambiental ( $\widehat{CV}_{e\%}$ ) variou de 4,43% a 13,96%, apresentando uma boa precisão experimental.

Tabela 2 – Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), umidade (UM, %) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) avaliados em 114 progênies de meios-irmãos maternos da população de milho UFVM100, na média dos três locais, na safra 2015/2016

Parâmetros	AP	AE	UM	PG
Média	233,04	129,50	18,52	9479,25
$\hat{\sigma}_G^2$	43,84***	30,47***	0,0086 <sup>ns</sup>	673839,00***
$\hat{\sigma}_A^2$	175,34	121,87	0,035	2695356,00
$\hat{\sigma}_{GE}^2$	70,71***	57,80***	0,00 <sup>ns</sup>	122404,00 <sup>ns</sup>
$\hat{\sigma}^2$	124,86	100,25	0,67	1751181,00
$\hat{h}_x^2$	0,50	0,46	0,072	0,67
$\widehat{CV}_{g\%}$	2,84	4,26	0,50	8,66
$\widehat{CV}_{e\%}$	4,79	7,73	4,43	13,96
$\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$	0,59	0,55	0,11	0,62

\*\*\* Significativo a 1% de probabilidade, e <sup>ns</sup> não significativo respectivamente pelo teste qui-quadrado.

A relação entre coeficiente de variação genética, coeficiente de variação ambiental ( $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$ ) e a estimativa da herdabilidade ( $\hat{h}_x^2$ ) constituem medidas de influência do ambiente sobre a expressão dos fenótipos. Para altura de planta, a estimativa da relação  $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$  e da

herdabilidade foi de 0,59 e de 0,50 respectivamente, para a média dos três locais avaliados (Tabela 2). Com isso, nessa situação a influência ambiental é alta, pois os valores da relação  $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$  são inferiores a um. Essa análise é feita para altura de espiga, no qual obteve valores de 0,55 e 0,46 para a estimativa da relação  $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$  e da herdabilidade, logo, sendo favorável à seleção. Para o caractere produtividade de grãos, a conclusão é também a mesma, uma vez que a estimativa da relação  $\widehat{CV}_g/\widehat{CV}_e$  e da herdabilidade foi de 0,62 e de 0,67 respectivamente. Mas apesar desses valores serem baixos, ainda são superiores aos encontrados em uma população de milho crioulo para produtividade de grãos (SOUZA et al., 2009a). Em situações que se deseja maximizar os ganhos para dois ou mais ambientes conjuntamente, o ideal e mais apropriado é que estes ganhos sejam estimados com o uso do componente de variância genética da análise conjunta (CRUZ et al., 2004). Dessa maneira, neste trabalho, pretende-se selecionar progênies superiores que venham a formar populações com adaptação a uma macrorregião, tendo uma maior capacidade de adaptação às condições edafoclimáticas da região representadas pelos três locais. Então, com base nisso, as demais análises foram realizadas com base na estimativa dos parâmetros genéticos na média dos três locais.

As estimativas de correlações genóticas são determinadas por fatores genéticos e é uma medida do nível de associação entre os caracteres (Tabela 3). Quanto maior o coeficiente de correlação, maior o nível de associação entre os caracteres. A estimativa da correlação entre AE e AP foi positiva e de grande magnitude, sendo essa de 0,83. Isso significa que a seleção baseada em um dos caracteres possivelmente influenciará na média do outro caractere, ou seja, selecionando plantas com uma média de altura de plantas superior, possivelmente selecionará plantas com uma altura de espiga maior. As estimativas de correlação genotípica entre PG, AP (0,38) e AE (0,38), foram positivas, e que, apesar de apresentar magnitudes intermediárias, ao se selecionar progênies mais produtivas, provavelmente seleciona-se plantas mais altas. O ideal seria uma correlação negativa, para que selecionado plantas mais produtivas, indiretamente seria selecionado plantas mais baixas com espigas mais baixa, que é o fenótipo ideal que se procura produzir em programas de melhoramento. Existe uma correlação entre altura de plantas e ciclo, ou seja, plantas mais altas tendem a ser mais tardias e plantas mais baixas tendem a ser mais precoces (BADU-APRAKU et al. 2012). Uma vantagem de se ter plantas mais baixas é o menor risco de acamamento, o que reduz perdas na colheita. Uma estimativa de correlação genotípica de 0,91 entre produtividade de grãos e prolificidade, foi observada na população de milho UFV7, na região central de Minas Gerais (FALUBA et al. 2010). Quanto à altura de plantas e espigas, esses autores obtiveram uma estimativa de correlações entre produtividade e



esses caracteres de 0,71 e 0,66, respectivamente, o que implica que em uma seleção para produtividade de grãos, poderá ocasionar o ganho indireto na média desses caracteres.

Tabela 3 – Estimativas de correlações genótípicas entre os caracteres: altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) avaliados em 114 progênes de meios-irmãos maternos da população de milho UFVM100

Caractere	AE	PG
AP	0,83 <sup>***</sup>	0,38 <sup>***</sup>
AE	-	0,38 <sup>***</sup>

\*\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

A seleção das 20 melhores progênes resultou numa intensidade de seleção de 17,54%, portanto,  $i$  igual a 1,47. O ganho de seleção é influenciado pela intensidade de seleção adotada, uma vez que se for pequena, o ganho de seleção certamente será bom, mas em contrapartida, pode ocasionar problemas de endogamia decorrente do tamanho da população, mas se a intensidade de seleção for muito grande, o ganho de seleção obtido a cada ciclo de seleção será pequeno, mas pode ser uma saída quando se desejam aumentar a variabilidade genética da população, visando ter maiores sucessos em ganhos em ciclos de seleção recorrente futuros. A seleção das progênes foi feita com base nas médias superiores de produtividades de grãos. A média para AP, AE e PG das progênes selecionadas ( $\hat{X}_s$ ) foi de 235,14 cm, 131,04 cm e 10376,89 kg ha<sup>-1</sup>(Tabela 4).

O controle parental ( $p$ ), nesse estudo, é considerado como uma função da relação de parentesco entre a unidade de seleção usada para a identificação das progênes superiores, e a unidade de recombinação usada para se obter a população melhorada (EBERHART, 1970). Como nesse estudo, a unidade de recombinação será polinizada apenas pelas progênes superiores, então o valor de  $p$  será igual a 1,00. O ganho de seleção predito indiretamente para AP foi de 3,03 cm, o que representa um acréscimo de 1,30% na média da população original (Tabela 5).

Para o caractere AE, o ganho de seleção predito indiretamente foi de 2,52 cm, um incremento de 1,95% na média da população original. Já para o caractere PG, o ganho de seleção predito diretamente foi de 987,72 PG, kg ha<sup>-1</sup>, um aumento de 10,42% na média de produtividade da população original. Ganhos similares em produtividade foram encontrados por Rovaris et al. (2011) em avaliações na variedade comercial IPR 114 no estado do Paraná, onde a estimativa do ganho de seleção para produtividade foi de 6,3% no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 4 – Estimativa das médias de altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) para as 20 progênes de meios-irmãos maternos da população de milho UFVM100 selecionadas, corrigidas com as médias BLUP

Progênes	AP	AE	PG
UFVM100-88	240,12	132,87	10935,94
UFVM100-11	241,24	137,35	10762,83
UFVM100-35	242,38	134,71	10681,44
UFVM100-10	237,24	130,96	10658,05
UFVM100-112	235,25	130,84	10616,54
UFVM100-41	239,02	132,92	10595,63
UFVM100-108	226,80	128,41	10577,44
UFVM100-15	237,00	133,74	10419,50
UFVM100-23	221,05	120,75	10342,26
UFVM100-38	233,68	128,09	10283,63
UFVM100-16	232,46	127,99	10253,64
UFVM100-67	232,46	131,17	10250,69
UFVM100-121	234,13	129,64	10218,17
UFVM100-21	239,54	133,95	10194,64
UFVM100-55	231,61	126,17	10152,72
UFVM100-56	241,26	137,34	10140,83
UFVM100-2	229,00	127,70	10131,88
UFVM100-61	235,20	132,38	10108,82
UFVM100-83	233,81	128,72	10098,33
UFVM100-43	239,58	135,03	10094,80
Média das progênes selecionadas ( $\hat{X}_s$ )	235,14	131,04	10376,89

A estimativa da média da variedade melhorada ( $\hat{X}_m$ ), após a recombinação das progênes selecionadas, com base na predição do ganho por seleção, foi 236,07 cm, 132,02 cm e 10287,73 kg ha<sup>-1</sup> para os caracteres AP, AE e PG respectivamente. Assim, a população de milho UFVM100, após recombinação das 20 melhores progênes terá média de produtividade de grãos de 10466,97 kg ha<sup>-1</sup>.

Tabela 5 – Estimativa da média da população original ( $\hat{X}_0$ ), da média das progênes selecionadas ( $\hat{X}_s$ ), ganho por seleção na população ( $\widehat{GS}$ ), ganho por seleção na população em porcentagem ( $\widehat{GS}_\%$ ) e estimativa da média da população melhorada ( $\hat{X}_m$ ) para os caracteres de altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) na população de milho UFVM100

Parâmetro	AP	AE	PG
$\hat{X}_0$	233,04	129,50	9479,25
$\hat{X}_s$	235,14	131,04	10376,89
$\widehat{GS}$	3,03	2,52	987,72
$\widehat{GS}_\%$	1,30	1,95	10,42
$\hat{X}_m$	236,07	132,02	10466,97

## 4. CONCLUSÕES

A variedade de milho UFVM100 apresenta variabilidade genética para altura de plantas, altura de espiga e produtividade de grãos e, assim, tem potencial para melhoramento desses caracteres.

A recombinação das progênes selecionadas permite a obtenção da população UFVM100 melhorada com ganho genético estimado de 10,42% mais produtiva se comparada com a variedade UFVM100 do ciclo zero.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BADU-APRAKU, B., AKINWALE, R. O., FRANCO, J., OYEKUNLE, M. Assessment of Reliability of Secondary Traits in Selecting for Improved Grain Yield in Drought and Low-Nitrogen Environments. *CROP SCIENCE*, vol. 52, p. 1-13, 2012.

BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting Linear Mixed-Effects Models using lme4. *Journal of Statistical Software*, 67(1), 1–48, 2015.

BEADLE, G.W. Teosinte and the origin of maize. In: Walden, D.B (ed.) *Maize breeding and genetics*. New York, John Wiley and Sons, p.113-141, 1978.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6ª Edição. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.

BORGES, V.; FERREIRA, P.V.; SOARES, L.; SANTOS, G.M.; SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v.32, p.643-649, 2010.

CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L de; LEAL, M. de L da S.; SANTOS, M.X. dos. Melhoramento genético das cultivares de milho CMS 47 e BR 5039 (São Vicente) na Região Meio-Norte do Brasil. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v.2, p.88-96, 2003.

CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos na variedade de milho BRS Assum Preto. *Revista Científica Rural*, v.8, p.1-7, 2003b.

CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos. Estimativas de parâmetros genéticos na variedade de milho BR 5033 Asa Branca no Nordeste brasileiro. *Revista Científica Rural*, v.6, p.126-133, 2001.

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

CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P.C.L. de. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033-Asa Branca no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.35, p.1417-1425, 2000a.

CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 no Nordeste brasileiro. *Agrotrópica*, v.17, p.47-52, 2005b.

CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; PACHECO, C.A.P. Melhoramento genético da variedade de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.33, p.441-448, 1998.

CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; SOUZA, E.M. de. Estimativas de parâmetros genéticos após três ciclos de seleção na variedade de milho BRS 5033-Asa Branca no Estado de Sergipe. *Revista Científica Rural*, v.10, p.95-101, 2005a.

CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; SOUZA, E.M. de. Estimativas dos parâmetros genéticos de variedades de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.38, p.929-935, 2003a.

CARVALHO, H.W.L.; SOUZA, E.M. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.42, p.803-809, 2007. Disponível em: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_pdf&pid=S0100-204X2007000600006&lng=pt&nrm=iso&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_pdf&pid=S0100-204X2007000600006&lng=pt&nrm=iso&tlng=pt). Acesso em: 16 mar. 2017.

CLARK, A. G.; HARTL, D. L. **Princípios de Genética de Populações**. 4ª Edição. São Paulo: Editora Artmed, 2010. 658 p.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 4 - Safra 2016/17, n 6 - Sexto levantamento, março 2017.

CRUZ, C.D. et al. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. V.1, 480p.

CRUZ, J. C. et al. **Cultivo do Milho: Cultivares**. 2010. Disponível em: [http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho\\_6\\_ed/cultivares.htm](http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_6_ed/cultivares.htm). Acesso em: 16 mar. 2017.

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

- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**, [S.I. : s.n.], 1996. 464 p.
- FALUBA, J. de S. et al. 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, jun. 2010.
- FREITAS, I. L. DE J. et al. Ganho genético avaliado com índices de seleção. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.48, n.11, p.1464-1471, nov. 2013.
- FRISTCHE-NETO, R.; VIEIRA, R.A.; SCAPIM C.A.; MIRANDA, G.V.; REZENDE, L.M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum Agronomy**, vol. 34 no. 1 Maringá Jan./Mar. 2012.
- GARCIA, J. C.; MATTOSO, M.J.; DUARTE, J.O.; CRUZ, J.C; PADRÃO, G.A. Aspectos econômicos da produção e utilização do milho. In: CRUZ, C.C.; KARAM, D.; MONTEIRO, M.A.R.; MAGALHÃES, P.C. **A cultura do milho**. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas, MG, 517p., 2008.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. de. Quantitative genetics in maize breeding. Springer Science & Business Media, 2010.
- MDA. Ministério do Desenvolvimento Agrário. **O censo agropecuário 2006 e a agricultura familiar no Brasil**. Brasília, 2009.
- MÔRO, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C.; PIMENTEL, M.A.(Ed) **Milho do plantio à colheita**. Viçosa: Ed. UFV, 2015.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. Oxford University Press. Biometrika Trust. vol. 58, nº. 3, pp. 545-554 dez., 1971. DOI: 10.2307/2334389. URL: <http://www.jstor.org/stable/2334389>
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA D. F.; OLIVEIRA, A. C. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2000. 303p.
- 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>. Acesso em: 5 fev. 2016.
- RESENDE, M.D.V. de; STURION, J.A. Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geoestatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível individual. Colombo: Embrapa Florestas, 2001. 80p. (Embrapa Florestas. Documentos, 65).
- RODRIGUES, W.P.; VIEIRA, H.D.; BARBOSA, D.H.; SOUZA FILHO, G.R.; CANDIDO, L.S. Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP

analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, v.12, p. 2391-2399, 2013.

ROVARIS, S.R.S.; ARAUJO, P.M.de; GARBUGLIO, D.D.; PRETE, C.E.C.; ZAGO, V.S.; SILVA, L.J.F.da; Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. *Maringá. Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 33, n. 4, p. 621-625, 2011.

SHULL, G. H. **Beginnings of the heterosis concept**. In *Heterosis*, J.W. Gowen (ed.). Iowa State University. Press, Ames, IA, 1952. p. 14-48.

SOUZA, A.R.R. et al. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. *Caatinga*, v.21, n.4, p.183-190, 2009a. Disponível em: <<http://periodicos.ufersa.edu.br/index.php/sistema/article/view/424/428>>. Acesso em: 16 mar. 2017.

SOUZA, A.R.R. et al. Predicting genetic gain in the Brazilian white maize landrace. *Ciência Rural*, v.39, p.19-24, 2009b. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782009000100004&script=sci\\_arttext&tlng=en](http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782009000100004&script=sci_arttext&tlng=en)>. Acesso em: 16 mar. 2017.

SOUZA JUNIOR, C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento-plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-200.

USDA. United State Department of Agriculture. **Safra Mundial de Milho 2016/17**, 12º levantamento USDA da safra 2016/17 – Abril de 2017.

## 6. ANEXOS

Tabela 6. Médias para os caracteres altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), umidade (UM, %) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) avaliados em 114 progênies de meios-irmãos maternos da população de milho UFVM100, corrigidas com as médias BLUP

<b>Progênies</b>	<b>AP</b>	<b>AE</b>	<b>UM</b>	<b>PG</b>
UFVM100-88	240,12	132,87	18,50	10935,94
UFVM100-11	241,24	137,35	18,52	10762,83
UFVM100-35	242,38	134,71	18,51	10681,44
UFVM100-10	237,24	130,96	18,54	10658,05
UFVM100-112	235,25	130,84	18,50	10616,54
UFVM100-41	239,02	132,92	18,51	10595,63
UFVM100-108	226,80	128,41	18,53	10577,44
UFVM100-15	237,00	133,74	18,52	10419,50
UFVM100-23	221,05	120,75	18,53	10342,26
UFVM100-38	233,68	128,09	18,50	10283,63
UFVM100-16	232,46	127,99	18,55	10253,64
UFVM100-67	232,46	131,17	18,55	10250,69
UFVM100-121	234,13	129,64	18,53	10218,17
UFVM100-21	239,54	133,95	18,50	10194,64
UFVM100-55	231,61	126,17	18,53	10152,72
UFVM100-56	241,26	137,34	18,49	10140,83
UFVM100-2	229,00	127,70	18,54	10131,88
UFVM100-61	235,20	132,38	18,55	10108,82
UFVM100-83	233,81	128,72	18,52	10098,33
UFVM100-43	239,58	135,03	18,49	10094,80
UFVM100-3	236,88	132,68	18,51	10094,29
UFVM100-50	233,54	129,79	18,54	10091,06
UFVM100-17	227,85	128,00	18,55	10083,93
UFVM100-49	235,87	129,44	18,53	10032,78
UFVM100-14	231,04	128,31	18,50	10021,03
UFVM100-66	230,98	126,32	18,52	10012,16
UFVM100-107	232,50	125,92	18,50	9993,82

Continuação

UFVM100-12	235,28	132,57	18,50	9977,95
UFVM100-111	229,38	128,33	18,55	9971,99
UFVM100-33	231,28	131,96	18,52	9935,28
UFVM100-8	232,06	128,01	18,52	9930,37
UFVM100-86	233,38	132,47	18,55	9865,21
UFVM100-78	238,13	134,24	18,50	9795,37
UFVM100-63	234,59	130,60	18,49	9781,59
UFVM100-29	232,33	133,29	18,56	9762,28
UFVM100-24	235,68	133,34	18,51	9760,47
UFVM100-47	239,25	135,14	18,51	9760,31
UFVM100-39	230,75	126,31	18,51	9740,89
UFVM100-9	231,04	128,93	18,53	9716,12
UFVM100-18	232,09	127,85	18,53	9715,85
UFVM100-20	235,47	133,96	18,52	9698,72
UFVM100-101	233,97	131,59	18,54	9687,28
UFVM100-25	236,61	133,76	18,54	9680,42
UFVM100-89	237,28	134,31	18,49	9664,22
UFVM100-98	235,51	131,57	18,55	9664,11
UFVM100-32	235,25	128,85	18,48	9655,69
UFVM100-36	230,52	126,73	18,47	9651,51
UFVM100-73	227,38	127,83	18,52	9644,83
UFVM100-106	229,86	125,42	18,53	9621,67
UFVM100-22	236,87	132,68	18,53	9618,23
UFVM100-85	235,96	131,85	18,50	9594,68
UFVM100-28	229,31	133,95	18,55	9594,58
UFVM100-6	231,88	128,75	18,54	9572,36
UFVM100-27	239,13	133,67	18,52	9565,56
UFVM100-82	233,54	132,94	18,56	9544,26
UFVM100-44	231,44	126,22	18,48	9530,18
UFVM100-92	229,65	125,63	18,53	9527,00
UFVM100-34	234,73	130,08	18,57	9521,86
UFVM100-113	230,23	128,94	18,49	9517,17



Continuação

UFVM100-118	233,73	126,20	18,51	9515,09
UFVM100-91	234,65	133,53	18,52	9493,45
UFVM100-5	240,98	134,89	18,55	9482,19
UFVM100-64	242,19	137,64	18,55	9459,41
UFVM100-7	233,60	128,71	18,53	9450,40
UFVM100-116	236,25	129,38	18,54	9444,11
UFVM100-69	231,87	128,21	18,52	9428,75
UFVM100-95	232,79	123,47	18,52	9398,70
UFVM100-30	235,41	130,52	18,55	9368,86
UFVM100-119	235,63	131,37	18,49	9362,81
UFVM100-117	231,83	130,87	18,52	9360,75
UFVM100-42	233,55	127,87	18,52	9327,38
UFVM100-84	230,30	127,34	18,51	9318,16
UFVM100-99	235,46	134,46	18,52	9301,10
UFVM100-51	236,71	130,78	18,52	9300,23
UFVM100-48	224,14	120,91	18,50	9271,56
UFVM100-4	232,21	129,15	18,51	9256,87
UFVM100-53	232,73	127,76	18,53	9220,92
UFVM100-76	231,15	126,59	18,52	9205,54
UFVM100-115	226,63	125,69	18,53	9197,16
UFVM100-31	232,66	127,81	18,53	9189,77
UFVM100-26	230,77	128,57	18,48	9184,88
UFVM100-96	226,85	126,81	18,51	9178,10
UFVM100-13	236,04	131,39	18,52	9149,98
UFVM100-114	225,89	122,45	18,55	9147,76
UFVM100-65	230,87	128,97	18,49	9127,62
UFVM100-100	229,54	122,10	18,47	9110,82
UFVM100-87	241,05	129,78	18,50	9069,07
UFVM100-19	236,07	135,31	18,57	9048,46
UFVM100-72	234,73	131,13	18,50	9027,06
UFVM100-1	228,68	128,39	18,53	9007,74
UFVM100-57	236,05	129,97	18,48	9005,53

Continuação

UFVM100-120	229,67	127,15	18,55	9001,15
UFVM100-105	237,76	129,54	18,56	8995,89
UFVM100-109	224,97	123,31	18,48	8983,07
UFVM100-62	234,16	130,55	18,53	8961,89
UFVM100-60	236,68	130,44	18,51	8941,37
UFVM100-97	227,78	126,45	18,52	8891,99
UFVM100-74	232,23	129,55	18,49	8889,03
UFVM100-102	234,50	131,69	18,50	8832,38
UFVM100-94	244,43	136,91	18,53	8791,34
UFVM100-68	226,44	125,67	18,51	8778,43
UFVM100-58	233,17	131,07	18,52	8721,87
UFVM100-52	229,86	126,54	18,52	8667,17
UFVM100-37	231,01	127,18	18,52	8651,67
UFVM100-75	226,87	126,16	18,50	8583,10
UFVM100-70	232,57	130,88	18,48	8547,10
UFVM100-103	229,16	122,12	18,48	8527,77
UFVM100-110	231,23	126,44	18,55	8432,35
UFVM100-45	222,02	122,36	18,54	8178,40
UFVM100-81	227,66	124,68	18,50	7982,43
UFVM100-79	233,50	124,91	18,52	7978,70
UFVM100-93	230,43	128,94	18,53	7712,97
UFVM100-59	233,07	128,76	18,51	7682,99
UFVM100-46	215,21	120,78	18,60	7376,24
Médias	233,04	129,50	18,52	9479,25