



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

**DEPRESSÃO ENDOGÂMICA E VARIABILIDADE GENÉTICA DE
POPULAÇÕES PARA PRODUÇÃO DE MILHO VERDE**

LUMA MARIANO CASCÃO

Orientadora:

Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo

Coorientadora:

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



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

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

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

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese

2. Nome completo do autor

LUMA MARIANO CASCÃO

3. Título do trabalho

Depressão endogâmica e variabilidade genética de populações para produção de milho verde

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

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação.

O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

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



Documento assinado eletronicamente por **Patrícia Guimarães Santos Melo, Professor do Magistério Superior**, em 26/06/2020, às 10:39, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **LUMA MARIANO CASCAO, Discente**, em 29/06/2020, às 16:30, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1399556** e o código CRC **C2D6EAD4**.

Referência: Processo nº 23070.012417/2020-49

SEI nº 1399556

DEPRESSÃO ENDOGÂMICA E VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES PARA PRODUÇÃO DE MILHO VERDE

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 Mestra em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo

Coorientadora:

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

Goiânia, GO - Brasil
2020

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

Cascão, Luma Mariano

Depressão endogâmica e variabilidade genética de populações para produção de milho verde. [manuscrito] / Luma Mariano Cascão, Patrícia Guimarães Santos Melo. - 2020.

46 f.: il.

Orientador: Profa. Dra. Patrícia Guimarães Santos Melo; co orientadora Dra. Marcela Pedroso Mendes Resende.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2020.

Bibliografia.

1. milho verde. 2. depressão por endogamia. 3. variabilidade genética. 4. populações. I. Melo, Patrícia Guimarães Santos. II. Melo, Patrícia Guimarães Santos, orient. III. Resende, Marcela Pedroso Mendes, co-orient. IV. Título.

CDU 631/635



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº 0064/2020 da sessão de Defesa de Dissertação de **LUMA MARIANO CASCÃO**, que confere o título de Mestre(a) em **Genética e Melhoramento de Plantas**, na área de concentração em **Genética e Melhoramento de Plantas**.

Aos **31/03/2020 Trinta e um dias do mês de março do ano de dois mil e vinte**, a partir das **13:30 horas**, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação **por meio de videoconferência**, a defesa intitulada **“Potencial genético de três populações para qualidade e produção de milho verde”**. Os trabalhos foram instalados pela Orientadora, Professora Doutora **Patrícia Guimarães Santos Melo** - EA-UFG com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Professor Doutor **Edésio Fialho dos Reis** - UFJ, membro titular interno; Doutora **Miriam Suzane Vidotti** - UFG, membro titular externo e Professora Doutora: **Marcela Pedroso Mendes Resende** - Coorientadora - EA-UFG. Durante a arguição os membros da banca **fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho **Depressão endogâmica e variabilidade genética de populações para produção de milho verde**. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido a candidata **Aprovada** pelos seus membros. Proclamados os resultados pela Professora Doutora Patrícia Guimarães Santos Melo, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, aos **31/03/2020 Trinta e um dias do mês de março do ano de dois mil e vinte**.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

Depressão endogâmica e variabilidade genética de populações para produção de milho verde

Documento assinado eletronicamente por **Patrícia Guimarães Santos Melo, Professor do Magistério Superior**, em 01/04/2020, às 12:16, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Marcela Pedroso Mendes Resende, Professora do Magistério Superior**, em 01/04/2020, às 14:47, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Edésio Fialho Dos Reis, Professor do Magistério Superior**, em 02/04/2020, às 18:01, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Miriam Suzane Vidotti, Usuário Externo**, em 06/04/2020, às 11:20, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site



https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador 1259346 e o código CRC 742153BF.

Referência: Processo nº 23070.012417/2020-49

SEI nº 1259346

Aos meus pais e familiares.
A meu colega e amigo Alex Aguiar.
À agricultura brasileira!

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pois dele veio a força para atingir mais essa conquista.

À minha mãe, Marcia, por mesmo distante, ser meu maior motivo de querer vencer. Ao meu pai, Lúcio, por me incentivar e apoiar. A eles pelo amor e educação.

Aos meus avós, Olinda e Benvindo por tamanho cuidado e amor. Ao meu avô, Antonio Cascão, que quando em vida, sempre incentivou meus estudos.

À minha família, tios e primos, pela força nos momentos difíceis e incentivos para prosseguir.

À Universidade Federal de Goiás, pela oportunidade de formação.

À minha orientadora Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo, pelas oportunidades de orientação, profissionalismo, confiança, paciência e grandes ensinamentos, tanto profissionais quanto pessoais. Você é um exemplo que levarei comigo.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, e todos os seus docentes pelo ensino. Ao Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis por todas as contribuições para este trabalho.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pela concessão da bolsa de estudo, possibilitando a minha formação.

À RIDESA (Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético) e seus colaboradores (Antônio, Gilmar, Djavan e Márcio), pelo apoio pessoal e estrutural que contribuíram para a realização dos trabalhos de campo.

Ao GEMP (Grupo de Estudo em Melhoramento de Plantas), pelo privilegio de ser uma das primeiras integrantes. Por, a partir dele, ter desenvolvido minhas competências inter e intrapessoal. Pela fundamental contribuição de toda a equipe nos trabalhos de campo.

Aos colegas de pós- graduação, Nayana V. Costa, Ailton Crispim, Priscilla Neves, Flávio Pereira e Márcio Guedes, por todas as contribuições, que foram fundamentais para realização dessa conquista.

Aos meus amigos, Louise, Nívia, Alex Aguiar, Gisella, Fernando e Angélica pela amizade, incentivo e apoio.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram para a minha formação.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	6
ABSTRACT	7
1 INTRODUÇÃO	8
2 REVISÃO DE LITERATURA	10
2.1 A CULTURA DO MILHO VERDE	10
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MILHO	12
2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO VERDE.....	13
2.4 EFEITOS DA ENDOGAMIA	15
2.5 COMPONENTES DE MÉDIAS	17
2.6 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS	18
3 MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1 MATERIAL GENÉTICO.....	19
3.1.1 Populações	19
3.1.2 Obtenção das progênies	20
3.2 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS	21
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	24
3.3.1 Modelos mistos	24
3.3.2 Estimação de parâmetros genéticos	25
3.3.3 Estimação da contribuição de locos em homozigose e heterozigose	26
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
4.1 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	27
4.2 COMPONENTES DE MÉDIA E DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA.....	35
5 CONCLUSÕES	41
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42

RESUMO

CASCÃO, L. M. **Depressão endogâmica e variabilidade genética de populações para produção de milho verde**. 2020. 49 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2020.¹

A produção de milho verde é uma atividade de grande importância para várias regiões do Brasil. Apesar disso, os programas de melhoramento têm dedicado poucos esforços para desenvolver e recomendar cultivares especificamente para esta finalidade. Assim, é fundamental que programas de melhoramento de instituições públicas busquem atender este nicho de mercado, que tem um papel social relevante, por ser conduzido principalmente em pequenas áreas. Este trabalho teve como objetivo estimar a depressão endogâmica e os componentes genéticos de três populações para a produção de milho verde. As populações avaliadas apresentam bases genéticas distintas: uma variedade de polinização aberta, denominada UFG-Samambaia (P1), uma população formada pelo cruzamento de dois híbridos mais antigos (P2) e a terceira formada pelo cruzamento de híbridos modernos (P3). Foram obtidas progênies destas três populações por meio de uma amostragem de plantas S_0 autofecundadas. As progênies S_1 , as três populações S_0 e duas testemunhas foram avaliadas em um látice triplo 14 x 14 com parcelas de uma linha de quatro metros. Foram avaliados os caracteres agrônômicos: peso de espigas, altura de plantas, altura de espigas, posição relativa da espiga, quebramento e acamamento, florescimento feminino, florescimento masculino; e os caracteres de qualidade de espigas: peso de massa, peso de espigas sem palha, comprimento de espigas sem palha, diâmetro de espigas, alinhamento de espigas, empalhamento de espigas, cor de grãos. As análises estatísticas foram realizadas via abordagem de modelos mistos. Foi estimada depressão por endogamia para todos os caracteres e os componentes de médias ($m+a'$ e d) e variância. Foi observada variabilidade genética para a maioria dos caracteres entre as progênies da P1. As progênies das populações P2 e P3 não apresentaram variabilidade genética para maioria dos caracteres. As três populações sofreram impactos quando submetidas a autofecundação devido aos efeitos da endogamia. A depressão por endogamia na P1 tem maiores índices para maioria dos caracteres: altura de plantas, altura de espigas, posição relativa da espiga, peso de massa, comprimento de espigas sem palha, alinhamento de espigas e empalhamento; Na P2, os caracteres florescimento masculino, peso de espigas sem palha e diâmetro de espigas apresentaram maiores índice e na P3, os caracteres peso de espiga, florescimento feminino, quebramento e acamamento e cor de grão. De maneira geral, os caracteres de qualidade de espiga, importantes para produção de milho verde apresentaram maior depressão por endogamia que os caracteres agrônômicos. Isso mostra que, deve-se considerá-la a depressão por endogamia no processo de seleção, sendo necessário aumentar a frequência de alelos favoráveis ao longo do processo de melhoramento.

¹Orientadora: Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG.

¹Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende. EA-UFG.

ABSTRACT

CASCÃO, L. M. **Inbreeding depression and population genetic variability for vegetable corn production.** 2020. 47 f. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Plant Breeding) School of Agronomy, Federal University of Goiás, Goiânia, 2020.¹

The production of vegetable corn is an activity of great importance for several regions of Brazil. Despite this, breeding programs have devoted little effort to developing and recommending cultivars specifically for this purpose. Then, it is essential that programs for the improvement of public institutions seek to serve this niche market, which has a relevant social role, as it is conducted mainly in small areas. This work aimed to estimate inbreeding depression and the genetic components of three populations for the production of vegetable corn. The populations evaluated have a different genetic basis: a variety of open pollination, called UFG-Samambaia (P1), a population obtained by crossing two older hybrids (P2) and a third population obtained by crossing of the modern hybrids (P3). Progenies of these three populations were obtained by sampling self-fertilized S_0 plants. S_1 progenies, three S_0 populations and two checks were evaluated in a triple lattice 14×14 with plots of a four meter line. They were evaluated the agronomic traits: ears weight, plant height, ears height, relative position of the ear, breaking and lodging plants, days to anthesis, days to silking; and quality traits of ears: mass weight, ears weight without straw, length of ears without straw, ears diameter, ear alignment, ear stuffing, grain color. Statistical analyzes were performed using a mixed model approach. Inbreeding depression was estimated for all characters and the components of means ($m + a$ and d) and variance. Genetic variability was observed for most traits among P1 progenies. The progenies of the P2 and P3 populations did not show genetic variability for most characters. The three populations suffered an impact when subjected to self-fertilization due to the effects of inbreeding. Inbreeding depression in P1 has higher rates for most characters: plant height, ear height, relative ear position, mass weight, length of ears without straw, alignment of ears and stuffing; In P2, the male flowering characters, weight of ears without straw and diameter of ears show a higher index and in P3, the characters of ear weight, female flowering, breakage and lodging and grain color. In general, the quality characters of the ear, important for the production of green corn, the greater depression due to inbreeding than the agronomic characters. This shows that, inbreeding depression must be considered in the selection process, with the frequency of favorable alleles increasing throughout the improvement process.

¹Advisor: Prof. Dr. Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG.

¹Co-Advisor: Prof. Dr. Marcela Pedroso Mendes Resende. EA-UFG.

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma das espécies mais cultivadas no mundo por ter ampla utilização, como matéria prima para indústria, utilização na alimentação animal e humana, na forma de grãos secos ou verdes. Os tipos classificados como grãos especiais são milho verde comum, milho verde doce, milho pipoca, minimilho, milho para canjica, milho para alto teor de óleo, milho de alta qualidade proteica, dentre outros, que atendam nichos de mercados (Pereira Filho & Cruz, 2009). Tradicionalmente, o milho verde é consumido em todo Brasil com demanda constante in natura e de produtos processados como pamonha, curau, sucos, biscoitos, sorvetes entre outros (Magalhães et al., 2002). É cultivado basicamente por pequenos e médios produtores nas proximidades dos grandes centros consumidores, facilitando a colocação do produto no mercado, pois agrega valor à produção, garantindo a sustentabilidade do sistema produtivo (Magalhães et al., 2002).

As opções de cultivares para a produção de milho verde são restritas, sendo que menos de 2% das cultivares de milho, disponíveis no mercado, são recomendadas para esse fim (Pereira Filho & Borghi, 2018). A crescente demanda por qualidade do produto gerou interesse de algumas empresas em explorar o mercado de desenvolvimento de cultivares de milho, específicas para o consumo verde, já que geralmente são desenvolvidas para produção de grãos (Pereira Filho, 2002). Sendo assim, novas cultivares estão sendo desenvolvidas impulsionadas pelo elevado preço de mercado (Coan et al., 2018).

Por ser um mercado exigente, as cultivares de milho verde devem apresentar características particulares, que nem sempre são avaliadas em materiais destinados a produção de grãos secos. Entre estas características destacam-se espigas longas, cilíndricas e bem empalhadas, peso de espiga comercial elevado, sabugo de cor clara, grãos uniformes e dentados, de cor amarela, pericarpo macio e com longa vida de prateleira (Magalhães et al., 2002; Albuquerque et al., 2008; Rodrigues et al., 2018). Pereira Filho (2002) destaca outras características importantes para cultivares de milho verde, tais como possibilidade de plantio durante o ano todo, produtividade de espigas acima de 12 t ha^{-1} , ciclo variando entre 90 e 110 dias, longevidade no período da colheita, bom empalhamento e rendimento industrial de grãos igual ou maior que 30%.

O objetivo da maioria dos programas de melhoramento de milho é a obtenção de híbridos de linhagens, para explorar o vigor híbrido. Neste processo, para obtenção das

linhagens, a autofecundação artificial é comumente utilizada. Assim, a consequência principal é a depressão por endogamia, que ocorre devido a expressão dos alelos recessivos deletérios ou letais que compõem a carga genética da população e, também a redução dos locos em heterozigose. Logo, o valor de uma população como fonte de linhagens é altamente dependente da depressão por endogamia em relação às várias características, o que limita a obtenção de linhagens vigorosas para a posterior obtenção de híbridos (Lima et al., 1984).

Para a identificação de populações promissoras para extração de linhagens nas fases iniciais do programa usa-se a estimação dos componentes de médias ($m+a'$ e d). A estimativa de $m+a'$ é o valor aditivo, depende do desempenho da linhagem *per se*, enquanto que d é o desvio dos heterozigotos em relação à média, depende da divergência entre as linhagens e da existência de dominância controlando o caráter. Uma população potencial além de ter bom desempenho *per se* também deve ter variabilidade potencial entre seus genitores (Cruz et al., 2012).

Existem poucas pesquisas, envolvendo os caracteres específicos para produção de milho verde, relacionadas aos efeitos da depressão e estimativas de componentes genéticos. Um estudo realizado, com milho verde, por Kuki et al. (2017), encontraram estimativas de depressão endogâmica entre híbridos comerciais variando de 9,3% a 37,4% para produtividade de espigas empalhadas, 16,4% a 41,3% para produtividade de espigas comerciais e 19,4% a 37,2% para massa de grãos. Assim puderam selecionar os melhores híbridos comerciais para geração de linhagens destinadas a produção de híbridos de milho verde.

O objetivo deste trabalho foi estimar a depressão por endogamia e os componentes de média e variância de três populações para o melhoramento de milho verde visando produção e qualidade.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A CULTURA DO MILHO VERDE

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie que pertence à família *Poaceae*, com origem no teosinto. Essencialmente americana, de origem tropical, é cultivado em quase toda extensão territorial do planeta, devido o seu alto grau de domesticação, capacidade adaptativa, seleção e evolução natural; e ao melhoramento genético direcionado a diversos ambientes. A espécie conta com grande diversidade genética ocasionada por características morfológicas da planta como flores unissexuadas, favorecendo a polinização cruzada e alogamia (Paterniani & Campos, 2005).

Os milhos que não são cultivados para produção de grãos secos são chamados de milhos especiais, envolvendo a produção de milho verde comum, milho verde doce, milho pipoca, minimilho, milho para canjica, milho para alto teor de óleo, milho de alta qualidade proteica, dentre outros, que atendam nichos de mercados (Pereira Filho & Cruz, 2009). A escolha correta da cultivar é fundamental para o sucesso da lavoura, os aspectos agronômicos e ambientais de cada região devem ser considerados, assim como a finalidade de uso da sua produção.

As espigas de milho colhidas no estágio verde (70 a 80% de umidade) são comercializadas para consumo de espigas cozidas, assadas ou processadas como ingrediente principal de culinárias regionais como mingau, pamonha, sorvetes, bolos, biscoitos, etc. O valor de comercialização é maior, quando comparado com o grão de milho seco, proporcionando maior lucratividade ao produtor (Pereira Filho, 2002).

Para atender a demanda, o cultivo de milho verde deve ser conduzido durante todo ano. Por isso, na época da seca, necessita ser irrigado com plantio escalonado. Alguns produtores de milho safrinha para produção de grão ou silagem, devido à atratividade do mercado, utilizam parte da produção para ser comercializada como milho verde, com boas perspectivas comerciais e econômicas, pois, na entressafra, o produto alcança bom preço (Pereira Filho, 2002). Entretanto, Paiva Junior et al. (2001) afirmam que cultivares indicadas para produção granífera e silagem apresentam grandes variações quanto textura de grãos, o que pode inviabilizar a comercialização da espiga *in natura*. Isso mostra que, de uma maneira geral, os produtores possuem pouco conhecimento da existência de cultivares específicas para a produção de milho verde.

No mercado encontram-se cultivares para uso múltiplo, que podem ser recomendados para várias finalidades, produção granífera, silagem e milho verde. Das 298 cultivares relacionadas por Pereira Filho & Borghi (2018), disponíveis para a safra 2017/2018, apenas cinco são indicadas para a produção de milho verde, a BRS3046, AG1051, AG4051VT PRO YG, BM3061 e GNZ2004.

É requerido na produção de milho verde que as cultivares além de prolíficas, tenham produção homogênea, resistência ao acamamento; espigas cilíndricas, bem granadas, bom empalhamento com palhas mais compridas e mais largas, sabugo fino e claro; grãos amarelo-creme do tipo dentado, profundos e com alinhamento retilíneo; e pericarpo delicado macio e fino; e, por fim que apresente longevidade na colheita e na prateleira dos supermercados. A qualidade pós-colheita garante o sucesso do produto final (Pereira Filho, 2002; Fornasieri Filho, 2007; Cruz et al., 2011.).

No cultivo de milho verde, além da cultivar, devem-se utilizar técnicas específicas de manejo, principalmente quanto à densidade populacional, que permitem boa incidência luminosa nas plantas favorecendo a qualidade das espigas (Rocha, 2008). Para Cruz et al. (2011), para o bom rendimento de espigas com valor comercial, a densidade máxima deve ser de 50.000 plantas por hectare, com espaçamento por volta de 80 cm, que facilite a colheita, a qual é sempre manual. No Brasil, a produtividade da cultura varia de 9 a 18 toneladas de espigas por hectare, dependendo da época, densidade de semeadura e cultivar utilizada, segundo Paiva Junior et al. (2001).

O ponto de colheita ideal para a espiga destinada a consumo *in natura* deve ser no momento em que seus grãos estão no estado leitoso (R3), com 70 a 80% de umidade. O milho verde, por ter um ciclo curto e ser um produto de rápida perecibilidade, pode ser considerado uma hortaliça (Pereira Filho, 2002). O ciclo é dependente da temperatura e época de cultivo, de modo geral. Nos plantios de verão, em condições de temperaturas mais elevadas, o ciclo possui 70 a 90 dias contados após o plantio, enquanto que nos plantios realizados nos meses mais frios, o ciclo pode se estender, com colheita chegando até 120 dias. Outro parâmetro utilizado para definir ponto de colheita é o número de dias após a polinização (DAP), sendo o intervalo ótimo de 19 a 23 dias. Geralmente, o período de colheita pode durar de cinco a oito dias, dependendo da cultivar e das condições climáticas (Silva & Paterniani, 1986).

Os cuidados com a qualidade das espigas verdes não terminam no momento de colheita, se estende por todo processo de logística e comercialização, até chegar ao

consumidor final. As espigas devem ser condicionadas e transportadas de maneira que não se exponham as injúrias e as altas e baixas temperaturas, o que compromete a qualidade do produto (Pereira Filho, 2002).

Pensando no sistema produtivo e otimização dos recursos dos sistemas de agricultura familiar, após a colheita das espigas de grão verde ocorre o aproveitamento da planta para o processo de ensilagem. Com isso a planta destinada a produção de milho verde também requer propriedades adequadas para produção de silagem (Couto et al. 2017). Esse fator acaba se tornando uma preocupação para os programas de melhoramento de milho verde.

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MILHO

Muitos são os desafios enfrentados pelo setor agrícola, sendo que o aumento da produção ainda é o foco da maioria das pesquisas na área, aliada à preservação dos recursos naturais. O melhoramento genético de plantas é uma das ferramentas para aumento da produção agrícola de forma sustentável, aumentando a segurança alimentar da população (Borém & Miranda, 2013).

O melhoramento genético do milho pode ser conduzido visando obtenção de populações melhoradas ou de geração F_1 com vigor híbrido. Populações melhoradas são aquelas que concentram alelos favoráveis, e isso ocorre em um processo dinâmico e progressivo por diferentes métodos de seleção. A taxa de elevação das frequências alélicas depende da variabilidade genética da população original, método de seleção empregado, tamanho efetivo da população, técnicas de avaliação, influência do ambiente, das correlações fenotípicas e genotípicas, etc. Essas populações poderão ser utilizadas para produção de híbridos intervarietais e como fonte de linhagens para obtenção de híbridos, conforme a necessidade do programa (Paterniani & Viegas, 1987).

Existem algumas modalidades de seleção utilizadas no melhoramento, seleção massal e suas variações, seleção com teste de progênie e seleção recorrente. Esta última é o método mais utilizado por melhoristas nos programas de melhoramento genético de milho, a qual consiste em seleções cíclicas de indivíduos superiores de uma população, sendo que, após um ciclo de seleção, esses indivíduos são inter cruzados entre si para se obter uma população que passará por um novo ciclo, visando ganhos em suas médias (Paterniani & Viegas, 1987).

A seleção recorrente pode ser intrapopulacional, quando o objetivo é adaptar germoplasmas exóticos ou aumentar produtividade de cultivares com ação genica aditiva melhorando a população *per se*, ou interpopulacional (recíproca) para o desenvolvimento de híbridos já que capitaliza efeitos aditivos e de dominância, pois busca melhoria da capacidade de combinação entre duas populações (Borém & Miranda, 2013).

Não existe um método de seleção mais eficiente para todas as situações, devendo ser considerado cada caso e suas particularidades. O método ideal é aquele que garanta o máximo de ganho genético por unidade de tempo, que seja viável operacionalmente e permita a manutenção de variabilidade genética possibilitando ganhos subsequentes.

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO VERDE

O mercado de milhos especiais em que o milho verde participa, além dos aspectos agronômicos, têm interesse em caracteres relacionados à qualidade de sabor, aspectos visuais, tipo de grão, valor nutricional, coloração, densidade e resistência aos impactos sofridos ao longo do beneficiamento. Nesse sentido, o melhoramento genético, com resultados significantes em caracteres como a produtividade, necessita focar também caracteres relacionados à qualidade, atendendo as exigências dos consumidores (Lopes et al., 2011).

Há baixa disponibilidade de cultivares recomendadas para milho verde no mercado, sendo que apenas cinco híbridos foram disponibilizados por empresas na safra 2018/19, AG1051, AG4051VT PRO YG, BM3061, GNZ2004 e BRS3046 (Pereira Filho & Borghi, 2018). O milho destinado ao consumo de grão verde é muitas vezes cultivado utilizando cultivares inapropriadas, resultando em um produto de baixa qualidade e desuniforme. Nem sempre as melhores cultivares destinadas a produção de grãos secos também são as melhores para a produção de milho verde (Câmara, 2007).

Nesse contexto pode-se observar uma carência por programas de melhoramento que atendam esse mercado apesar do mesmo estar em constante crescimento. Os programas de melhoramento de milho, em geral, tanto para milho grão, forrageiro e milhos especiais como milho verde, pipoca, minimilho e brancos, seguem as mesmas metodologias variando os tipos de avaliações considerando características inerentes ao uso de cada um. O que diferencia os demais tipos de milho do granífero é que

além de selecionar genótipos mais produtivos, esses devem apresentar qualidades específicas. Os caracteres avaliados para produção de milho verde, segundo Rodrigues et al. (2018), são produtividade de espigas empalhadas; produtividade de espigas despalhadas; palha; produtividade de espigas comerciais; refugo; comprimento de espigas comerciais; diâmetro de espigas comerciais e massa de grãos.

Poucas informações sobre obtenção de cultivares destinadas à produção de milho verde e estudos genéticos de caracteres envolvidos nesta produção estão disponíveis. A maioria dos trabalhos é de avaliações de desempenho de cultivares existentes. Cardoso et al. (2004) testaram 21 variedades de polinização aberta de milho verde para utilização em sistema agrícola familiar e selecionaram 12 genótipos superiores aos híbridos usados como referência.

Couto et al. (2017) avaliaram 37 genótipos de milho recomendadas para silagem e milho verde para os caracteres peso de espigas com palha, diâmetro de espiga com palha, comprimento de espiga com palha, peso de espigas sem palha, peso total de espigas sem palha, diâmetro de espiga sem palha e comprimento de espiga sem palha. Estes observaram diferença significativa para todos esses caracteres, exceto peso total de espigas com palha. Isso mostra que existem diferenças entre os materiais disponíveis no mercado destinados a milho verde e silagem, o que muitas vezes não permite manter um padrão de qualidade do produto final (espigas de milho verde).

Rodrigues et al. (2018) avaliaram o potencial de híbridos de milho destinados a grãos com possibilidade de comercialização *in natura*. Neste trabalho encontraram quatro híbridos (30F53YH 30F35HR, 2B587PW e BRS3061) de alto rendimento de espigas comerciais, como é exigido pelo mercado de milho verde, sendo o primeiro com maior produção em casos de estresse hídrico e calor.

Rodrigues et al. (2009) estimaram capacidade geral e específica de combinação entre linhagens de milho visando à produção de híbridos de milho verde, por meio de seleção recorrente interpopulacional. Houve diferença significativa quanto à capacidade específica de combinação entre as linhagens para a maioria dos caracteres avaliados (altura de plantas, produtividade de espigas empalhadas, produtividade de espigas comerciais, porcentagem de massa, cor de grãos, diâmetro de espigas e comprimento), indicando que há híbridos formados a partir do cruzamento de linhagens com melhor desempenho que outros, devido aos efeitos não aditivos envolvidos no controle dos caracteres. Oliboni et al. (2013) verificaram a capacidade geral e específica para caracteres agronômicos entre 12

híbridos comerciais de milho. Nesse estudo foi possível obter híbridos com boa capacidade geral e boas combinações, o que permite trabalhar com melhoramento intrapopulacional e interpopulacional.

Carvalho & Souza (2007) trabalharam com a variedade BR 5011 Sertanejo e avaliaram ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. A produtividade média de espigas das progênies variou de 6.024 kg ha⁻¹ no ciclo 4 a 8.340 kg ha⁻¹ no ciclo 17. Ferreira et al. (2009) em trabalho semelhante observaram em um dos ciclos de seleção recorrente, ganho de 2,85% para 27,56% na proporção de progênies com espigas excelentes para produção de milho verde. Desta forma, comprovou a eficiência desse tipo de método para desenvolvimento de cultivares promissoras.

2.4 EFEITOS DA ENDOGAMIA

No melhoramento do milho pode-se produzir híbridos ou variedades melhoradas a partir de linhagens. No processo de obtenção de linhagens homozigotas é realizado a autofecundação artificial, tendo como consequência principal a endogamia. O efeito decorrente de cruzamento entre indivíduos aparentados, ou endogâmicos, é denominado depressão por endogamia. Caracteriza-se pela redução na média de caracteres quantitativos, devido à homozigose de genes com alelos deletérios, aumentando a carga genética (Falconer, 1987). Nos programas de melhoramento de espécies alógamas, utiliza-se normalmente da endogamia obtida artificialmente, mas no final do processo, a alogamia natural deve ser restaurada através da hibridação.

A depressão por endogamia, segundo Falconer (1987) é proporcional ao grau de dominância, sendo maior quanto maior a frequência dos locos em dominância. Para caracteres quantitativos, a redução no valor fenotípico será maior. São esperados maiores níveis de depressão por endogamia em populações com altas frequências de heterozigotos em locos com dominância gênica associada à carga genética.

Segundo Hallauer et al. (2010), a endogamia pode ser utilizada para o desenvolvimento de linhagens com alelos de interesse e posteriormente (no caso do milho) para comporem híbridos ou populações melhoradas a partir de seleção recorrente envolvendo linhagens endogâmicas (S₁, S₂ e S₃).

Por isso, é importante os melhoristas estimarem o efeito da endogamia dos genótipos trabalhados. Na obtenção de linhagens, com o aumento homozigose para fixar

características desejáveis, também se tem uma manifestação da carga genética, ou seja, os alelos indesejáveis podem ser fixados. As linhagens devem ter boa compatibilidade genética, serem produtivas e possuírem boas características agronômicas que viabilizem a produção de sementes. Com isso, a carga genética deve ter baixa influencia nesses fatores.

Alguns trabalhos são realizados para obter estimativas da depressão por endogamia para os mais diferentes caracteres avaliados no milho, tanto grão quanto milhos especiais. Poucos trabalhos mensuram esse efeito para caracteres requeridos na cultura do milho verde.

Scapin et al. (2006) ao estimarem a depressão por endogamia e componentes genéticos de média em dez populações de milho pipoca, observaram maiores índices para produtividade de grãos do que altura de plantas. Isso pode ser devido a menor complexidade genética da altura de plantas em relação ao caráter rendimento de grãos. Os autores encontraram, em relação a produtividade de grãos, variação de 10,5% a 45,2% nos índices de depressão por endogamia. Vale ressaltar que populações com menores valores têm maior potencial para extração de linhagens.

Marino et al. (2010) estimaram a depressão por endogamia em onze populações obtidas do cruzamentos entre milho crioulo e variedades sintéticas. Identificaram três populações com menores valores de depressão por endogamia e observaram que produtividade de grãos apresentou estimativas de depressão por endogamia variando entre 29,4% a 47,4%, maiores quando comparada aos outros caracteres avaliados.

Bernini et al (2013) em estudos visando estimar potencial de populações F_2 de milho por meio da depressão por endogamia, encontraram duas populações promissoras para obtenção de linhagens e para serem usadas na seleção recorrente intrapopulacional, devido suas baixas estimativas de depressão por endogamia. As populações que apresentaram menor depressão por endogamia foram recomendadas para formação de híbridos de populações F_2 e seleção recorrente recíproca.

Em estudos para caracteres relacionados ao milho verde, Kuki et al. (2017) encontraram níveis de depressão endogâmica entre híbridos comerciais variando de 9,3%(AG4051) a 37,4% (AM606) para produtividade de espigas empalhadas, 16,4% (AM811) a 41,3% (AM606) para produtividade de espigas comerciais e 19,4% (Cativerde 02) a 37,2% (AM606) para massa de grãos. Somera et al.(2018), em estudo avaliando progênies S_1 , observaram que as progênies com maior potencial para a obtenção de

linhagens de alto padrão agrônômico foram as que apresentaram depressão por endogamia para produção de grãos variando entre 2,6 a 35,59%.

2.5 COMPONENTES DE MÉDIAS

Os componentes de médias são usados principalmente em estudos de caracteres quantitativos, que não possuem classes fenotípicas distintas. Considerando um caráter controlado por um gene (X), com dois alelos, X quando sua expressão for favorável e x quando for desfavorável. Em uma população o alelo X tem frequência “p” e o alelo x frequência “q”, sendo que $p+q= 1$. Em equilíbrio, a população apresenta as seguintes frequências alélicas, $XX = p^2$, $Xx = 2pq$ e $xx= q^2$. Sendo assim, a média da população será definida pela expressão $P= m+(2p-1)\alpha +2p(1-p)\delta$, em que “m” é o valor médio entre dois genótipos homozigóticos, α é o desvio dos homozigotos em relação a média e δ o desvio dos heterozigotos em relação a média. Substituindo $(2p-1)\alpha$ por “a” e $2p(1-p)\delta$ por “d” temos que $P= m+a+d$, em que a é “a” contribuição dos locos em homozigose em relação à média e “d” contribuição dos locos em heterozigotos em relação à média (Vencovsky, 1987).

Os componentes de médias são ferramentas que auxiliam o melhorista a obter informações sobre uma população e, assim, a selecionar as mais promissoras para seu programa. É ideal que a população segregante associe altos valores de $m+a$ e d, ou seja, linhagens com médias altas e variabilidade.

Para a obtenção de uma variedade, é necessário que a população tenha bom desempenho *per se*, ou seja, estimativas de $m+a$ altas. Para extração de linhagens visando formação de híbridos, além de bom desempenho *per se*, a população deve ter divergência dentro da mesma, ou seja, altas estimativas de d.

Viana (2007) estimou $m+a$ e d como indicadores do potencial de híbridos de milho para a extração de linhagens. A partir deste estudo concluiu que os híbridos simples apresentaram maiores estimativas de $m+a$ e conseqüentemente as populações derivadas desses genótipos possuem maior potencial para a extração de linhagens.

Estudo de procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens realizados por Lima et al. (2000), utilizou populações S_0 e S_1 de

híbridos e identificaram a população derivada do híbrido AG1051 como a de maior potencial.

2.6 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

Na agricultura, fatores bióticos e abióticos, assim como as necessidades humanas, sempre estiveram em constantes mudanças, o que torna os programas de melhoramento infundáveis. Para garantir o sucesso da agricultura, ter em mãos ampla variabilidade genética é essencial para os melhoristas, principalmente quando se trabalha com caracteres quantitativos (Garbuglio, 2007).

A maioria dos caracteres de interesse agrônômico avaliados nos programas de melhoramento é quantitativo, determinados por vários genes, apresentam distribuição contínua com baixa herdabilidade e alta influência ambiental. Portanto, a expressão fenotípica é o resultado das características genotípicas, efeito ambiental e interação destes, ou seja, proveniente de efeitos herdáveis e não herdáveis. É de fundamental importância para o início de um programa de melhoramento, ou até mesmo introgressão de um novo material no mesmo, obter informações sobre componentes de variância e os parâmetros genéticos como variância genética, variância fenotípica, variância ambiental, a herdabilidade e ganho de seleção das populações que estão disponíveis (Falconer, 1987).

Fisher (1918) foi o primeiro a subdividir a variância genética em variância genética aditiva (associada aos efeitos médios dos genes), variância de dominância (ocasionada pelos desvios das interações intraalélicas) e variância epistática (devida aos desvios das interações interalélicas). A variância ambiental deve ser distinguida da genética realizando avaliações com várias repetições. Variância fenotípica de um caráter é estimada pela análise de variância dos dados experimentais. Diversos tipos de populações podem ser avaliadas, como clones, linhagens, S_1 's, progênies etc. (Vencovsky & Barriga, 1992).

O método de seleção recorrente intrapopulacional é utilizado para a obtenção de populações melhoradas principalmente utilizando famílias de meios irmãos ou irmãos germanos. As estimativas de variância genética aditiva são realizadas, em grande parte, utilizando progênies de meios-irmãos, além de estimar a herdabilidade e o ganho por seleção (Carvalho et al., 2003), sendo essas estimativas de parâmetros importantes para tomada de decisão.

Para milho verde, são poucos os trabalhos que exploram as ferramentas disponíveis de genética quantitativa. Porém, para outros tipos de milho, como granífero e pipoca, já existem programas de melhoramento consolidados. Assim, é importante que as estratégias já utilizadas por estes programas sejam analisadas, podendo ser implementadas para milho verde.

Herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais utilizados, sempre está presente nas expressões relacionadas a predição de ganhos dos métodos de melhoramento mais utilizados. É basicamente a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total, ou seja, estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Ramalho et al., 2012).

Ferreira et al. (2009) avaliaram o potencial de progênies de irmãos germanos para milho verde e encontraram herdabilidade variando de 60% para comprimento de espigas a 46% para diâmetro de espigas. Esses resultados foram baixos comparados a outros trabalhos como o de Rodrigues (2007), que encontrou herdabilidade de 89% e 59% para comprimento e diâmetro de espiga, respectivamente.

A estimação de parâmetros e os componentes da variância servem como referência para a escolha do melhor método de condução e seleção das populações e o índice de seleção adequado para que esta não perca variabilidade e conseqüentemente não diminua seu ganho de seleção ao longo das gerações.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO

3.1.1 Populações

Foram utilizadas três populações (S_0) de base genética distintas, sendo uma variedade sintética de milho UFG-Samambaia, uma população formada pelo cruzamento entre as gerações F_2 's de dois híbridos comerciais AG8060 e FORT e uma população obtida do cruzamento dos híbridos DKB390 e BM709.

A variedade sintética UFG-Samambaia (P1) desenvolvida na UFG é adaptada às condições ambientais do estado de Goiás. Foi obtida por meio do cruzamento entre oito

híbridos: C-901, C-701, G-85, AG-7391, P-3041, Z-8452, BR-201 e PL-30X12, sendo apenas o último híbrido experimental. Os híbridos foram recombinados pelo método Irlandês por três gerações nos anos de 1995 e 1996, posteriormente passaram por um ciclo de seleção massal disruptiva para tipo de grão. Esse processo originou duas populações, UFG- Samambaia, a primeira “Flint” de grãos duro e segunda de grãos mais moles denominada UFG- Samambaia “Dent” (Reis, 2000).

A segunda população (P2) formada a partir do cruzamento de F₂ de dois híbridos comerciais, AG 8060 (híbrido simples - grão duro) e FORT (híbrido simples - grão semiduro), considerados híbridos de alto potencial produtivo, excelente qualidade de grãos e adaptados a altitudes maiores que 700 m. Esta população foi gentilmente cedida pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC).

A terceira população (P3) formada a partir do cruzamento dos dois híbridos DKB390 (híbrido simples - grãos duro) e BM709 (híbrido simples - grão semidentado) que foram autofecundados. Estes híbridos possuem alto potencial produtivo, de adaptação ampla a diferentes tipos de solo, épocas de plantio e manejo, de boa qualidade de grãos e precoce.

3.1.2 Obtenção das progênies

As progênies S₁ das três populações S₀ foram obtidas na primeira safra de 2018/2019. Para isso foram semeadas quatro linhas de cinco metros, que após o desbaste totalizaram 25 plantas por linha.

As plantas das três populações foram autofecundadas para obter as progênies S₁. A autofecundação consiste no acasalamento dirigido dos gametas masculinos aos gametas femininos da mesma planta, de forma artificial. Quando iniciou o florescimento feminino das plantas, realizou-se o isolamento da parte feminina (espigas), para que não ocorresse a contaminação de pólen estranho. No momento em que o pendão (parte masculina da planta) começou a florescer, o mesmo foi coberto com saco de papel. Posteriormente o saco contendo os grãos de pólen foi direcionado a espiga da mesma planta. O número de plantas que produziram sementes oriundas das autofecundações

variou entre as populações. Assim, de cada população foram colhidas as espigas das plantas autofecundadas, formando as progênies S_1 .

3.2 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS

O experimento de avaliação das progênies S_1 foi conduzido na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO (16°35'48''S; 49°16'39''O; altitude 730m), em sistema convencional, sob irrigação de pivô central, na segunda safra de 2018/19.

Foram avaliadas 75 progênies S_1 da população UFG-Samambaia (P1), 45 progênies S_1 da população AG8060 F_2 X FORT F_2 (P2), 71 progênies S_1 da população DKB390 X BM709 (P3), duas testemunhas comerciais, AG 1051 e BM3061 (recomendadas para milho verde) e as três populações em geração S_0 . O delineamento utilizado foi em látice triplo 14x14 com parcelas de uma linha de quatro metros. O espaçamento entre linhas foi de 80 cm e 15 plantas por parcela foram deixadas após desbaste, para obter um estande final de 46.875 plantas ha^{-1} .

A adubação de plantio foi feita com 300 kg ha^{-1} de N-P-K (nitrogênio, fósforo e potássio), formulação 5-25-15, e a adubação de cobertura, com 90 kg de nitrogênio ha^{-1} na forma de ureia. As plantas daninhas, pragas e doenças foram manejadas com aplicação de herbicidas, inseticidas e fungicidas seletivos indicados para o milho, de acordo com a época de interferência e o nível de dano econômico apresentado.

Os caracteres avaliados foram divididos em duas classes.

a) Agronômicos:

- Peso de espigas empalhadas em toneladas por hectare (PE): peso de todas espigas da parcela, empalhadas, convertidas para toneladas por hectare;
- Quebramento e acamamento (QA): porcentagem de plantas quebradas ou acamadas em cada parcela;
- Florescimento feminino (FF): número de dias da semeadura até que 50% das plantas tenham o estilo-estigma emitido;
- Florescimento masculino (FM): quantidade de dias da semeadura até que 50% das plantas estejam liberando pólen;

- Altura de plantas (AP): altura média de cinco plantas representativas da parcela após o florescimento masculino, medindo a distância do nível do solo até a inserção da folha bandeira, em centímetro;
- Altura de espigas (AE): altura média de cinco plantas representativas da parcela após o florescimento masculino, medindo a distância do nível do solo até a base da primeira espiga, em centímetro;
- Posição relativa da espiga (PR): média da razão entre altura de espigas e altura de plantas dos mesmos indivíduos.

b) Qualidade de espigas:

- Peso de Massa de grãos (PM): obtida pelo peso da massa dos grãos de cinco espigas, rente à espiga, com auxílio de ralador, convertido para quilograma por hectare.
- Peso de espigas sem palha (PS): peso de cinco espigas aleatórias que foram despalhadas, convertido para quilograma por hectare;
- Comprimento de espigas sem palha (CS): comprimento médio em centímetros de cinco espigas da parcela tomadas ao acaso;
- Diâmetro de espigas (DE): diâmetro de cinco espigas da parcela tomadas ao acaso;
- Empalhamento das espigas (EE): média de notas dadas a cinco espigas da parcela, seguindo uma escala de notas (Figura 1) que são classificadas em; 1 (empalhamento excelente), 2 (palhas com fechamento incompleto), 3 (espiga exposta), 4 (grãos expostos) e 5 (muitos grãos expostos), de acordo com CIMMYT, (1999);
- Alinhamento de grãos na espiga (AL): média de notas dadas a cinco espigas da parcela, seguindo uma escala de notas (Figura 2) que são classificadas em; 1 (reto), 2 (levemente curvada), 3 (expiral) e 4 (irregular), proposto por Santos et al. (2005);
- Cor dos Grãos da espiga (CG): média de notas dadas a cinco espigas da parcela, seguindo uma escala de notas (Figura 3) que são classificadas em; 1 (creme), 2 (amarelo claro), 3 (amarelo), 4 (amarelo escuro) e 5 (laranja), de acordo com a escala proposta por Albuquerque et al. (2008).

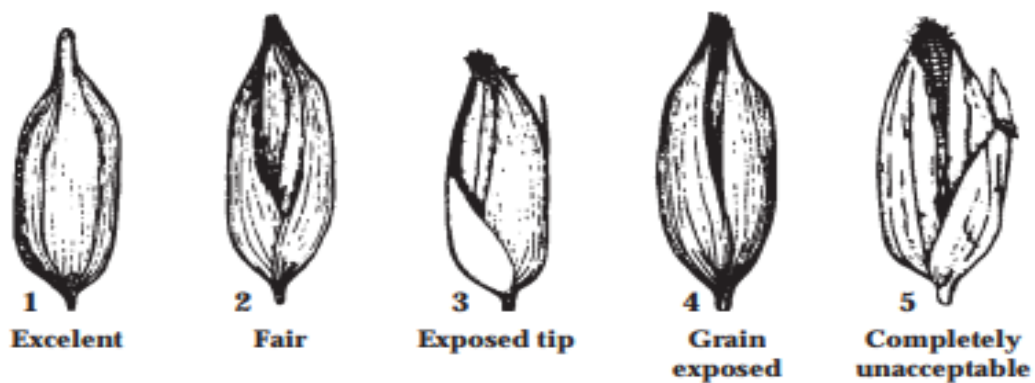


Figura 1. Escala de notas para avaliação de empalhamento de espigas de acordo com CIMMYT, (1999);



Figura 2. Escala de notas para avaliação de alinhamento de espigas de milho verde (Santos et al. 2005)

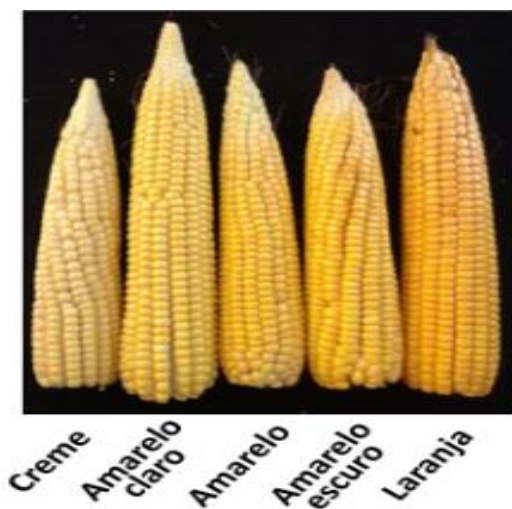


Figura 3. Escala de notas para avaliação de cor de grãos de milho verde (Albuquerque et al. 2008).

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

3.3.1 Modelos mistos

As análises estatísticas foram processadas utilizando-se o software R Core Team (2019) e os pacotes agricolae, lme4, lsmean e emmeans. Foi utilizada a metodologia de modelos mistos via REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Predictor*). Os tratamentos foram desdobrados em efeito progênes S_1 , efeito de cada S_1 dentro de S_0 , entre cada grupo S_1 , entre as três S_0 , entre testemunhas e progênes vs populações S_0 vs testemunhas.

O seguinte modelo foi utilizado para se analisar todas as três populações S_0 :

$$y = Xr + Zg + e$$

em que:

y é o vetor de observações da característica avaliada;

r é o vetor dos efeitos fixos de repetições e S_0 somados à média geral;

g é o vetor dos efeitos aleatórios de testemunhas e blocos dentro de repetições;

e é o vetor de efeito aleatório do erro;

X e Z representam as matrizes de incidência para os efeitos de r e g , respectivamente $y =$

Esse mesmo modelo também foi utilizado para analisar conjuntamente todas as progênes S_1 . Para tanto, foram adicionados aos efeitos fixos os efeitos de populações S_0 (P1, P2 e P3, ou seja, os genitores que deram origem as progênes S_1) e nos efeitos aleatórios, ao invés de populações S_0 , foram utilizadas progênes S_1 .

Posteriormente, para se analisar individualmente os grupos de progênes S_1 (P1, P2 e P3) foi utilizado o seguinte modelo misto:

$$y = Xr + Zg + e$$

em que:

y é o vetor de observações da característica avaliada;

r é o vetor dos efeitos fixos de repetições somados à média geral;

g é o vetor dos efeitos aleatórios de progênes S_1 e blocos dentro de repetições;

e é o vetor de efeito aleatório do erro;

X e Z representam as matrizes de incidência para os efeitos de r e g , respectivamente.

A significância das estimativas dos efeitos aleatórios de todos os modelos anteriormente descritos foi testada por meio do teste de verossimilhança LTR (*Likelihood Test Ratio*). Desta forma, foram comparados dois modelos: um modelo geral (M_g) com todas as possíveis variáveis explicativas, contra um modelo reduzido (M_r), idêntico ao primeiro modelo sem o parâmetro a ser testado. O LTR testa a hipótese nulidade ($H_0: M_{G(\text{modelo geral})} = M_{r(\text{modelo restrito})}$), contra a hipótese alternativa ($H_a: Mg \neq Mr$), ou seja, se a redução do modelo geral produz uma elevação significativa na *deviance*, o que indica que esta redução explica parte da variação total.

A partir dos modelos mistos para análises individuais e conjuntas foram ainda obtidas as médias BLUP para todos os caracteres. Especificamente para testemunhas, o modelo misto foi utilizado apenas para a obtenção de médias BLUE:

$$y = Xr + Zg + e$$

em que:

y é o vetor de observações da característica avaliada;

r é o vetor dos efeitos fixos de repetições somados à média geral;

g é o vetor dos efeitos aleatórios de testemunhas e blocos dentro de repetições;

e é o vetor de efeito aleatório do erro;

X e Z representam as matrizes de incidência para os efeitos de r e g , respectivamente

3.3.2 Estimação de parâmetros genéticos

As estimativas dos componentes de variância foram estimadas via REML/BLUP automaticamente pelo pacote lme4-R para os efeitos aleatórios de cada um dos modelos mistos anteriormente descritos. Posteriormente, essas estimativas foram utilizadas para obter os seguintes parâmetros genéticos:

a) Coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, com base na média das progênes de todas as populações.

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

Para avaliação da precisão e qualidade de experimentos foram calculadas as estimativas dos seguintes parâmetros (Resende & Duarte, 2007):

b) Acurácia seletiva (A.S.).

$$A.S. = (\sqrt{h^2}) \times 100$$

c) Coeficiente de variação experimental (CVe) expresso em porcentagem.

$$CVe = \frac{\sqrt{\sigma_E^2}}{m} \times 100$$

em que m representa a média geral do experimento.

d) Coeficiente de variação genotípica (CVg)

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

3.3.3 Estimação da contribuição de locos em homozigose e heterozigose

A partir das médias BLUPs das progênies S_0 e S_1 foram calculados os componentes de médias $m+a'$ e d , utilizando procedimento semelhante à Vencovsky (1987).

a) Contribuição dos locos em homozigose ($m+a$).

$$m + a = 2\bar{S}_1 - \bar{S}_0$$

b) Contribuição dos locos em heterozigose (d).

$$d = 2(\bar{S}_0 - \bar{S}_1)$$

c) Depressão por endogamia (DE%).

$$DE\% = 100x\left(\frac{\overline{S_0} - \overline{S_1}}{\overline{S_0}}\right)$$

As análises foram realizadas utilizando o software estatístico R Core Team (2019).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

Houve variabilidade entre as três populações S_0 apenas para peso de espiga e peso de espiga sem palha (Tabela 1). O primeiro é um caráter de importância agrônômica e o segundo está associado aos aspectos de qualidade de espigas. Estas populações são bem distintas em termo de base genética, assim espera-se que, apesar de serem divergentes em apenas dois caracteres, possam originar variabilidade entre as progênies após a autofecundação. Para as progênies S_1 , apenas o caráter quebramento e acamamento não apresentou diferença significativa. Isso mostra a possibilidade de sucesso em trabalhar com estas populações.

Os parâmetros genéticos como variância genética e herdabilidade permitem antever o potencial de sucesso na seleção de características visando à produção de milho verde (Rodrigues et al., 2011). Estimativas de herdabilidades altas ($> 0,50$) foram encontradas para os caracteres peso de espigas, florescimento feminino, florescimento masculino, peso de espigas sem palha e diâmetro de espiga (Tabela 1). Isso mostra que de maneira geral as populações possuem potencial de ganhos para esses caracteres que são muito importantes no melhoramento para milho verde.

De maneira geral, o desempenho das progênies S_1 foi pior que S_0 , com exceção dos caracteres empalhamento de espigas e cor de grãos. Porém, isto já era esperado, uma vez

que com a autofecundação ocorre a depressão por endogamia, o que causa redução no desempenho das plantas.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos entre populações S_0 e progênes S_1 para os caracteres agrônômicos e de qualidade de espigas, peso de espigas (PE, em $t.ha^{-1}$), altura de plantas (AP, em cm), altura de espigas (AE, em cm), posição relativa da espiga (PR), quebramento e acamamento (QA), florescimento feminino (FF, em dias), florescimento masculino (FM, em dias) peso de massa (PM, em $kg.ha^{-1}$), peso de espigas sem palha (PS, em $kg.ha^{-1}$), comprimento de espigas sem palha (CS, em cm), diâmetro de espigas (DE, em cm), alinhamento de espigas (AL), empalhamento de espigas (EM) e cor de grãos (CG). Goiânia, GO, 2019.

Caráter	Genótipos	Deviance	μ	σ_g^2	h^2
Caracteres agrônômicos					
PE	S_0	41,60*	12,37	6,25	0,82
	S_1	2675,20**	7,10	1,70	0,56
AP	S_0	68,96	183,78	-	-
	S_1	4746,40**	169,38	56,12	0,53
AE	S_0	66,38	95,11	-	-
	S_1	4482,10**	92,62	59,16	0,71
PR	S_0	-37,23	0,52	-	-
	S_1	-1843,60**	0,55	1,07	0,72
QA	S_0	58,47	5,14	-	-
	S_1	4362,70	7,83	-	-
FF	S_0	39,45	58,56	-	-
	S_1	2862,30**	61,89	3,49	0,68
FM	S_0	37,02	60,44	-	-
	S_1	2972,60**	63,60	3,22	0,58
Caracteres de qualidade de espigas					
PM	S_0	128,98	3837,43	-	-
	S_1	9135,70**	1587,71	125700	0,48
PS	S_0	130,11**	5680,55	957340	0,84
	S_1	9512,1**	3658,61	500633	0,73
CS	S_0	32,98	20,27	-	-
	S_1	2739,5**	16,43	3,30	0,74
DE	S_0	4,90	4,28	-	-
	S_1	571,36**	3,77	0,05	0,62
AL	S_0	6,39	1,73	-	-
	S_1	1328,60*	2,59	0,05	0,24
EM	S_0	23,48	2,62	-	-
	S_1	1252,10**	2,12	0,17	0,58
CG	S_0	25,10	2,91	-	-
	S_1	1095,00**	1,88	0,06	0,36

*, **: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste LTR; μ : média; σ_g^2 : variância genética; h^2 : herdabilidade.

Observa-se que os coeficientes de variação ambiental (Tabelas 2 e 3) de modo geral, apresentaram valores satisfatórios para a cultura do milho (Scapim et al., 1995). Valores semelhantes são encontrados na literatura, indicando boa precisão experimental e assim estimativa de parâmetros mais confiáveis. Segundo Câmara et al. (2007), estimativas de herdabilidade de alta magnitude podem ser encontradas quando há alta variabilidade genética e baixo erro experimental. Portanto, boa precisão experimental permite a eficiência da seleção.

As três populações possuem grandes variações entre as estimativas dos parâmetros de suas progênies, devido principalmente a variabilidade genética decorrente de suas bases genéticas de formação (Tabela 2 e 3).

A população P1 apresentou diferença significativa entre suas progênies S₁ para quase todos os caracteres agronômicos, com exceção de quebramento e acamamento de plantas (Tabela 2). Para esse, não foi encontrado diferença significativa em nenhuma das populações analisadas. A baixa variação genética, aliada à média baixa, que é o ideal para este caráter, indica que não existe necessidade de incluí-lo no processo de seleção de genótipos superiores.

Dentre as três populações, a P1, em geral apresentou maiores estimativas de variância genética e herdabilidade para os caracteres agronômicos, destacando altura de plantas, altura de espigas, posição relativa de espigas, florescimento masculino e feminino com estimativas maiores que 60%. Isso favorece a seleção durante o melhoramento (Rodrigues et al., 2011 e Crispim Filho et al., 2018).

As progênies da população P2 apresentaram variabilidade para poucos caracteres, como altura de espigas, posição relativa da espiga, florescimento feminino. Porém, as médias em geral foram maiores que as médias da P1, indicando que esta população tem maior frequência de alelos favoráveis para esses caracteres. Pelas estimativas de herdabilidade, os caracteres que se destacaram foram altura de espigas e florescimento feminino, com estimativas de 51,04% e 99,88%, respectivamente.

A população P3 apresentou diferença significativa apenas para o caráter posição relativa da espiga. As suas estimativas de variabilidade genética e herdabilidade foram as menores entre as três populações. Apesar disso, médias altas, próximas às médias das testemunhas, indicam que esta população possui alto potencial para programas de melhoramento interpopulacional.

Tabela 2. Componentes de variância de progênies S₁ de três populações para os caracteres agronômicos: peso de espiga (PE, em t.ha⁻¹), altura de plantas (AP, em cm), altura de espigas (AE, em cm), posição relativa da espiga (PR), quebramento e acamamento (QA), florescimento feminino (FF, em dias) e florescimento masculino (FM, em dias). UFG, Goiânia, GO, 2019.

Caráter	Prog.	Deviance	σ_g^2	h ² %	μ	A.S	CVe	CVg
PE	P1	955,66**	1,82	57,59	5,73	76,02	34,78	23,50
	P2	662,76	-	-	7,55	46,44	26,43	-
	P3	979,41	-	-	8,34	40,06	23,91	-
AP	P1	1881,2**	126,05	71,74	166,26	84,96	7,34	6,82
	P2	1111,2	-	-	169,09	0,00	7,22	-
	P3	1775,2	-	-	172,06	37,96	7,09	-
AE	P1	1745,2**	64,07	72,16	88,26	84,95	9,76	9,07
	P2	993,85**	25,77	51,04	89,09	71,45	9,67	5,73
	P3	1647,00	-	-	99,12	53,33	8,69	-
PR	P1	-742,06**	0,95	69,72	0,53	83,69	6,57	5,80
	P2	-481**	0,0004	0,10	0,52	3,11	6,87	3,81
	P3	-777,36*	0,0002	0,06	0,58	2,45	5,89	2,73
QA	P1	1745,3	-	-	9,23	0,50	94,17	-
	P2	1045,1	-	-	8,92	42,02	114,46	-
	P3	1561,30	-	-	5,23	0,08	195,20	-
FM	P1	1033,28**	2,57	61,47	60,31	78,4	2,88	2,66
	P2	637,58	-	-	61,79	40,79	3,55	-
	P3	1005,10	-	-	63,66	54,45	3,45	-
FF	P1	1179,8**	3,92	62,79	63,17	79,24	4,18	3,14
	P2	672,06*	1,98	99,88	62,78	99,94	4,21	2,24
	P3	1066,00	-	-	64,62	52,35	4,09	-

*, **: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste LTR; σ_g^2 : variância genética; h²%: herdabilidade; μ : média Blup; A.S.: acurácia seletiva; CVg: coeficiente de variação genética; CVe: coeficiente de variação ambiental.

A população P1, assim como nos caracteres agronômicos, apresentou diferença significativa entre suas progênies para todos os caracteres de qualidade de espigas, exceto para alinhamento de grãos (Tabela 3). Esse comportamento pode ser explicado pela alta

variabilidade genética entre as progênies, que ocasiona também maior estimativa de herdabilidade, destacando peso de massa, peso de espiga sem palha, comprimento de espiga sem palha e diâmetro de espiga. Isso indica presença de variabilidade genética a ser explorada e ganhos em caracteres de interesse, indicando a P1 com bom potencial para ser incluída em programas de melhoramento de milho verde.

Para as progênies das populações P2 e P3 houve diferença significativa apenas para empalhamento de espiga entre os caracteres de qualidade de espigas. Porém, apenas a P3 apresentou alta estimativa de herdabilidade para este caráter. As duas populações não teriam potencial para o melhoramento intrapopulacional, mas devido às altas médias, próximas às médias das testemunhas (Tabela 4), podem ser utilizadas no melhoramento interpopulacional. A P3 apresentou melhores médias para os caracteres em geral. Isso mostra que já é uma boa população, podendo ser utilizada em programas de melhoramento.

Tabela 3. Componentes de variância de progênies S₁ de três populações para os caracteres de qualidade de espiga: peso de massa (PM, em kg.ha⁻¹), peso de espigas sem palha (PS, em kg.ha⁻¹), comprimento de espigas sem palha (CS, em cm), diâmetro de espigas (DE, em cm), alinhamento de espigas (AL), empalhamento de espigas (EM) e cor de grãos (CG). Goiânia, GO, 2019.

Caráter	Prog.	Deviance	σ_g^2	h ² %	μ	A.S	CVe	CVg
PM	P1	3537,2**	233768	94,53	1413,52	97,22	45,05	34,20
	P2	2132,6	-	-	1679,23	0	37,77	-
	P3	3452,4	-	-	1716,94	34,21	34,73	-
PS	P1	3574,5**	274163	60,19	2844,72	77,58	25,93	18,41
	P2	2245,5	-	-	4057,75	53,61	18,18	-
	P3	3478,7	-	-	4258,50	0,04	17,32	-
CS	P1	1019,2**	2,75	70,71	14,95	84,09	12,37	24,71
	P2	610,17	-	-	16,81	51,77	2,94	-
	P3	929,21	-	-	17,86	26,58	11,72	-
DE	P1	252,99**	0,09	74,32	3,62	86,21	8,53	8,38
	P2	117,39	-	-	3,86	0	8,01	-
	P3	142,26	-	-	3,87	43,56	7,97	-
AL	P1	507,63	-	-	2,75	43,72	26,26	-
	P2	286,89	-	-	2,66	0,16	27,11	-
	P3	495,88	-	-	2,38	22,05	30,40	-
EM	P1	428,5*	0,08	38,40	1,84	61,96	32,89	14,99
	P2	278,9**	0,13	99,91	2,16	99,95	28,08	16,66
	P3	446,98*	0,08	39,72	2,41	63,02	25,17	11,79
CG	P1	454,49**	0,14	56,22	2,03	74,98	28,30	18,51
	P2	266,35	-	-	1,79	50,63	32,17	-
	P3	351,79	-	-	1,78	1,14	32,34	-

*, **: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste LTR; σ_g^2 : variância genética; h²%: herdabilidade; μ : média Blup; A.S.: acurácia seletiva; CVg: coeficiente de variação genética; CVe: coeficiente de variação ambiental.

Rodrigues et al. (2011) avaliaram linhagens e híbridos quanto a diâmetro de espigas e cor de grãos, usando a mesma escala de notas utilizada neste trabalho. Para esses caracteres encontraram alta herdabilidade. A população que mais se aproximou aos genótipos utilizados por eles foi a P1, apresentando 74,32% e 56,22% de herdabilidade.

Isso mostra que apesar de não ter as melhores médias, a P1 possui potencial para ser inserida em programas de melhoramento.

As populações não apresentaram variância genética para o caráter alinhamento de grãos, porém com médias adequadas para o mercado (nota 2: levemente curvada) e semelhante as encontradas em híbridos (Santos et al., 2005). Para essas populações, não é necessário esforços para selecionar espigas com melhor alinhamento de grãos.

As características relacionadas à qualidade de espigas, principalmente comprimento e diâmetro de espigas e cor de grãos merecem maior cuidado durante o programa de melhoramento, pois assim como as hortaliças, o milho verde é destinado à alimentação humana e a aceitação pelos consumidores é decisiva para a cultivar permanecer no mercado. Sendo assim, as espigas devem ter comprimento maior que 15 cm, e diâmetro superior a 3 cm com cor variando entre creme (nota 1) a amarelo claro (nota 2) (Pereira Filho, 2002).

Doná (2010) avaliou a geração F₂ dos híbridos AG8060 e Fort, genitores da P2 deste trabalho, e encontrou comprimentos de espigas iguais a 15,77 e 15,17 cm, altura de planta 218,67 e 220,33 cm, altura de espiga 121,67 e 141,33 cm, respectivamente. No presente trabalho as médias da população P2 foram mais adequados em relação aos resultados encontrados por Doná (2010), com médias de 16,81 cm de comprimento de espigas, 169,09 cm de altura de plantas e 89,09 cm de altura de espigas. A formação de uma população a partir do cruzamento dos genótipos utilizados (AG8060 e FORT) apresentaram melhoras mesmo que discretas nesses caracteres.

Alinhamento, empalhamento de espigas e cor de grãos foram avaliados por escalas de notas, conforme mencionado anteriormente, sendo que menores médias são desejadas. Para empalhamento de espigas na população P1 o valor 1,84 teve melhor desempenho até mesmo que as testemunhas (2,13). Para os outros dois caracteres, a população P3 teve melhor desempenho com notas de 2,38 (alinhamento de grão) e 1,78 (cor de grãos) e na P2 os valores foram mais altos, de 2,66 e 1,79 respectivamente. Santos et al. (2005), em sistema de cultivo orgânico, analisaram 10 cultivares e estas tiveram medias de empalhamento igual a 2,00.

Albuquerque et al. (2008) avaliaram híbridos comerciais e experimentais utilizando a mesma escala de notas, encontraram valores de 2,75 para cor de grãos. Esses dados informam que as populações já possuem cor de grãos ideal para o mercado de milho verde, não sendo necessário promover seleção para esse caráter.

Em comparação com as testemunhas (Tabela 4), observa-se que as populações têm ciclo mais longo, porém o intervalo de florescimento das mesmas é menor (favorecendo a fecundação e produção de grãos), já que as testemunhas tiveram o florescimento masculino com 56 dias e o florescimento feminino com 62,5 dias. O intervalo encontrado na P1 (2,8 dias), provavelmente não prejudicou sua produção de grãos. A P2 (Tabela 2) foi a população que mais se assemelhou ao ciclo da testemunha, com florescimento dentro do intervalo em que a testemunha floresceu (Tabela 4).

Tabela 4. Médias BLUP das progênies S_1 e médias BLUE das testemunhas (\bar{X}_T), média do híbrido AG1051 (\bar{X}_{11}) e média do híbrido BM3061 (\bar{X}_{12}) para os caracteres agrônômicos e de qualidade de espigas: peso de espigas (PE, em t.ha⁻¹), altura de plantas (AP, em cm), altura de espigas (AE, em cm), posição relativa da espiga (PR), quebramento e acamamento (QA), florescimento feminino (FF, em dias), florescimento masculino (FM, em dias) peso de massa (PM, em kg.ha⁻¹), peso de espigas sem palha (PS, em kg.ha⁻¹), comprimento de espigas sem palha (CS, em cm), diâmetro de espigas (DE, em cm), alinhamento de espigas (AL), empalhamento de espigas (EM) e cor de grãos (CG). Goiânia, GO, 2019.

Caráter	S_1			\bar{X}_{11}	\bar{X}_{12}
	P1	P2	P3		
PE	5,73	7,55	8,34	13,30	11,12
AP	166,26	169,09	172,06	186,20	174,33
AE	88,26	89,09	99,12	98,67	99,67
PR	0,53	0,52	0,58	0,53	0,57
QA	9,23	8,92	5,23	1,85	2,08
FM	60,31	61,79	63,66	56,00	56
FF	63,17	62,78	64,62	60,67	64,33
PM	1413,52	1679,23	1716,94	4118,75	3650,0
OS	2844,72	4057,75	4258,50	5337,5	5081,25
CS	14,95	16,81	17,86	19,33	18,31
DE	3,62	3,86	3,87	4,51	4,54
AL	2,75	2,66	2,38	1,60	2,4
EM	1,84	2,16	2,41	1,93	2,33
CG	2,03	1,79	1,78	2,60	1,67

*, ** : significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste LTR; \bar{X}_T : médias das testemunhas; \bar{X}_{11} : médias da testemunha AG1051; \bar{X}_{12} : médias da testemunha BM 3061.

De modo geral, as três populações apresentaram bons resultados para o melhoramento visando produção de milho verde. A população P1 com baixas médias, porém, com alta variabilidade genética; e P2 e P3 com boas médias e menor variabilidade genética. Sendo assim, é possível obter ganhos consistentes com o emprego de estratégia de seleção específicas para cada uma das populações.

4.2 COMPONENTES DE MÉDIA E DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA

Segundo Vencovsky & Barriga (1992), uma seleção de linhagens vigorosas pressupõe a existência de uma dispersão ou variação genética entre elas. Tal dispersão é causada por diferentes tipos de componentes genéticos da variação genotípica total, presente na população base. Porém, Cockerham (1983) afirma que não é tarefa fácil descrever o perfil completo de uma população, quanto à natureza da variabilidade genética que ela possui, para aquilatar seu potencial como fonte de linhagens. Uma maneira de fazer isso é conhecer a depressão endogâmica das populações quando submetidas à autofecundação.

A redução do valor fenotípico das plantas alógamas que passam por processo de autofecundação é ocasionado pela depressão por endogamia, aumento dos locos em homozigose e redução dos locos em heterozigose. Esse fenômeno ocorre devido ao aumento da carga genética, que é a expressão dos alelos recessivos deletérios em homozigose e redução de locos em heterozigose. Portanto, para estudar esse efeito nas populações é importante também estimar a contribuição dos locos em homozigose ($m+a$) e em heterozigose (d).

Pode-se inferir que a estimativa da depressão por endogamia seja proveniente da contribuição de locos em heterozigose (d) na população. Assim, na comparação de duas populações, para obtenção de linhagens, a população com maior estimativa de d terá maior depressão por endogamia. Entretanto, na avaliação do material genético, é importante considerar tanto o efeito aditivo e o efeito de dominância, relacionado ao nível de endogamia (Botelho et al., 2016).

As estimativas das contribuições de locos em homozigose ($m+a$) foram maiores que as contribuições de locos em heterozigose (d) na maioria dos caracteres nas

três populações, exceto peso de espigas, peso de massa, peso de espigas sem palha e cor de grãos, que tiveram maior contribuição de locos em heretozigose (Tabela 5 e 6).

Para os caracteres que tiveram maiores estimativas de $m+a$, e as médias são agronomicamente adequadas e havendo menor depressão por endogamia, a população será considerada boa fonte de linhagens (Vencovsk & Barriga, 1992).

Analisando os resultados, para os caracteres agronômicos (Tabela 5), a P2 e P3 apresentam estas características para altura de plantas, altura de espiga e posição relativa de espiga. As populações P1 e P2 destacaram-se pelo florescimento feminino, mais precoce e menor depressão por endogamia. A P1 destacou-se para florescimento masculino, menor ciclo e menor depressão.

Para os caracteres de qualidade de espiga destacou-se o diâmetro de espiga nas três populações, comprimento de espiga nas P2 e P3 e empalhamento na P3. Assim para estas situações, as referidas populações são boas fontes de linhagens (Tabela 6).

Os valores negativos de $m+a$ indicam erros de estimação contidos, além do fato de que o modelo genético adotado é uma aproximação da realidade. Para os valores de d negativo, significa que a dominância está no sentido de diminuir as médias, o que ocorre para alguns caracteres (Tabela 5 e 6), o que é normalmente buscado nos programas de melhoramento.

As estimativas de depressão por endogamia variaram muito entre os caracteres agrônomicos, as maiores estimativas foram para peso de espiga, quebramento e acamamento. Depressão por endogamia altas (>que 30%) foram encontradas nos caracteres associados à produção, semelhante aos trabalhos de Farias Neto & Miranda Filho (2000), Simon et al. (2004), Viana (2007) e Kuki et al. (2017). Esses autores, a partir de vários estudos sobre depressão por endogamia e a observação de resultados semelhantes, concluíram que os efeitos gênicos de dominância em caracteres relacionados à produção são mais complexos e importantes em relação a outros caracteres, tais como altura de plantas, que tende a ser controlados por poucos genes (Botelho et al., 2016).

Assim, para os caracteres agrônômicos deve-se preocupar mais com a perda de vigor para produtividade, o que é muito comum nos programas de melhoramento de milho. Neste trabalho isso ocorreu nas três populações, embora apenas na P1 houve diferenças significativas entre as progênies, ou seja, para esta população deve-se buscar aumentar a frequências dos alelos favoráveis, principalmente para os caracteres peso de espiga, peso

de massa e peso de espiga sem palha. Para isso, deve-se utilizar o melhoramento intrapopulacional visando estes caracteres.

Tabela 5. Estimativas de componentes d, médias (m+a e d) e depressão por endogamia (DE%) com seus respectivos limites (inferior e superior), de caracteres agronômicos: peso de espiga (PE, em t.ha⁻¹), altura de plantas (AP, em cm), altura de espigas (AE, em cm), posição relativa da espiga (PR), quebraamento e acamamento (QA), florescimento feminino (FF, em dias) e florescimento masculino (FM, em dias) de progênies S₁ de três populações avaliadas em Goiânia, GO, 2019.

Caráter	POP	m+a	D	DE%
PE	P1	1,75 (1,23 - 2,28)*	8,27 (7,75 - 8,79)	41,26 (30,11 - 52,40)
	P2	2,82 (2,70 - 2,96)	9,45 (9,32 - 9,58)	38,48 (24,26 - 52,70)
	P3	1,84 (1,75 - 1,93)	12,96 (12,87 - 13,04)	43,78 (32,15 - 55,40)
AP	P1	149,01 (144,50 - 153,52)	37,24 (32,80 - 41,68)	10,00 (3,21 - 16,79)
	P2	158,95 (158,95 - 158,95)	20,29 (20,29 - 20,29)	5,66 (1,09 - 12,41)
	P3	158,19 (1,57,74 - 158,63)	27,67 (27,23 - 28,11)	7,44 (1,29 - 13,59)
AE	P1	84,81 (81,75 - 87,86)	8,42 (5,41 - 11,43)	4,52 (0,18 - 9,22)
	P2	87,53 (85,30 - 89,77)	3,13 (0,93 - 5,33)	1,73 (-2,08 - 5,53)
	P3	96,57 (95,89 - 97,24)	4,88 (4,21 - 5,54)	2,40 (-1,18 - 5,99)
PR	P1	0,57 (0,56 - 0,58)	-0,08 (0,09 - -0,06)	-7,64 (-13,65 - -1,63)
	P2	0,54 (0,53 - 0,55)	-0,03 (-0,04 - -0,03)	-3,26 (-8,45 - 1,93)
	P3	0,60 (0,60 - 0,61)	-0,06 (-0,06 - -0,05)	-5,10 (-10,25 - 0,05)
QA	P1	10,87 (10,87 - 10,87)	-3,29 (-3,29 - -3,29)	-21,73 (-31,06 - 12,40)
	P2	12,45 (11,83 - 13,08)	-7,03 (-7,65 - -6,42)	-64,93 (-78,87 - -50,99)
	P3	8,03 (8,03 - 8,03)	-5,60 (-5,60 - -5,60)	-115,15 (-115,15 - -115,15)
FM	P1	63,72 (63,16 - 64,28)	-6,79 (-7,34 - -6,23)	-5,96 (-11,32 - -0,60)
	P2	65,48 (65,33 - 65,63)	-7,40 (-7,55 - -7,25)	-6,37 (-13,51 - 0,76)
	P3	66,67 (66,47 - 66,87)	-6,02 (-6,22 - -5,82)	-4,96 (-10,05 - 0,12)
FF	P1	66,04 (65,32 - 66,75)	-5,60 (-6,3 - -4,89)	-4,63 (-9,39 - 0,13)
	P2	65,09 (64,51 - 65,67)	-4,67 (-5,24 - -4,11)	-3,87 (-9,50 - 1,77)
	P3	68,67 (68,45 - 68,90)	-8,20 (-8,42 - -7,98)	-6,78 (-12,67 - -0,89)

() : números entre parênteses correspondem aos intervalos de confiança com 95% de confiança.

Para os caracteres de qualidade os valores de depressão foram altos para a maioria dos caracteres, variando de 11,33% a 63,01% (Tabela 6). A P1 apresentou os

maiores valores, principalmente para os caracteres peso de massa, comprimento de espiga sem palha, alinhamento de grãos e empalhamento de espigas. São caracteres pouco estudados no melhoramento do milho, porém, fundamentais para a cultura de milho verde. Portanto, identificar populações que permitam o avanço em caracteres específicos, pode contribuir para o desenvolvimento de genótipos mais promissores.

Tabela 6. Estimativas de contribuição dos componentes de médias (m+a e d) e depressão por endogamia (DE%) com seus respectivos limites (inferior e superior), de caracteres de qualidade de espiga: peso de massa (PM, em kg.ha⁻¹), peso de espigas sem palha (PS, em kg.ha⁻¹), comprimento de espigas sem palha (CS, em cm), diâmetro de espigas (DE, em cm), alinhamento de espigas (AL), empalhamento de espigas (EM) e cor de grãos (CG) de progênes S₁ de três populações avaliadas em Goiânia, GO, 2019.

Caráter	POP	m+a	d	DE%
PM	P1	-998,30 (-1176,89 - -819,72)	4835,74 (4659,85 - 5011,63)	63,01 (52,08 - 73,93)
	P2	-479,97 (-479,97 - -479,97)	4316,40 (4316,40 - 4316,40)	56,24 (41,75 - 71,74)
	P3	-397,76 (-416,5 - -379,02)	4235,19 (4216,73 - 4253,65)	55,18 (43,53 - 66,83)
PS	P1	1130,16 (936,07 - 1324,25)	3448,49 (3257,83 - 3640,15)	37,66 (26,69 - 48,63)
	P2	-118,43 (-412,57 - 175,70)	6175,24 (5885,54 - 6464,95)	50,98 (36,37 - 65,58)
	P3	2111,28 (1735,15 - 2487,41)	4294,42 (3926,96 - 4664,88)	33,52 (22,46 - 44,56)
CS	P1	10,65 (10,00 - 11,29)	9,08 (8,44 - 9,71)	23,01 (13,49 - 32,53)
	P2	13,46 (13,28 - 13,63)	6,70 (6,54 - 6,88)	16,63 (5,75 - 27,51)
	P3	14,81 (14,78 - 14,85)	6,10 (6,07 - 6,13)	14,59 (6,32 - 22,85)
DE	P1	4,56 (4,50 - 4,62)	0,93 (0,81 - 1,05)	11,33 (4,16 - 18,51)
	P2	4,85 (4,85 - 4,85)	1,00 (1,00 - 1,00)	11,44 (2,14 - 20,74)
	P3	4,88 (4,87 - 4,88)	1,00 (0,98 - 1,02)	11,41 (3,96 - 18,85)
AL	P1	3,77 (3,73 - 3,81)	-2,04 (-2,08 - -2,00)	-58,82 (-69,96 - -47,68)
	P2	3,44 (3,44 - 3,44)	-1,57 (-1,57 - -1,57)	-41,69 (-56,09 - -27,28)
	P3	3,16 (3,15 - 3,17)	-1,58 (-1,58 - -1,57)	-49,58 (-61,29 - -37,86)
EM	P1	3,04 (3,00 - 3,08)	1,25 (1,18 - 1,33)	25,95 (16,03 - 35,87)
	P2	3,39 (3,32 - 3,47)	1,24 (1,08 - 1,39)	22,30 (10,14 - 34,46)
	P3	3,13 (3,09 - 3,18)	0,72 (0,64 - 0,80)	12,97 (5,10 - 20,84)
CG	P1	1,21 (1,08 - 1,34)	1,70 (1,58 - 1,83)	29,27 (18,97 - 39,57)
	P2	0,68 (0,63 - 0,72)	2,23 (2,19 - 2,28)	38,38 (24,17 - 52,60)
	P3	0,65 (0,65 - 0,65)	2,26 (2,26 - 2,26)	38,9 (27,48 - 50,32)

(): números entre parênteses correspondem aos intervalos de confiança com 95% de confiança.

Botelho et al. (2016) avaliaram a depressão por endogamia em gerações F_1 e S_0 , e encontraram redução de até 83,24% para peso de espiga sem palha, após a autofecundação. Também, Somera et al. (2018) observaram redução de até 79,45% no peso de grãos de progênies S_1 . De modo geral, essas altas taxas de depressão por endogamia podem comprometer a produção de híbridos, comprovando mais uma vez que para o caráter peso de espigas sem palha, a população P3 é a mais promissora para obtenção de linhagens de alto padrão, devido à sua menor sensibilidade aos efeitos de consanguinidade, o que viabiliza o desenvolvimento de híbridos promissores através de melhoramento interpopulacional.

Os resultados deste trabalho para estimativas de depressão por endogamia foram semelhantes aos estudos de Simon et al. (2004), Viana (2007) e Kuki et al. (2017) para produtividade de grãos e peso de massa do milho verde. Isso mostra que mesmo com altos valores de depressão por endogamia em alguns caracteres, isto não impede que estas populações sejam utilizadas em programas de melhoramento.

De maneira geral a P1 destacou-se como fonte de linhagens para os caracteres florescimento feminino e masculino e diâmetro de espiga. São caracteres que apresentaram variabilidade e boas médias, portanto, durante o processo de melhoramento intrapopulacional, novas combinações serão obtidas, além de melhorar os caracteres relacionados à produção agrônômica e de qualidade. Porém, o tempo dedicado a isso em relação às outras duas populações é maior, devido à baixa frequência de alelos favoráveis em caracteres importantes.

Nesta mesma linha de fonte de linhagens, a P2 destacou-se para altura de planta, altura de espiga, posição relativa de espiga, florescimento feminino, diâmetro de espiga e comprimento de espiga. A P3 destacou-se pelos mesmos caracteres de P2, exceto florescimento feminino, porém chamou a atenção para o caráter empalhamento de espiga.

Importante destacar que a altura de plantas, altura de espigas, florescimento masculino, florescimento feminino e posição relativa de espiga são alguns dos caracteres importantes no processo de produção de sementes de híbridos. Farias Neto & Miranda Filho (2000) obtiveram estimativas de $m+a$ para altura de plantas e altura de espigas em duas populações de milho semelhantes a este trabalho.

As progênies da P1 tiveram maiores contribuições dos locos em heterozigose nos caracteres altura de plantas, altura de espigas, peso de massa, comprimento de espigas sem palha, alinhamento de grãos e empalhamento, em que verificou-se maior variabilidade genética (Tabelas 2 e 3) conseqüentemente maior depressão por endogamia. Quanto maior a frequência de locos em heterozigose no material genético, maior a possibilidade de obter diferentes combinações de genes quando a homozigose total é alcançada (S_{∞}). É prevista depressão por endogamia se houver heterozigosidade (Botelho et al., 2016).

Apesar de serem obtidas de populações consideradas mais melhoradas, a depressão por endogamia ainda é alta para os caracteres associados à produção nas populações P2 e P3. A população P3 apresentou maiores estimativas de $m+a$ para maioria dos caracteres avaliados. Isso pode ser explicado pelo fato de suas médias (m) serem maiores que das outras populações (Tabelas 2 e 3), elevando sua estimativa de $m+a$.

As progênies da população P3 apresentaram menores taxas de depressão por endogamia comparada com as outras duas populações para os caracteres empalhamento de espigas, peso de massa, comprimento de espiga sem palha e peso de espigas sem palha (Tabela 6). Para esse último, as progênies S_1 de P3 tiveram redução de 33,52% do seu rendimento, comparadas com S_0 , o que é um valor baixo comparado com as outras populações. Como já mencionado, para esse caráter, a P3 além de apresentar menor taxa de depressão, teve maior contribuição de locos em homozigose que as outras populações, mostrando seu alto potencial, tanto *per se* quanto para a produção de híbridos.

De maneira geral, os caracteres de qualidade de espiga, importantes para produção de milho verde apresentaram maior depressão por endogamia que os caracteres agrônômicos. Isso mostra que, deve-se considerá-la a depressão por endogamia no processo de seleção, sendo necessário aumentar a frequência de alelos favoráveis ao longo do processo de melhoramento.

5 CONCLUSÕES

1. Para os caracteres que tiveram maiores estimativas de $m+a$, média adequada e menor depressão por endogamia, destacaram-se com potencial de extração de linhagens:

- P1 para florescimento feminino e masculino, diâmetro de espiga;
- P2 para altura de planta, altura de espiga, posição relativa de espiga, florescimento feminino, diâmetro de espiga e comprimento de espiga,
- P3 para altura de planta, altura de espiga, posição relativa de espiga, diâmetro de espiga, comprimento de espiga e empalhamento de espiga.

2. As três populações sofreram impactos quando submetidas a autofecundação devido aos efeitos da endogamia:

- A depressão por endogamia na P1 tem maiores índices para maioria dos caracteres: altura de plantas, altura de espigas, posição relativa da espiga, peso de massa, comprimento de espigas sem palha, alinhamento de espigas e empalhamento;
- Na P2, os caracteres florescimento masculino, peso de espigas sem palha e diâmetro de espigas apresentaram maiores índices.
- Na P3, os caracteres peso de espiga, florescimento feminino, quebramento e acamamento e cor de grão.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, R. G.; SILVA, R. da. S. Produtividade de híbridos de milho verde experimentais e comerciais. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 24, n. 2, p. 69-76, 2008.

BERNINI, C. S.; PARTENIANI, M. E. A. G. Z.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; GUIMARÃES, P. S.; ROVARIS, S. R. S. Depressão endogâmica e heterose de híbridos de populações F₂ de milho no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 217-223, 2013.

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

BOTELHO, F. B.; BRUZI, A. T.; LIMA, I. P.; RODRIGUES, C. S.; BOTELHO, R. T. C. Inbreeding depression in single, three way and double-cross hybrids of maize. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 5, n. 3, gmr5497, 2016.

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

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

CARDOSO, M. J.; CARVALHO, H. W. L.; RIBEIRO, V. Q. Avaliação preliminar de cultivares de milho para produção de espiga verde em sistema agrícola familiar. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 35, n. 2, p. 406 - 409, 2004.

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

CARVALHO, H. 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, 2007.

CIMMYT. Managing trials and reporting data for CIMMYT's international maize testing program. 5 ed. Cidade do Mexico: CIMMYT, 1999. 23 p.

COAN, M. M. D. C.; PINTO, R. J.; SCAPIM, C. A. **Melhoramento de milhos especiais: Melhoramento de milho**. 1 ed. Viçosa: Editora UFV, 2018. 395 p.

Cockerham CC (1983). Covariances of Relatives from Self-Fertilization. **Crop Sci** 23 : 1177-1180.

COUTO, A. C.; SILVA, E. M.; SILVA, A. G.; OLIVEIRA, M. T. P.; VASCONCELOS, J. C.; SILVA, A. R.; SOBREIRA, A. E.; MOURA, J. B. Desempenho de cultivares de milho

destinados para produção de milho verde e silagem. **Journal of Social, Technological and Environmental Science**, Anápolis, v. 6, n. 1, p. 232-251, 2017.

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

CRUZ, J. C.; MAGALHÃES, P. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; MOREIRA, J. A. A. **Coleção 500 perguntas, 500 respostas sobre milho**. 1ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2011. 333 p.

DONÁ, S. **Desempenho e heterose de híbridos de populações F₂ de milho**. 2010. 78 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 2010.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa: Editora UFV, 1987. 279 p.

FARIAS NETO, A. L. de; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding in two maize subpopulations selected for tassel size. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 3, p.487-490, 2000.

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

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, Edimburgh, v. 52, 1918.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. 1ed. Jaboticabal: Funep, 2007. 576 p.

GARBUGLIO, D. D. **Variabilidade genética em progênes S₁ e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays* L.)**. 2007. 136 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

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

KUKI, M. C.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. P.; FIGUEIREDO, A. S. T.; CONTRERAS-SOTO, R. I.; BERTAGNA, F. A. B. Inbreeding depression and average genetic components in green corn genotypes. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.47, n. 5, e20160024, 2017.

LIMA M.; MIRANDA FILHO J.B.; BOLLER G. P. Inbreeding depression in Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**: v. 29(3) p. 203-215, 1984.

LIMA, M. W. P.; SOUZA, E. A. de.; RAMALHO, M. A. P. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p.153-158, 2000.

LOPES, M. A.; FÁVERO, A. P.; FERREIRA, M. A. J. F.; FOLLE, S. M.; GUIMARÃES, E. P. **Pré- melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**. 1 ed. Brasília: EMBRPA Informação Tecnológica, 2011.614 p.

MAGALHÃES, P. G.; DURÃES, F. O. M.; CAREIRO, N. P.; PAIVA, E. **Fisiologia do milho**: Circular Técnica n. 22. Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, 2002. 23 p.

MARINO, T. P.; MIOTTO, A. A.; UENO, S.; OLIVEIRA J. R. O.; CAMOLEZZI, G. B.; GRASSI, E. Z.; PAIVA, M.; MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA, J. M. Depressão por endogamia em populações obtidas do cruzamento entre milhos crioulos e sintéticos. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 28., 2010, Goiânia. **Resumos...** Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2010. 1 CD-ROM.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18, 2013.

PAES, M. C. D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**: Circular Técnica n. 75. Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, 2006. 6 p.

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

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

PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 795 p.

PEREIRA FILHO, I. A. **O cultivo do milho verde**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2002. 210 p.

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. **Mercado de sementes de milho no Brasil**: safra 2017/2018. Sete Lagoas : Embrapa Milho e Sorgo, 2018. 28 p.

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. **Milhos especiais**: alternativas para agregar valor. São Paulo: DBO Agrotecnologia, 2009. 3 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1. ed. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012. 522 p.

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

REIS, A. J. S. **Estudos de componentes de heterose ao nível interpopulacional a partir de cruzamentos dialélicos parciais circulantes**. 2000. 93 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2000.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

ROCHA, D. R. **Desempenho de cultivares de milho-verde submetidas a diferentes populações de plantas em condições de irrigação**. 2008. 106 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Produção Vegetal) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2008.

RODRIGUES, F. **Análise dialélica de linhagens visando à produção de milho verde**. 2007. 51p. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Departamento de Biologia - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

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

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

RODRIGUES, F.; PINHO, R. G. V.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; FILHO, E. M. F.; GOULART, J. C. Capacidade de combinação entre linhagens de milho visando à produção de milho verde. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 1, p. 75-84, 2009.

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

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

SILVA, P. S. L.; PATERNIANI, E. Produtividade de “milho verde” e de grãos de cultivares de *Zea mays* L. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v. 38, n. 4, p. 707-712, 1986.

SIMON, G. A.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; PINTO, R. J. B.; BRACCINI, A. L. B.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 1, p.55-62, 2004.

SOMERA, A.; RAGAGNIN, A. L. S. L.; COSTA, M. L.; CANDIDO, W. S.; REIS, E. F. Inbreeding depression and performance of partially self-fertilized maize progenies in a top cross. **Chilean Journal of Agricultural Research**, Chillán, v. 78, n. 3, p. 318-326, 2018.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. VIEGAS, G.P. (Ed) **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill. 1987. p.122-201.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. 1. ed. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIANA, L. F. **Estimativas de $m+a'$ e d como indicadores do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens**. 2007. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Departamento de Biologia - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.