



UFG

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

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS
EM POPULAÇÕES DE SELEÇÃO
RECORRENTE EM MILHO**

ÉERICA MUNIQUE DA SILVA

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

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO 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 nº 9610/98, 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.

1. Identificação do material bibliográfico: **Dissertação** **Tese**

2. Identificação da Tese ou Dissertação:

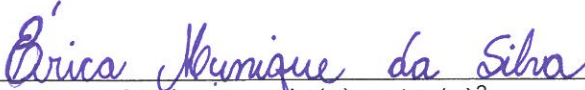
Nome completo do autor: Érica Munique da Silva

Título do trabalho: Estimaco de parâmetros genéticos em populações de seleço recorrente em milho

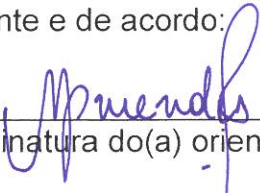
3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberaço total do documento **SIM** **NÃO**¹

Havendo concordância com a disponibilizaço eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertaço.


Assinatura do(a) autor(a)²

Ciente e de acordo:


Assinatura do(a) orientador(a)²

Data: 02 / 08 / 18

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extenso deste prazo suscita justificativa junto à coordenaço do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitaço de registro de patente;
- Submisso de artigo em revista científica;
- Publicaço como capítulo de livro;
- Publicaço da dissertaço/tese em livro.

² A assinatura deve ser escaneada.

ÉERICA MUNIQUE DA SILVA

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM
POPULAÇÕES DE SELEÇÃO RECORRENTE EM MILHO**

Dissertação apresentada à Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de plantas, da Universidade Federal de Goiás, como exigência para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Área de Concentração: Melhoramento de espécies cultivadas.

Orientadora:

Prof.^a Dr.^a Marcela Pedroso Mendes

Resende

Co-orientador:

Prof. Dr. Lázaro José Chaves

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Goiânia, GO – Brasil

2018

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

MunIQUE da Silva, Erica

Estimação de parâmetros genéticos em populações de seleção recorrente em milho [manuscrito] / Erica MunIQUE da Silva. - 2018. 71 f.

Orientador: Prof. Marcela Pedroso Mendes Resende; co orientador Lázaro José Chaves; co-orientador Edésio Fialho dos Reis.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2018.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui tabelas, lista de tabelas.

1. Genética quantitativa. 2. herdabilidade. 3. Zea mays L. 4. índice de seleção. I. Pedroso Mendes Resende, Marcela , orient. II. Título.

CDU 633

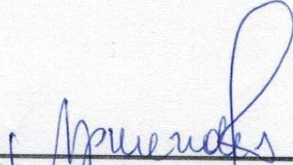


SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO




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

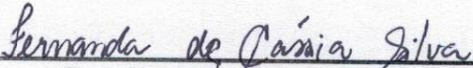
ATA DE DEFESA PÚBLICA DE DISSERTAÇÃO DE ÉRICA MUNIQUE DA SILVA. Aos dois dias do mês de agosto do ano de dois mil e dezoito (02.08.2018), às 8h, no Auditório do Setor de Melhoramento de Plantas, da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, reuniram-se os membros da Banca Examinadora: Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende - Orientadora/Presidente, Dr.^a Luíza Vasconcelos Tavares Corrêa, Dr.^a Fernanda de Cássia Silva e Dr. Adelmo Resende da Silva. Sob a presidência da orientadora, em sessão pública, procedeu-se à avaliação da defesa da Dissertação intitulada: “**Estimação de parâmetros genéticos em populações de seleção recorrente em milho**”, de autoria de **Érica Munique da Silva**, discente do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, no nível de Mestrado, da Universidade Federal de Goiás. A sessão foi aberta pelo presidente da Banca Examinadora, Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende, que fez a apresentação formal dos membros da Banca. A palavra, a seguir, foi concedida à autora da Dissertação que, em 40 minutos, apresentou o seu trabalho. Terminada a apresentação, cada membro da Banca arguiu a mestranda, tendo-se adotado o sistema de diálogo sequencial. Ao final, a banca reunida em separado procedeu à avaliação da defesa. A Dissertação foi considerada aprovada pela Banca Examinadora, cumprindo integralmente este requisito para fins de obtenção do título de MESTRE EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, pela Universidade Federal de Goiás, em conformidade com o estabelecido pela resolução nº 1403/2016, do Conselho de Ensino, Pesquisa, Extensão e Cultura da UFG (CEPEC/UFG), que regulamenta o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Para fins de publicação eletrônica, a mestranda poderá efetuar as modificações eventualmente sugeridas pela Banca Examinadora e encaminhar à Secretaria do PGMP, respeitando-se o prazo máximo de 30 dias após a data da Defesa. A conclusão do curso e a emissão do diploma dar-se-ão em conformidade com o estabelecido pela Resolução CEPEC nº 1403/2016. Cumpridas as formalidades de pauta, às 12:12 a presidência da mesa encerrou esta sessão de defesa de Dissertação e, para constar, eu, Dr. Sérgio Tadeu Sibov, Coordenador do PGMP, lavrei a presente Ata que depois de lida e aprovada, segue assinada pelos membros da Banca Examinadora, em duas vias de igual teor.



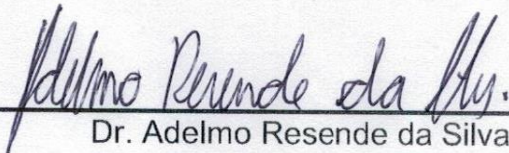
Dr.^a Marcela Pedroso Mendes Resende
Orientadora / Presidente



Dr.^a Luíza Vasconcelos Tavares Corrêa
Membro Externo



Dr.^a Fernanda de Cássia Silva
Membro Externo



Dr. Adelmo Resende da Silva
Membro Externo

*A minha avó Maria Laurinda e a minha mãe Eny Elias,
aos meus irmãos Ana clara, Tainara e Wenderson,
e ao meu namorado Fernando Cardoso.*

Dedico.

“A mente que se abre a uma nova idéia, jamais voltará a seu tamanho original.”

(Albert Einstein)

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por ter me ajudado a chegar até aqui e cuidar de cada detalhe ao longo deste caminho.

A minha mãe Eny e a minha avó Maria Laurinda que estiveram ao meu lado durante todo esse tempo, sempre me apoiando e acreditando que eu conseguira alcançar os meus objetivos.

A toda minha família, em especial a minha prima Leidiane Elias pelo apoio e companhia.

Ao meu namorado Fernando, por todo seu esforço para me ajudar, pela compreensão, confiança, carinho e amizade.

A minha orientadora doutora Marcela Pedroso Mendes Resende por todo seu empenho para que este trabalho pudesse ser realizado, pela sua disponibilidade e boa vontade em ajudar, e por todo conhecimento transmitido.

Ao meu coorientador doutor Édesio Fialho dos Reis pela confiança em ceder as populações utilizadas neste trabalho.

A todos os docentes do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UFG, em especial aos professores doutores Evandro Novaes, João Batista Duarte, Lázaro José Chave, Patrícia G. Santos Melo e Sérgio Tadeu Sibov por todo conhecimento transmitido ao longo do curso.

A todos os membros do grupo de estudo em genética e melhoramento de plantas – GEMP, sem os quais a realização deste trabalho não seria possível. Em especial aos alunos Marcela, Túlio, Marcos, Flávio, Leticia, Renara, Angelina.

Aos meus amigos e vizinhos Ailton, Éder, Jordana, Matheus, Thalita e Rodrigo pela amizade, apoio e companhia durante esse período.

SUMÁRIO

RESUMO	5
ABSTRACT	7
1 INTRODUÇÃO	9
2 REVISÃO DE LITERATURA	11
2.1 A CULTURA DO MILHO.....	11
2.2 SELEÇÃO RECORRENTE.....	12
2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES QUANTITATIVOS.....	14
2.4 CARACTERES DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM MILHO	16
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	22
4 RESULTADO E DISCUSSÃO	31
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	50
6 CONCLUSÃO	52
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	53
APÊNDICES	64

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES DE SELEÇÃO RECORRENTE EM MILHO

SILVA, E. M. **Estimação de parâmetros genéticos em populações de seleção recorrente em milho.** 71 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2018.¹²

Dentre os diversos métodos de melhoramento de milho (*Zea mays* L.), a seleção recorrente utilizando progênies de meios-irmãos é uma estratégia eficiente e de fácil condução. A eficiência desse método depende, dentre outros fatores, da estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos durante os ciclos de seleção para orientar as estratégias de condução do programa e para que a seleção ocorra no sentido desejado para os diversos caracteres de interesse. O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de duas populações de milho durante o terceiro ciclo de seleção recorrente, avaliar seu potencial para futuros ciclos de seleção e verificar a eficiência de índices para seleção simultânea de múltiplos caracteres. Foram avaliadas 160 progênies de meios-irmãos das populações CRE-01 e CRE-02 na área experimental da Escola de Agronomia da UFG na safra 2017/2018 utilizando delineamento em blocos casualizados com três repetições. As progênies foram avaliadas para florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), intervalo de florescimento (IF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), comprimento da espiga (CE), comprimento do grão (CG), diâmetro da espiga (DE), diâmetro do sabugo (DS), número de fileiras de grãos (NF), número de grãos por fileira (NGF), acamamento e quebramento (ACQB), prolificidade (PROL), peso de espiga (PE), peso de quatro espigas (P4E), peso de grão de quatro espigas (PG4E), peso de grãos (PG), e peso de cem grãos (P100). Estimou-se o ganho de seleção para cada caracter e o ganho com a seleção indireta sendo a seleção realizada considerando os índices de Smith & Hazel (I_{SH}), Mulamba & Mock (I_{MM}) e o Índice Z (I_Z). Foram observadas diferenças significativas entre as progênies em ambas populações para todos os caracteres, exceto para CG e ACQB na população CRE-02, indicando que as populações têm potencial para continuidade do programa de seleção recorrente. As estimativas de herdabilidade variaram de 6,54% para PRE a 96,92% para PE. O ganho de seleção variou de 1,66% (NF) a 45,56% (PG) na

¹ Orientadora. Prof.^ª Dr.^ª Marcela Pedroso Mendes Resende. EA – UFG.

² Co-orientadores. Prof. Dr. Lázaro José Chaves. EA – UFG.

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis. Jataí – UFG.

população CRE-01, e de 1,00% (CG) a 81,37% (PE) na população CRE-02. O PG apresentou correlação genética com 11 (CRE-01) e 12 (CRE-02) dos 18 outros caracteres avaliados, no sentido favorável para todos os caracteres, exceto para AP e AE. Houve maior coincidência de progênies selecionadas entre os índices I_{SH} e I_Z (acima de 65%). De forma geral, o I_Z proporcionou melhores ganhos para os caracteres de interesse, sendo recomendado para seleção de múltiplos caracteres durante o programa de seleção recorrente de milho.

Palavras chaves: genética quantitativa, herdabilidade, *Zea mays* L., índice de seleção.

GENETIC PARAMETERS ESTIMATIVES IN POPULATIONS OF RECURRENT SELECTION IN MAIZE

SILVA, E. M. **Genetic parameters estimatives in populations of recurrent selection in maize.** 2018. 71 f. Dissertation (Master Degree in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2018.¹²

Among the several maize breeding methods (*Zea mays* L.), recurrent selection using half-sib families is an efficient and easy-to-conduct strategy. The efficiency of this method depends, among other factors, on the estimation of genetic and phenotypic parameters during the selection cycles to guide the strategies of the breeding program and for selection to occur in the desired direction for the various traits of interest. The objective of this research was to estimate genetic and phenotypic parameters of two maize populations during the third cycle of recurrent selection, to evaluate its potential for future selection cycles and to verify the efficiency of indices for the simultaneous selection of multiple traits. 160 families of half-siblings of the populations CRE-01 and CRE-02 were evaluated in the experimental area of the School of Agronomy of UFG in the 2017/2018 growing season using a randomized block design with three replicates. The families were evaluated for male flowering (MF), female flowering (FF), flowering interval (FI), plant height (PH), ear height (EH), relative ear position (REP), ear length (EL), number of grain rows (NR), number of grains per row (NGR), lodging and breaking (LB), prolificacy (PROL), grain length (GL), ear diameter (ED), ears weight (EW), weight of four ears (W4E), weight of grains of four ears (WG4E), grain yield (GY), and weight of one hundred grain (W100). The selection gain for each traits and the gain with the indirect selection were estimated using the Smith and Hazel (I_{SH}), Mulamba and Mock (I_{MM}) and Z (I_Z) indices. Significant differences were observed between families in both populations for all traits, except for GL and LB in CRE-02 population, indicating that populations have potential for continuity of the recurrent selection program. Inheritability estimates ranged from 6.54% for REP to 96.92% for EW. The selection gain varied from 1.66% (NR) to 45.56% (GY) in the CRE-01 population, and from 1.00% (GL) to 81.37% (EW) in the CRE-02 population. Genetic correlations were observed between GY

¹ Advisor. Prof.^ª Dr.^ª Marcela Pedroso Mendes Resende. EA – UFG.

² Co-adviser. Prof. Dr. Lázaro José Chaves. EA – UFG.

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis. Jataí – UFG.

and 11 (CRE-01) and 12 (CRE-02) of the 18 other traits evaluated, in the favorable sense for all the traits, except for PH and EH. There was a greater coincidence of families selected between I_{SH} and I_Z indexes (above 65%). In general, the I_Z provided better gains for the traits of interest and it is recommended for multiple trait selection during recurrent maize selection program.

Keywords: quantitative genetics, heritability, *Zea mays* L, *selection index*.

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais mais utilizados na indústria e na alimentação humana e animal (Alfonsi, 1996; Santos, 2009; Doná, 2010). Na safra 2017/2018, a produção de milho no Brasil atingiu 97,84 milhões de toneladas em 17,6 milhões de hectares, o que representou um aumento de 39,5% em relação à safra anterior (CONAB, 2018). É a cultura com a segunda maior produção e área plantada no Brasil, e possui a maior importância econômica e social dentre as espécies de origem americana no mundo (Duarte et al., 2010).

Devido a sua importância econômica, o milho é uma cultura frequentemente estudada nas ciências agrônômicas, e o melhoramento genético tem buscado obter cultivares cada vez mais produtivas. Dentre os diversos métodos de melhoramento relatados na literatura, a seleção recorrente utilizando progênies de meios-irmãos é uma estratégia eficiente e de fácil condução, já que não é necessário realizar os cruzamentos manualmente (Hallauer et al., 2010).

A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento que envolve basicamente quatro etapas: obtenção de progênies, avaliação, seleção das melhores progênies e intercruzamento das progênies selecionadas (Ramalho et al., 2012). A eficiência desse método depende, dentre outros fatores, da estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos durante os ciclos de seleção, pois essas estimativas vão orientar o programa de melhoramento no que se refere às estratégias de condução do programa, à intensidade de seleção que deve ser utilizada, à forma de avaliação dos diversos caracteres e à necessidade de inserção de novos genitores. Também possibilitam prever os ganhos genéticos para futuros ciclos de seleção e avaliar a viabilidade do programa de melhoramento genético (Palomino et al., 2000; Ramalho et al., 2012).

Além da interpretação direta dos componentes de média e variância da população, a obtenção desses parâmetros é necessária na estimação de outros parâmetros importantes para o programa de melhoramento; dentre eles, o mais importante é a herdabilidade, pois reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser realmente

herdada, ou seja, indica quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genética (Falconer; Mackay, 1996). A herdabilidade está diretamente ligada ao ganho de seleção e, portanto, ao sucesso do programa de melhoramento.

O melhoramento genético visa obter ganhos com a seleção de genótipos superiores que não devem conter apenas um, mas um conjunto de atributos favoráveis em relação à produção e exigências do mercado (Vasconcelos et al., 2010). Entretanto, nem sempre os caracteres desejados estão correlacionados positivamente, dificultando a seleção. Conhecer a associação entre os caracteres é importante para se ter sucesso com a seleção e identificar variáveis que possam ser utilizadas na seleção indireta sobre outros caracteres (Bernardo et al., 2010).

A seleção simultânea para múltiplos caracteres pode ser realizada através de índices de seleção, que consistem na combinação linear dos valores fenotípicos de todos os caracteres em um único valor. Os índices permitem a obtenção de ganhos simultâneos mesmo para caracteres correlacionados negativamente, o que representa uma grande vantagem para o melhoramento de plantas (Santos et al., 2007). Diversos índices são descritos na literatura, sendo os principais os índices de Mulamba & Mock (1978), Smith (1936) e Hazel (1943); Willians (1962); e Mendes et al. (2009).

O objetivo desse estudo foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de progênies de meios-irmãos de duas populações de milho em terceiro ciclo de seleção recorrente; avaliar o potencial dessas populações em futuros ciclos de seleção; e comparar a eficiência de diferentes índices de seleção para seleção simultânea de caracteres de importância agronômica.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A CULTURA DO MILHO

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie alógama da família *Poaceae*. É um dos cereais mais cultivados em todo o mundo, com utilização para a alimentação humana e animal, e matéria-prima para a indústria (Cruz et al., 2010b). É a segunda cultura com maior área e produção no Brasil, ficando atrás apenas da soja. Sendo que a produção nacional é destinada ao consumo interno e à exportação, atingindo 97,84 milhões de toneladas em 17,6 milhões de hectares na safra 2017/2018 (CONAB, 2018). De acordo com Duarte et al. (2010), entre todas as espécies de origem americana, o milho possui a maior importância econômica e social no mundo.

O milho pode ser cultivado em duas épocas nas regiões Centro-Oeste, Sul e Sudeste do Brasil. Na primeira época, denominada safra, o milho é plantado entre setembro e dezembro, e na segunda época, antigamente denominada safrinha, o plantio ocorre entre janeiro e abril (Alfonsi, 1996; Cruz et al., 2010a e Galvão; Miranda, 2004). O cultivo do milho 2ª safra, teve início como uma alternativa de rotação com as culturas da soja e feijão na região Centro-Sul brasileira. Era considerada uma atividade arriscada e geralmente conduzida com baixa tecnologia, porém economicamente viável devido às melhores condições de comercialização fora da safra convencional (Cruz et al., 2010).

Inicialmente considerado marginal, o sucesso desse sistema de cultivo foi tanto que, atualmente, a produção de milho 2ª safra no Brasil é superior à produção na safra convencional. Sendo que de acordo com a CONAB (2018) Na safra 2017/2018, 59% da área plantada de milho no Brasil corresponde ao milho 2ªsafra. O milho 2ªsafra é especialmente importante para o estado de Goiás, em que os produtores preferem cultivar soja que milho durante a safra convencional. Com isso, a área de produção de milho 2ªsafra nesse estado é cerca de seis vezes maior que a área de produção na 1ªsafra.

A época de semeadura do milho é um fator que influencia significativamente a produção de grãos, pois o plantio tardio pode afetar a cultura em aspectos como redução na

produção de grãos e na altura das plantas, aumento de plantas acamadas e quebradas, e aumento do número de dias para o florescimento (Souza et al., 1991; Ribeiro et al., 1999; Bento et al., 2003; Candido, 2005; Aragão, 2012).

O milho é uma das espécies mais estudadas nas ciências agronômicas e muitas informações sobre a herança de caracteres de interesse agrônômico estão disponíveis na literatura (Mahmood et al., 2004; Mendes et al., 2012; Wills et al., 2013; Nzube et al., 2014 e Kayaga et al., 2017). Entre os fatores que contribuíram para o interesse por essa cultura está seu expressivo valor econômico, grande diversidade e variabilidade genética, e a facilidade para se obter diferentes tipos de progênies (Nass & Paterniani, 2000). Entretanto, a obtenção de genótipos superiores é cada vez mais desafiadora para os programas de melhoramento, sendo necessário a avaliação de um grande número de indivíduos e a detecção de diferenças muitas vezes sutis entre os genótipos.

Apesar disso, ainda há muito a ser estudado para que o milho alcance o seu máximo potencial produtivo. Cruz et al. (2010a) relatam a obtenção de produtividade superior a 16 t.ha⁻¹ no Brasil, mas a média da produção nacional é em torno de 5,059 t.ha⁻¹ (CONAB, 2018).

2.2 SELEÇÃO RECORRENTE

O melhoramento de plantas alógamas consiste basicamente em realizar cruzamentos entre genótipos ou populações com caracteres de interesse, conduzir a população utilizando um dos vários métodos de melhoramento disponíveis na literatura, e selecionar genótipos com alta frequência de alelos favoráveis para formarem novas populações ou para servirem de fontes de novas linhagens (Borém; Miranda, 2013).

A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento que envolve basicamente quatro etapas: obtenção de progênies, avaliação, seleção das melhores progênies e intercruzamento das progênies selecionadas (Ramalho et al., 2012). As populações melhoradas utilizando esse método podem ser utilizadas para fins comerciais como novas variedades ou como fonte de linhagens para obtenção de híbridos (Borém, 2013).

O programa de seleção recorrente inicia-se com o intercruzamento dos genitores com o objetivo de formação da população-base, os genitores devem ter o melhor desempenho possível para o caracter sob seleção e possuírem divergência genética entre si.

A identificação de genótipos superiores, que atendam aos interesses do mercado em relação a uma série de atributos agronômicos, é um ponto de partida para a constituição da população base (FREITAS et al., 2012).

A seleção de progênies superiores nos programas de melhoramento não é tarefa fácil, pois os caracteres de importância, em sua maioria quantitativos, apresentam comportamento complexo, são altamente influenciados pelo ambiente e podem estar inter-relacionados, de tal forma que a seleção de um pode provocar a mudança em outro (CRUZ, 2006). Dessa forma, o uso de estratégias que permitam a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de maior importância econômica pode aumentar o êxito dos programas de melhoramento (FREITAS et al., 2012).

A seleção para múltiplos caracteres de forma simultânea pode ser realizada através do uso de índices de seleção, estes consistem na combinação linear de vários valores fenotípicos, e um único valor. Permitindo a obtenção de ganhos simultâneos mesmo para caracteres correlacionados negativamente, que podem ter origem na ligação gênica ou na pleiotropia (Santos et al., 2007). Atualmente diversos índices são descritos na literatura entre os principais temos: Mulamba & Mock (1978), Smith (1936) e Hazel (1943); Willians (1962); e Mendes et al. (2009).

A variedade de índices existentes constitui diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos, identificando de maneira rápida e eficiente, os genótipos mais adequados aos objetivos do programa de melhoramento. A comparação dos índices com a seleção direta tem demonstrado que a utilização dos índices como critério de seleção propicia melhores resultados. Sendo que, de maneira geral o ganho direto sobre o caracter é reduzido, porém esse é compensado pela melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres. (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A seleção recorrente pode ser realizada em esquema intrapopulacional ou interpopulacional, também denominada de seleção recorrente recíproca. Na seleção recorrente intrapopulacional, a população é melhorada *per se*, ou seja, o objetivo é aumentar a frequência de alelos favoráveis naquela população. Já na seleção recorrente recíproca, são utilizadas duas populações e o objetivo é melhorar o híbrido entre elas. Uma população serve como testadora da outra, e as duas populações são conduzidas paralelamente (Hallauer et al., 2010). Os efeitos genéticos aditivos são mais importantes para a seleção recorrente intrapopulacional, enquanto que para a seleção recorrente recíproca, os efeitos de dominância são mais relevantes. De acordo com Borém (2013), a seleção recorrente

intrapopulacional tem sido mais utilizada devido à maior praticidade dos seus esquemas de seleção quando comparada à seleção recorrente recíproca.

Os métodos de melhoramento mais comuns em milho são a seleção massal ou fenotípica e a seleção utilizando teste de progênies. A seleção massal considera a performance do genótipo *per se*, e só é eficiente para caracteres de alta herdabilidade. Para caracteres quantitativos, como produtividade de grãos, a seleção de progênies é mais eficiente, pois o genótipo é estimado com base na média das suas progênies avaliadas em experimentos com repetição. Desta maneira, é possível obter melhores estimativas dos valores genotípicos, permitindo a seleção de genótipos com maior confiança (Ematné, 2011). Os tipos de progênies utilizadas em milho são as progênies de meios-irmãos, em que apenas o genitor feminino é conhecido; progênies de irmãos completos ou irmãos germanos; em que há controle de ambos os genitores; e progênies endogâmicas, sendo mais comuns a avaliação de progênies S_1 ou S_2 (Hallauer et al., 2010).

O método mais usado na seleção recorrente intrapopulacional é a seleção de progênies de meios-irmãos, pois é o método de mais fácil condução, e permite ganhos satisfatórios durante os ciclos de seleção recorrente (Oliveira, 2013). Contudo, a eficiência desse método depende muito da precisão na avaliação das progênies, que interfere na escolha das progênies que serão selecionadas e na realização de estimativas fidedignas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (Palomino et al., 2000).

Carvalho e Souza (2007) estimaram os parâmetros genéticos para produtividade em uma população de milho após dezessete ciclos de seleção para produtividade entre e dentro de progênies de meios-irmãos, e três ciclos de seleção massal estratificada. Os autores obtiveram ganho acumulado entre os ciclos 4 e 17 de $1.922 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, equivalente a 35,82%. Carvalho et al. (2000), conduzindo três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos para peso de espiga na população de milho CMS-453, obtiveram um ganho médio de 11,62%. Carvalho et al. (2003) encontraram ganho médio de 13,62% praticando a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos para peso de espiga em três ciclos de seleção.

2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES QUANTITATIVOS

A maioria dos caracteres de interesse agrônomico são quantitativos, ou seja, são controlados por um grande número de genes e/ou são muito influenciados pelo ambiente.

Assim, para se ter sucesso em um programa de melhoramento, é necessário conhecer quanto da variabilidade fenotípica é herdável e quais os principais tipos de ação gênica envolvidos no controle genético desses caracteres. O controle genético dos caracteres é obtido a partir das estimativas dos parâmetros genéticos de média ou de variância (Cruz et al., 2004; Ramalho et al., 2012).

Além da interpretação direta dos componentes de média e variância da população, a obtenção desses parâmetros permite a estimativa de outros parâmetros importantes para o programa de melhoramento. Entre esses, a herdabilidade é um dos parâmetros que mais auxilia a tomada de decisões no programa, pois reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser realmente herdada, ou seja, indica quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genética (Falconer; Mackay, 1996). A herdabilidade é um parâmetro chave na genética quantitativa porque determina a resposta à seleção. É possível estimar a herdabilidade no sentido amplo, que considera o efeito da variância genética total da população, e herdabilidade no sentido restrito, que considera apenas o efeito da variância genética aditiva, sendo mais importante para o melhorista (Ramalho et al., 2012).

Vencovsky & Barriga (1992) discutem que ao se estudar as propriedades genéticas de uma população numa dada geração, no que diz respeito a sua variabilidade genética, é possível inferir sobre seu potencial para a seleção e, conseqüentemente, se essa população será útil para o programa de melhoramento. A partir da variância genética, então, estima-se a herdabilidade e, posteriormente, o progresso genético com a seleção, que reflete diretamente o sucesso do programa.

Carvalho et al. (2003) estudando a população CPATC-3, observaram variações nas estimativas de variância genética aditiva para produtividade de 303,04 a 481,02 (g/planta)² em três ciclos de seleção recorrente, com coeficientes de herdabilidade variando entre 40,0% a 48,6%. Alves (2014) estimou a herdabilidade para produtividade em progênies de irmãos-germanos em quinto ciclo de seleção recorrente em dois locais e encontrou valores de 59,8% e 74,2%, e herdabilidade conjunta de 64,2%. Estimativas semelhantes de herdabilidade para produtividade em milho foram encontrados por Rangel et al. (2011) ($h^2 = 62,47\%$) e Freitas Júnior et al. (2009) ($h^2 = 56,88\%$).

As variâncias fenotípicas e genotípicas também permitem o conhecimento das relações entre caracteres através da estimativa de correlação, que indica as mudanças que ocorrem em um determinado caracter em função da seleção praticada em outro caracter correlacionado ao primeiro (Bernardo, 2010; Ramalho et al., 2012). Nos programas de

melhoramento genético de milho, geralmente o caracter mais importante é a produtividade, a qual possui controle genético complexo e é determinada por um conjunto de diversos caracteres, denominados componentes da produção. Alguns componentes primários da produção em milho são número de plantas/área, número de espigas/planta (prolificidade), número de grãos/espiga e peso de grãos. Componentes que possuem relação com o desenvolvimento da planta são denominados secundários, como altura da planta, altura da espiga, número de dias necessários para o florescimento masculino e/ou feminino, número de nós, dentre outros (Souza et al., 2008). A avaliação e estimação da correlação entre os componentes primários e secundários de produção orientam a escolha das estratégias de seleção para o aumento da produtividade nos sucessivos ciclos de seleção.

É importante salientar que as estimativas dos parâmetros genéticos obtidos em um estudo são válidas somente para aquela população e para as condições ambientais dos experimentos. No caso do milho, devido à grande diferença climática entre as duas épocas de cultivo no Brasil, espera-se que haja pronunciado efeito da interação genótipos x ambientes que pode influenciar expressivamente a magnitude das estimativas dos parâmetros genéticos (Ribeiro et al., 1999). Assim, no caso de um programa de melhoramento para milho segunda safra, é importante que a população seja formada por genótipos recomendados para a região de interesse e avaliados a partir de experimentos conduzidos essa época. Essas informações auxiliam na identificação de genótipos superiores e permitem adquirir máximo ganho genético com o uso mínimo de tempo e recursos (Aragão, 2012).

2.4 CARACTERES DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM MILHO

O caracter produção de grão é, direta ou indiretamente, o principal objetivo dos trabalhos de melhoramento na cultura do milho. É um caracter de herança complexa, controlado por um grande número de genes e muito influenciado pelo ambiente. A produtividade, em tese, é afetada por praticamente todos os demais caracteres da planta. Dessa forma, uma alternativa para elevar a eficiência dos programas de melhoramento que visam o aumento da produção de grãos seria através da seleção indireta para os componentes da produção (Belicuas, 2009; Zarei et al., 2013).

Os componentes da produção não contribuem na mesma proporção para a produtividade, existindo uma hierarquia na influência desses caracteres na produtividade. Os

caracteres que estão diretamente associados à produtividade são o número de grãos por fileira da espiga e peso de 100 grãos, e são denominados componentes primários da produção (Ribeiro; Ramalho; Prado, 2014). De acordo com Souza et al. (2006), o número de plantas por área e o número de espigas por planta (prolificidade) também são caracteres primários. Como comentado anteriormente, os componentes secundários são aqueles relacionados ao desenvolvimento da planta, como altura da planta e da espiga, número de dias para florescimento masculino e/ou feminino, número de nós, número de ramificações do pendão, número de folhas acima da espiga, dentre outros (Souza et al., 2008).

Os componentes secundários não possuem a mesma eficiência para serem utilizados na seleção indireta para produtividade. Com isso a escolha dos caracteres a serem utilizados para a seleção indireta devem atender a algumas condições. De acordo com Edmeades et al. (1998), um componente secundário ideal deve ser geneticamente correlacionado e possuir maior herdabilidade que o caracter de interesse; apresentar fácil mensuração; ser estável dentro do período de mensuração; não associado a uma penalidade de rendimento sob condições não severas; preferencialmente mensurável antes ou durante o florescimento para que os pais indesejáveis não sejam cruzados; e um estimador confiável do potencial de rendimento antes da colheita final.

A forma mais eficiente para estimar a produtividade é a pesagem dos grãos colhidos de todas as plantas ou de uma amostra representativa da parcela após a colheita (Lauer, 2002). Isso se deve ao fato do peso de grãos ser o caracter que possui maior relação com a produtividade e também pela maior eficiência na avaliação (Bänziger et al., 2000). O controle genético da produtividade em milho apresenta efeitos não-aditivos mais pronunciados que os aditivos (Mahmood et al., 2004); possui herdabilidade (h^2) muito variável, sendo relatadas estimativas de $h^2 = 0,39\%$ até $h^2 = 78,36\%$ (Ferdoush et al., 2017; Nardino et al., 2016).

A prolificidade é a relação entre o número de espigas e o estande de plantas, devendo ser consideradas apenas as espigas que apresentam grãos formados (Bänziger et al., 2000). Em milho, essa é um caracter poligênico e de herança complexa (Durães, 1999). Wills et al. (2013) identificaram oito QTLs para prolificidade em 5 cromossomos do milho, dos quais o “pro11.1” possui efeito maior que os outros sete, representando 36,7% da variância fenotípica. A grande diferença no tamanho do QTL sugere que, embora os sete QTL menores também contribuam para a prolificidade, esse caracter é controlado principalmente pelo QTL pro11.1.

A herança do carácter prolificidade é altamente dependente dos genótipos estudados, bem como do ambiente em que os genótipos são avaliados (Ali et al. 2011; Lima, 2006). Estimativas de $h^2 = 87,0\%$ para prolificidade foram obtidas por Mahmood et al. (2004). Em contrapartida, Resende et al., (1997) e Candido et al., (2011) observaram estimativas de $h^2 = 11,93\%$ e $h^2 = 64,29\%$, respectivamente.

A prolificidade apresenta alta correlação positiva com a produtividade, sugerindo que plantas mais prolíficas possuem maior rendimento de grãos (Kleinpaul et al., 2014; Durães, 1999). No entanto, plantas com maior número de espigas podem apresentar problemas nos campos de produção de grãos devido à baixa eficiência de granação de espiga (cerca de 30%, já registrado) quando a taxa de fasciação é alta (Durães, 1999). A segunda espiga é frequentemente muito pequena, desgranada e deformada. Desta maneira a prolificidade nem sempre acarreta aumento na produtividade de grãos (Santos et al., 2013).

A altura da planta é obtida a partir da medição da superfície do solo até a inserção da folha bandeira, sendo um carácter de fácil mensuração (Kleinpaul et al., 2014). É um carácter quantitativo complexo controlado por um grande número de genes de pequeno efeito, com controle genético predominantemente aditivo (Sibov et al., 2003; Mahmood et al., 2004). De acordo com Nzuve et al. (2014), a preponderância de genes de ações aditivas na expressão de altura de plantas podem ser confirmadas pelas estimativas de herdabilidade relatadas na literatura. Entre os caracteres agrônômicos secundários, as maiores estimativas de herdabilidade são para altura das plantas, com estimativas de até $h^2 = 0,990$; Li et al., 2017).

Diversos autores relatam alta correlação positiva entre altura de plantas e produtividade de grãos em milho (Blum et al., 1989; Nzuve et al., 2014; Moraes; Brito, 2017). A forte correlação entre esses caracteres sugere que plantas altas apresentaram melhores produtividades em comparação a plantas mais baixas, o que pode ser atribuído ao fato de plantas mais altas possuírem maior número de folhas elevando a função de acúmulo da matéria seca, e também pela maior capacidade de suportar o crescimento da semente por meio da mobilização da reserva do caule (Yang et al., 2008; Nzuve et al., 2014). Entretanto, plantas mais altas utilizam mais nutrientes durante o crescimento vegetativo ao invés de utilizá-los na fase reprodutiva, resultando em maturação tardia da espiga (Moraes; Brito, 2017).

Assim como a altura de plantas, a altura da espiga é um carácter de fácil mensuração, sendo obtido a partir da superfície do solo até o ponto de inserção da espiga

principal. Já a posição relativa da espiga é a relação entre a altura da espiga e a altura da planta. Também são caracteres poligênicos com efeitos aditivos mais pronunciados que os não-aditivos (Blum et al., 1989; Mahmood et al., 2004)

A herdabilidade para altura de espiga varia de $h^2 = 68,6\%$ a $h^2 = 92,0\%$ (Sibov et al., 2003; Andrade; Miranda filho, 2008; Sabadin, 2008; Rafiq et al., 2010), e de $h^2 = 4,39\%$ a $h^2 = 56,5\%$ para posição relativa da espiga (Andrade; Miranda Filho, 2008; Lima Neto; Souza Júnior, 2009). Esses caracteres ainda apresentam correlação positiva significativa entre si e com a produtividade de grãos, indicando que quanto maior a altura da espiga, maior o valor da posição relativa da espiga e maior produtividade (Revolti et al., 2016).

O comprimento de espiga é obtido de uma amostra de cinco espigas da parcela, mensurado da ponta até a base das espigas sem palha. É controlado principalmente por genes de efeitos não aditivos, em que a variância de dominância apresenta maior contribuição para a variabilidade do comprimento da espiga, enquanto a variância aditiva apresenta baixa contribuição (Kayaga et al., 2017). Existem em torno de cinco grupos de genes que apresentam certo grau de dominância envolvidos na determinação genética do comprimento da espiga (Mendes et al., 2012; Kayaga et al., 2017), e a herdabilidade para esse caracter é considerada moderada (Toledo, 2010; Nardino et al., 2016).

O comprimento da espiga é um dos caracteres comerciais mais importantes para milho verde (Pereira Filho & Cruz, 2002). Essa apresenta correlação significativa e positiva com a produtividade de grãos (Alvi et al., 2003;; . Assim, esse caracter pode ser utilizado na seleção indireta buscando incrementos na produtividade de grãos das cultivares de milho (Casarotto, 2013). Espigas longas também possuem associação com plantas maiores e com maiores diâmetros de colmo (Kayaga et al., 2017).

Da mesma forma, o diâmetro da espiga é medido utilizando uma amostra de cinco espigas da parcela, sendo medido na parte central da espiga. Apresenta herança poligênica e dominância parcial, evidenciando maior importância dos efeitos aditivos no controle do caracter (Sabadin, 2008; Carlesso et al., 2012). As estimativas de herdabilidade relatadas para o caracter variam de $h^2 = 76\%$ a $h^2 = 0,7$ (Toledo, 2010; Carlesso et al., 2012; Nardino et al., 2016; Lima et al., 2017).

O diâmetro da espiga possui correlação significativa e positiva com os caracteres número de grãos por fileira, número de grãos por espiga, peso de 100 grãos, rendimento de grãos, teor de amido, número de fileiras de grãos na espiga e produção de grãos (Selvaraj;

Nagarajan, 2011; Pandey et al., 2017). Desta forma, o caracter diâmetro da espiga também pode ser utilizado na seleção indireta para produtividade de grãos em milho (Casarotto, 2013). O número de fileira de grãos é um caracter poligênico com interação alélica predominantemente aditiva. A determinação do número de fileiras da espiga é ontogenética e precocemente definida, e ocorre na diferenciação da espiga (Toledo, 2010; Kayaga et al., 2017). Estimativas de herdabilidade de $h^2 = 40,0\%$ a $h^2 = 88,0\%$ são relatadas na literatura (Mahmood et al., 2004; Toledo, 2010; Nardino et al., 2016). Saleh et al., (2002) em seu trabalho com milho tropical constatou que o número de fileiras de grãos na espiga está correlação negativa com o número de grãos por fileira e peso de cem grãos, e não possui correlação com a produtividade de grãos. A ausência de correlação entre número de fileiras e a produtividade também foi observada por Lopes et al, (2007).

O peso de espigas, obtido da pesagem das espigas despalhadas da parcela, possui ação gênica predominantemente dominante e herdabilidade variando de $h^2 = 40,6\%$ a $h^2 = 42,0\%$ (Stuber et al., 1987; Andrade; Miranda Filho, 2008; Silveira et al., 2009; Nardino et al., 2016). Apresenta alta correlação positiva com a produtividade de grãos, sendo considerado um dos caracteres com maior efeito na produtividade e, portanto, indicado na seleção indireta para produção (Lopes et al., 2007; Casarotto, 2013). Controle genético semelhante é relatado para o peso de 100 grãos (Stuber et al., 1987; Mahmood et al., 2004; Lopes et al., 2007; Saidaiah et al., 2008; Aminu; Izge, 2012; Souza et al., 2014; Ferdoush et al., 2017; Pandey et al., 2017).

O acamamento é o resultado de uma modificação permanente na posição do colmo em relação à sua posição original, que torna as plantas recurvadas. Sua avaliação é feita contando-se o número de plantas acamadas na área. É um caracter de difícil avaliação devido à forte influência ambiental como vento, chuva e infestação de insetos, o que dificulta a replicação dos experimentos (Larsson et al., 2017). Pelas variações apresentadas nos fenótipos, a suscetibilidade ao acamamento e ao quebraimento do colmo apresenta evidências de herança quantitativa controlado por múltiplos genes de pequeno efeito (Gomes et al., 2010).

A correlação entre acamamento e produtividade de grãos em milho é alta e negativa, deforma que quanto menor for o acamamento, maior será a produção de grãos (Tadeu et al., 2014). Isso ocorre devido ao menor peso das espigas das plantas acamadas, do comprometimento da qualidade do grão ao entrar em contato com o solo e também as perdas na colheita mecanizada (Schmitz et al., 2010).

O número de dias necessários para o florescimento em milho é um caracter especialmente avaliado quando o objetivo do programa é a obtenção de cultivares mais precoces, o que é cada vez mais necessário devido ao aumento do cultivo de segunda safra de milho sucedendo principalmente a cultura da soja. As cultivares precoces são preferíveis devido ao menor período em campo e conseqüentemente menos exposição ao estresse hídrico. É um caracter oligogênico com presença de efeitos gênicos aditivos e de dominância e controle genético complexo devido à grande interferência do ambiente (Lima, 2006). Apresenta estimativas de herdabilidade variando de $h^2 = 86,3\%$ a $h^2 = 92,86\%$ (Câmara et al., 2007; Nzube et al., 2014), e alta correlação negativa com produtividade, sugerindo que cultivares mais precoces e com menor intervalo de florescimento masculino e feminino são mais produtivas (Selvaraj; Nagarajan, 2011; Mendes et al., 2012)

A baixa herdabilidade e a complexidade do controle genético da produtividade de grãos em milho sugerem que a seleção para essa caracter não seja realizada somente de forma direta, mas também considerando os demais componentes da produção. Assim, a avaliação e estimação dos parâmetros genéticos de caracteres correlacionados com a produtividade é de extrema importância e uma alternativa estratégica para aumentar o ganho com a seleção pelos programas de melhoramento genético de milho.

Os principais caracteres a serem avaliados em um programa de melhoramento de milho são o peso de grão, peso de espiga e prolificidade que são caracteres primários com alta correlação com a produção. E também a altura da planta, altura da espiga, número de dias necessários para o florescimento masculino e/ou feminino que além de apresentarem correlação com a produtividade interferem no ciclo da planta.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Duas populações de milho em terceiro ciclo de seleção recorrente com potencial para resistência ao complexo de enfezamento foram avaliadas para produtividade de grãos e componentes primários e secundários de produtividade. Essas populações são oriundas do intercruzamento de linhagens endogâmicas provenientes do CIMMYT (*International Maize and Wheat Improvement Center*), introduzidas em 1999 ao Programa de Melhoramento de Milho da ESALQ/USP (Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo). As linhagens endogâmicas com melhor expressão para resistência ao enfezamento foram cruzadas com o híbrido comercial P3041 resistente ao enfezamento, e com a população CMS14, desenvolvida pelo Programa de Melhoramento de Milho da EMBRAPA e escolhida pelo bom padrão de produtividade. O cruzamento das linhagens com o híbrido P3041 originou a população CRE-01, e com a população CMS14 a população CRE-02. A sigla CRE significa Complexo de Resistência ao Enfezamento. Maiores detalhes sobre a obtenção dessas populações podem ser encontrados em Oliveira (2013) e Souza (2015).

Foram realizados dois ciclos de seleção recorrente entre progênies de meios-irmãos entre 2011 e 2013 pelo Programa de Melhoramento de Milho da Universidade Federal de Goiás, campus de Jataí, conforme descrito em Oliveira (2013) e Souza (2015). No primeiro ciclo, foram avaliadas 200 (CRE-01) e 180 (CRE-02) progênies de meios-irmãos (FMI) para produtividade e componentes da produção, sendo selecionadas as 20% FMI mais promissoras para recombinação e posterior formação da população de ciclo 1. De forma semelhante, no segundo ciclo, 90 (CRE-01) e 140 (CRE-02) FMI foram avaliadas, e as 20% melhores foram selecionadas para obtenção da população de ciclo 2.

Na segunda safra em fevereiro/2017, sementes das populações CRE-01 e CRE-02, após dois ciclos de seleção recorrente, foram plantadas em lotes isolados de polinização livre na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás em Goiânia-GO (16°35'12''S, 49°21'14''W) para obtenção das progênies de meios-irmãos. Em blocos de 300 m², com espaçamento de 0,30 m entre plantas e 0,45 m entre linhas. O manejo

foi baseado nas recomendações para o cultivo de milho na região e na necessidade da cultura. Em julho de 2017, realizou-se a colheita de 160 FMI de cada população.

Os experimentos de avaliação das FMI foram conduzidos na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO, em dezembro de 2017. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados (DBC) com três repetições, e parcelas de uma linha de quatro metros com 20 plantas por parcela espaçadas 0,20m entre plantas e 0,90m entre linhas, totalizando 55.555 plantas por hectare. As progênies foram avaliadas para:

- Florescimento masculino (FM): número de dias desde a data da semeadura até a liberação do pólen de metade das plantas da parcela, em dias;
- Florescimento feminino (FF): número de dias desde a data da semeadura até que os estilo-estigmas estivessem visíveis em metade das plantas da parcela, em dias;
- Intervalo de florescimento (IF): obtido do florescimento masculino menos o florescimento feminino, em dias;
- Altura de planta (AP): avaliada em cinco plantas aleatórias da parcela, obtida de uma medida linear, em centímetros, da base da planta até a inserção do limbo da última folha (folha bandeira);
- Altura de espiga (AE): avaliada em cinco plantas aleatórias da parcela, obtida de uma medida linear, em centímetros, da base da planta até a inserção da espiga superior;
- Posição relativa da espiga (AE/AP): índice obtido pela relação altura de espiga/altura de planta, em centímetros;
- Estande (STAND): número total de plantas em cada parcela após a maturação fisiológica, incluindo-se também as plantas acamadas e quebradas;
- Prolificidade (PR): índice obtido pela relação número de espiga dividido pelo estande de plantas;
- Diâmetro de espiga (DE): avaliado em quatro espigas aleatórias da parcela colocadas lado a lado sobre uma régua, alternadamente em relação à posição da base da espiga, medindo o diâmetro total em centímetros;
- Comprimento de espiga (CE): medido em quatro espigas aleatórias da parcela, colocadas em sequência linear sobre uma régua, para medir o comprimento total em centímetros;

- Diâmetro do sabugo (DS): medido em quatro sabugos aleatórios da parcela, colocados lado a lado sobre uma régua, medindo o diâmetro total em centímetros;
- Número de grãos por fileira (NGF): contagem do número de grãos por fileira de quatro espigas aleatórias da parcela.
- Número de fileiras por espigas (NF): contagem do número de fileira de quatro espigas aleatórias da parcela.
- Comprimento de grão (CG): obtido pelo comprimento da espiga menos o comprimento do sabugo, em centímetros;
- Peso de quatro espigas (P4E): obtido de quatro espigas aleatórias da parcela, em quilogramas;
- Peso de grãos de 4 espigas (PG4E): obtido de quatro espigas aleatórias da parcela, em quilogramas;
- Peso de espiga (PE): peso de todas as espigas despalhadas da parcela em quilogramas;
- Peso de grãos (PG): peso dos grãos da parcela em gramas por parcela, posteriormente transformado para toneladas por hectare;
- Peso de 100 grãos (P100): obtido em uma amostra aleatória de 100 grãos da parcela, em gramas.

Os valores obtidos para as variáveis peso de espiga (PE), peso de grãos (PG), peso de quatro espigas (P4E), peso de grãos de quatro espigas (PG4E) e peso de 100 grãos (P100) foram corrigidos para 13% de umidade pela seguinte equação:

$$PC = PS \times \left(\frac{100-UD}{87} \right),$$

em que:

PC: peso obtido para a variável padronizado para 13% de umidade;

PS: peso original obtido para a variável;

UD: porcentagem de umidade observada.

Para os caracteres PE e PG, foram realizadas correções para o número de espiga ideal (20 espigas), através da metodologia de correção por covariância (Vencovsky & Barriga, 1992). A partir das análises de variância e covariância para número de espiga e produtividade, estimou-se o coeficiente de regressão linear obtido por $b = SP_{xy}/SQ_x$ sendo

x o número de espiga e y a produtividade; SP_{xy} a soma de produtos residual de análise de covariância (número de espiga x produtividade); SQ_x é a soma de quadrados residual da análise de variância para número de espigas. O peso corrigido (P_c) foi obtido pelo estimador:

$$P_c = P - b(x - 20),$$

em que:

P_c : peso corrigido de espigas ou de grãos;

P : peso observado de espigas ou de grãos;

b : coeficiente de regressão linear do peso de espiga ou de grãos, em relação às variações; do número de espiga;

x : número de espiga observado.

As análises foram realizadas utilizando a função “lm” do software estatístico R (R Core Team, 2018). Para cada caracter de cada população, foi realizada uma análise de variância individual, segundo o modelo:

$$y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} = é a observação referente ao i -ésimo tratamento no bloco j ;

m = é o efeito fixo da constante do experimento;

t_i = efeito aleatório do i -ésima progênie, $i = 1, 2, \dots, 160$;

b_j = efeito aleatório do j -ésimo bloco, $j = 1, 2, 3$;

e_{ij} = erro experimental associado à observação y_{ij} , sendo $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$.

O esquema da análise de variância individual das progênies de meios-irmãos, para cada variável, está apresentado no Apêndice A. Os quadrados médios das análises de variância foram igualados às suas respectivas esperanças para obtenção dos componentes de variância genética total, variância fenotípica média e herdabilidade, conforme os procedimentos descritos em Vencovsky & Barriga (1992).

a. Variância genética entre progênies de meios-irmãos:

$$\sigma_G^2 = \frac{QM_T - QM_E}{b}$$

b. Variância fenotípica média entre progênes de meios-irmãos:

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

c. Coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para seleção na média de progênes de meios-irmãos:

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} = \frac{(QM_T - QM_E)/b}{QM_T/b}$$

d. Coeficiente de variação ambiental (CVe%)

$$CVe = 100 \times \frac{\sigma_e}{m}$$

e. Coeficiente de variação genético (CVg%)

$$CVg = 100 \times \frac{\sigma_g}{m}$$

f. Índice de variação

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

em que b é o número de blocos, QM_T é o quadrado médio do tratamento; QM_E é o quadrado médio do resíduo; σ_e é o desvio padrão residual; σ_g é o desvio padrão genético; e m é a média geral para o carácter. O ganho esperado com a seleção (GS) entre as progênes para os diferentes tamanhos de parcela foram obtidos pela expressão:

$$GS = i \frac{\sigma_g^2}{\sqrt{\sigma_f^2}}$$

em que i é diferencial de seleção estandardizado para seleção das 20% melhores progênes; σ_g^2 é a variância genética; e σ_f^2 é o desvio padrão fenotípico médio. O ganho esperado com a seleção em valores percentuais (Gs%) foi obtido pela expressão:

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

Os intervalos de confiança para as estimativas de herdabilidade foram obtidos para significância de 5%, conforme sugerido por Knapp et al. (1985):

$$IC_{(h^2)0,95} = \left\{ 1 - \frac{1}{\left(\frac{QMt}{QMe}\right) F_{0,025;GLt;GLE}} \leq h^2 \leq 1 - \frac{1}{\left(\frac{QMt}{QMe}\right) F_{0,975;GLt;GLE}} \right\}$$

em que:

$F_{0,025;GLt;GLE}$: valor tabelado de F a 2,5% de probabilidade, com os graus de liberdade dos tratamentos (GLt) e graus de liberdade do resíduo (GLE);

$F_{0,975;GLt;GLE}$: valor tabelado de F a 97,5% de probabilidade, com os graus de liberdade dos tratamentos (GLt) e graus de liberdade dos resíduos (GLE).

Os coeficientes de correlação genética (r_{Gxy}), fenotípica (r_{Fxy}) e ambiental (r_{Exy}) entre dois caracteres x e y foram estimados pelas expressões:

$$r_{Gxy} = \frac{COV_{Gxy}}{\sqrt{\sigma_{Gx}^2 \sigma_{Gy}^2}}$$

$$r_{Fxy} = \frac{COV_{Fxy}}{\sqrt{\sigma_{Fx}^2 \sigma_{Fy}^2}}$$

$$r_{Exy} = \frac{COV_{Exy}}{\sqrt{\sigma_{Ex}^2 \sigma_{Ey}^2}}$$

em que COV_{Gxy} , COV_{Fxy} e COV_{Exy} são as covariâncias genética, fenotípica média e ambiental entre os caracteres x e y; σ_{Gx}^2 , σ_{Fx}^2 e σ_{Ex}^2 são as variâncias genética, fenotípica média e ambiental do caracter x; e σ_{Gy}^2 , σ_{Fy}^2 e σ_{Ey}^2 são as variâncias genética, fenotípica média e ambiental do caracter y.

Procedeu-se a seleção simultânea para os múltiplos caracteres utilizando o índice clássico (I_{SH}) de Smith (1936) e Hazel (1943), o índice da soma de postos (I_{MM}) de Mulamba & Mock (1978), e o índice Z (I_Z) proposto por Mendes et al. (2009). O índice clássico foi obtido pelo estimador (Ramalho et al., 2012):

$$I_{SH(i)} = \sum_{k=1}^n w_k \bar{y}_{ik} = w_1 \bar{y}_{i1} + w_2 \bar{y}_{i2} + \dots + w_n \bar{y}_{in}$$

em que $I_{SH(i)}$ é o valor do índice clássico associado à progênie i; w_k é o peso do caracter k; e \bar{y}_{ik} é a média fenotípica da progênie i relativo ao caracter k. O estimador dos w_k foi obtido matricialmente por:

$$w = F^{-1} \cdot G \cdot u$$

em que w é o vetor n x 1 dos valores de w_k , sendo n caracteres; F^{-1} é a inversa da matriz n x n das variância e covariâncias fenotípicas médias entre caracteres dois a dois; G é a matriz n x n das variância e covariâncias genéticas entre caracteres dois a dois; e u é um vetor n x 1 de uns.

O índice de Mulamba & Mock (1978) foi obtido a partir da transformação das observações fenotípicas das progênies em postos (ou ranks), de acordo com o estimador (Ramalho et al., 2012):

$$I_{MM(i)} = \sum_{k=1}^n r_{ik} = r_{i1} + r_{i2} + \dots + r_{in}$$

em que $I_{MM(i)}$ é o valor do índice de Mulamba & Mock associado à progênie i ; e r_{ik} é o posto associado à observação fenotípica da progênie i para o caracter k .

Por fim, foi obtido o índice Z a partir do somatório das observações fenotípicas das progênies padronizadas para cada caracter, de acordo com o estimador (Ramalho et al., 2012):

$$I_{Z(i)} = \sum_{k=1}^n z_{ijk} = z_{ij1} + z_{ij2} + \dots + z_{ijn}$$

em que $I_{Z(i)}$ é o valor do índice Z associado à progênie i ; e z_{ijk} é o valor fenotípico padronizado da parcela que recebeu a progênie i no bloco j para o caracter k .

Foram obtidos os ganhos com a seleção indireta ($GS_{(i)k}$), sendo a seleção das 20% melhores progênies de acordo com os índices e o ganho em cada caracter k , através do estimador:

$$GS_{(i)k} = ds \times h^2$$

em que $GS_{(i)k}$ é o ganho de seleção no caracter k para seleção das 20% melhores progênies de acordo com o índice i ; ds é o diferencial de seleção obtido pela média do caracter k nas progênies selecionadas pelo índice (\bar{X}_s) menos a média geral das progênies para o caracter (\bar{X}_0); h^2 é a herdabilidade no sentido amplo para a seleção na média das progênies do caracter k . A razão (ΔGS) entre o ganho de seleção direto para o caracter k (GS_k) e o ganho indireto no caracter k sendo a seleção realizada pelo índice ($GS_{(i)k}$) foi obtida por:

$$\Delta GS = \frac{GS_k}{GS_{(i)k}} \times 100$$

Foi obtido o índice de coincidência entre as progênies selecionadas pelos índices dois a dois de acordo com a expressão Hamblin e Zimmermann (1986):

$$IC(\%) = \frac{A - C}{C - B} \times 100$$

em que IC é a proporção de coincidência entre as progênies selecionadas; A é o número de progênies selecionadas em comum pelos dois índices; B é o número total de progênies selecionadas; e C é a proporção de coincidências atribuídas ao acaso, sendo adotado, nesse caso, 10% de B.

4 RESULTADO E DISCUSSÃO

As progênies apresentaram diferenças significativas ($p \leq 0,05$) para todos os caracteres em ambas as populações, exceto para comprimento de grão (CG) e acamamento e quebramento (ACQB) na população CRE-02 (Apêndices B ao G), indicando a existência de variabilidade entre as progênies para os caracteres avaliados, condição essencial para continuidade do programa de seleção recorrente.

As médias de florescimento feminino (FF) foram 61,43 dias e 63,76 dias; de florescimento masculino (FM), 60,69 dias e 63,83 dias; e de intervalo de florescimento (IF) 10,72 dias e 12 dias para as populações CRE-01 e CRE-02, respectivamente. A amplitude entre o valor máximo e mínimo para FF foi de 15 dias e 14 dias, e para FM foi de 14 e 13 dias para as populações CRE-01 e CRE-02, respectivamente. Essas diferenças indicam que a duração da fase vegetativa, em função da exigência térmica (graus-dia) para alcançar o pendoamento-espigamento, foi divergente entre as progênies. O que sugere há possibilidade de seleção de progênies com menor ciclo, reduzindo o tempo da cultura no campo e tornando-a mais adequada para a prática de segunda safra (Chavaglia, 2016). Intervalos de florescimento menores são também importantes para tolerância ao estresse hídrico. Segundo Weismann (2008), dois dias de estresse hídrico durante o florescimento diminuem o rendimento em mais de 20%, e quatro a oito dias de estresse provocam a diminuição de mais de 50% do rendimento.

Para os caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), que são os de maior interesse econômico no melhoramento de milho, a população CRE-01 apresentou médias de $6,90 \text{ t ha}^{-1}$ e $5,30 \text{ t ha}^{-1}$, e a população CRE-02 apresentou médias de $7,67 \text{ t ha}^{-1}$ e $6,04 \text{ t ha}^{-1}$. As médias para PE variaram de $1,15 \text{ t ha}^{-1}$ a $15,60 \text{ t ha}^{-1}$ entre as progênies da população CRE-01, e de $2,81 \text{ t ha}^{-1}$ a $13,38 \text{ t ha}^{-1}$ entre as progênies da população CRE-02. Para PG, as médias entre progênies variaram de $0,68 \text{ t ha}^{-1}$ a $12,69 \text{ t ha}^{-1}$ para a população CRE-01, e de $1,97 \text{ t ha}^{-1}$ a $10,71 \text{ t ha}^{-1}$ para a população CRE-02. Essas amplitudes de variação confirmam a existência de variabilidade genética dentro das populações para esses caracteres. Oliveira et al. (2015), avaliando as mesmas populações no segundo ciclo, observaram médias de $7,21 \text{ t ha}^{-1}$ e $7,39 \text{ t ha}^{-1}$ para PE, e de $5,68 \text{ t ha}^{-1}$ e $5,83 \text{ t ha}^{-1}$ para PG nas populações CRE-01 e

CRE-02, respectivamente. As diferenças entre os resultados obtidos no terceiro e segundo ciclo podem ser atribuídas às diferentes épocas de avaliação, sendo o terceiro realizado durante a primeira safra e o segundo durante a segunda safra.

Os coeficientes de variação ambiental (C_{Ve}) variaram de 2,20% (Número de fileiras - NF) a 38,80% (Peso de grão de quatro espigas - PG4E) na população CRE-01, e de 3,09% (FF) a 31,47% (ACQB) na população CRE-2 (Apêndices B ao G). A estimativa do erro experimental em relação à média geral do ensaio é uma estatística muito utilizada como medida de avaliação da qualidade experimental. Quanto menor a estimativa do C_{Ve}, maior será a precisão do experimento (Cargnelutti Filho & Storck, 2007). Apesar das altas magnitudes do C_{Ve} para ACQB, essas estimativas estão de acordo com as encontradas na literatura (Moraes & Brito, 2017; Revolti et al., 2016).

De acordo com a classificação dos coeficientes de variação propostos por Scapim et al., (1995) o C_{Ve} para AP e AE foram considerados muito alto para CRE-01 e médio para CRE-02. Valores médios foram obtidos para PE e P100 e baixos para PROL em ambas as populações. Em relação ao PG foram obtidos coeficiente médio para CRE-01 e alto para CRE-02. Segundo a classificação de Pimentel Gomes (1985) na população CRE-01 C_{Ve} altos foram obtidos para FF, FM e P4E e muito alto para PG4. Enquanto que na população CRE-02 C_{Ve} altos foram obtidos para CE, DE, NGF, ST, NE, PG4E.

Em geral, a população CRE-01 apresentou maiores estimativas herdabilidade que a população CRE-02. As herdabilidades variaram de $h^2 = 31,18\%$ para P4E, a $h^2 = 87,45\%$ para PE na população CRE-01, e de $h^2 = 6,54\%$ para PRE a $h^2 = 96,92\%$ para PE na população CRE-02. O ganho de seleção variou de 1,66% (NF) a 45,56% (PG) na população CRE-01, e de 1,00% (CG) a 81,37% (PE) na população CRE-02 (Tabela 1).

Para os caracteres PE, P4E, PG4E, PG e P100 as estimativas de herdabilidade variaram de 17,71% (PG4E) a 96,92% (PE). Os valores encontrados para a PE e PG são considerados muito bons, visto que são caracteres quantitativos (Jugenheimer, 1976). As estimativas de herdabilidade são superiores às relatadas por Souza (2015), que avaliando as mesmas populações no segundo ciclo de seleção, obteve estimativas de herdabilidade para PE e PG variando de 49,82 a 50,13%; e também às de Oliveira (2013), que obteve herdabilidade para PE, P4E e PG4E no primeiro ciclo de seleção dessas populações variando de 55,0% a 78,0%. Segundo Alves (2014), o aumento da magnitude das estimativas de herdabilidade na sequência dos ciclos é um indicativo do acúmulo de alelos favoráveis na população, mostrando que a seleção recorrente é um método eficiente de melhoramento.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade para seleção com base na média de progênie (h^2), intervalo de confiança para as estimativas de herdabilidade (IC_{h^2}), índice de variação (θ), e ganho de seleção (Gs) para diferentes caracteres nas populações de milho CRE-01 e CRE-02.

CARAC.	CRE-01				CRE-02			
	h^2 (%)	IC_{h^2}	θ	Gs (%)	h^2 (%)	IC_{h^2}	Θ	Gs (%)
FF	71,62	0,72 - 0,84	0,75	-22,55	54,88	0,61 - 0,78	0,64	-2,50
FM	62,52	0,62 - 0,79	0,92	-20,53	61,30	0,55 - 0,74	0,	(Conclusão)
IF	47,94	0,48 - 0,71	0,55	-3,19	33,91	0,34 - 0,63	0,41	-10,60
AP	66,59	0,67 - 0,81	0,82	-18,24	37,37	0,37 - 0,64	0,10	-3,17
AE	54,52	0,55 - 0,74	0,63	-12,36	28,69	0,29 - 0,60	0,37	-3,33
PRE	47,14	0,47 - 0,70	0,55	-7,21	6,54	0,07 - 0,47	0,15	-1,05
CE	49,38	0,49 - 0,71	0,57	8,41	42,01	0,42 - 0,67	0,49	9,54
CG	35,81	0,36 - 0,64	0,43	5,38	7,98	0,08 - 0,48	0,17	1,00
DE	51,18	0,51 - 0,72	0,59	5,63	39,52	0,40 - 0,66	0,47	9,45
DS	57,60	0,58 - 0,76	0,67	-5,84	40,53	0,41 - 0,66	0,48	-8,46
NF	59,46	0,59 - 0,77	0,70	1,66	44,60	0,45 - 0,69	0,52	7,36
NGF	33,03	0,33 - 0,62	0,41	4,55	24,92	0,25 - 0,57	0,33	6,36
ACQB	48,60	0,49 - 0,71	0,56	-4,19	24,12	0,76 - 0,87	0,33	-7,04
PROL	35,63	0,36 - 0,64	0,43	3,08	35,47	0,35 - 0,63	0,43	1,78
PE	87,45	0,87 - 0,93	1,52	43,90	96,92	0,97 - 0,98	3,24	81,37
P4E	25,28	0,25 - 0,58	0,34	5,72	26,97	0,27 - 0,59	0,35	4,98
PG4E	31,18	0,31 - 0,61	0,39	11,79	17,71	0,18 - 0,53	0,27	4,01
PG	86,81	0,87 - 0,93	1,48	45,56	69,58	0,70 - 0,83	0,87	18,47
P100	55,05	0,55 - 0,75	0,64	6,54	41,29	0,41 - 0,67	0,48	2,63

*FM: Florescimento Masculino; FF: Florescimento Feminino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta; AE: Altura de espiga; PRE: Posição relativa da espiga; CE: Comprimento da Espiga; CG: Comprimento do Grão; DE: Diâmetro da Espiga; DS: Diâmetro do Sabugo; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; ACQB: Acamamento e quebramento; PROL: Prolificidade; PE: Peso de espiga; P4E: Peso de Quatro Espigas; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas; PG: Peso de Grãos; P100: Peso de Cem Grãos.

Os valores de θ indicam que a expressão fenotípica para esses caracteres é principalmente devido a causas genéticas. As maiores estimativas de θ ocorreram para o caracter PE em ambas populações. Faluba et al. (2010) ressaltam que é comum estimativas de θ próximos ou superiores a 1,00 com base em apenas um local, devido à variância genética estar inflacionada pela interação genótipos x ambientes. Porém, as altas magnitudes das herdabilidades sugerem que os índices acima de 1 significam que a expressão fenotípica

desses caracteres foram devido principalmente à causas genéticas, e não por estarem superestimados pela interação (Cruz et al., 2012). Esses resultados indicam boas perspectivas de ganho genético para seleção direta destes caracteres (Mistro et al., 2007), e também que métodos simples de seleção seriam suficientes para obter ganhos satisfatórios. Os ganhos de seleção para PE e PG foram altos e superiores aos observados na literatura para outras populações de meios-irmãos de milho em processo de seleção recorrente (Heinz et al., 2012; Arriel; Antonio; Ramalho, 1993).

As estimativas de herdabilidade para florescimento foram semelhantes às encontradas por Lima (2006), que obteve estimativa de herdabilidade no sentido amplo de 68,61%, e no sentido restrito de 48,81%, e afirmou que a seleção com base do florescimento pode ser eficiente. Já Câmara et al. (2007) encontraram valores de herdabilidade de acima de 90% para FF e FM em duas populações de milho. Os autores discutem que a alta magnitude da herdabilidade foi devido ao grande número de ambientes em que as populações foram avaliadas (nove ambientes), o que diminuiu expressivamente a proporção da variância ambiental na variância fenotípica média. O ganho de seleção para FF foi de -22,55% e -2,50%, e para FM foi de -20,53% e -2,46%, para as populações CRE-01 e CRE-02, respectivamente.

O intervalo de florescimento é um dos caracteres secundários indicativos na seleção de genótipos tolerantes ao estresse hídrico (Clemente, 2017). Na população CRE-01, os IF variaram de 0 dias a 6 dias, e na população CRE-02, de 0 a 11 dias. Essas diferenças indicam que há possibilidade de seleção de progênies com menor IF. As herdabilidades para esse caracter foram de 47,94% (CRE-01) e 33,91% (CRE-02), e a estimativa de θ para IF foi de 0,55 (CRE-01) e 0,41 (CRE-02), indicando grande influência do ambiente nesse caracter e, conseqüentemente, baixa eficiência seletiva (Vencovsky & Barriga, 1992). O ganho de seleção para IF foi de -3,19% e -10,60% para as populações CRE-01 e CRE-02, respectivamente.

As estimativas de herdabilidade para altura de plantas (AP), altura de espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE) variaram de 47,14% (PRE) a 66,59% (AP) na população CRE-01, e de 6,54% (PRE) a 37,37% (AP) na população CRE-02. Os valores de h^2 e de θ observados para esses caracteres na população CRE-01 indicam uma condição razoavelmente favorável para seleção. Já os valores obtidos para CRE-02 indicam que esta população apresenta pouca variabilidade genética e que a seleção praticada para esses caracteres não deve proporcionar ganhos significativos. Comparando-se aos ciclos de

seleção recorrente anteriores descritos em Oliveira (2013) e Souza (2015), a população CRE-01 apresentou maior herdabilidade, e a população CRE-02, menor herdabilidade para esses caracteres. No primeiro ciclo de seleção recorrente, as estimativas de herdabilidade variaram de 36,0% (AP) a 49,0% (AE); no segundo ciclo, as estimativas de herdabilidade variaram de 27,46% (PRE) a 60,46% (AE). A diminuição da magnitude das estimativas de herdabilidade indicam perda de alelos favoráveis na população CRE-02.

Chavaglia (2016) obteve estimativas intermediárias em relação às observadas nesse estudo para AP e PRE avaliando 182 progênies de meios-irmãos do composto RV-02. Já para AE, os valores observados são inferiores aos relatados na literatura (Sibov et al., 2003; Andrade; Miranda filho, 2008; Sabadin, 2008; Rafiq et al., 2010; Lima Neto; Souza Júnior, 2009).

As estimativas de herdabilidade obtidas para os caracteres CE e CG são inferiores às relatadas na literatura por Toledo (2010), Chavaglia (2016), Andrade; Miranda filho, (2008) e Chen et al. (2016). Isso se deve ao fato desses caracteres serem muito influenciados pelo ambiente ou pelo fato das variâncias genética serem pequenas. Devido ao experimento ter sido realizado em apenas um ambiente é comum a presença de maiores efeitos ambientais, e conseqüentemente de maiores estimativas de herdabilidade. Os ganhos de seleção para CE na população CRE-01 são considerados bons, apesar da grande influência do ambiente sobre esse carácter o valor de θ indica maior influência genética que ambiental.

As estimativas de herdabilidade para DE e DS foram inferiores às observadas por Toledo, (2010), Rajesh et al. (2013) e Nardino et al. (2016), e superiores às obtidas por Khan et al. (2018). As maiores estimativas de herdabilidade obtidas na população CRE-01 podem ser explicadas pelas estimativas de θ , que para essa população foi de 0,59 (DE) e 0,67 (DS), enquanto que na população CRE-02 foram de 0,47 (DE) e 0,48 (DS). Valores de θ acima de 0,5 indicam que a contribuição do genótipo na expressão do fenótipo é maior que a contribuição do efeito ambiental (Vencovsky, 1987). Os ganhos com a seleção para DE foram superiores aos obtidas por Oliveira (2013) no primeiro ciclo de seleção recorrente nessas populações.

As estimativas de herdabilidade para NF e NGF foram inferiores às observadas por Mahmood et al. (2004), Ali et al. (2011), Chen et al. (2016), provavelmente devido à grande influência ambiental sofrida por esses caracteres conforme demonstra os resultados para θ . Os ganhos de seleção observados são inferiores aos encontrados por Kist (2006) avaliando populações de meios-irmãos de milho em 3 ambientes.

O caracter ACQB apresentou herdabilidade de 48,60% (CRE-01) e 24,12% (CRE-02). As herdabilidades da população CRE-01 foram superiores as observadas por Pinheiro (2004) para populações de meios-irmãos em segundo ciclo de seleção recorrente, em que as herdabilidades variaram de 0,70% a 29,75%. O caracter ACQB é de difícil avaliação devido à forte influência do vento, chuva e infestação de insetos, o que dificulta a replicação dos experimentos (Andrade, 2017). A estimativa de θ foi superior a 0,5 apenas na população CRE-01, indicando que a seleção praticada para o caracter ACQB na população CRE-02 não proporcionará ganhos significativos. Os ganhos de seleção para esse caracter foram superiores aos observados por Berílio et al. (2013).

Dos 171 pares de caracteres (combinação dos 19 caracteres dois a dois), apenas 36 apresentaram correlação genética significativa em pelo menos uma das duas populações (Tabela 2). O caracter ACQB não apresentou correlação genética significativa com os demais caracteres, e o caracter P100 apresentou correlação apenas com PRE na população CRE-02. A produtividade de grãos (PG) apresentou correlação genética com AP (0,384*), AE (0,4575*) e CG (0,4971*) na população CRE-01, com CE (0,463*) na população CRE-02, e com NGF (0,59* e 0,734*), PROL (-0,505* e 0,439*), PE (0,998* e 0,991*), P4E (0,477* e 0,672*), e PG4E (0,614* e 0,848*) na duas populações.

Segundo Ramalho et al. (2012), a correlação mede o grau de associação entre as duas variáveis, e seus valores variam de -1 a 1. Quanto mais próximo de -1 ou +1 mais forte é a associação entre as variáveis, e quando a correlação é igual a zero as variáveis não possuem associação. A correlação positiva indica caracteres variando na mesma direção, e a negativa em direções opostas. A correlação genética entre caracteres pode ocorrer devido à pleiotropia, quando um loco é responsável pela expressão de mais de um caracter, ou devido à ligação entre locos que controlam os diferentes caracteres. No caso de caracteres quantitativos, que são controlados por muitos genes, ambos os fatores podem ser responsáveis pela ocorrência de correlação genética.

O FF apresentou correlação genética apenas com FM e IF, indicando que os mesmos genes estão atuando nesses caracteres ou que os genes que controlam os diferentes caracteres possuem ligação entre locos. Esses resultados corroboram com os obtidos por Souza et al. (2008).

Tabela 2. Estimativas dos coeficientes de correlação genética nas populações CRE-01 (acima da diagonal) e CRE-02 (abaixo da diagonal) para os caracteres FM: Florescimento Masculino; FF: Florescimento Feminino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta; AE: Altura de espiga; PRE: Posição relativa da espiga; CE: Comprimento da Espiga; CG: Comprimento do Grão; DE: Diâmetro da Espiga; DS: Diâmetro do Sabugo; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; ACQB: Acamamento e quebramento; PROL: Prolificidade; PE: Peso de espiga; P4E: Peso de Quatro Espigas; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas; PG: Peso de Grãos; P100: Peso de Cem Grãos.

	FF	FM	IF	AP	AE	PRE	CE	CG	DE	DS	NF	NGF	ACQB	PROL	PE	P4E	PG4E	PG	P100
FF	-	0.830++	0.642+	0.099	0.107	0.033	0.210	-0.031	0.267	0.358	0.262	-0.047	-0.395	-0.184	-0.041	0.193	0.046	-0.062	0.193
FM	0.850++	-	0.104	-0.126	0.000	0.205	0.125	-0.031	0.172	0.242	0.194	-0.103	-0.492	0.128	-0.197	0.003	-0.114	-0.210	0.231
IF	0.129	-0.413	-	0.350	0.192	-0.221	0.201	-0.014	0.240	0.306	0.202	0.054	-0.028	-0.504	0.196	0.340	0.239	0.177	0.029
AP	-0.007	-0.039	0.063	-	0.806++	-0.224	0.106	0.224	0.316	0.154	0.233	0.225	-0.089	-0.240	0.397+	0.130	0.054	0.384+	0.092
AE	0.072	-0.058	0.234	0.943+	-	0.378	0.170	0.401	0.373	0.040	0.121	0.560	-0.134	-0.179	0.4781+	0.280	0.146	0.4575+	0.097
PRE	0.228	-0.104	0.589	0.295	0.591	-	-0.040	0.088	0.038	-0.044	-0.118	0.328	0.144	0.049	0.155	0.184	0.189	0.152	0.114
CE	0.152	0.074	0.123	0.437	0.627	0.702	-	0.234	0.331	0.162	0.107	0.537	-0.639	-0.046	0.258	0.484	0.303	0.249	0.302
CG	0.441	0.377	0.052	0.213	0.392	0.694	0.263	-	0.616+	-0.282	0.218	0.613	-0.266	-0.231	0.494+	0.432	0.458	0.491+	0.283
DE	0.275	0.213	0.075	-0.054	-0.205	-0.398	0.116	0.830	-	0.582+	0.540+	0.384	-0.507	-0.306	0.352	0.633+	0.389	0.335	0.366
DS	0.053	0.022	0.049	-0.176	-0.557	1.000++	-0.017	0.494	0.896+	-	0.433+	-0.165	-0.343	-0.134	-0.082	0.326	0.001	-0.100	0.153
NF	0.223	0.110	0.178	-0.123	-0.158	-0.105	-0.247	0.292	0.299	0.189	-	0.349	-0.235	0.005	0.167	0.261	0.173	0.174	0.364
NGF	-0.024	0.011	-0.062	0.654	0.941+	1.000++	0.619	0.480	0.076	-0.311	-0.391	-	-0.180	-0.173	0.596+	0.434	0.486	0.590+	0.021
ACQB	0.029	-0.218	0.461	0.504	0.575	0.398	-0.016	0.150	-0.006	-0.140	-0.160	0.143	-	-0.671	0.163	-0.240	-0.040	0.132	0.079
PROL	-0.152	-0.078	-0.116	0.461	0.636+	0.674	0.497	0.059	-0.185	-0.337	0.862++	0.803+	0.181	-	-0.509+	-0.476	-0.370	-0.505+	0.013
PE	-0.330	-0.270	-0.063	0.489	0.610+	0.560	0.446	0.529	0.306	0.025	-0.054	0.698+	0.132	0.439+	-	0.486	0.614+	0.998++	0.081
P4E	0.041	0.157	-0.226	0.649	0.487	-0.103	0.825+	1.000++	1.000++	0.431	0.494	0.621	-0.436	0.054	0.689+	-	0.916+	0.477+	0.406
PG4E	-0.046	0.161	-0.382	0.763	0.675	0.146	0.730	1.000++	1.000++	0.363	0.579	0.621	-0.226	0.012	0.863+	0.957+	-	0.614++	0.403
PG	-0.385	-0.292	-0.117	0.446	0.596	0.615	0.463+	0.611	0.322	-0.025	-0.019	0.734+	0.035	0.439+	0.991++	0.672+	0.848+	-	0.091
P100	-0.129	-0.069	-0.094	-0.128	-0.515	1.000++	0.294	0.446	0.469	0.350	-0.087	-0.204	-0.370	-0.044	0.164	0.246	0.349	0.172	-

++ e +: Significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 5000 simulações.

Os coeficientes de correlação genética entre AP e AE foram positivos e de grande magnitude nas duas populações avaliadas, indicando que muitos dos genes envolvidos na determinação da altura da planta também estão envolvidos na determinação da altura de espiga. Esses resultados corroboram com os encontrados por Bianco et al. (1987), Pinheiro (2004) e Nzuve et al. (2014). Os caracteres AP e AE, além de estarem correlacionadas entre si, possuem correlação genética positiva com PE em ambas as populações, e com PG na população CRE-01. Isso indica que alguns genes que atuam favorecendo a ocorrência de plantas maiores e com maior AE estão ligados ou também atuam sobre a produtividade, e que existe relação entre os componentes primários e secundários de produção. Esses resultados divergem dos encontrados por Souza et al. (2018) que não obtiveram correlações significativas entre esses caracteres, e corroboram com os resultados de Dao et al. (2017).

A correlação entre AP e AE com PG sugere que plantas altas apresentam melhores produtividades. Segundo Silva et al. (2006) plantas maiores tendem a ser mais produtivas, provavelmente porque acumulam maiores quantidades de reservas no colmo. Entretanto, Moraes e Brito (2017) discutem que plantas mais altas utilizam mais nutrientes durante o crescimento vegetativo ao invés de utilizá-los na fase reprodutiva, resultando em maturação tardia da espiga. Ademais, programas de melhoramento de milho geralmente buscam genótipos mais baixos e com menor altura de espigas, que facilitam a produção de sementes híbridas e a colheita mecanizada (Koshima, 2009). Assim, a correlação positiva entre altura e PG pode dificultar a obtenção de genótipos produtivos e com AP e AE desejadas pelos programas de melhoramento.

O DE apresentou correlação genética positiva com NF e P4E na população CRE-01, e com P4E e PG na população CRE-02. A herdabilidade para DE é média em ambas as populações (Tabela 1), o que indica que ganhos significativos para os caracteres correlacionados podem ser obtidos. O NGF apresentou correlação genética moderada e positiva com o PE (0,596) e PG (0,590) na população CRE-01 e forte e positiva com o PE (0,698) e PG (0,7335) na população CRE-02. Apesar da magnitude da correlação e sentido serem favoráveis aos programas de melhoramento, as herdabilidades para NGF foram baixas tornando a seleção indireta para PE e PG ineficiente.

A não existência de correlação entre ACQB e os demais caracteres o torna independente, o que facilita a seleção que poderá ser realizada em qualquer sentido desejado. Esse resultado corrobora com o encontrado por Souza et al. (2008). Os caracteres P100 e CE

também não apresentaram correlações significativas com nenhum dos caracteres avaliados na população CRE-01, indicando que sua utilização para obtenção de ganhos na seleção indireta seria ineficiente. Entretanto, correlação genética positiva entre CE e PG foi relatada por Alvi et al.(2003),Selvaraj e Nagarajan(2011),Nzuve et al.(2014) e Casarotto(2013), e entre P100 e PG por Azad et al. (2012). Assim, a avaliação desses caracteres é importante para auxiliar os melhoristas na seleção de genótipos com maior produtividade.

O caracter PROL possui correlação de magnitude moderada com PE e PG. Entretanto, a correlação negativa entre PROL e PG na população CRE-01 chamou atenção. Inicialmente, esse resultado indicaria que a seleção para PROL é vantajosa na população CRE-02 e desvantajosa na população CRE-01. Correlações genéticas negativas entre PROL e PG foram encontradas por Nardino et al. (2016), que justificam esse resultado com base na correlação negativa da PROL com caracteres que afetam positivamente o PG, e que os genes que atuam para o aumento da prolificidade estariam correlacionadas negativamente a DE, NGF, PE e PGE. No presente trabalho observou-se correlação genética entre PROL e NGF, sendo que o NGF possui correlação genética negativa com a PROL na população CRE-01, e correlação positiva na população CRE-02.

A interpretação da correlação genética entre PROL e PG deve ser cuidadosa. Quando há mais de uma espiga na planta, geralmente a segunda é pequena e mal granada, e a prolificidade nem sempre acarreta aumento na produtividade de grãos (Santos et al., 2013). Plantas com maior número de espigas podem apresentar problemas nos campos de produção de grãos devido à baixa eficiência de granação de espiga (cerca de 30%, já registrado) quando a taxa de fasciação é alta (Durães, 1999). Os resultados divergentes obtidos para as populações CRE-01 e CRE-02 sugerem que a PROL não deve ser considerada na seleção de genótipos mais produtivos neste estudo.

A complexidade do controle genético da produtividade de grãos em milho faz com que a seleção para esse caracter não seja realizada somente de forma direta, mas também considerando os demais componentes da produção. De acordo com Edmeades et al. (1998), um componente secundário ideal deve ser geneticamente correlacionado e possuir maior herdabilidade que o caracter de interesse, apresentar fácil mensuração, ser estável dentro do período de mensuração, não associado a uma penalidade de rendimento sob condições não severas, preferencialmente mensurável antes ou durante o florescimento para que os pais indesejáveis não sejam cruzados, e um estimador confiável do potencial de rendimento antes da colheita final.

O caracter PE apresentou correlação muito forte e positiva com PG, de 0,998 e 0,991 para as populações CRE-01 e CRE-02, respectivamente. Lopes et al., (2007) e Casarotto, 2013 também relatam alta correlação positiva do peso de espiga com a produtividade de grãos, e descrevem o PE como um dos caracteres com maior efeito na produtividade. Correlação forte com PG também foi obtida para o caracter PG4E (0,848) na população CRE-02. Porém, como este caractere apresentou baixa herdabilidade, a seleção indireta para PG através do PG4E pode não ser eficiente.

Foram observadas diferenças na magnitude e no sentido das correlações fenotípicas e ambientais entre os caracteres estudados nas populações CRE-01 e CRE-02 (Tabela 3). As correlações fenotípicas significativas variaram de muito fracas, abaixo de 0,3 (FM e PG), a muito fortes, acima de 0,9 (PE e PG). As correlações fenotípicas fracas podem ter sido detectadas devido ao elevado grau de liberdade incluído no teste T. Por esse motivo existe uma tendência entre os melhoristas de plantas de se valorizar mais o sinal (positivo ou negativo) e a magnitude dos valores na interpretação das correlações, sendo comum a aceitação de correlações significativas como acima de 0,5(Lopes et al. 2002).

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

A correlação fenotípica é composta de causas genéticas e ambientais, porém somente as associações genéticas são herdáveis, podendo ser utilizadas para orientação de programas de melhoramento de plantas (Faluba et al. 2010; Cabral et al., 2011). Assim, no melhoramento genético é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres, ou seja, quanto da correlação fenotípica é devido à correlação genética, e quanto é devido à correlação ambiental. Porém, caracteres correlacionados geneticamente, mas que não apresentam correlação fenotípica significativa podem não apresentar resposta na seleção, visto que a seleção é realizada com base no fenótipo (Cabral et al., 2011).

Tabela 3. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e correlação ambiental (abaixo da diagonal) entre os caracteres dois a dois na população CRE-01.

	FF ¹	FM	IF	AP	AE	PRE	CE	CG	DE	DS	NF	NGF	ACQB	PROL	PE	P4E	PG4E	PG	P100
FF	-	0.770**	0.579**	-0.002	0.008	0.017	0.106	-0.038	0.1746*	0.263**	0.216**	-0.063	-0.139	-0.154	-0.062	0.088	0.006	-0.080	-0.148
FM	0.668++	-	-0.074	-0.143	-0.045	0.154	0.080	-0.019	0.119	0.171*	0.174*	-0.077	-0.201*	0.059	-0.155	0.022	-0.068	-0.165*	-0.149
IF	0.501++	-0.310+	-	0.179*	0.070	-0.169	0.062	-0.037	0.121	0.195*	0.116	0.000	0.040	0.317**	0.100	0.112	0.097	0.084	-0.040
AP	-0.229+	-0.177	-0.087	-	0.747**	-0.111	0.132	0.134	0.224	0.120	0.141	0.219	-0.033	-0.079	0.367**	0.112	0.054	0.3554*	0.049
AE	-0.165	-0.111	-0.081	0.656++	-	0.473**	0.154	0.247**	0.245**	0.009	0.064	0.354**	-0.059	-0.064	0.387**	0.170*	0.110	0.372**	0.056
PRE	-0.012	0.077	-0.103	0.091	0.606++	-	-0.024	0.098	0.032	-0.078	-0.060	0.1704*	-0.017	0.002	0.131	0.091	0.1	0.130	-0.043
CE	-0.071	0.016	-0.108	0.182	0.133	-0.004	-	0.225**	0.312**	0.120	0.092	0.612**	0.231**	-0.025	0.233**	0.376**	0.291**	0.228**	0.236**
CG	-0.051	-0.004	-0.060	0.009	0.074	0.111	0.217+	-	0.665**	0.366**	0.256**	0.369**	-0.147	-0.096	0.354**	0.199*	0.211**	0.355**	0.207**
DE	0.000	0.033	-0.038	0.048	0.052	0.021	0.285+	0.739++	-	0.452**	0.509**	0.298**	-0.222*	-0.200*	0.302**	0.493**	0.342**	0.296**	0.281**
DS	0.074	0.049	0.038	0.049	-0.040	-0.134	0.055	0.490++	0.226+	-	0.328**	-0.069	-0.101	-0.135	-0.047	0.377**	0.174*	-0.055	0.103
NF	0.120	0.141	-0.010	-0.057	-0.031	0.039	0.069	0.321++	0.454++	0.123	-	0.201*	-0.140	-0.040	0.130	0.215**	0.161*	0.137	0.256**
NGF	-0.088	-0.049	-0.053	0.226+	0.139	0.001	0.699++	0.152	0.206+	0.047	0.019	-	-0.037	-0.113	0.4356**	0.325**	0.362**	0.434**	0.054
ACQB	-0.018	-0.084	0.076	-0.007	-0.031	-0.104	-0.065	-0.111	-0.112	0.016	-0.121	0.017	-	0.219**	0.015	-0.117	-0.044	0.001	-0.112
PROL	-0.117	-0.026	-0.119	0.160	0.071	-0.054	-0.001	0.035	-0.068	-0.139	-0.106	-0.059	-0.047	-	-0.301**	0.287**	0.243**	0.297**	-0.012
PE	-0.170	-0.044	-0.166	0.300++	0.206+	0.090	0.234+	0.123	0.200+	0.082	-0.001	0.232+	-0.160	0.182	-	0.403**	0.487**	0.992**	0.092
P4E	-0.054	0.044	-0.120	0.094	0.048	-0.015	0.260+	-0.018	0.333++	0.457++	0.163	0.231+	-0.078	-0.106	0.372++	-	0.864**	0.408**	0.338**
PG4E	-0.054	-0.010	-0.057	0.058	0.067	-0.010	0.279++	-0.036	0.284++	0.419++	0.150	0.247+	-0.051	-0.113	0.312++	0.813++	-	0.502**	0.339**
PG	-0.176	-0.046	-0.171	0.293+	0.201+	0.096	0.236+	0.133	0.233+	0.110	0.011	0.241+	-0.166	0.181	0.945++	0.414++	0.376++	-	0.107
P100	-0.061	-0.017	-0.056	-0.035	-0.007	0.068	0.138	0.115	0.139	0.014	-0.054	0.096	-0.156	-0.046	0.163	0.262++	0.259++	0.195+	-

¹FF: Florescimento Feminino; FM: Florescimento Masculino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta; AE: Altura de espiga; PRE: Posição relativa da espiga; CE: Comprimento da Espiga; CG: Comprimento do Grão; DE: Diâmetro da Espiga; DS: Diâmetro do Sabugo; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; ACQB: Acamamento e quebramento; PROL: Prolificidade; PE: Peso de espiga; P4E: Peso de Quatro Espigas; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas; PG: Peso de Grãos; P100: Peso de Cem Grãos; ++, +: Significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 5000 simulações; **, *: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 4. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e correlação ambiental (abaixo da diagonal) entre os caracteres dois a dois na população CRE-02

	FF	FM	IF	AP	AE	PRE	CE	CG	DE	DS	NF	NGF	ACQB	PROL	PE	P4E	PG4E	PG	P100
FF	-	0.737**	0.201*	-0.024	0.022	0.069	0.089	0.142	0.152	0.062	0.120	-0.012	0.035	-0.089	0.261**	0.018	-0.007	0.299**	-0.092
FM	0.571++	-	0.514**	-0.063	-0.013	0.053	0.000	0.087	0.106	0.060	0.055	-0.037	-0.040	-0.072	0.217**	0.060	0.060	0.237**	-0.040
IF	0.285++	0.624++	-	0.062	0.046	0.010	0.112	0.055	0.040	-0.008	0.072	0.039	0.102	-0.008	-0.017	-0.064	-0.096	-0.036	-0.059
AP	-0.043	-0.088	0.061	-	0.802**	0.114	0.232**	0.132	0.028	-0.092	0.009	0.273**	0.141	0.208**	0.307**	0.217**	0.218**	0.286**	-0.105
AE	-0.020	0.022	-0.045	0.728++	-	0.683**	0.228**	0.105	-0.049	-0.185*	-0.018	0.300**	0.137	0.239**	0.335**	0.178*	0.164*	0.314**	0.214**
PRE	0.014	0.128	-0.136	0.071	0.733++	-	0.090	0.023	-0.107	-0.196*	-0.030	0.162*	0.046	0.134	0.181*	0.034	0.006	0.1695*	0.223**
CE	0.016	-0.078	0.106	0.079	-0.016	-0.100	-	0.285**	0.290**	0.111	-0.005	0.696**	-0.035	0.529**	0.337**	0.432**	0.328**	0.342**	0.143
CG	-0.021	-0.065	0.057	0.105	0.011	-0.093	0.312++	-	0.800**	-0.033	0.309**	0.333**	0.008	0.050	0.259**	0.330**	0.337**	0.294**	0.164*
DE	0.022	0.003	0.018	0.086	0.041	-0.028	0.428++	0.826++	-	0.565**	0.446**	0.283**	-0.010	-0.077	0.258**	0.501**	0.469**	0.266**	0.241**
DS	0.076	0.100	-0.044	-0.031	0.035	0.086	0.215	-0.262+	0.313+	-	0.296**	0.022	-0.024	-0.178*	0.073	0.383**	0.315**	0.041	0.163*
NF	-0.015	-0.009	-0.003	0.121	0.079	-0.008	0.224	0.347++	0.579++	0.395++	-	-0.014	0.005	0.649**	0.021	0.246**	0.273**	0.047	-0.16*
NGF	-0.002	-0.079	0.091	0.047	-0.016	-0.074	0.756++	0.288+	0.414++	0.237	0.267	-	0.028	0.764**	0.473**	0.348**	0.302**	0.480**	-0.124
ACQB	0.046	0.062	-0.029	-0.008	-0.015	-0.019	-0.046	-0.028	-0.013	0.028	0.093	-0.014	-	0.021	-0.014	-0.077	-0.006	-0.037	-0.163
PROL	0.012	-0.063	0.085	-0.035	-0.069	-0.067	0.576++	0.053	0.033	-0.012	0.389++	0.776++	-0.076	-	0.349**	0.095	0.048	0.338**	0.012
PE	-0.120	-0.127	0.034	0.106	0.099	0.043	0.207+	0.130	0.221+	0.152	0.150	0.291++	-0.142	0.181+	-	0.468**	0.477**	0.981**	0.101
P4E	-0.001	-0.018	0.021	-0.039	0.026	0.071	0.175	-0.022	0.181+	0.356++	0.067	0.203	0.057	0.137	0.292++	-	0.860**	0.460**	0.229**
PG4E	0.020	-0.001	0.020	-0.032	-0.033	-0.022	0.131	-0.036	0.134	0.301++	0.112	0.172	0.059	0.080	0.247+	0.827++	-	0.499**	0.184*
PG	-0.119	-0.143	0.053	0.110	0.064	-0.014	0.194+	0.140	0.220+	0.141	0.163	0.265+	-0.111	0.147	0.954++	0.292++	0.310++	-	0.095
P100	-0.046	-0.007	-0.036	-0.087	-0.014	0.058	0.002	0.040	0.044	-0.005	-0.236+	-0.067	-0.067	0.081	0.003	0.223+	0.100	-0.028	-

¹FF: Florescimento Feminino; FM: Florescimento Masculino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta; AE: Altura de espiga; PRE: Posição relativa da espiga; CE: Comprimento da Espiga; CG: Comprimento do Grão; DE: Diâmetro da Espiga; DS: Diâmetro do Sabugo; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; ACQB: Acamamento e quebramento; PROL: Prolificidade; PE: Peso de espiga; P4E: Peso de Quatro Espigas; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas; PG: Peso de Grãos; P100: Peso de Cem Grãos; ++, +: Significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 5000 simulações; **, *: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

O caracter FF possui correlação fenotípica com FM e IF. As correlações fortes entre FF e FM indicam que quanto maior o número de dias para o FF maiores serão os dias necessários para o FM e também o IF. Está é uma correlação comum de ser obtida, sendo relata por diversos autores (Yousuf; Saleem, 2001; Câmara et al., 2007; Nzuve et al., 2014; Pandey et al., 2017). A ausência de correlação entre o PG e o FM e FF, são indicadores de que o ciclo do material não afetou a produtividade (Santos et al., 2002).

O caracter PE está correlacionado fenotipicamente a AP, AE, CG, DE, NGF e PROL na população CRE-01, e aos caracteres AP, AE, CE, NGF e PROL na população CRE-02. A correlação negativa entre PROL e PE pode ser devido à segunda espiga ser muito pequena, desgranada e deformada. Como comentado anteriormente, a prolificidade nem sempre acarreta aumento na produtividade de grãos (Santos et al., 2013). As correlações fenotípicas positivas entre PE com DE e CG foram relatadas por Lopes et al. (2007) e Entringer et al. (2014), e correlações não significativas de PE com AP e AP foram obtidas por Casaroto (2013). A grande proporção de associações entre PE com outros caracteres prejudica a identificação dos caracteres de maior interesse.

O PG apresentou correlação fenotípica positiva com 10 (CRE-01) e 13 (CRE-02) dos 18 caracteres avaliados. Um caracter correlacionado com muitos outros dificulta na seleção de genótipos de milho, visto que prejudicam a identificação dos caracteres de maior interesse (Lopes et al., 2007). As estimativas de correlação fenotípica muito fortes entre PE e PG confirmam que a forma mais eficiente para estimar a produtividade é a pesagem dos grãos colhidos de todas as plantas (Lauer, 2002). O CE também apresentou correlação fenotípica significativa e positiva com o PG (0,342), conforme já relatado por diversos autores (Alvi et al., 2003; Selvaraj; Nagarajan, 2011; Nzuve et al., 2014).

Alguns caracteres apresentaram correlação fenotípica sem apresentar correlação genética, como AE e PRE, CG e NGF, e CE e NGF na população CRE-01, e IF e FM, FF e PG, AE e PRE, e CE e NGF na população CRE-02, o que sugere que a correlação fenotípica pode ter ocorrido devido à correlação ambiental. Entretanto, esses resultados podem ser decorrentes dos testes de significância aplicados, *bootstrap* para as estimativas de correlação genética, e Teste t para as estimativas de correlação fenotípica. Segundo Silva; Ferreira (2003), o Teste t tende a apresentar um aumento na probabilidade de ocorrência de erro tipo II com o aumento das variâncias. O método *bootstrap* apresenta comportamento contrário, ou seja, à medida que as variâncias aumentam, a probabilidade de erro tipo II diminui. A natureza e a magnitude das correlações fenotípicas nem sempre são semelhantes às

correlações genéticas e isso pode levar a conclusões errôneas ou a estratégias ineficientes de seleção (Nardino et al. 2016).

A correlação ambiental do FF com os caracteres FM e IF foram significativas e positivas em ambas as populações, que significa que os fatores ambientais atuam sobre esses caracteres na mesma direção. As correlações ambientais entre DE e CG, DE e NF, PROL e CE, PROL e NGF foram maiores que as genéticas, evidenciando maior importância dos efeitos ambientais em detrimento dos efeitos genotípicos. Segundo Nardino et al. (2016), as associações oriundas das correlações de ambiente podem ser alteradas de ano para ano ou pelo manejo da cultura, ou seja, resultando numa fração não herdável e não previsível da expressão mútua de caracteres. Este tipo de correlação é indesejável, pois dificultam a seleção para determinados caracteres, de modo que a expressão do genótipo é mascarada pelas alterações causadas pelo ambiente (Santoso et al., 2002). Correlações ambientais de alta magnitude foram obtidas entre PE e PG, e entre P4E e PG4E. Entretanto, as correlações ambientais não foram maiores que as genéticas, o que evidencia a possibilidade de sucesso na seleção.

Aplicou-se uma intensidade de seleção de 20% em cada índice, que totaliza a seleção de 31 progênies da população CRE-01 e 32 progênies da população CRE-02. A maior coincidência entre progênies selecionadas ocorreu entre os índices $I_{(SH)}$ e $I_{(Z)}$, e menor coincidência entre os índices $I_{(MM)}$ e $I_{(SH)}$ (Tabela 5). Segundo Pedrozo et al. (2009), quanto maior o coeficiente de coincidência entre os índices de seleção, maior a concordância dos resultados de seleção entre eles.

Tabela 5. Índice de coincidência das progênies de meios irmão selecionadas pelo índice

Índices ¹	População	
	CRE-01	CRE-02
$I_{(SH)} \times I_{(MM)}$	35.48	20.14
$I_{(SH)} \times I_{(Z)}$	71.33	65.28
$I_{(MM)} \times I_{(Z)}$	42.65	27.08

¹ $I_{(SH)}$: índice clássico (Smith, 1936; Hazel, 1943); $I_{(MM)}$: índice da soma de postos (Mulamba; Mock, 1978); $I_{(Z)}$: índice Z (Mendes et al., 2009)

A coincidência de seleção entre os índices variou de acordo com a população, isso pode ter ocorrido devido às diferenças na constituição genética das populações, uma vez que cada população foi constituída por um grupo distinto de genótipos (Pedrozo et al. 2009).

Os ganhos com a seleção indireta e a razão entre o ganho com a seleção direta e o ganho com a seleção indireta estimados a partir dos índices variaram para os diversos caracteres (Tabelas 6 e 7). A soma dos ganhos de todos os caracteres para os índices na população CRE-01 foram 7,80 (I_{SH}), 3,72 (I_{MM}) e 7,03 (I_Z). E na população CRE-02 4,66 (I_{SH}), 0,91 (I_{MM}) e 4,36 (I_Z).

A comparação entre o ganho de produtividade obtidos pela seleção direta e pelos índices de seleção simultânea demonstra que o ganho na seleção direta é superior, porém os índices obtêm ganhos simultâneos mesmo para caracteres correlacionados negativamente, o que representa uma grande vantagem para o melhoramento de plantas (Santos et al., 2007).

Os ganhos percentuais preditos para I_{SH} permitiram a obtenção de ganhos positivos para todos os caracteres avaliados, exceto ACQB (-6,57%) e PROL (-2,07%) na população CRE-01. Os ganhos negativos para esses caracteres são vantajosos visto que o ACQB promove o menor peso das espigas, comprometendo a qualidade do grão ao entrar em contato com o solo e também perdas na colheita mecanizada (Schmitz et al., 2010). A PROL apresentou correlação genética negativa com PG na população CRE-01. Já os ganhos percentuais preditos para esse índice na população CRE-02 permitiram a obtenção de ganhos positivos para todos os caracteres avaliados, exceto ACQB (-2,71%). Em ambas as populações foram obtidos ganhos positivos para os caracteres AP, AE e PRE, apesar desses ganhos serem considerados muito pequenos, estes não indesejáveis. Os maiores ganhos foram obtidos para o caracter PE (14,05%).

Os resultados obtidos para ΔGS no caracter PG e nos demais caracteres em ambas as populações permitem inferir que apesar da seleção direta entre progênies possuir maior expectativa de progresso genético para a maioria dos caracteres avaliados, o uso do índice I_{SH} é viável em virtude da obtenção de ganhos mais distribuídos em todos os caracteres sem prejudicar o caracter principal (Tabelas 6 e 7).

Os resultados encontrados nas populações CRE-01 e CRE-02 corroboram com os obtidos por Gabriel (2006) com a seleção recorrente recíproca em progênies de irmãos-completos em milho. O autor concluiu que os ganhos preditos com o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943) são superiores aos preditos com os índices Mulamba & Mock (1978) e Williams (1962). Resultados vantajosos do uso do índice I_{SH} também foram obtidos por Granate et al. (2002), em que o índice I_{SH} foi superior aos índices de Pesek & Baker (1969), Elston (1963) e de Williams (1962).

Tabela 6. Médias das progênes na população original (X_0), médias das progênes selecionadas pelo índice (X_s), herdabilidade para seleção com base na média de progênes (h^2), estimativas dos ganhos com a seleção indireta realizada a partir dos índices I_{SH} , I_{MM} e I_Z (GS e GS%), e razão entre o ganho de seleção direto e o ganho de seleção pelos os índices (ΔGS , %) para os diversos caracteres na população CRE-01

Caracter ¹	I_{SH}						I_{MM}						I_Z					
	X_0	X_s	h^2 %	GS	GS%	ΔGS	X_0	X_s	h^2 %	GS	GS%	ΔGS	X_0	X_s	h^2 %	GS	GS%	ΔGS
FF	61.41	62.14	71.62	0.53	0.86	0.00	61.41	62.06	71.62	0.46	0.76	0.00	61.41	62.28	71.62	0.63	1.02	0.00
FM	60.68	61.07	62.52	0.24	0.40	0.00	60.68	60.92	62.52	0.15	0.25	0.00	60.68	61.19	62.52	0.32	0.53	0.00
IF	10.73	11.08	47.94	0.17	1.55	-159.65	10.73	11.14	47.94	0.20	1.83	-188.20	10.73	11.09	47.94	0.17	1.59	-163.43
AP	2.12	2.18	66.59	0.04	1.72	-1.50	2.12	2.18	66.59	0.04	1.81	-1.58	2.12	2.22	66.59	0.06	3.03	-2.65
AE	1.10	1.14	54.52	0.02	1.88	-13.17	1.10	1.14	54.52	0.02	1.98	-13.90	1.10	1.16	54.52	0.03	2.99	-20.98
PRE	0.52	0.52	47.14	0.00	0.32	-10.50	0.52	0.52	47.14	0.00	0.39	-12.66	0.52	0.53	47.14	0.00	0.50	-16.05
CE	17.01	17.91	49.38	0.44	2.61	3.19	17.01	17.71	49.38	0.35	2.04	2.50	17.01	17.93	49.38	0.45	2.67	3.27
CG	0.94	0.97	35.81	0.01	1.20	22.20	0.94	0.96	35.81	0.01	0.80	14.79	0.94	0.99	35.81	0.02	1.91	35.34
DE	4.72	4.86	51.18	0.07	1.58	8.07	4.72	4.88	51.18	0.08	1.80	9.18	4.72	4.91	51.18	0.10	2.07	10.56
DS	2.84	2.92	57.60	0.05	1.68	-23.30	2.84	2.97	57.60	0.07	2.51	-34.82	2.84	2.93	57.60	0.05	1.84	-25.49
NF	15.15	15.71	59.46	0.33	2.20	888.03	15.15	15.50	59.46	0.21	1.37	552.15	15.15	15.83	59.46	0.40	2.65	1070.44
NGF	33.66	35.20	33.03	0.51	1.51	5.68	33.66	34.87	33.03	0.40	1.19	4.46	33.66	35.36	33.03	0.56	1.67	6.27
ACQB	1.94	1.68	48.60	-0.13	-6.57	208.29	1.94	1.65	48.60	-0.14	-7.15	226.70	1.94	1.84	48.60	0.05	-2.43	77.00
PROL	1.16	1.09	35.63	-0.02	-2.07	-73.97	1.16	1.08	35.63	-0.03	-2.48	-88.60	1.16	1.10	35.63	0.02	-1.84	-65.92
PE	6.75	9.85	87.45	2.70	40.05	89.24	6.75	7.81	87.45	0.92	13.68	30.48	6.75	9.19	87.45	2.13	31.56	70.33
PG4E	2.10	2.41	25.28	0.08	3.77	55.62	2.10	2.31	25.28	0.05	2.58	38.00	2.10	2.40	25.28	0.08	3.65	53.91
P4E	1.58	1.86	31.18	0.09	5.58	30.53	1.58	1.72	31.18	0.04	2.73	14.96	1.58	1.84	31.18	0.08	5.26	28.81
PG	5.18	7.58	86.81	2.09	40.35	86.59	5.18	5.89	86.81	0.62	11.99	25.74	5.18	7.08	86.81	1.65	31.89	68.44
P100	28.31	29.35	55.05	0.57	2.03	60.49	28.31	28.76	55.05	0.25	0.88	26.26	28.31	28.95	55.05	0.35	1.25	37.24

¹FF: Florescimento Feminino; FM: Florescimento Masculino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta; AE: Altura de espiga; PRE: Posição relativa da espiga; CE: Comprimento da Espiga; CG: Comprimento do Grão; DE: Diâmetro da Espiga; DS: Diâmetro do Sabugo; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; ACQB: Acamamento e quebraamento; PROL: Prolificidade; PE: Peso de espiga; P4E: Peso de Quatro Espigas; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas; PG: Peso de Grãos; P100: Peso de Cem Grãos.

Tabela 7. Médias das progênies na população original (X_0), médias das progênies selecionadas pelo índice (X_s), herdabilidade para seleção com base na média de progênies (h^2), estimativas dos ganhos com a seleção indireta realizada a partir dos índices I_{SH} , I_{MM} e I_Z (GS e GS%), e razão entre o ganho de seleção direto e o ganho de seleção pelos os índices (ΔGS , %) para os diversos caracteres na população CRE-02

Caracter ¹	I_{SH}						I_{MM}						I_Z					
	X_0	X_s	h^2 %	GS	GS%	ΔGS	X_0	X_s	h^2 %	GS	GS%	ΔGS	X_0	X_s	h^2 %	GS	GS%	ΔGS
FF	63.78	65.01	54.88	0.68	1.04	-42.55	63.78	63.33	54.88	-0.25	-0.38	15.35	63.78	64.80	54.88	0.56	0.88	-35.25
FM	63.87	64.95	61.30	0.72	1.11	-46.12	63.87	63.60	61.30	-0.16	-0.25	10.33	63.87	64.66	61.30	0.54	0.85	-34.54
IF	11.91	12.06	33.91	0.06	0.49	-0.38	11.91	11.73	33.91	-0.06	-0.52	0.40	11.91	12.15	33.91	0.09	0.74	-0.56
AP	2.14	2.19	37.37	0.02	1.01	-32.59	2.14	2.18	37.37	0.02	0.70	-22.14	2.14	2.21	37.37	0.03	1.30	-40.90
AE	1.12	1.17	28.69	0.02	1.29	-40.42	1.12	1.15	28.69	0.01	0.87	-26.11	1.12	1.18	28.69	0.02	1.60	-47.92
PRE	0.52	0.53	6.54	0.00	0.14	-30.43	0.52	0.53	6.54	0.00	0.08	-17.77	0.52	0.53	6.54	0.00	0.15	-33.20
CE	16.51	17.36	42.01	0.37	2.12	0.15	16.51	16.69	42.01	0.08	0.46	0.03	16.51	17.32	42.01	0.35	2.14	0.14
CG	0.98	1.03	7.98	0.00	0.39	40.14	0.98	1.02	7.98	0.00	0.33	32.87	0.98	1.05	7.98	0.01	0.57	56.42
DE	4.57	4.69	39.52	0.05	1.08	0.12	4.57	4.67	39.52	0.04	0.89	0.09	4.57	4.77	39.52	0.08	1.82	0.19
DS	2.60	2.63	40.53	0.01	0.41	-0.58	2.60	2.63	40.53	0.01	0.34	-0.48	2.60	2.67	40.53	0.03	1.11	-1.56
NF	14.22	14.28	44.60	0.04	0.29	0.28	14.22	14.30	44.60	0.03	0.24	0.23	14.22	14.52	44.60	0.15	1.05	0.99
NGF	34.26	35.55	24.92	0.34	0.95	0.01	34.26	35.05	24.92	0.20	0.57	0.01	34.26	35.94	24.92	0.43	1.27	0.02
ACQB	1.15	1.04	24.12	-0.03	-2.71	217.92	1.15	1.21	24.12	0.01	1.07	-95.18	1.15	1.05	24.12	-0.03	-2.24	200.43
PROL	2.42	2.51	35.47	0.03	1.22	172.32	2.42	2.47	35.47	0.02	0.66	90.69	2.42	2.49	35.47	0.03	1.04	142.02
PE	7.67	8.93	96.92	1.26	14.05	20.11	7.67	8.16	96.92	0.47	6.15	7.56	7.67	8.77	96.92	1.10	14.42	17.64
P4E	2.74	2.90	26.97	0.04	1.51	12.81	2.74	2.80	26.97	0.01	0.54	4.29	2.74	2.94	26.97	0.05	1.98	15.85
PG4E	2.28	2.39	17.71	0.02	0.85	8.07	2.28	2.33	17.71	0.01	0.39	3.56	2.28	2.43	17.71	0.03	1.19	10.79
PG	6.04	6.95	69.58	0.66	9.43	58.73	6.04	6.44	69.58	0.28	4.70	25.43	6.04	6.83	69.58	0.57	9.53	51.35
P100	36.83	37.66	41.29	0.37	0.98	78.71	36.83	37.27	41.29	0.18	0.50	39.15	36.83	37.53	41.29	0.32	0.87	67.70

¹FF: Florescimento Feminino; FM: Florescimento Masculino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta; AE: Altura de espiga; PRE: Posição relativa da espiga; CE: Comprimento da Espiga; CG: Comprimento do Grão; DE: Diâmetro da Espiga; DS: Diâmetro do Sabugo; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; ACQB: Acamamento e quebramento; PROL: Prolificidade; PE: Peso de espiga; P4E: Peso de Quatro Espigas; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas; PG: Peso de Grãos; P100: Peso de Cem Grãos.

O índice I_{MM} de Mulamba & Mock (1978) foi o que apresentou os menores ganhos relacionados ao PG (11,99%) CRE-01 e (13,68%) CRE-02 e também ao PE (4,70%) CRE-01 e (6,15%) CRE-02, que são os principais caracteres de interesse em um programa de melhoramento de milho. Na população CRE-02, este foi o único índice que proporcionou ganhos negativos para FF (-0,38%), FM (-0,25%) e IF (-0,52%). A redução de dias nesses caracteres gera indivíduos com menores ciclo, reduzindo o tempo da cultura no campo e tornando-a mais adequada para a prática de segunda safra (Chavaglia, 2016).

Os resultados obtidos para ΔGS no caracter PG para seleção a partir do I_{MM} , 25,74 (CRE-01) e 25,43 (CRE-02) sugerem que a aquisição de ganhos mais distribuídos em todos os caracteres avaliados prejudicaram muito o caracter principal. Resultados divergentes foram obtidos Berilli et al. (2013) que, utilizando os índices de Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba & Mock (1978) e Willians (1962) em progênies de irmãos completos, obtiveram previsões mais ajustadas de ganhos de seleção com o I_{MM} , o qual proporcionou maior ganho de produtividade e ganhos reduzidos ou negativos em caracteres deletérios. Entringer et al. (2016), realizando a seleção de progênies S1 de milho doce baseando-se em índices de seleção, obtiveram maiores ganhos utilizando o índice de Mulamba & Mock (1978) em comparação aos índices de Smith (1936) e Hazel (1943), Williams (1962), e Pesek & Baker (1969).

Garcia e Souza Junior (1999) afirmaram que a utilização do I_{MM} é muito simples, já que não se utiliza valores fenotípicos diretamente, e sim um número associado a cada um deles. Assim, a variância é a mesma para todos os caracteres, evitando transformações de dados. Porém, não se sabe se as diferenças entre as médias são ou não significativas, o que pode levar a interpretações errôneas.

Os ganhos percentuais preditos para o I_z permitiram a obtenção de ganhos positivos para todos os caracteres avaliados, exceto ACQB (-2,43%) e PROL (-1,84%) na população CRE-01; na população CRE-02, permitiram a obtenção de ganhos positivos para todos os caracteres avaliados, exceto ACQB (-2,24%), sendo que nessa população, o I_z apresentou os maiores ganhos para PE (14,42%) e PG (9,53%) em comparação aos demais índices. Os resultados obtidos para ΔGS em ambas as populações indicam a obtenção de ganhos mais distribuídos em todos os caracteres avaliados, sem prejudicar o caracter principal, sendo a utilização do I_z viável.

OI_z apresentou maiores ganhos para os caracteres principais em comparação ao I_{MM} , sendo assim mais eficiente. Esse resultado corrobora com os obtidos por França et al.

(2016) que realizando a seleção simultânea em progênies de sorgo-sacarino também obteve melhores resultados com o I_Z . Em comparação ao I_{SH} , o I_Z apresentou maiores ganhos totais nas populações CRE-02 e menores na população CRE-01. Porém, na população CRE-01, o I_Z permitiu a obtenção de ganhos com distribuição mais condizente com os propósitos da seleção.

De forma geral, o índice I_{SH} proporcionou melhores ganhos na população CRE-01, e o índice I_Z foi mais eficiente para a população CRE-02. No entanto, bons resultados também foram obtidos com a utilização do I_Z na população CRE-01. Devido à facilidade de obtenção do I_Z , e aos ganhos satisfatórios para esse índice em ambas as populações, considera-se que o índice I_Z é o mais indicado para seleção de múltiplos caracteres em programas de melhoramento de milho.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A herdabilidade é um dos parâmetros mais importante para o melhoramento genético, pois reflete a proporção da variância fenotípica que é efetivamente herdável. No presente trabalho foram obtidas herdabilidades altas para a maioria dos caracteres que, associada à existência de variabilidade genética, indicam que essas populações têm potencial para dar continuidade ao programa de seleção recorrente e alcançar ganhos com a seleção.

A alta amplitude de variação e os resultados obtidos para a herdabilidade e ganho de seleção para os caracteres relacionados ao florescimento, apontam para a possibilidade de seleção de genótipos mais precoces que atendam as demandas da segunda safra onde as plantas ficam mais expostas ao estresse hídrico. Sendo que a realização de um quarto ciclo de seleção durante a segunda safra seria proveitoso para melhor explorar o potencial dessas populações.

Apesar dos ganhos com a seleção direta terem apresentado resultados expressivos, grande parte dos caracteres agrônômicos de interesse são quantitativos, ou seja, muito influenciados pelo ambiente e controlados por um grande número de genes. Estes genes podem ser pleitrópicos ou estarem ligados, o que caracteriza correlação genética entre caracteres. Nem sempre os caracteres desejados estão correlacionados positivamente ou em sentido agrônômico desejável, dificultando a seleção.

A correlação negativa entre a prolificidade e o peso de grãos na população CRE-01, e positiva entre esses caracteres na população CRE-02, pode estar relacionada ao complexo do enfezamento. Uma vez que, essa doença afeta também a prolificidade e a taxa de fasciação. Sabendo que essas populações são provenientes de linhagens com potenciais para resistência ao enfezamento, podemos sugerir maior resistência da população CRE-02 que dá população CRE-01. Em ciclos posteriores é indicada a realização da avaliação da incidência dessa doença, na tentativa de melhor entender a correlação entre produtividade e a prolificidade. E também de explorar o potencial dessas populações em relação à resistência ao enfezamento.

Foram identificadas correlações genética, fenotípicas e ambientais entre a maioria dos caracteres, principalmente envolvendo a produtividade de grãos e peso de espigas. As correlações ocorreram no sentido desejável para todos os caracteres, exceto para altura de planta e altura de espiga, em que se deseja plantas mais baixas. Como alternativa para obtenção de ganhos significativos mesmo para caracteres correlacionados negativamente, pode ser empregado os índices de seleção.

Entre os três índices de seleção utilizados, Índice Z, Mulamba & Mock e de Smith & Hazel. O índice Z e Mulamba e Mock apresentaram comportamentos semelhantes em relação aos ganhos percentuais preditos. Já o índice de Smith & Hazel distribui melhor os ganhos entre os caracteres, porém afetando muito o caractere principal (produtividade) o que não é desejável. Entre os índices avaliados o índice Z se destaca pela melhor distribuição dos ganhos nos caracteres sem afetar o caracter principal, e também por sua facilidade de aplicação.

6 CONCLUSÃO

As populações CRE-01 e CRE-02 possuem variabilidade genética para componentes primários e secundários de produção.

A alta herdabilidade da maioria dos caracteres associada à variabilidade genética das populações indicam que essas populações têm potencial para dar continuidade ao programa de seleção recorrente e alcançar ganhos com a seleção.

Ganhos de seleção significativos para caracteres agronômicos em progênies de meios-irmãos de milhos podem ser obtidas por meio de seleção simultânea.

Os Índice Z permite a obtenção de ganhos positivos para componentes primários e secundários de produção, sendo indicado para seleção de múltiplos caracteres em programas de melhoramento de milho.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALFONSI, R. R. **Épocas de semeadura para a cultura do milho (*Zea mays* L.) no estado de São Paulo, baseadas na probabilidade do atendimento hídrico em fases fenológicas críticas**. 1996. 141 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.
- ALI, F.; MUNEEER, M.; RAHMAN, H.; NOOR, M.; DURRISHAHWAR; SHAUKAT, S. Heritability estimates for yield and related traits based on testcross progeny performance of resistant maize inbred lines. **Journal of Food, Agriculture and Environment**, [s. l.], v. 9, n. 3–4, p. 438-443, 2011.
- ALVES, N. B. **Avaliação de progênies do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca em milho**. 2014. 58 f. Tese (Doutorado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.
- ALVI, M. B.; RAFIQ, M.; TARIQ, M. S.; HUSSAIN, A.; MAHMOOD, T.; SARWAR, M. Character Association and Path Coefficient Analysis of Grain Yield and Yield Components Maize (*Zea mays* L.). **Pakistan Journal of Biological Sciences**, Faisalab, v. 6, n. 2, p. 136-138, 2003.
- AMINU, D.; IZGE, A U. Heritability and Correlation Estimates in Maize (*Zea mays* L.) Under Drought Conditions in Northern Guinea and Sudan Savannas of Nigeria. **World Journal of Agricultural Sciences**, Nigeria, v. 8, n. 6, p. 598-602, 2012.
- ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative Variation in the Tropical Maize Population, Esalq-Pb1. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 2, p. 174–182, 2008.
- ARAGÃO, T. R. P. **Interação teste crosses por épocas de semeadura e implicações para o melhoramento de milho**. 2012. 101p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.
- ARRIEL, E. F.; RAMALHO, M. A. P.; PACHECO, C. A. P. Expected and realized gains in the cms-39 maize population after three cycles of half-sib family selection. **Rev. Brasil. Genet. Ribeirão Preto**, v. 16, n. 4, p. 1013–1018, 1993.
- AZAD, M. A. K.; SILVA, J. A. T.; BISWAS, B. K. Genetic Correlation among Various Quantitative Characters in Maize (*Zea mays* L.) Inbred Lines. **International Journal Of Plant Breeding**, [S. I.], v. 6, n. 2, p.144-146, abr. 2012.
- BÄNZIGER, M.; EDMEADES, G. O.; BECK, D.; BELLON, M. **Breeding for Drought and Nitrogen Stress Tolerance in Maize**. México: CYMMIT, 2000. 69 p.

BELICUAS, P. R. **Estudo da herança dos caracteres stay-green, produção e seus componentes em milho utilizando o delineamento III e mapeamento de QTL**. 2009. 98 f. Tese (Doutorado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2009.

BENTO, D. A. V.; RAMALHO, M. A.P.; SOUZA, J. C. de. Seleção massal para prolificidade em milho na época normal e na safrinha. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 2, n. 3, p. 78-87, 2003.

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

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 390 p.

BIANCO, S.; TOSELLO, G. A.; SOUZA JUNIOR, C. L. Correlações genéticas e fenotípicas em duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico e suas implicações no melhoramento do teor de óleo no grão. **Anais da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**, São Paulo, v. 44, n. 1, p.801-810, 1987.

BLUM, A.; GOLAN, G.; MAYER, J.; SINMENA, B.; SHPILER, L.; BURRA, J. The drought response of landraces of wheat from the northern Negev Desert in Israel. **Euphytica**, Netherlands, v. 43, n. 1, p. 87–96, 1989.

BORÉM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 969 p.

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

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. P.; SOARES, Y. J. B.; SILVA, J. A. Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e seus componentes. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 42, n. 1, p. 132-138, 2011.

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.

CANDIDO, L. S. **Potencial do composto flintisa anão de milho para melhoramento em condições de espaçamento reduzido e na safrinha**. 2005. 92 p. Dissertação (Mestrado em Sistemas de Produção) – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C.; GARCIA, F. Q.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Seleção de progênies de meios-irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 6, p. 947-953, 2011.

CARLESSO, A.; PRADO, W. S.; HEINZ, R.; SUZUKE, R.; KENJI, A.; DAVIDE, L. M. C.; GONÇALVES, M. C.; MORAIS, H. S.; AMARAL, V. C.; ESTEVÃO, W. Análise de

Trilha para os Componentes de Produção de Grãos em Variedades de Milho Tropical. In: Congresso nacional de milho e sorgo, 24., 2012, Águas de Lindóia. **Resumo expandido**. Águas de Lindóia, CNMS, 2012. p. 2563-2567.

CARVALHO, F. I. F. de; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Ed. Universitária da UFPel, 2004. 142 p.

CARVALHO, H. W. L.; GUIMARÃES, P. E. O.; LEAL, M. L. S.; CARVALHO, P. C. L.; SANTOS, M. X. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p.1577-1584, ago. 2000.

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

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

CASAROTTO, G. **Relações lineares entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos**. 2013. 76 f. Dissertação (Mestrado) - Pós-graduação em agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2013.

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

CHEN, J.; ZHANG, L.; LIU, S.; LI, Z.; HUANG, R.; LI, Y.; CHENG, H.; LI, X.; ZHOU, B.; WU, S.; CHEN, W.; WU, J.; DING, J. The Genetic Basis of Natural Variation in Kernel Size and Related Traits Using a Four-Way Cross Population in Maize. **PLoS One**, [S. I.], v. 11, n. 4, p.1-12, 12 abr. 2016.

CLEMENTE, D. I. **Estresse hídrico sobre caracteres morfofisiológicos e agronômicos em populações de milho**. 2017. 114 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2017.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileiro – grãos**: Quarto levantamento, janeiro 2018 – safra 2017/2018. : Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2018.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: Biometria. 1ed. Editora UFV, Viçosa, 2006. 382p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, J.A.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ª ed. Viçosa: Ed. UFV, v.1, 2004.480p.

CRUZ, J. C.; SILVA, G. H.; FILHO, I. A. P. GONTIJO NETO, M. M.; MAGALHÃES, P. C. Sistema de produção de milho safrinha de alta produtividade. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 28, 2010, Goiânia. **Resumo expandido**. Goiânia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2010a. p. 2504 - 2516.

CRUZ, J. C.; KARAM, D.; MAGALHÃES, P. C.; MONTEIRO, M. A. R. **Cultivo do Milho**. 6. ed. Sete Lagoas: Embrapa, 2010b.

DAO, A.; SANOU, J.; TRAORE, E. V. S.; GRACEN, V.; DANQUAH, E. Y. Selection of Drought Tolerant Maize Hybrids Using Path Coefficient Analysis and Selection Index. **Pakistan Journal Of Biological Sciences**, Pakistan, v. 20, n. 3, p.132-139,2017.

DONÁ, S. **Desempenho e heterose de híbridos de populações f2 de milho**. 2010. 78 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia, Instituto Agrônomo, Campinas, 2010.

DUARTE, S. L.; PEREIRA, C. A.; ALMEIDA, L. C. F.; TAVARES, M.; REIS, E. A. Análise das variáveis dos custos de produção do milho no período da safra. In: Simpósio de excelência em gestão e tecnologia, 7., 2010, Uberlândia. **Resumo expandido**. Uberlândia: Seget, 2010. p. 1-15.

DURÃES, F. O. M. Prolificidade? **Cultivar**, Pelotas, v. 1, n. 10, p.36-37, jan. 1999.

EDMEADES, G.O.; BOLAÑOS, J.; BANZIGER, M.; RIBAUT, J.M.; WHITE, J.W.; REYNOLDS, M.P.; LAFITTE, H.R. Improving crop yields under water deficits in the tropics. In: INTERNATIONAL CROP SCIENCE CONGRESS, 2., 1998, New Delhi. **Proceedings**... New Delhi: Oxford and IBH, 1998. p. 437-451.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, Alexandria, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963

EMATNÉ, H. J. **Seleção recorrente intrapopulacional em milho pipoca**. 2011. 93 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.

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

ENTRINGER, G.C.; VETTORAZZI, J. C. F.; SANTOS, E. A.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P. Genetic gain estimates and selection of S1 progenies based on selection indices and REML/ BLUP in super sweet corn. **Australian Journal Of Crop Science**, [online], v. 10, n. 3, p.411-417, 20 mar. 2016.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FERDOUSH, A.; HAQUE, M. A.; RASHID, M. M.; BARI, M. A. A. Variability and traits association in maize (*Zea mays* L.) for yield and yield associated characters. **Journal Of The Bangladesh Agricultural University**, Bangladesh, v. 15, n. 2, p.193-198, 29 dez. 2017.

CARGNELUTTIFILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 42, n. 1, p. 17-24, jan. 2007.

FRANÇA, Á. E. D.; PARRELLA, R. A. DA C.; SOUZA, V. F.; BASTOS, G. Q.; NUNES, J. A. R.; SCHAFFERT, R. E. Seleção simultânea em progênes de sorgo-sacarino por meio de índices de seleção. **Pesq. agropec. bras.**, [online], vol. 51, n. 10, p.1737-1743, 2016.

FREITAS, J. P. X.; OLIVEIRA, E. J.; JESUS, O. N.; CRUZ NETO, A. J.; SANTOS, L. R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 3, p.393-401, mar. 2012.

FREITAS JÚNIOR, S. P.; AMARAL JÚNIOR, A.T. DO; RANGEL, R.M.; VIANA, A.P. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9, n.1-7, 2009.

GABRIEL, A. P. C. **Melhoramento de milho: seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos-completos**. 2006. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2006

GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de produção de milho**. Viçosa: UFV, 2004. 366 p.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JUNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, [online], vol. 58, n. 2, p.253-267, 1999.

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

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milhopipoca CMS–43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, p.101-108, 2002.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. b. **Quantitative genetics in maize breeding**. 6. ed. New York: Springer, 2010. 515 p.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. In: WILEY-BLACKWELL. **Plant Breeding Reviews**. 4. ed. Nova Jersey: Hardcover, 1986. p. 245-272.

HAZEL, H. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Menasha, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

HEINZ, R.; MOTA, L. H. DE S.; GONÇALVES, M. C.; VIEGAS NETO, A. L. V.; CARLESSO, A. Seleção de progênes de meio-irmãos de milho para eficiência no uso. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 4, p. 731–739, 2012.

JUGENHEIMER, R. W. **Corn improvement, seed production and uses**. New York: Wiley- Interscience, 1976. 670 p.

KAYAGA, H. N.; KAGODA, F.; OCHWO-SSEMAKULA, M.; MAHULÉ, B.; ALLADASSI, E.; ASEA, G.; GIBSON, P.; EDEMA, R. Inheritance of Yield and Yield-related Traits in Highland Maize Hybrids of Uganda. **J. Crop Sci. Biotech**, Korean, v. 20, n. 4, p. 255–262, 2017.

KHAN, M. H.; AHMAD, M.; HUSSAIN, M.; Hassan, M. U. ALI, Q. Heritability and trait association studies in maize F1 hybrids. **International Journal Of Biosciences (ijb)**, [s.l.], v. 12, n. 1, p.18-26, 30 jan. 2018.

KIST, V. **Seleção recorrente de famílias de meio-irmãos em população composta de milho (*Zea mays* L.) procedente de Anchieta - SC**. 2006. 161 f. Tese (Doutorado) - Curso de Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2006.

KLEINPAUL, J. A.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; ALVES, B. M.; TOEBE, M.; FACCO, G.; SANTOS, G. O. Correlação genotípica e análise de trilha em cultivares de milho de ciclo precoce. **Revista Estatística UFOP**, Santa Maria, v. 3, p. 304–308, 2014.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, 1985.

KOSHIMA, F. A. T. **Estabilidade e adaptabilidade para caracteres de produção em linhagens de milho**. 2009. 60 f. Dissertação (Mestrado) - Pós-graduação em agronomia, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2009.

LARSSON, S. J.; PEIFFER, J. A.; EDWARDS, J. W.; ERSOZ, E. S.; FLINT-GARCIA, S.; HOLLAND, J. B.; MCMULLEN, M. D.; TUINSTRA, M. R.; ROMAY, M. C.; BUCKLER, E. S. Genetic Analysis of Lodging in Diverse Maize Hybrids. **BioRxiv**, [S. I.], p. 1-9, 2017.

LAUER, J. Methods for Calculating Corn Yield. **Agronomy Advice**, Madison, v. 33, n. 47, p.1-4, jan. 2002.

LI, H.; YANG, Q.; FAN, N.; ZHANG, M.; ZHAI, H.; NI, Z. Quantitative trait locus analysis of heterosis for plant height and ear height in an elite maize hybrid zhengdan 958 by design III. **BMC Genetics**, China, v. 18, n. 1, p. 1–10, 2017.

LIMA NETO, F. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Number of Recombinations and Genetic Properties of a Maize Population Undergoing. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 66, n. February, p. 52–58, 2009.

LIMA, J. L. **Controle genético do florescimento em milho**. 2006. 56 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

LOPES, A.C.A.; VELLO, N.A.; PANDINI, F.; ROCHA, M.M.; TSUTSUMI, C.Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

LOPES, S. J.; LÚCIO, A. D. C.; STORCK, L.; DAMO, H. P.; BRUM, B.; SANTOS, V. J. Relações de causa e efeito e espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 6, p. 1536-1542, 2007.

MAHMOOD, Z.; MALIK, S. R.; AKHTAR, R.; RAFIQUE, T. Heritability and genetic advance estimates for maize genotypes in Shishi Lusht a valley of Karakurm. **International Journal Of Agriculture And Biology**, Faisalabad, v. 6, n. 5, p.790-791, jan. 2004.

MENDES, F. F.; GUIMARÃES, E. O.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O.; MARTINS, K. G.; OLIVEIRA, K. G.; REIS, D.; P.; GOMES, P. H. F. Correlações entre caracteres de milho tropical sob estresse por deficiência de fósforo. In: Congresso nacional de milho e sorgo, 24., 2012, Águas de Lindóia. **Resumo expandido**. Águas de Lindóia, CNMS, 2012. p. 2807–2812.

MENDES, F.F.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, Â. de F.B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes do feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.1312-1318, 2009.

MISTRO, J. C.; FAZUOLI, L. C.; GALLO, P. B. Estimates of genetic parameters in Arabic coffee derived from the Timor hybrid. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 141-147, 2007.

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

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

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

NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 3, p.581-587, set. 2000.

NZUVE, F.; GITHIRI, S.; MUKUNYA, D. M.; GETHI, J. Genetic Variability and Correlation Studies of Grain Yield and Related Agronomic Traits in Maize. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 6, n. 9, p. 166-176, 2014.

OLIVEIRA, A. S. **Variabilidade genética e potencial produtivo em três populações semiexóticas de milho (*Zea Mays* L.)**. 2013. 82 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2013.

OLIVEIRA, A.S.; MIRANDA FILHO, J.B.; REIS, E.F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Researchm**, Jataí, v. 14, n. 1, p.1184-1199, 2015.

- PALOMINO, E. C.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meios-irmãos de milho. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v. 35, n. 7, p.1433-1439, jul. 2000.
- PANDEY, Y.; VYAS, R. P.; KUMAR, J.; SINGH, L.; SINGH, H. C.; YADAV, P. C.; VISHWANATH. Heritability, Correlation and Path Coefficient Analysis for Determining Interrelationships among Grain Yield and Related Characters in Maize (*Zea mays* L.). **Journal of Pure Appliede Bioscience**, Índia, v. 5, n. 2, p. 595-603, 2017.
- PEDROZO, C.A.; BENITES, F.R.G.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V. de; SILVA, F.L. da. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, Paraná, v.10, n.1, p.31-36, 2009.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. **Cultivares de Milho para o Consumo Verde**. Sete Lagoas: Embrapa, 2002. 7 p.
- PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, Ottawa, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.
- PINHEIRO, M. H. **Melhoramento intrapopulacional recorrente de milho-pipoca, utilizando famílias de meios-irmãos**. 2004. 67 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) –Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2004.
- R Core Team (2018). R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria.
- RAFIQ, C. M.; RAFIQUE, M.; HUSSAIN, A.; ALTAF, M. Studies on Heritability, Correlation and Path Analysis in Maize (*Zea Mays* L.). **J. Agric. Res.**, Punjab, v. 48, n. 1, p. 35–38, 2010.
- RAJESH, V.; KUMAR, S. S.; REDDY, V. N.; SIVA, A. Studies on genetic variability, heritability, and genetic advance estimates in newly developed maize genotypes (*Zea mays* L.). **International Journal of Applied Biology and Pharmaceutical Technology**, [S. I.], v. 4, n. 4, p. 1953-1956, 2013.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522p.
- RANGEL, R. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L.S. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; CANDIDO, L. S. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p.473-481, 2011.
- RESENDE, M. D. V.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; GAMA, E. E. G.; MAGNAVACA, R. Análise quantitativa da seleção envolvendo progênies de milho (*Zea Mays* L.) em solos sob cerrado e fértil. I. Progressos genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 5, p. 495-507, 1997.

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

RIBEIRO, C.B.; RAMALHO, M.A.P.; PRADO, P.E.R.. Contribuição dos Caracteres Vegetativos e Reprodutivos da Planta de Milho para a Heterose na Produção de Grãos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Lavras, v. 13, n. 1, p.59-68, 2014. Revista Brasileira de Milho e Sorgo.

RIBEIRO, P. H. E.; SANTOS, M. X.; RAMALHO, M. A. P. Interação cultivares de milho x épocas de semeadura em diferentes ambientes do Estado de Minas Gerais. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 46, n. 267, p. 531-542, 1999.

SABADIN, P. K. **QTL Mapping and the genetic basis of the correlation between traits in a tropical maize population**. 2008. 89 f. Tese (Doutorado) -Pós-graduação em agronomia, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”.

SAIDAIHAH, P.; SATYANARAYANA, E.; KUMAR, S. S. Association and Path Coefficient Analysis in Maize (*Zea Mays* L.). **Agric. Sci. Digest**, India, v. 28, n. 2, p. 79-83, 2008.

SALAMI, A. E.; ADEGOKE, S. A. O.; ADEGBITE, O. A. Genetic Variability among Maize Cultivars Grown in Ekiti-State, Nigeria. **Middle-East Journal of Scientific Research**, Nigéria, v. 2, n. 1, p. 9-13, 2007.

SALEH, G. B.; ABDULLAH, D.; ANUAR, A. R. Performance, heterosis and heritability in selected tropical maize single, double and three-way cross hybrids. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 138, n. 2002, p. 21-28, 2002.

SANTOS, F. M. C. **Capacidade de combinação de híbridos comerciais de milho visando à obtenção de híbridos de F₂**. 2009. 80 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia, Instituto Agrônomo, Campinas, 2009.

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

SANTOS, L. P. D.; AQUINO, L. A.; MARQUES, P. H.; NUNES, P.; XAVIER, F. O. Doses de Nitrogênio na cultura do milho para altas produtividades de grãos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, [S. I.], v. 12, n. 3, p. 270-279, 2013.

SANTOS, P. G.; JULIATTI, F. C.; BUIATTI, A. L.; HAMAWAKI, O. T.; Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa agropecuária brasileira**, [S. I.], v. 37, n. 5, p. 597-602, 2002.

SCHMITZ, T. H.; BERTONCELLI, P.; ORTIZ, S.; PIRAN FILHO, F. A.; JESUS, E.; MARTIN, T. N. **Correlação entre as variáveis morfológicas e de produção na cultura do milho**. In: Seminário: Sistemas de Produção Agropecuária - Ciências Agrárias, Animais e Florestais. Resumo expandido. Dois vizinhos, SSPA, 2010. p. 1-4.

- SELVARAJ, C. I.; NAGARAJAN, P. Interrelationship and Path-coefficient Studies for Qualitative Traits, Grain Yield and other Yield Attributes among Maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, India, v. 5, n. 3, p. 209–223, 2011.
- SIBOV, S. T.; SOUZA JUNIOR, C. L.; GARCIA, A. A. F.; SILVA, A. R.; GARCIA, A. F.; MANGOLIN, C. A.; BENCHIMOL, L. L.; SOUZA, A. P. Molecular mapping in tropical maize (*Zea mays* L.) using microsatellite markers. 2. Quantitative trait loci (QTL) for grain yield, plant height, ear height and grain moisture. **Hereditas**, Reino Unido, v. 139, n. 2, p. 107–115, 2003.
- SILVA, D.A.; VITORINO, A. C. T.; SOUZA, L. C. F.; GONÇALVES, M. C.; ROSCOE, R. Culturas antecessoras e adubação nitrogenada na cultura do milho, em sistema de plantio direto. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.5, n.1, p.75-88, 2006.
- SILVA, R. B. V.; FERREIRA, D. F. Alternativas para o teste t com variâncias heterogêneas avaliadas por meio de simulação. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 1, p.185-191, fev. 2003.
- SILVEIRA, D. L.; FILHO, A. C.; BURIN, C.; SIMÕES, F. M.; ALVES, B. M.; WARTHA, C. A.; LAVEZO, A. Desempenho agrônomo de caracteres morfológicos de cultivares de milho de ciclo superprecoce em Santa Maria – Rio Grande do Sul. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 1, p. 75–84, 2009.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v. 7, p. 240-250, 1936.
- SOUZA, A. C. **Variabilidade genética em três populações de milho**. 2015. 62 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal de Goiás Regional Jataí, Jataí, 2015.
- SOUZA, A. R. R. **POTENCIAL DE GANHO GENÉTICO EM RAÇA LOCAL DE MILHO-BRANCO**. 2006. 83 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Produção Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Rio de Janeiro, 2006.
- SOUZA, A. R. R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, L. V. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 4, p.183-190, dez. 2008.
- SOUZA, F. R. S.; RAMALHO, M. A. P.; OLIVEIRA, A. C.; SANS, L. M. A. Estabilidade de cultivares de milho em diferentes épocas e locais de plantio em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 6, p. 885-892, 1991.
- STUBER, C. W.; EDWARDS, M. D.; WENDEL, J. F. Molecular-marker-facilitated investigations of quantitative trait loci in maize. II. Factors influencing yield and its component traits. **Crop Science**, Iowa, v. 27, p. 639-648, 1987.
- TADEU, L.; REVOLTI, M.; BUZINARO, R.; MÔRO, G. V. Correlação entre caracteres de milho em diferentes doses de nitrogênio. **Ciência & Tecnologia: Fatec-JB**, Jaboticabal, v. 6, p. 80-85, 2014.

- TOLEDO, F. H. R. B. **Controle genético e interrelação de um carácter de limiar e outros componentes da espiga do milho**. 2010. 60 f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.
- VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, v. 57 p. 205-210, 2010.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica aplicada ao fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
- WEISMANN, M. Fases de Desenvolvimento da Cultura do Milho. In: **Tecnologia e Produção: milho safrinha e culturas de inverno**. Fundação MS, p.31-37, 2008.
- WILLIAMS, J. S. The evolution of a selection index. **Biometrics**, Alexandria, v. 18, n. 4, p. 375-393, 1962.
- WILLS, D.M.; WHIPPLE, C.; TAKUNO, S.; KURSEL, L. E.; SHANNON, L. M.; IBARRAC, J. R.; DOEBLEY, J. F. From Many, One: Genetic Control of Prolificacy during Maize Domestication. **Plos Genetics**, Madison, v. 9, n. 6, p.1-13, 27 jun. 2013.
- YANG, X. J.; LU, M.; ZHANG, S. H.; ZHOU, F.; QU, Y. Y.; XIE, C. X. QTL mapping of plant height and ear position in maize (*Zea mays* L.). **Yi Chuan**, Pequim, v. 30, n. 11, p. 1477-86, 2008.
- YOUSUF, M.; SALEEM, M. Correlation Analysis of S1 Families of Maize for Grain Yield and its Components. **International Journal Of Agriculture And Biology**, Pakistan, v. 3, n. 4, p.1-2, 2001.
- ZAREI, B.; KAHRIZI, D.; ABOUGHADAREH, A. P.; SADEGHI, F. Correlation and path coefficient analysis for determining interrelationships among grain yield and related characters in corn hybrids (*Zea mays* L.). **International Journal Of Agriculture And Crop Sciences**, Bangladesh, v. 4, n. 20, p.1519-1522, jan. 2013.

APÊNDICES

Apêndice A. Esquema da análise de variância individual para modelo em blocos ao acaso

Fonte de variação	Graus de liberdade (GL)	SQ	QM	E(QM)
Blocos (B)	b-1	SQ _B	QM _B	-
Progênes(T)	t-1	SQ _T	QM _T	$\sigma^2 + b\sigma_T^2$
Erro	(b-1)(t-1)	SQ _E	QM _E	σ^2
Total	bt - 1	SQ _{To}	-	-

b: número de blocos; t: número de progênes; SQ: Soma dos quadrados; QM: Quadrado médio

Apêndice B. Quadrados médios da análise de variância e coeficiente de variação da população CRE-01 para seis caracteres agronômicos

FV	FM		FF		IF		AP		AE		PRE	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetição	2	0,000	2	0,000	2	0,102	2	19,115	2	0,868**	2	0,012**
Tratamento	154	8,684E-41**	154	1,086E-33**	154	0,0723**	154	20,394**	154	0,128**	154	0,002**
Resíduo	298	0,000	298	0,000	298	0,038	292	6,814	292	0,058	291	0,001
Média	60,65	-	61,40	-	10,72	-	2,13	-	1,10	-	0,52	-
CVe%	22,17	-	20,75	-	5,94	-	19,59	-	18,91	-	13,75	-

FM: Florescimento Masculino; FF: Florescimento Feminino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta, cm; AE: Altura de espiga, cm; PRE: Posição relativa da espiga, cm; ST: Estande. **: significativo a 1%.

Apêndice C. Quadrados médios da análise de variância e coeficiente de variação da população CRE-01 para sete caracteres agrônômicos

FV	GL	QM						
		CE	CG	DE	DS	NF	NGF	PROL
Repetição	2	16,330	0,231**	34,055**	0,004	0,003	420,720	0,064**
Tratamento	154	1218,140**	0,031**	4,984**	0,193**	0,006**	1121,75**	0,013**
Resíduo	276	616,580	0,020	2,433	0,082	0,002	751,220	0,008
Média	-	17,03	0,94	4,72	2,84	15,16	33,70	1,15
CVe%	-	15,00	14,89	9,50	8,17	2,20	13,96	8,57

CE: Comprimento da Espiga, cm; CG: Comprimento do Grão, cm; DE: Diâmetro da Espiga, cm; DS: Diâmetro do Sabugo, cm; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; PROL: Prolificidade.**: significativo a 1%.

Apêndice D. Quadrados médios da análise de variância e coeficiente de variação da população CRE-01 para cinco caracteres agrônômicos

FV	PE		P4E		PG4E		PG		P100	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetição	2	5,850	2	1,840**	2	2,516**	2	5,627	2	4,919
Tratamento	154	18,387**	153	0,486**	153	1,308*	154	11,821**	154	4,549**
Resíduo	276	2,308	265	0,363	265	0,900	276	1,560	280	2,045
Média	6,90	-	2,13	-	1,60	-	5,30	-	28,37	-
CVe%	22,00	-	24,20	-	38,80	-	23,58	-	9,86	-

PE: Peso de espiga, t.ha⁻¹; P4E: Peso de Quatro Espigas, kg; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas, kg; PG: Peso de Grãos, t.ha⁻¹; P100: Peso de Cem Grãos, kg.**, *: significativo a 1% e 5%, respectivamente.

Apêndice E. Quadrados médios da análise de variância e coeficiente de variação da população CRE-02 para cinco caracteres agrônômicos

FV	FM		FF		IF		AP		AE		PRE		ST	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetição	2	56,190**	2	81,218**	2	9311,200*	2	0,036	2	0,038	2	0,019**	2	129,300
Tratamento	159	1594,850**	159	12,948**	159	3219,700**	159	0,050**	159	0,026**	159	0,002	159	7050,000**
Resíduo	309	1199,360	309	5,842	309	2127,800	310	0,032	310	0,018	310	0,002	317	1398,500
Média	63,85	-	63,76	-	11,91	-	2,14	-	1,12	-	0,52	-	16,75	-
CVe%	3,79	-	3,09	-	31,43	-	8,30	-	12,13	-	8,33	-	25,77	-

FM: Florescimento Masculino; FF: Florescimento Feminino; IF: Intervalo de Florescimento; AP: Altura de Planta, cm; AE: Altura de espiga, cm; PRE: Posição relativa da espiga, cm; ST: Estande. **, *: significativo a 1% e 5%, respectivamente.

Apêndice F. Quadrados médios da análise de variância e coeficiente de variação da população CRE-02 para oito caracteres agrônômicos

FV	CE		CG		DE		DS		NF		NGF		PROL		ACQB	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetição	2	3.E+07	2	0,057	2	34938,000*	2	4,664	2	1,862,900	2	3,34E+12	2	0,001	2	0,0028
Tratamento	159	5.E+08	159	0,024	159	17846,000**	159	31,735**	159	1740,320**	159	2,74E+14*	159	0,004**	117	0,0045
Resíduo	298	3.E+08	295	0,022	299	10,794,000	300	18,873	298	964,140	298	3,86E+14	299	0,002	59	0,0034
Média	16,51		0,99		4,58		2,61		14,24		34,26		1,01		3,09	
CVe%	21,40		14,94		23,01		19,91		15,19		27,38		4,98		7,65	

CE: Comprimento da Espiga, cm; CG: Comprimento do Grão, cm; DE: Diâmetro da Espiga, cm; DS: Diâmetro do Sabugo, cm; NF: Numero de Fileira; NGF: Numero de Grão por Fileira; PROL: Prolificidade. **, *: significativo a 1% e 5%, respectivamente.

Apêndice G. Quadrados médios da análise de variância e coeficiente de variação da população CRE-02 para cinco caracteres agronômicos

FV	PE		P4E		PG4E		PG		P100	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetição	2	12,388**	2	6,683*	2	8,263*	2	8,206**	2	9,227**
Tratamento	159	63,526**	159	2,475*	159	3,062	159	3,936**	159	1,988**
Resíduo	300	1,954	297	1,808	297	2,520	300	1,197	291	1,167
Média	7,67	-	2,75	-	2,28	-	6,04	-	36,80	-
CVe%	18,22	-	19,54	-	25,39	-	18,12	-	6,04	-

PE: Peso de espiga, t.ha⁻¹; P4E: Peso de Quatro Espigas, kg; PG4E: Peso de Grão de Quatro Espigas, kg; PG: Peso de Grãos, t.ha⁻¹; P100: Peso de Cem Grãos, kg. **, *: significativo a 1% e 5%, respectivamente.