



UFG

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

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

IKIO ALINE MONTEIRO WATANABE

Orientador:

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Co-orientadora:

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



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

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

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

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

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

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese

2. Nome completo do autor

Ikió Aline Monteiro Watanabe

3. Título do trabalho

Potencial genético e correlação entre caracteres em população de milho branco

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

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

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

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

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

O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

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

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



Documento assinado eletronicamente por **IKIO ALINE MONTEIRO WATANABE, Usuário Externo**, em 19/05/2021, às 10:31, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8](#)



Documento assinado eletronicamente por **Edésio Fialho Dos Reis, Professor do Magistério Superior**, em 07/06/2021, às 10:44, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **2078389** e o código CRC **CDC177A0**.

IKIO ALINE MONTEIRO WATANABE

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

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

Orientador:

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Co-orientadora:

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

Goiânia, GO – Brasil

2020

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

Watanabe, Ikio Aline Monteiro

Potencial genético e correlação entre caracteres em população de
milho branco [manuscrito] / Ikio Aline Monteiro Watanabe. - 2020.
56 f.

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis; co-orientadora Dra.
Marcela Pedroso Mendes Resende.

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

Bibliografia. Anexos. Apêndice.

Inclui tabelas, lista de figuras, lista de tabelas.

1. Zea mays. 2. melhoramento de plantas. 3. correlação genética.
4. genética quantitativa. 5. herdabilidade. I. Reis, Edésio Fialho dos,
orient. II. Título.

CDU 633



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº **0082/2020** da sessão de Defesa de Dissertação de **Ikio Aline Monteiro Watanabe**, que confere o título de Mestre(a) em **Genética e Melhoramento de Plantas**, na área de concentração em **Genética e Melhoramento de Plantas**.

Aos **23/04/2020 (vinte e três dias do mês de abril do ano de dois mil e vinte)**, a partir das **13:30 horas**, realizou-se por **videoconferência**, em sessão pública, a Defesa de Dissertação intitulada “**Potencial genético e correlação entre caracteres em população de milho branco**”. Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, Professor Doutor **Edésio Fialho Reis (UFJ/GO)** com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Professora Doutora **Marcela Pedroso Mendes Resende (EA/UFG)**, **Coorientadora**, membro titular interno; Doutor **Márcio Lisboa Guedes (EA/UFG)**, membro titular externo; e Professor Doutor **Fabício Rodrigues (UEG/GO)**, membro titular externo. Durante a arguição, os membros da banca **não fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido a candidata **aprovada** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Professor Doutor **Edésio Fialho Reis (UFJ/GO)**, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, aos **23/04/2020 (vinte e três dias do mês de abril do ano de dois mil e vinte)**.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA



Documento assinado eletronicamente por **Marcela Pedroso Mendes Resende, Professora do Magistério Superior**, em 23/04/2020, às 16:40, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Edésio Fialho Dos Reis, Professor do Magistério Superior**, em 23/04/2020, às 17:11, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fabício Rodrigues, Usuário Externo**, em 27/04/2020, às 10:05, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **MARCIO LISBOA GUEDES, Usuário Externo**, em 27/04/2020, às 18:02, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).





A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1272034** e o código CRC **7C65E893**.

Referência: Processo nº 23070.016094/2020-62

SEI nº 1272034

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

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

DEDICO

AGRADECIMENTOS

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

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

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

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

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

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

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

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

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

MUITO OBRIGADA!

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	10
1 INTRODUÇÃO	11
2 REVISÃO DE LITERATURA	13
2.1 A CULTURA DO MILHO.....	13
2.2 O MILHO BRANCO.....	14
2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS	15
2.4 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES	17
2.5 SELEÇÃO RECORRENTE	20
3 MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1 MATERIAL GENÉTICO.....	23
3.2 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS.....	23
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	25
3.3.1 Análises de variância	25
3.3.2 Estimativação de parâmetros genéticos.....	26
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
4.1 ANÁLISE DA VARIAÇÃO FENOTÍPICA	30
4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	31
4.3 CORRELAÇÃO FENOTÍPICA, GENÉTICA E AMBIENTAL ENTRE CARACTERES	36
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	42
6. CONCLUSÕES	44
7 REFERÊNCIAS	45
APÊNDICES	54
ANEXOS	56

RESUMO

WATANABE, I. A. M. **Potencial genético e correlação entre caracteres em população de milho branco**. 2019. 56 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019.¹

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

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

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

ABSTRACT

WATANABE, I. A. M. **Genetic potential and correlation between traits in white maize population.** 2019. 56 f. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019.¹²

White maize is used for human consumption in the form of grits, flour, and starch, being an important alternative to small farmers, as it has a higher commercial value. However, there are few white maize cultivars on the market, so it is necessary to develop special maize cultivars, including white maize, with higher yield. Among the maize breeding methods, recurrent selection stands out for allowing the increase of the frequency of favorable alleles of the population during selective cycles. However, recurrent selection is only efficient when using populations that have genetic variability and perform well for the traits of interest. Thus, the objective of this study was to evaluate the agronomic performance, genetic variability and expected genetic gains of a white maize population; and to estimate the genetic, phenotypic, and environmental correlations between agronomic traits. 169 half-sib progenies were evaluated, in a 13 x 13 triple lattice design, at UFG, Goiânia-GO and UFJ, Jataí-GO, in the second crop of 2018. The traits evaluated were: number of days to anthesis, number of days to silking, anthesis-silking interval, plant height, ear height, ear ratio, stalk lodging, ear prolificacy, kernels per row, number of kernels per row, ear diameter, ear length, cob diameter, ear weight and grain yield. Significant differences were found among progenies for all traits, except stalk lodging, which indicated the presence of genetic variability. The genetic gains with selection, with intensity of 20%, ranged from -26.26%, for anthesis-silking interval, to 9.04%, for ear prolificacy. All traits, except ear diameter, exhibited at least one significant genetic, phenotypic or environmental correlation estimate, so the change in a given trait may change the mean of other correlated. It is concluded the white maize population presents genetic variability and satisfactory means for most agronomic traits, including grain yield. Therefore, the population has the potential to be used in a breeding program. Indirect selection for grain yield is possible through direct selection for number of kernels per row and ear weight.

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

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

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

1 INTRODUÇÃO

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

O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho com produção recorde de 101,00 milhões de toneladas, atrás apenas dos Estados Unidos (366,29 milhões de toneladas) e da China (257,33 milhões de toneladas) (USDA, 2019a). Em nível nacional, do total de agricultores que cultivam milho, 30,8 % cultivam menos de um hectare. Isso reflete sua importância social e cultural por representar a base da sustentabilidade de muitas famílias rurais (Cruz et al., 2011).

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

O melhoramento genético do milho tem contribuído significativamente para o aumento da produtividade. Para se alcançar o sucesso em um programa de melhoramento, para qualquer característica, o fator primordial é a existência de variabilidade genética na população base. Em milho, a maior parte dos esforços está concentrada em caracteres quantitativos, com maior ênfase na produtividade. Nesse contexto, a seleção recorrente é um método importante nos programas de melhoramento de milho. E, pode ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida por sua recombinação, com o intuito de manter a variabilidade genética (Fehr, 1987).

Um programa de seleção recorrente só é eficiente se forem utilizadas populações com potencial de melhoramento e se for conduzido de forma a maximizar o ganho para caracteres de interesse para o programa. Assim, para se conhecer o potencial dessas populações é imprescindível a estimação de parâmetros genéticos, tais como estimativas de médias, variâncias, herdabilidade, ganhos esperados com a seleção e correlações genéticas. Esses parâmetros direcionam o melhorista na tomada de decisão com relação ao método mais apropriado, assim como quais caracteres devem ser usados na seleção, em cada etapa de um programa de melhoramento genético de milho.

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

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A CULTURA DO MILHO

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

Na safra 2018/19, a produção mundial superou um bilhão de toneladas, representando 42% da produção total de grãos, seguido do trigo (27%) e arroz (18%) (USDA, 2019b). No Brasil, o Centro-Oeste corresponde a mais da metade da produção nacional, com 52,83 milhões de toneladas. Os principais estados produtores são Mato Grosso (31,31 milhões de toneladas), Paraná (16,76 milhões de toneladas) e Goiás (11,49 milhões de toneladas) (Conab, 2019b).

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

Além disso, o milho é uma das espécies cultivadas alvo de intensas pesquisas científicas, cujos resultados não só tem contribuído para o aperfeiçoamento do seu cultivo, mas, também, tem influenciado as técnicas empregadas em outras culturas (Paterniani & Campos, 2005). No Brasil, também possui grande importância social, visto que grande parte dos produtores de milho apresentam baixo nível tecnológico, pequenas propriedades e dependem de sua produção para viver (Cruz et al., 2011).

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

2.2 O MILHO BRANCO

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

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

No Brasil, esse tipo de grão é bastante difundido nos estados do Paraná, São Paulo e Minas Gerais. Entre os principais municípios produtores estão Londrina, Irati e Pato Branco, no estado do Paraná, com a finalidade de produção de farinha de milho. No estado de São Paulo, a produção concentra-se nos municípios de Quadra, considerada a "Capital do Milho Branco"; Tatuí e Itapetininga, onde é voltada para a fabricação de canjica (Sawazaki et al., 2008). Em Minas Gerais, no município de Barbacena, o milho branco é a base da alimentação diária, sendo consumido *in natura* ou no preparo de mingaus, bolos, biscoitos, farinha de fubá branco, dentre outros (Souza et al., 2009). As indústrias moageiras, principal destino do milho branco, situam-se principalmente nas regiões Sudeste e Sul, e em alguns estados da região Centro-Oeste, como Goiás (Bignotto, 2011).

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

2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS

O sucesso de um programa de melhoramento depende fundamentalmente da variabilidade genética existente nas populações escolhidas para estudos genéticos, sendo que, em milho, grande parte dos esforços estão concentrado nos caracteres quantitativos. Segundo Vencovsky (1987), a maior complexidade genética está aliada a erros experimentais e aos efeitos do ambiente, que estão sempre presentes, que obrigam os melhoristas a utilizarem técnicas específicas durante o programa, a fim de separar e interpretar as variações genéticas e ambientais de forma mais clara e objetiva.

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

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

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

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

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

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

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

2.4 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES

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

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

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

A literatura apresenta vários trabalhos que estimam essas correlações entre caracteres agrônômicos na cultura do milho (Yousuf & Saleem, 2001; Souza et al., 2008;

Bello et al., 2010; Badu-Apraku et al., 2013; Suwarno et al., 2014; Nardino et al., 2016; Chandana et al., 2018). Mesmo assim, estudos dessa natureza ainda são extremamente importantes porque essas associações variam nas diferentes estruturas genéticas populacionais.

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

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

Suwarno et al. (2014), estudou a obtenção de milho biofortificado para maiores teores de vitamina A e estimou o grau de associação entre o rendimento de grãos e as concentrações desta vitamina, em 156 híbridos resultantes do cruzamento de grupos heteróticos distintos. As correlações fenotípicas indicaram que o rendimento de grãos apresentou unicamente uma pequena correlação positiva e significativa com β -criptoxantina. Este composto fornece metade da atividade da vitamina A, em relação ao fornecimento pelo β -caroteno, o qual é mais interessante para a biofortificação. Desse modo, o rendimento de

grãos não apresentou correlação com a concentração total de vitamina A. O que indicou que ambos os caracteres podem ser melhorados de forma isolada.

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

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

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

A produção de grãos é um caráter complexo, altamente influenciado pelo ambiente e é construída a partir da relação de vários componentes da produção (Souza Júnior, 2001; Nardino et al., 2016). Portanto, as informações sobre os coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental, entre vários caracteres de interesse ajudam o melhorista a determinar o grau em que os caracteres estão associados à produtividade. Essas correlações fornecem subsídios para a seleção indireta em programas de melhoramento de plantas e visam acelerar as avaliações e o processo de seleção. Dessa forma, para desenvolver genótipos promissores, é essencial conhecer as associações entre diferentes características, principalmente com a produtividade de grãos.

2.5 SELEÇÃO RECORRENTE

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

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

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

As principais diferenças entre os vários métodos de seleção recorrente referem-se ao grau de controle parental das progênies avaliadas e selecionadas, a existência ou não de avaliação dessas progênies, o uso de testadores e controle do ambiente. Podem ser utilizadas progênies de meios-irmãos, em que apenas o genitor feminino é conhecido, progênies de irmãos completos ou irmãos germanos, em que há controle de ambos os genitores, e progênies endogâmicas, sendo mais comuns a avaliação de progênies S_1 ou S_2 (Hallauer et al., 2010).

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

Com o uso da seleção recorrente intrapopulacional, Carvalho et al. (2003), com três ciclos sucessivos de seleção em progênies de meios-irmãos da população de milho CPATC-3, conseguiram obter aumento de produtividade de $6.914 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$, no ciclo original, a $7.807 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ no ciclo II de seleção, um aumento de 12,92%. Em trabalho similar, Carvalho & Souza (2007) verificaram aumento da produtividade média entre os ciclos 4 ao 17, de seleção recorrente intrapopulacional, de 6.024 a $8.340 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ em progênies de milho BR 5011, o que atestou o alto potencial genético para produtividade dessa variedade, a qual também superou em todos os ciclos a testemunha.

Dhliwayo et al. (2014), com o intuito de aumentar a concentração de vitamina A em grãos de milho para obtenção de variedades biofortificadas, conseguiram que a concentração total desse composto (luteína + zeaxantina + β -criptoxantina + β -caroteno), em três populações, estas aumentaram, em média 74%, durante três ciclos de seleção, o que indicou potencial para obtenção de novas variedades biofortificadas.

Oliveira et al. (2015) em um estudo de adaptação de germoplasma exótico na região sudoeste de Goiás, avaliaram progênies de meios-irmãos e progênies S_1 para estimar parâmetros genéticos de interesse. As três populações semi-exóticas apresentam potencial para serem conduzidas em esquema de seleção recorrente, com ganhos na produtividade de 9,27% a 11,81% no primeiro ciclo. Já Souza et al. (2018) que prosseguiram, com as mesmas populações, obtiveram ganhos na produtividade de 5,32 a 10,81% no segundo ciclo. A quantificação da variabilidade genética para as três populações, para o primeiro e segundo ciclo de seleção recorrente, bem como os ganhos estimados apontam a eficiência desse método para melhoria de caracteres de interesse nas populações de milho.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO

A população base teve origem a partir do híbrido comercial IPR 127, que é um híbrido simples de grãos de coloração branca, posteriormente, formada uma população F₂. Foram utilizadas 120 famílias de meios-irmãos (MI), para ampliar a base genética e evitar efeitos negativos advindos da endogamia. Além destas, também foram incluídas 49 famílias MI originadas do cruzamento entre as populações PB2 (branco) e Embrapa branco, após recombinação.

As famílias MI F₂ do híbrido comercial IPR 127 foram coletadas em campo de produção de sementes, em área central para evitar contaminações. Para obtenção das famílias do cruzamento entre as populações PB2 (branco) e Embrapa branco, foi plantado um lote com 1.000 sementes de forma isolada e, no momento da maturação, foram retiradas as 49 famílias MI.

3.2 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS

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

As progênies foram avaliadas para os seguintes caracteres:

a) Florescimento masculino: número de dias da sementeira até o momento em que 50% das plantas da parcela apresentavam anteras com pólen;

- b) Florescimento feminino: número de dias da sementeira até o momento em que 50% das plantas da parcela apresentavam emissão do estilo-estigma;
- c) Intervalo de florescimento: diferença, em dias, entre o florescimento feminino e o florescimento masculino;
- d) Altura de plantas: média da altura, em cm, de cinco plantas aleatórias da parcela, realizada após o florescimento masculino, com base na distância entre o nível do solo até a inserção da última folha superior (folha bandeira);
- e) Altura de espigas: média da altura das espigas, em cm, de cinco plantas aleatórias da parcela, realizada após o florescimento masculino, com base na distância entre o nível do solo até a inserção da espiga superior no colmo;
- f) Posição relativa das espigas: média da razão entre altura das espigas e altura de plantas dos mesmos indivíduos, a que se referem os itens “d” e “e”;
- g) Plantas acamadas e quebradas: porcentagem de plantas com inclinação superior a 45°, em relação ao alinhamento vertical ou deitadas sob solo, na época da colheita, com inclusão de plantas quebradas abaixo da espiga principal, em relação ao estande total de plantas na parcela;
- h) Estande: número total de plantas na área útil da parcela na ocasião da colheita;
- i) Número de espigas: contagem do número de espigas totais colhidas na parcela;
- j) Prolificidade: razão entre o número de espigas e o estande de plantas na parcela;
- k) Número de fileiras de grãos na espiga: número médio de fileiras de grãos de cinco espigas obtidas aleatoriamente de cada parcela;
- l) Número de grãos por fileira: número médio de grãos por fileira, tomado de cinco espigas obtidas aleatoriamente de cada parcela;
- m) Diâmetro de espiga: diâmetro médio das espigas, em cm, tomado na parte mediana de cinco espigas aleatórias de cada parcela;
- n) Comprimento de espiga: comprimento médio das espigas, em cm, de cinco espigas sem palha, obtidas aleatoriamente de cada parcela;
- o) Diâmetro de sabugo: diâmetro médio dos sabugos, em cm, tomado na parte mediana de cinco espigas aleatórias e debulhadas de cada parcela;
- p) Peso de espigas: peso das espigas despalhadas após a colheita na parcela, em kg parcela⁻¹;
- q) Produtividade de grãos: peso de grãos colhidos na área útil da parcela, em kg parcela⁻¹;

r) Umidade de grãos: em porcentagem, determinada em amostras de grãos das parcelas, com auxílio de medidores de umidade.

Os caracteres peso de espigas e produtividade de grãos foram corrigidos para 13% de umidade e para o estande ideal, por meio da análise de covariância, conforme apresentado por Miranda Filho, em Vencovsky & Barriga (1992). Após estas correções, esses dados foram transformados para $t \text{ ha}^{-1}$.

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

3.3.1 Análises de variância

Foram realizadas análises de variância individuais, relativos a cada ambiente, para todos os caracteres, exceto estande, número de espigas e umidade de grãos, o qual considerou-se o seguinte modelo e, assumiu-se seus efeitos como aleatório:

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

em que:

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

μ : é a média geral do experimento;

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

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

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

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

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

Foi testado o pressuposto de homocedasticidade entre os dois experimentos (Goiânia-GO e Jataí-GO), por meio da razão entre os erros intrablocos das análises individuais (Pimentel-Gomes, 1990). Desse modo, também se considerou todos os efeitos aleatórios, exceto a média, e ajustou-se ao seguinte modelo da análise conjunta:

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

em que:

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

μ : é a média geral dos experimentos;

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

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

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

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

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

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

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

3.3.2 Estimação de parâmetros genéticos

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

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

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

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

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

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

em que:

“r” é número de repetições;

“k” é o número de parcelas por bloco;

e “s” o número de ambientes.

Também foram estimados os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo para seleção em nível de médias de progênie (\hat{h}_m^2) de acordo com a expressão:

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

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

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

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

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

em que:

“m” é a média geral do caráter.

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

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

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

em que:

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

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

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

$$\hat{r}_{Gxy} = \frac{C\hat{O}V_{Gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Gx}^2 \hat{\sigma}_{Gy}^2}}$$

$$\hat{r}_{Fxy} = \frac{C\hat{O}V_{Fxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Fx}^2 \hat{\sigma}_{Fy}^2}}$$

$$\hat{r}_{Exy} = \frac{C\hat{O}V_{Exy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Ex}^2 \hat{\sigma}_{Ey}^2}}$$

em que:

$C\hat{O}V_{Gxy}$, $C\hat{O}V_{Fxy}$ e $C\hat{O}V_{Exy}$ são estimativas das covariâncias genética, fenotípica média e ambiental entre os caracteres x e y;

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

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

As significâncias dos coeficientes de correlação fenotípica foram avaliadas pelo teste t-Student, a 5% de probabilidade, e de correlação genética e ambiental pelo teste de permutação (n = 10.000).

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

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DA VARIAÇÃO FENOTÍPICA

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

A fonte de variação “Ambientes” foi significativa para a maioria dos caracteres ($p \leq 0,01$), indicando que os ambientes são contrastantes. As interações entre as progênies com os ambientes ($P \times A$) foram significativas ($p \leq 0,05$), para florescimento masculino, plantas acamadas e quebradas, comprimento de espiga, peso de espiga e produtividade grãos. Desse modo, para esses caracteres, a seleção deve ser realizada levando-se em consideração cada ambiente, já que as progênies apresentaram desempenho divergente e, para os outros caracteres, a seleção pode ser realizada com base na média dos ambientes.

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

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

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

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

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

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

4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

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

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

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

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

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

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

A herdabilidade na média de progênies (h_m^2) aferida para esses caracteres ficou em 76,25 % para florescimento masculino (FM), 70,39% para florescimento feminino (FF) e 51,65% para intervalo de florescimento (IF) (Tabela 4). Esses valores podem ser considerados altos para FM e FF e indicam pouca influência do ambiente na expressão do caráter, o que propicia maiores ganhos com a seleção.

O índice de variação (θ) é considerado uma informação adicional ao melhorista a respeito da seleção de progênies. Segundo Vencovsky & Barriga (1992), uma situação favorável para seleção de progênies em milho é observada quando a estimativa desse índice apresenta valor próximo ou superior à unidade. Para os caracteres relacionados ao florescimento, observaram-se valores de 0,82, 0,72, e 0,43 respectivamente para FM, FF e IF (Tabela 4). O que indica uma situação pouco favorável a seleção de progênies mais precoces em relação aos florescimentos, tanto masculino quanto feminino. Já para IF, se caracteriza pela influência maior da variação ambiental, o que resultou em baixa eficiência seletiva.

As estimativas do ganho de seleção (GS e GS%) foram de -1,55 dias (-2,45%), -1,49 dias (-2,27%) e -0,61 dias (-27,26%), para FM, FF e IF, respectivamente (Tabela 4).

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

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

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

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

Foram observadas médias de 192,46 cm, 104,94 cm e 0,54 para altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e posição relativa das espigas (AE/AP) respectivamente (Tabela 3). Esses resultados são bem inferiores ao encontrado por Souza et al. (2009) para AP e AE/AP e por Rovaris (2017) para AE, ambos trabalharam com populações de milho branco.

Em populações derivadas de híbridos comerciais, é esperado menor variabilidade genética para caracteres como altura de plantas e altura de espigas, devido a depressão por endogamia.

As estimativas de variância genética (σ_p^2) para altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e posição relativa das espigas (AE/AP) foram iguais a 48,46 cm², 46,85 cm² e 0,0004 cm², respectivamente (Tabela 4). A herdabilidade na média de progênies (h_m^2) e índice de variação (θ) aferida para esses caracteres ficou em 68,66% e 0,67 para AP, 83,03% e 0,85 para AE e 68,89% e 0,61 para a AE/AP. Esses valores indicam variabilidade genética entre as progênies, grau elevado de correspondência entre fenótipo e genótipo, o que favorece maior sucesso na seleção. Oliveira et al. (2015), avaliaram o potencial genético de três populações semiexóticas de milho e encontraram valores de h_m^2 e θ inferiores a 50% e 0,69, para AP e AE.

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

Para plantas acamadas e quebradas (PAQ), a população teve média de 17,26%, sendo um valor razoável em comparação a outros estudos (Tabela 3). Por exemplo, Souza et al. (2009), que avaliaram uma população local de milho branco e obtiveram médias de 27.67% a 93.38% para esta variável. Entretanto, neste estudo, as progênies não apresentaram variabilidade genética passível de ser explorada. Isso pode ter ocorrido devido à grande influência do ambiente na avaliação desse caráter. Para prolificidade (PROL), a média das progênies foi 0,79, isto é, existiam plantas sem espigas na população. Possivelmente, esse fato ocorreu devido à população ser derivada de F₂ de um híbrido simples com presença de carga genética, o que levou, nessa geração, à depressão por endogamia. A prolificidade foi um dos caracteres que apresentaram menor herdabilidade na média de progênies (45%), além de apresentar índice de variação de 0,39, indicando grande influência do ambiente na

expressão do caráter, o que dificulta a seleção. As estimativas do ganho de seleção (GS e GS %) foram de 0,07 (espigas planta⁻¹) e 9,04%. Rovaris et al. (2017) obtiveram h_m^2 de 49,60% e 21,83% no primeiro e segundo ciclo de seleção recorrente, respectivamente, na população IPR 114 (Tabela 3).

Para os componentes de espigas: número de fileiras de grãos na espiga (NFE), número de grãos por fileiras (NGF), diâmetro de espigas (DE), comprimento de espigas (CE) e diâmetro de sabugos (DS), a população apresentou médias equivalentes a 14,97 fileiras, 27,83 grãos/fileira, 4,31 cm, 13,48 cm e 2,95 cm, respectivamente. As estimativas de variância genética (σ_p^2) foram 0,93 fileiras², 3,73 (grãos/fileira)², 0,01 cm², 0,61 cm² e 0,01 cm², para NFE, NGF, DE, CE e DS, respectivamente (Tabela 3). As estimativas de herdabilidade na média de progênies (h_m^2) para esses caracteres variaram de 0,56 (DS) a 0,84 (NFE) e o índice de variação (θ) de 0,45 (DS) a 0,90 (NFE).

Crispim Filho (2018), avaliou a população CCR1 nos mesmos ambientes, obteve valores de σ_p^2 superiores para DE e inferiores para NFE, NGF, CE e DS e valores de h_m^2 superiores para DE e DS e inferiores para NFE, NGF e CE. Os valores σ_p^2 e h_m^2 obtidos neste trabalho também foram superiores aos obtidos por Khan et al. (2018), para todas os caracteres de componente de espigas. As estimativas do ganho de seleção (GS e GS %) foram de 1,24 fileiras (8,30%), 2,09 grãos/fileira (7,52%), 0,12 cm (2,89%), 0,88 cm (6,57%) e -0,10 cm (3,26%) para NFE, NGF, DE, CE e DS, respectivamente.

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

As estimativas de herdabilidade na média de progênies (h_m^2) e os índice de variação (θ) foram 0,40 e 0,39 para peso de espigas (PE) e 0,41 e 0,41 para (PG) (Tabela 4). Esses valores são explicados pela natureza dos caracteres que são poligênicos e muito influenciados pelo ambiente e são parecidos aos encontrados em trabalhos semelhantes (Carvalho et al., 2003; Souza et al., 2009; Kist et al., 2010). As estimativas do ganho por seleção (GS %) foram moderadas, equivalendo a 7,33% para PE e 8,36% para PG. Desse

modo, apenas PG, ao se selecionar as 20% melhores progênies na população de milho branco, espera-se um aumento de 0.24 t ha⁻¹ na produtividade de grãos (Tabela 4).

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

4.3 CORRELAÇÃO FENOTÍPICA, GENÉTICA E AMBIENTAL ENTRE CARACTERES

A produtividade de grãos apresentou correlação genética positiva e forte com peso de espigas (PE); forte com número de grãos por fileira (NGF); e média com altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE) e prolificidade (PROL), conforme Tabela 5. São muitos os trabalhos que corroboram essas associações genéticas positivas e significativas entre estes caracteres (Yousuf & Saleem, 2001; Saidaiah et al., 2008; Rafiq et al., 2010; Pavan et al., 2011; Nzuve et al., 2014; Nardino et al., 2016; Alves & Cargnelutti Filho, 2017; Pandey et al., 2017; Crevelari et al., 2018). Esses resultados sugerem que alelos que atuam favorecendo a ocorrência de plantas maiores, como a inserção de espigas mais altas, maior comprimento de espigas, maior número de grãos por fileiras e mais prolíficas estão ligados ou também atuam positivamente sobre a produtividade de grãos. Além disso, tais estudos indicam que NGF como um dos principais caracteres a ser utilizado na seleção indireta, para maior produtividade de grãos, devido à alta associação genéticas existente.

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

espigas com produtividade de grãos, dificultam o trabalho do melhorista. Nesta população, a correlação genética, fenotípica e ambiental entre esses caracteres ($PG \times AP$; $PG \times AE$) apesar de significativos e positivos, são de medianos a fracos.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

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

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

Os programas de melhoramento buscam genótipos que tenham não somente alta produtividade, mas que englobem outros caracteres agrônômicos de interesse, a estimação de correlação de diferentes naturezas entres esses caracteres auxiliam os melhoristas a delinear melhores estratégias de seleção dentro de seus programas. A correlação positiva e forte entre altura de plantas e produtividade de grãos é um exemplo de uma associação indesejada e que deve ser melhor analisada na seleção.

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

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

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

6 CONCLUSÕES

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

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

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

A seleção indireta no caráter número de grãos por fileira e peso de espigas podem resultar em ganhos diretos na produtividade de grãos e melhorar o processo de seleção do programa de melhoramento.

7 REFERÊNCIAS

ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L. P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 5, p. 884-891, 2015.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

VALENTINI, L.; SHIMOYA, A.; FERREIRA, J. M.; ANDRADE W. B. A.; OLIVEIRA, L. A. A. **Milho branco**: opção de renda para o produtor. PESAGRO-RIO - N° 116 - setembro/2017 - Niterói – RJ

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

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

VIEIRA, M. A.; CAMARGO, M. K.; DAROS, E.; ZAGONEL, J.; KOEHLER, H. S.

Cultivares de milho e população de plantas que afetam a produtividade de espigas verdes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 1, p. 81-86, 2010.

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

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

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

APÊNDICES

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

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

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

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

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

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

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

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

ANEXOS

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

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

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

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

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

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