

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS**  
**Programa de Pós-Graduação em Agronomia**



**Dissertação**

**BIOMETRIA E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES S<sub>1</sub> DE  
MILHO CRIOULO**

**Mauricio Ferrari**

**Pelotas, 2017**

Mauricio Ferrari

**BIOMETRIA E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES S<sub>1</sub> DE  
MILHO CRIOULO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Luciano Carlos da Maia, Dr. – FAEM/UFPeI

Co-orientador: Antonio Costa de Oliveira, PhD. – FAEM/UFPeI

Velci Queiróz de Souza, Dr. – UNIPAMPA/ campus Dom Pedrito

Maicon Nardino, Dr. – IFM/UFPeI

Pelotas, 2017

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas  
Catalogação na Publicação

F376b Ferrari, Mauricio

Biometria e estratégias de seleção em progênies S1 de milho crioulo / Mauricio Ferrari ; Luciano Carlos da Maia, orientador ; Antonio Costa de Oliveira, Velci Queiróz de Souza, coorientadores. — Pelotas, 2017.

109 f.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2017.

1. Zea mays L. 2. Variância genética. 3. Parâmetros genéticos. 4. Correlação genética. 5. Distância genética. I. Maia, Luciano Carlos da, orient. II. Oliveira, Antonio Costa de, coorient. III. Souza, Velci Queiróz de, coorient. IV. Título.

CDD : 633.15

**Banca Examinadora:**

Luciano Carlos da Maia, Dr. - Departamento de Fitotecnia, FAEM/UFPeI (Presidente)

Antonio Costa de Oliveira, PhD. – Departamento de Fitotecnia, FAEM/UFPeI

Velci Queiróz de Souza, Dr. – Professor da UNIPAMPA, *campus* Dom Pedrito

Maicon Nardino, Dr. – Instituto de Física e Matemática, IFM/UFPeI

Aos meus genitores Genoir e Neusa, e  
minha irmã Vanusa, pelos ensinamentos,  
amor, dedicação e apoio em todos os  
momentos de minha vida.

**Dedico**

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer a Deus pelo dom da vida e por todos seus ensinamentos.

Aos meus pais Genoir Ferrari e Neusa Zatti Ferrari, por todos os ensinamentos sobre amor, carinho, fé, honestidade, humildade, perseverança e pelo apoio, incentivo, auxílio e ensinamentos de como encarar todos os momentos da vida.

À minha irmã Vanusa Zatti Ferrari, grande amiga, parceira e apoiadora na busca de meus ideais.

Ao professor orientador Dr. Luciano Carlos da Maia, pelos imensos ensinamentos, atenção, amizade, confiança e pelo exemplo de profissionalismo.

Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, em especial ao professor co-orientador PhD. Antonio Costa de Oliveira e a professora Dr. Camila Pegoraro, pelas diversas contribuições de ensinamento.

Aos co-orientadores Dr. Velci Queiróz de Souza e Dr. Maicon Nardino pela amizade, consideração e confiança construída durante longos anos de trabalho. Além disto, agradecer pela atenção, caráter, paciência e todos os ensinamentos de profissionalismo, dedicação e amor pela ciência.

Aos meus amigos e colegas de doutorado, mestrado e iniciação científica, em especial à Alan Junior de Pelegrin, Ivan Ricardo Carvalho, Nathan Löbler dos Santos, Vinícius Jardel Szareski, Tamires Martins da Silva e Tiago Corazza da Rosa, pelos valiosos conselhos, amizade, troca de conhecimentos, participação sempre ativa nos momentos mais difíceis desta caminhada e inúmeras ajudas nos trabalhos conduzidos.

A Universidade Federal de Pelotas (UFPel), a Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM), ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF) e ao Centro Agropecuário da Palma, pela disponibilidade de infraestrutura e recursos humanos para realização dos trabalhos.

Finalmente, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

“Pouco conhecimento faz com que as pessoas se sintam orgulhosas. Muito conhecimento, que se sintam humildes. É assim que as espigas sem grãos erguem desdenhosamente a cabeça para o céu, enquanto que as cheias as baixam para a terra, sua mãe.”

Leonardo Da Vinci

## RESUMO

FERRARI, MAURICIO. **Biometria e estratégias de seleção em progênies S<sub>1</sub> de milho crioulo**. 2017, 109 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS.

No melhoramento genético de milho, a seleção precoce de progênies é uma etapa minuciosa e demanda critérios rigorosos do melhorista. Neste sentido, a utilização de técnicas biométricas auxilia na avaliação das constituições genéticas. Dessa forma, o objetivo deste trabalho é estimar e identificar associações fenotípicas, genéticas e de ambiente em progênies S<sub>1</sub>, assim como estimar a herdabilidade e quantificar a variância genética por meio de análises multivariadas em progênies S<sub>1</sub> provenientes de populações crioulas de milho cultivadas na região Sul do Rio Grande do Sul. O experimento foi conduzido na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, da Universidade Federal de Pelotas, localizada no Centro Agropecuário da Palma, no município de Capão do Leão – RS, sob as coordenadas geográficas: latitude 31°45' S, longitude 52°29' O, com altitude média de 13 metros. O delineamento experimental utilizado foi de blocos aumentados, com dez grupos de progênies S<sub>1</sub>, e duas testemunhas comerciais, os híbridos simples Pioneer 30F53 e Agroeste 1590, alocados em quatro repetições. As progênies S<sub>1</sub> foram obtidas após a autofecundação de plantas aleatórias nas populações crioulas de milho. Sendo estas: Amarelão, Argentino Branco, Argentino Amarelo, Branco Roxo Índio, Branco Oito Carreiras, Caiano Rajado, Cateto Branco, Criolão e Dente de Ouro, e da variedade de polinização aberta (VPA) BRS Planalto. Em cada progênie S<sub>1</sub> foram avaliadas 40 plantas. Os caracteres avaliados foram: Altura de Inserção da espiga (AE): Altura de Planta (AP); Diâmetro do colmo (DC): Comprimento da haste principal do pendão (CHP): Número de ramificações primárias do pendão (NRP): Número de dias para o florescimento (NDF): Comprimento da espiga (CE): Diâmetro da Espiga (DE): Massa da espiga (ME): Profundidade dos grãos (PFG). Realizou-se a análise de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente, de parâmetros genéticos e distância genética. O comprimento da espiga possui correlação fenotípica e genética forte e positiva com a massa da espiga, e pode ser utilizado para seleção indireta de progênies S<sub>1</sub> com maior massa de espiga, independentemente da origem de formação das progênies. Para as demais associações, as progênies S<sub>1</sub> apresentam correlações genéticas e fenotípicas específicas tanto em sentido como em magnitude, dificultando a definição de estratégias abrangentes de seleção indireta baseada na correlação entre caracteres. As progênies S<sub>1</sub> Caiano Rajado, Criolão, Branco Roxo Índio, BRS Planalto, Dente de Ouro, Amarelão e Branco Oito Carreiras possuem padrões de herdabilidade semelhantes para os caracteres estudados. Os caracteres profundidade de grão e altura de inserção da espiga expressam as maiores estimativas de herdabilidade no sentido amplo. As progênies S<sub>1</sub> provenientes de populações crioulas de milho apresentam variabilidade genética para os caracteres de importância agrônômicos estudados.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L., variância genética, parâmetros genéticos, correlação genética, distância genética.

## ABSTRACT

FERRARI, MAURICIO. **Biometry and selection strategies in S<sub>1</sub> progenies of landrace maize**. 2017, 109 f. Dissertation (Master's Degree) – Agronomy Graduation Program. Federal University of Pelotas, Pelotas/RS.

In maize genetic breeding, early progeny selection is a meticulous step, and it demands rigorous criteria from the breeder. In this sense, the use of biometric techniques assists on evaluating genetic constitutions. Therefore, the aim of this work is to estimate and identify phenotypic, genetic and environmental associations in S<sub>1</sub> progenies, as well as to estimate heritability and to quantify the genetic variance through multivariate analyzes of S<sub>1</sub> progenies from landrace maize populations grown in southern Rio Grande do Sul. The experiment was conducted at the experimental area of the Center of Genomics and plant breeding of the Federal University of Pelotas, located in the Palma Agricultural Center, city of Capão do Leão-RS, with geographic coordinates: 31°45' S latitude, 52°29' O longitude, and average altitude of 13 meters. The experimental design used was augmented blocks with ten S<sub>1</sub> progeny groups and two commercial controls, the single cross hybrids Pioneer 30F53 and Agroeste 1590, allocated in four repetitions. The S<sub>1</sub> progenies were obtained after self-fertilization of random plants in the landrace maize populations. Being these: Amarelão, Argentino Branco, Argentino Amarelo, Branco Roxo Índio, Branco Oito Carreiras, Caiano Rajado, Cateto Branco, Criolão and Dente de Ouro, and the open pollinated variety (OPV) BRS Planalto. 40 plants were evaluated in each S<sub>1</sub> progeny. The evaluated characters were: Spike Insertion Height (SH); Plant Height (PH); Stem Diameter (SD), Main Tassel Stem Length (TSL); Number of Primary Ramifications of the Tassel (NPR); Number of Days for Flowering (NDF); Spike Length (SL); Spike Diameter (SD); Spike Mass (SM); Grains Depth (GD). The analysis of phenotypic, genotypic and environmental correlation of genetic parameters and genetic distance was performed. Spike length presented a strong and positive genetic and phenotypic correlation with spike mass, and may be used for indirect selection of greater spike mass S<sub>1</sub> progenies, regardless the progeny origin. For the other associations, S<sub>1</sub> progenies present specific genetic and phenotypic correlations in both sense and magnitude, making it difficult to define indirect selection strategies based on correlation between characters. The S<sub>1</sub> progenies Caiano Rajado, Criolão, Branco Roxo Índio, BRS Planalto, Dente de Ouro, Amarelão and Branco Oito Carreiras present similar heritability patterns for the characters in study. The characters grain depth and spike insertion height express the largest estimates of heritability in the broad sense. The S<sub>1</sub> progenies from landrace maize populations present genetic variability for the agronomic traits studied.

**Key words:** *Zea mays* L., genetic variance, genetic parameters, genetic correlation, genetic distance.

## LISTA DE FIGURAS

### 4. Capítulo III - Correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente em progênes S<sub>1</sub> de milho crioulo.

- Figura 4.1** Dendrograma do padrão de herdabilidade no sentido amplo estabelecido pela análise de agrupamento pelo método hierárquico de UPGMA, com base na distância euclidiana média, para dez progênes S<sub>1</sub> provenientes de populações crioulas de milho (AMRL: Amarelão; ARAM: Argentino Amarelo; ARBR: Argentino Branco; BROCC: Branco Oito Carreiras; BRRI: Branco Roxo Índio; CARA: Caiano Rajado; CABR: Cateto Branco; CRIO: Criolão; DEOU: Dente de Ouro; BPLA: BRS Planalto).....99
- Figura 4.2** Dendrograma do padrão de dissimilaridade das estimativas de variâncias genéticas, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), para dez progênes S<sub>1</sub> provenientes de populações crioulas de milho (AMRL: Amarelão; ARAM: Argentino Amarelo; ARBR: Argentino Branco; BROCC: Branco Oito Carreiras; BRRI: Branco Roxo Índio; CARA: Caiano Rajado; CABR: Cateto Branco; CRIO: Criolão; DEOU: Dente de Ouro; BPLA: BRS Planalto). .....100
- Figura 4.3** Dispersão gráfica dos escores das estimativas de variâncias genéticas obtidos pela análise dos componentes principais em dez progênes S<sub>1</sub> provenientes de populações crioulas de milho, sendo 1: Amarelão; 2: Argentino Amarelo; 3: Argentino Branco; 4: Branco Oito Carreiras; 5: Branco Roxo Índio; 6: Caiano Rajado; 7: Cateto Branco; 8: Criolão; 9: Dente de Ouro; 10: BRS Planalto.....101

## LISTA DE TABELAS

### 3. Capítulo II - Correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente em progênes S<sub>1</sub> de milho crioulo.

|                   |   |
|-------------------|---|
| <b>Tabela 3.1</b> | Correlações fenotípicas ( $r_f$ ), genéticas ( $r_g$ ) e de ambiente ( $r_a$ ), entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, resultante na análise conjunta de 10 progênes S <sub>1</sub> de dez populações de milho crioulos.....73                               |
| <b>Tabela 3.2</b> | Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênes S <sub>1</sub> provenientes da população de milho crioulo Argentino Amarelo (diagonal superior) e Amarelão (diagonal inferior).....75             |
| <b>Tabela 3.3</b> | Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênes S <sub>1</sub> provenientes da população de milho crioulo Branco Oito Carreiras (diagonal superior) e Argentino Branco (diagonal inferior).....76 |
| <b>Tabela 3.4</b> | Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênes S <sub>1</sub> provenientes da população de milho crioulo Caiano Rajado (diagonal superior) e Branco Roxo Índio (diagonal inferior).....77        |
| <b>Tabela 3.5</b> | Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênes S <sub>1</sub> provenientes da população de milho crioulo Criolão (diagonal superior) e Cateto Branco (diagonal inferior).....78                  |
| <b>Tabela 3.6</b> | Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres  |

morfológicos e de rendimento de grãos, em progênies  $S_1$  provenientes da variedade de polinização aberta BRS Planalto (diagonal superior) e da população de milho crioulo Dente de Ouro (diagonal inferior).....79

#### **4. Capítulo III - Correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente em progênies $S_1$ de milho crioulo.**

- Tabela 4.1** Estimativas de herdabilidade no sentido amplo ( $H^2$ ) de progênies  $S_1$  para os caracteres altura de inserção da espiga (AE), altura de planta (AP), diâmetro do colmo (DC), comprimento da haste principal do pendão (CHP), número de ramificações do pendão (NRP), número de dias para o florescimento (NDF), diâmetro da espiga (DE), comprimento da espiga (CE), massa da espiga (ME) e profundidade de grãos (PFG), em dez progênies  $S_1$  provenientes de populações crioulas de milho.....98
- Tabela 4.2** Grupos de progênies  $S_1$  de populações crioulas de milho, estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade das variâncias genéticas expressa pela distância Euclidiana média.....102
- Tabela 4.3** Contribuição relativa das estimativas das variâncias genéticas de dez caracteres agronômicas estimado em dez progênies  $S_1$  derivadas de populações crioulas de milho, por meio da metodologia de Singh (1981).....103

## SUMÁRIO

|  |           |
|--|-----------|
| RESUMO.....  | vii       |
| ABSTRACT.....  | viii      |
| LISTA DE FIGURAS .....   | ix        |
| LISTA DE TABELAS .....   | x         |
| <b>1. INTRODUÇÃO GERAL.....</b>  | <b>14</b> |
| <b>2. CAPÍTULO I - Correlação entre caracteres, herdabilidade e distância genética para seleção precoce de progênies S<sub>1</sub> de milho crioulo (Revisão Bibliográfica) ..</b> | <b>17</b> |
| <b>2.1 Caracterização botânica, morfológica e genética. ....</b>   | <b>18</b> |
| <b>2.2 Origem, evolução e domesticação do milho .....</b>  | <b>19</b> |
| <b>2.3 Importância socioeconômica da cultura.....</b>  | <b>21</b> |
| <b>2.4 Variabilidade genética e populações crioulas de milho .....</b>   | <b>23</b> |
| <b>2.5 Melhoramento Genético do Milho.....</b>   | <b>25</b> |
| 2.5.1 O milho híbrido.....   | 26        |
| 2.5.2 Obtenção de linhagem endogâmicas.....  | 29        |
| <b>2.6 Parâmetros genéticos em milho .....</b>   | <b>32</b> |
| 2.6.1 Herdabilidade.....   | 33        |
| <b>2.7 Correlação entre caracteres.....</b>  | <b>34</b> |
| 2.7.1 Correlações Fenotípicas .....  | 35        |
| 2.7.2 Correlações Genéticas .....  | 36        |
| 2.7.3 Correlações de Ambiente .....  | 37        |
| 2.7.4 Estimativas dos coeficientes de correlação .....   | 37        |
| <b>2.8 Distância genética e métodos multivariados.....</b>   | <b>40</b> |
| 2.8.1 Análise de agrupamento, medidas de dissimilaridade e componentes principais.....   | 41        |
| <b>2.9 Referências Bibliográficas .....</b>  | <b>45</b> |
| <b>3. CAPÍTULO II - Correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente em progênies S<sub>1</sub> de milho crioulo .....</b>   | <b>53</b> |
| <b>3.1 Introdução.....</b>   | <b>54</b> |
| <b>3.2 Material e Métodos .....</b>  | <b>56</b> |
| <b>3.2 Resultados e Discussão .....</b>  | <b>58</b> |

|   |     |
|---|-----|
| 3.4 Conclusão.....  | 68  |
| 3.5 Referências Bibliográficas .....  | 69  |
| 4. CAPÍTULO III - Estimativas de herdabilidade e distância genética de progênies S <sub>1</sub> derivadas de populações crioulas de milho ..... | 80  |
| 4.1 Introdução.....   | 81  |
| 4.2 Material e Métodos .....  | 83  |
| 4.3 Resultados e Discussão .....  | 86  |
| 4.4 Conclusão.....  | 92  |
| 4.5 Referências Bibliográficas .....  | 94  |
| 5. Discussão Geral .....  | 104 |
| Vitae.....  | 107 |
| 6. Referências Bibliográficas (Introdução Geral e Discussão Geral) .....  | 108 |

## 1. Introdução Geral

O crescente aumento da população mundial têm gerado inúmeras preocupações relacionadas à capacidade de produção e fornecimento de alimentos, capaz de suprir a demanda mundial. Neste cenário, o milho (*Zea mays* L.) destaca-se entre as espécies agrícolas, para garantir a segurança alimentar, visto que, consiste na matéria-prima principal para elaboração de rações, utilizadas para alimentação das cadeias produtivas de aves, suínos e bovinos. Além disto, é utilizado diretamente para a alimentação humana, na forma de farinhas, canjicas e bebidas (DIAS PAES, 2006).

O aumento na produtividade é o objetivo principal de pesquisadores, melhoristas e produtores, no entanto, trata-se de um caráter complexo, constituído por vários componentes, e influenciado por diversos fatores de origem genética e de ambiente. Desta forma, um grande número de pesquisas e estudos têm sido realizados com o intuito de desenvolver novas técnicas de cultivo e tratos culturais para aumentar a produtividade. Entretanto, os principais ganhos de produtividade foram e estão sendo obtidos através do melhoramento genético das espécies. O melhoramento genético pode ser definido como a ciência, a arte e o gerenciamento dos recursos do aperfeiçoamento das plantas visando o benefício da sociedade humana (BERNARDO, 2002).

O melhoramento genético do milho iniciou-se com o melhoramento de populações de polinização aberta, buscando-se aumentar a frequência de alelos favoráveis, através de um processo dinâmico de seleção, conduzido de forma contínua e progressiva (PARTERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). A partir dos trabalhos conduzidos paralelamente por East (1908) e Shull (1909) se iniciou a formação de híbridos de milho, buscando explorar comercialmente na geração F<sub>1</sub> a heterose/vigor híbrido.

As etapas para a formação de híbridos de milho podem ser divididas em: formação de populações bases melhoradas para extração de linhagens, obtenção de linhagens, identificação de linhagens superiores ou elites que apresentam elevada capacidade de combinação, condução dos cruzamentos entre linhagens elites para

produção dos híbridos e avaliação dos híbridos superiores (PATERNIANI; CAMPOS 2005). As populações bases devem possuir grande variabilidade genética, proporcionando ao melhorista a possibilidade de extrair constituições genéticas que contemplem alelos favoráveis para os caracteres desejáveis agronomicamente (ARAÚJO; NASS, 2002). Desta forma, o melhoramento das populações crioulas de milho é de grande importância, em razão de apresentarem alelos que podem vir a ser úteis na formação de novos híbridos.

As linhagens endogâmicas são produzidas através de ciclos de autofecundação, sendo necessárias acima de sete gerações de autofecundação para obtenção de uma linhagem com elevada homozigose, tornando essa etapa bastante trabalhosa e com custos elevados (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Em função do maior tempo dispendido e elevado custo para obtenção das linhagens endogâmicas para uso na produção de híbridos comerciais, os programas de melhoramento têm procurado alternativas que potencializem o processo. A seleção precoce de progênies é uma etapa minuciosa e demanda critérios rigorosos do melhorista. Neste sentido, a utilização de técnicas biométricas permite a avaliação das constituições genéticas, em qualquer ciclo de autofecundação, as quais possibilitam elevar a eficiência na seleção de linhagens elite, importantes para formação de híbridos com desempenho superior aos presentes no mercado (HALLAUER et al., 2010).

Entre as técnicas biométricas utilizadas para aumentar a eficiência da seleção de linhagens em gerações precoces destaca-se a utilização das correlações entre caracteres, a estimação dos parâmetros genéticos e a predição da distância genética nas progênies de milho. O estudo das correlações entre caracteres é de relevante importância, pois no melhoramento, busca-se o aprimoramento das constituições genéticas não para caracteres isolados, mas para um conjunto destes, simultaneamente (VENCOVSKY, BARRIGA 1992). Desta forma, a investigação e determinação das correlações entre os caracteres nas progênies podem revelar ganhos indiretos por seleção de caracteres que são correlacionados, principalmente nos caracteres que possuem baixa herdabilidade e são de difícil mensuração a campo (CRUZ; REGAZZI, 1997). Os estudos dos parâmetros genéticos possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método de condução e seleção, indicando os caracteres que podem ser selecionados nas etapas iniciais ou

avançadas. Além disto, indicam a importância que deve ser atribuída a cada caráter, separadamente ou em conjunto no momento da seleção (SILVEIRA, 2007). Outra ferramenta importante é a mensuração da variabilidade genética presente nas progênies, visto que proporciona ao melhorista a exploração das constituições genéticas com maior acurácia, estas importantes para a formação de grupos heteróticos de linhagens com elevado *per se* (HALLAUER et al., 2010).

## **2. CAPÍTULO I**

**Correlação entre caracteres, herdabilidade e distância genética para seleção precoce de progênies S1 de milho crioulo (Revisão Bibliográfica)**

## 2.1 Caracterização botânica, morfológica e genética.

O milho é uma espécie vegetal pertencente à família Poaceae, do gênero *Zea* e espécie *Zea mays*, sendo taxonomicamente identificado como *Zea mays* L. ssp. *mays*, visto que é da mesma espécie do seu parente silvestre mais próximo o teosinto (*Zea mays* subsp. *parviglumis* (Schrad.) H.H.Iltis) (DOEBLEY et al., 1984; PATERNIANI; CAMPOS, 2005). O gênero *Zea* é constituído ainda por mais quatro espécies, sendo elas a *Zea diploperennis* (teosinto diploide e perene), *Zea perennis* (teosinto triplóide e perene), *Zea luxurians* (teosinto diploide e anual) e *Zea nicaraguensis* (teosinto diploide e anual) (BUCKLER; STEVENS, 2006).

A espécie *Zea mays* L. ssp. *mays* é caracterizada atualmente como diploide,  $2n=2x=20$  cromossomos. No entanto, estudos citogenéticos e moleculares realizados por Gaut e Doebley (1997); Soltis e Soltis (1999) revelam que inicialmente o milho era um tetraploide  $4n=4x= 20$  cromossomos, cujo número básico de cromossomos era  $x=5$ . Dessa forma, o milho cultivado é um alopoliplóide que sofreu um extensivo rearranjo cromossômico, alterando-se o número de cromossomos básicos para  $x=10$  (AGUIAR-PERECIN, 1987). Estudos realizados por Schnable et al. (2009), revelam que os eventos sucedidos com o genoma do milho, ocorreram há aproximadamente 20 milhões de anos atrás e resultou na expansão drástica no tamanho do genoma da espécie para 2.3 gigabases. Neste mesmo estudo foram identificados mais de 32.000 genes no genoma do milho.

O milho é caracterizado morfológicamente como uma planta de ciclo anual, sistema radicular fasciculado com presença de raízes adventícias, altura de planta oscilando de 1 a 4 metros, possui colmo cilíndrico, ereto, não ramificado com folhas expostas de forma alternada, as folhas são completas, com presença de lígula e aurícula, os limbos foliares são longos, largos e planos. Os grãos são os frutos de uma semente, caracterizados como cariopse, constituído por 85% de endosperma, 10% de embrião e 5% de pericarpo. Na semente, o embrião está posicionado em uma depressão da face superior do endosperma perto da base do grão (GOODMAN; SMITH, 1987).

Os órgãos reprodutivos são formados em partes diferentes da planta, caracterizando o milho como uma planta monóica. A inflorescência masculina é

denominada de pendão, que consiste de um eixo central e geralmente de inúmeras ramificações laterais, posicionado na extremidade apical da planta, favorecendo a distribuição do pólen pelo vento. O comprimento do pendão varia de 20 a 60 cm, no momento que o pendão é emitido, o crescimento da parte aérea é paralisado. A liberação de pólen pode durar cerca de oito dias, e cada pendão produz em média de 50 milhões de grãos de pólen. A inflorescência feminina é designada de espiga, sendo originada de um pseudocolmo com internódios mais condensados, onde a flor é parcialmente envolvida por lema e pálea. As flores são pequenas e possuem um pistíolo funcional com um ovário basal único e estigmas longos que expõem-se para a polinização. A ráquis é formada pelo arranjo polístico das espiguetas altamente adensadas (PATERNIANI; VIÉGAS, 1987).

O milho apresenta forma de reprodução sexuada do tipo alógama, com taxa de fecundação cruzada superior a 95%. Esse tipo de reprodução ocorre devido as plantas serem monóicas, e principalmente devido a deiscência e dispersão do pólen ocorrer geralmente 2 a 3 dias antes da emergência dos estigmas (HECTOR, 1936). Este mecanismo pelo qual a liberação do pólen antes que o estigma esteja pronto para recebê-los é denominado de protandria. No entanto, certa percentagem (3 a 8%) de autofecundação pode ocorrer, visto que, em algumas situações ocorre incidência do período de liberação de pólen viável e a receptibilidade dos estigmas da flor feminina (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). O principal mecanismo que contribui para a polinização é o vento, caracterizando esta espécie como anemófila (RAMALHO; SILVA, 2004)

## **2.2 Origem, evolução e domesticação do milho**

Os estudos arqueológicos realizados na década de 70 apontam que o milho primitivo tem como origem o México. Essa afirmação foi possível, pois descobriram fósseis de grãos de pólen de milho, em perfurações no centro da cidade do México (GOODMAN, 1987). No entanto, há relatos que mencionam a origem do milho desde o Paraguai até a Colômbia, na América do Sul.

Anteriormente aos estudos realizados pelo professor da Universidade de Wisconsin, John Doebley em 1990, as investigações sobre a evolução do milho para

a forma cultivada atualmente não estavam bem esclarecidas, e apontavam o Teosinte e/ou o *Tripsacum* como os prováveis parentes selvagens do milho (Wet; Harlan, 1976; BEADLE, 1980). A partir dos trabalhos realizados por Doebley (1990), Doebley et al. (1990), Doebley e Stec, (1993), Doebley et al. (1997), Doebley (2004), Wang et al. (2005) pode-se afirmar que o milho na forma conhecida atualmente é derivado do Teosinte (*Zea mays* ssp. *parviglumis*). Com base nestes estudos utilizando técnicas de marcadores moleculares QTLs (*quantitative trait loci*) no genoma do milho e teosinto, identificaram cinco regiões do genoma que exercem controle sobre as diferenças mais significativas entre o teosinto e o milho, concluindo que a evolução inicial dos caracteres chaves que distinguem o milho do teosinto são controladas por um número pequeno de locos, no entanto, com grandes efeitos sobre o fenótipo do milho.

Os estudos de Doebley et al. (1995); Doebley et al. (1997); Doebley (2004) identificaram também que, as ramificações no colmo do teosinto são controladas pelo gene *tb1* (*teosinte branched 1*), sendo que a ocorrência de uma mutação deste gene codifica para um fator de transcrição homólogo a de genes *cycloidea*, os quais são responsáveis pelo caráter uni-colmo do milho e o afilhamento no teosinto. A identificação deste fator é considerada a chave para a confirmação da hipótese que o milho teve origem no teosinto.

As evidências indicam que o milho foi domesticado entre 8.000 a 10.000 anos atrás, por comunidades indígenas mexicanas e da Guatemala (Astecas e Maias) e mais tarde por comunidades da América do sul (Incas) (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). No entanto, salienta-se que as evidências moleculares não fornecem suporte para a validação da hipótese de que o milho tenha sido domesticado em várias regiões (DOEBLEY, 1990).

Durante o processo de domesticação o milho passou por ciclos sucessivos de seleção, realizados de maneira empírica e instintiva. O constante processo de seleção contribuiu para o desenvolvimento de plantas vigorosas, produtivas, resistente aos insetos pragas e moléstias, e com maior adaptabilidade às condições edafoclimáticas (MIRANDA FILHO; VEIGAS, 1987). A seleção de plantas superiores baseadas nas características morfológicas resultou na planta de milho com as características modernas, desta forma, durante o processo de domesticação

aumentou-se o tamanho das espigas, incrementando o número de fileiras de grãos e o número de grãos por fileiras, em contrapartida reduziu-se o número de espigas por plantas. Outra mudança importante, ou talvez a principal, foi a redução do número de filhos, tornando a planta com apenas um colmo cilíndrico.

Os primeiros eventos de domesticação do milho provavelmente envolveram pequenas alterações em genes, estas pequenas alterações tiveram efeitos acentuados sobre a estrutura fenotípica do milho. No entanto, as alterações posteriores na evolução do milho moderno envolveram muitos genes (talvez milhares) com pequenos efeitos (WANG et al., 2005).

### **2.3 Importância socioeconômica da cultura.**

O milho (*Zea mays* L.) possui elevada importância econômica e social, sendo mundialmente cultivado. A distribuição geográfica da cultura encontra-se em uma faixa que varia entre as latitudes 58° norte a 40° Sul, e altitudes que divergem desde ambientes situados ao nível do mar, até regiões com altitude superior a 2500 metros. Além disso, é cultivado em regiões com baixos níveis tecnológicos até regiões que empregam as mais modernas tecnologias de produção. A grande heterogeneidade das condições de cultivos e a ampla distribuição geográfica da cultura faz com que o milho seja o cereal mais produzido no mundo (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000).

A maior parte da produção, cerca de 85% é destinada para a elaboração de rações, produção de etanol e para a indústria de alta tecnologia (confecção de filmes e embalagens biodegradáveis). O milho é considerado a principal matéria-prima para abastecimento alimentício das grandes cadeias de produção de aves, suínos e bovinos, devido ao seu elevado valor energético. No entanto, apresenta uma boa qualidade nutricional, sendo fontes de proteínas, gorduras, cálcio, ferro, fósforo, flavonoides, carotenoides, antioxidantes e fonte de fibras (DIAS PAES, 2006).

O consumo de milho para alimentação humana é mais acentuado em países subdesenvolvidos, onde este cereal possui uma grande importância social, visto como um alimento de baixo custo. Nessas regiões, o milho é utilizado para suprir as exigências nutricionais, sendo o ingrediente principal na elaboração de polentas, cuscuz, canjicas, pães, mingaus, papas, bolos, massas e bebidas (DIAS PAES,

2006).

Atualmente, a cultura do milho é uma das principais *commodities* agrícolas produzidas no mundo, sendo desenvolvida uma complexa cadeia agroindustrial para este cereal. A área mundial cultivada com milho na safra agrícola 2015/2016 foi de aproximadamente 177 milhões de hectares, com produção de 970 milhões de toneladas de grãos, obtendo média de produtividade mundial de 5,65 toneladas por hectare. Os maiores produtores deste cereal são os Estados Unidos, China e Brasil, os quais em conjunto correspondem a cerca de 67% da produção mundial (USDA, 2016).

O Brasil destaca-se como o terceiro maior produtor mundial e segundo maior exportador de milho na safra agrícola 2015/2016, com área semeada de 16,2 milhões de hectares, alcançando uma produção de 84,0 milhões de toneladas e produtividade média de 5,19 toneladas por hectare (USDA, 2016). Comparando-se as safras agrícolas de 2013 a 2016, nota-se que a produção brasileira de grãos de milho tem apresentado um comportamento estável, com pequenas flutuações resultantes dos eventos meteorológicos.

No Brasil, o milho é a segunda espécie agrícola mais cultivada, sendo sua safra dividida em duas épocas, onde se denomina de primeira safra ou safra principal e segunda safra ou safrinha. Na primeira safra, destacam-se os estados de Minas Gerais, Rio Grande do Sul e Paraná como os maiores produtores do grãos, e na segunda safra os principais estados produtores são Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Paraná. A maior parte da produção brasileira de milho é proveniente da segunda safra, a qual corresponde a aproximadamente 62% da produção anual (CONAB, 2016).

Na região Sul o principal estado produtor de milho é o Paraná, seguindo pelo Rio Grande do Sul. O estado do Rio Grande do Sul, na safra 2015/2016 cultivou com milho uma área de 823 mil hectares, com produção total de 5,8 milhões de toneladas, sendo a produtividade média de 7,16 toneladas por hectare. Dessa forma, evidencia-se que a média de produtividade de grãos de milho do estado é superior a média nacional, no entanto, abaixo da produtividade média dos Estados Unidos, a qual é de 10,57 toneladas por hectare (USDA, 2016).

## 2.4 Variabilidade genética e populações crioulas de milho

A variabilidade genética conceitua-se como qualquer diferença genética entre indivíduos da mesma espécie (FALCONER E MACKAY, 1996). A variabilidade é utilizada para se referir à divergência de diferentes formas gênicas existentes nos vários locos gênicos de uma espécie, sendo a mutação a fonte primária da variabilidade genética, potencializada pela recombinação gênica (RAMALHO et al., 2012).

O milho é o cereal que apresenta maior distribuição geográfica entre as espécies cultivadas, em decorrência disto, apresenta também grande variabilidade genética. Estima-se que existam mais de 100.000 acessos de milho mantidos em bancos de germoplasma distribuídos pelo mundo (CHANG, 1992). Estes acessos são oriundos de variedades de polinização aberta (crioulas e melhoradas), linhagens endogâmicas e de diferentes tipos de híbridos, contendo na sua constituição genética alelos favoráveis, os quais podem vir a ser incorporados nos programas melhoramento (MARQUES JÚNIOR; PEREIRA, 2001).

No Brasil, o banco ativo de germoplasma de milho está localizado na Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas – MG. A coleção contém aproximadamente 3.660 acessos de milho e sete acessos de parentes próximos do milho (ANDRADE et al., 2001). Estes acessos são oriundos de coletas realizadas em várias regiões do país, intercâmbios com outros países e centro de pesquisas e também de produtores de milho. Segundo Ramalho et al. (2012) a preservação e manutenção da variabilidade genética é considerada atualmente uma das questões mais relevantes em relação a sobrevivência da humanidade.

Neste cenário, a identificação e exploração de novas fontes de variabilidade são fundamentais para obtenção de novos acessos, as quais apresentem formas alélicas desejáveis para caracteres como rendimento de grãos, resistência a doenças, tolerância a estresses hídricos, entre outros. Entre as fontes de variabilidade destacam-se as variedades crioulas de milho, também conhecidas como variedades locais ou tradicionais, as quais consistem de populações cultivadas por comunidades rurais, povos indígenas e pequenos agricultores familiares (TEIXEIRA et al., 2005).

As populações crioulas são mantidas de uma safra para outra, através da seleção de plantas com base em caracteres relacionados a produtividade, proporcionando assim desempenho satisfatório nas condições de ambientes as quais são cultivadas. Desta forma, estas populações são altamente adaptadas às condições locais onde são cultivadas e capazes de tolerar variações ambientais (TEIXEIRA et al., 2005). Na comparação com as cultivares comerciais, as populações crioulas são menos produtivas, mas são importantes por constituírem fontes de variabilidade genética que podem ser utilizadas em programas de melhoramento e na busca por genes tolerantes e/ou resistentes aos fatores bióticos e abióticos (ARAÚJO; NASS, 2002).

As vantagens da utilização de variedades crioulas podem ser observadas, quando cultivadas em condições que se empregam baixas tecnologias de cultivo, nestes casos variedades crioulas podem apresentar desempenho superior ou próximo as variedades comerciais (CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2010). Outra vantagem da utilização de populações crioulas é a redução do custo para compra de sementes, visto que depois de adquirida a semente uma vez, o próprio produtor pode produzir sua semente para as próximas safras. De acordo com Abreu et al. (2007) o uso das variedades crioulas, constitui uma alternativa para a sustentabilidade dos pequenos agricultores, sendo que o melhoramento destas variedades pode ser feito nas propriedades pelos próprios agricultores os quais detém maior conhecimento destas variedades crioulas.

Trabalhos realizados pelo Instituto Agronômico do Paraná, com intuito de resgatar populações crioulas juntamente aos agricultores para a utilização em programas de melhoramento genético, destacam a necessidade de análises agronômicas criteriosas dessas populações, visto que podem apresentar genes de interesse para os atuais programas de melhoramento genético do milho, em função do elevado poder de adaptação do germoplasma do milho crioulo (ARAÚJO; NASS, 2002).

Apesar do elevado número de acessos de milho disponíveis nos bancos de germoplasma, a utilização destes acessos por parte dos melhoristas brasileiros é baixa, os quais justificam a pouca utilização destes acessos devido a falta de informações sobre a caracterização e a descrição adequada das coleções

(PATERNIANI et al., 2000). Outro fator importante atrelado a pouca utilização dos acessos e das populações crioulas no melhoramento genético do milho está no alto investimento financeiro para obtenção de linhagens elites oriundas destas populações (ARAÚJO; NASS, 2002).

## **2.5 Melhoramento Genético do Milho**

O melhoramento genético de plantas é um processo dinâmico, contínuo e progressivo de seleção e recombinação das melhores plantas, com intuito de aumentar as frequências de genes e alelos desejáveis da população a ser melhorada (ALLARD, 1971). A domesticação da cultura do milho iniciou-se empiricamente a milhares de anos atrás, onde os agricultores selecionam plantas aleatórias com características superiores para compor a próxima geração. Esse processo foi o precursor do melhoramento genético e resultou na evolução do milho para a forma fenotípica cultivada atualmente.

O melhoramento genético pode ser direcionado essencialmente visando duas alternativas, a primeira obtenção de populações melhoradas e a segunda, a obtenção de linhagens direcionada a produção de híbridos (geração  $F_1$  com vigor híbrido) (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). No melhoramento de populações busca-se aumentar a frequência de genes favoráveis, a partir da utilização de métodos de seleção, em relação a população original, no entanto, o aumento das frequência dos genes favoráveis ocorre de forma gradativa. A seleção de plantas de uma população conduz para o estreitamento da base genética, porém uma percentagem de variabilidade sempre persistirá, devido a não fixação dos genes ou pela liberação da variabilidade genética potencial pela quebra de blocos gênicos através da recombinação. Desta forma, a população melhorada é constituída por uma mistura de genótipos, conferindo assim maior estabilidade fenotípica (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

De acordo com Allard (1971); Paterniani e Viégas (1987), o sucesso para obtenção de variedades superiores depende de parâmetros como a variabilidade da população original, tamanho efetivo da população, método de melhoramento empregado, técnica e precisão da avaliação dos genótipos, influencia do ambiente,

da interação genótipo x ambiente, os efeitos pleiotrópicos, as correlações fenotípicas e genotípicas e da interrelação entre esses fatores.

O melhoramento genético direcionado para obtenção de híbridos consiste na exploração comercial da geração  $F_1$ , resultante do cruzamento entre linhagens endogâmicas, variedades de polinização aberta, e outras populações que sejam distantes geneticamente (ALLARD, 1971). Este tipo de cruzamentos possibilita explorar da melhor forma os benefícios das interações alélicas e gênicas na geração híbrida do que em qualquer outro procedimento de melhoramento disponível (PATERNIANI, 1974).

### 2.5.1 O milho híbrido

O milho híbrido é definido como a primeira geração proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações geneticamente distantes (ALLARD, 1971). Os primeiros trabalhos com autofecundação e cruzamento em plantas foram conduzidos por Darwin (1877), e estimularam mais tarde os estudos e pesquisas do pesquisador W. J. Beal (1880), o qual explorou as hibridações entre variedades de polinização aberta, evidenciando incremento significativo da produtividade da geração  $F_1$ , e sugerindo a hibridação como um método para elevar a produtividade das plantas cultivadas comercialmente (SPRAGUE; HEBERHART, 1977).

Foi em 1908, que o pesquisador Edward Murray East investigou os efeitos da endogamia e da hibridação em milho, e elaborou hipóteses sobre o método das linhas puras. Em paralelo aos trabalhos conduzidos por East (1908), o pesquisador George Harrison Shull em 1909 desenvolveu pesquisas que sugeriram o método da linha pura de melhoramento do milho baseado em linhagens endogâmicas, obtidas por autofecundação continuada, e o uso comercial de híbridos simples de milho. Desta forma, os trabalhos conduzidos paralelamente por East (1908) e Shull (1909) trouxeram as maiores contribuições sobre a depressão por endogamia e heterose nos cruzamentos entre linhagens endogâmicas.

As bases teóricas elaboradas por East (1908) e Shull (1909) em relação à obtenção de híbridos de milho, consistia na exploração da heterose, resultante do

cruzamento entre duas linhagens endogâmicas. A heterose pela definição de Shull (1948) refere-se “*ao incremento do caráter (rendimento, vigor, etc) em relação a média dos pais; se não há incremento não há heterose. A redução do caráter do vigor deve ser tratada como outro fenômeno*”. Ou seja, a heterose consiste no incremento do desempenho em determinado caráter dos indivíduos híbridos, com relação aos genitores, sendo também chamada de “vigor híbrido”. As principais hipóteses para explicar a heterose são a dominância (DAVENPORT, 1908), sobredominância (EAST, 1936) e epistasia (ALLARD, 1971).

Os híbridos simples de milho desenvolvidos naquela época não conquistaram o mercado de sementes por imediato, visto que as sementes híbridas eram de custo excessivamente elevados, em razão da baixa produção de sementes nas linhagens endogâmicas, as sementes apresentavam endosperma reduzido e pericarpo rugoso, dificultando o processo de semeadura mecanizada, e o vigor manifestado pelos híbridos não eram compatíveis com o maior custo das sementes híbridas, devido ao baixo grau de heterose manifestado entre as linhagens cruzadas, as quais eram pertencente ao mesmo grupo heterótico (ALLARD, 1971).

Em 1918, Donald F. Jones propôs a utilização comercial de híbridos duplos de milho, tornado o milho híbrido viável economicamente. O procedimento proposto por Jones consistia no cruzamento de dois híbridos simples, com isso, o híbrido duplo é resultante de quatro linhagens endogâmicas [(AxB) x (CxD)]. Este procedimento possibilitou a redução do custo de produção das sementes dos híbridos, visto que o cruzamento entre dois híbridos simples produziam maior quantidade de semente, reduzia-se a área ocupada com o genitor masculino, na medida em que este produzia maior quantidade de pólen e as sementes apresentam tamanho e formato desejáveis para semeadura mecanizada, além de apresentarem elevado vigor (JONES, 1918; ALLARD, 1971). A partir de 1922, iniciou-se nos Estados Unidos uma intensa pesquisa com finalidade de explorar o potencial dos híbridos e incrementar a produtividade. Neste sentido, foram desenvolvidos e conduzidos métodos para obtenção de linhagens e avaliação dos híbridos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995).

Os primeiros híbridos comerciais foram lançados por volta de 1930 na região conhecida como “*Corn Belt*” nos Estados Unidos. Com o passar dos anos, o milho

híbrido foi ganhando espaço e substituindo as variedades de polinização aberta de forma gradual, em 1939 o milho híbrido já ocupava cerca de 75% da área semeada nesta região. Em 1960, apenas 5% do total da área semeada nos Estados Unidos utilizavam variedades de polinização aberta (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987). No período compreendido entre 1930 a 1960, houve um incremento médio anual na produtividade de  $65 \text{ kg ha}^{-1}$  pela utilização de híbridos duplos nos Estados Unidos. Esse aumento foi ainda mais expressivo, com a utilização de híbridos simples, com aproximadamente  $110 \text{ kg ha}^{-1}\text{ano}^{-1}$  (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; TROYER, 1999).

O primeiro programa de milho híbrido no Brasil foi iniciado em 1932 no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), onde foram sintetizados híbridos simples, duplos, triplos, top-crosses, múltiplos e intervarietais (KRUG et al., 1943). Entretanto, em 1939 foi lançado o primeiro híbrido duplo brasileiro, utilizando linhagens desenvolvidas pela Universidade Federal de Viçosa (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Outro programa que merece destaque na pesquisa de milho foi conduzido na Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, pelo professor E. Paterniani.

Os híbridos de milho são classificados de acordo com a composição genética que lhe deram origem, desta forma Miranda Filho e Viégas (1987), descreveram os diferentes tipos de híbridos:

**Top-Cross:** resultante do cruzamento entre híbridos x variedades e variedades x linhagem.

**Híbrido simples (HS):** consiste do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas. Os híbridos simples apresentam geralmente produtividades superiores os demais e são caracterizados pela alta uniformidade de plantas e de espigas. No entanto, tem como desvantagem o elevado custo de produção de sementes, devido a linhagem genitor feminina evidenciar baixa produtividade, sendo necessária uma grande área para obtenção dos cruzamentos.

**Híbrido simples modificado:** difere-se do híbrido simples, na medida em que se utiliza como parental feminino o híbrido obtido pelo cruzamento de duas linhagens de mesma genealogia ( $A \times A'$ ) e como genitor masculino uma terceira linhagem (B), resultando no híbrido simples modificado [ $(A \times A') \times B$ ]. O cruzamento entre duas linhagens irmãs tem como intuito aumentar a produtividade de grãos do genitor

feminino, pela expressão da heterose, diminuindo assim o custo de produção das sementes.

Híbrido triplo: resultante do cruzamento entre um híbrido simples (linhagem A x linhagem B), utilizado como genitor feminino, e uma terceira linhagem endogâmica, como genitor masculino [(AxB)xC].

Híbrido duplo: resultante do cruzamento entre dois híbridos simples [(A x B) x (C x D)]. Apresenta maior variabilidade genética que os tipos anteriores, sendo, portanto, menos vulnerável, além de ter menor uniformidade e custo de produção de semente.

Híbrido intervarietal: resultante do cruzamento entre duas variedades. Geralmente apresenta menor produtividade que os híbridos obtidos através do cruzamento entre linhagens endogâmicas, em contrapartida apresenta a vantagem da utilização da heterose sem a necessidade da trabalhosa obtenção de linhagens.

As principais vantagens da utilização de milho híbrido são a possibilidade de associar características de distintos genitores, obtenção de genótipos superiores num prazo relativamente curto, utilização das interações gênicas na geração híbrida, produção de genótipos uniformes, menor interação dos híbridos x ambientes (PATERNIANI, 1974).

## 2.5.2 Obtenção de linhagem endogâmicas

Em um programa de melhoramento visando à obtenção de híbridos de milho, as etapas envolvidas são a seleção de populações base, o melhoramento das populações, a obtenção de linhagens, avaliação da capacidade de combinação e o teste intensivo dos híbridos obtidos entre o cruzamento das linhagens elite (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). A escolha das populações (pool gênico) que formarão o germoplasma ativo do programa é um processo de elevada importância, visto que, são nestas populações que estão concentrados os alelos favoráveis para os caracteres de interesse, possibilitando a obtenção de linhagens superiores (HALLAUER et al. 2010). Segundo Allard (1971) para aumentar a probabilidade de obtenção de híbridos superiores é necessário aumentar a probabilidade de genótipos superiores na população base, e este aumento é consequência direta do aumento

das frequências dos alelos favoráveis na população.

Na grande maioria dos programas de melhoramento, as populações base utilizadas atualmente para a extração de linhagem são oriundas de híbridos simples comerciais, devido associarem a elevada proporção de alelos favoráveis já fixados e a boa produtividade do híbrido (AMORIM; SOUZA, 2005). No entanto, este processo tem como consequência o estreitamento da base genética das linhagens. Desta forma, a exploração de populações crioulas como populações base para obtenção de linhagem apresentam-se com um elevado potencial, visto que, as frequências alélicas presente nestas populações ainda não foram exploradas. Segundo Falconer e Mackay (1996), a heterose se manifestará significativamente quando as populações apresentarem base genética ampla, aliada à condição do caráter avaliado apresentar alto nível de dominância direcional.

O sucesso de um programa de melhoramento está na obtenção de linhagens superiores e na capacidade destas linhagens transferirem as características desejáveis para os híbridos (SOUZA JÚNIOR, 2001). A obtenção e avaliação das linhagens é uma das etapas do programa de melhoramento mais trabalhosa e onerosa, juntamente com o teste das combinações das linhagens (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987). Durante o processo de obtenção das linhagens, deve-se considerar a depressão endogâmica ou endogamia das linhagens. A endogamia é decorrente do acasalamento entre indivíduos relacionados por ascendência, sendo o primeiro efeito resultante deste sistema de acasalamento a mudança nas frequências genotípicas da população, decorrente do aumento na frequência dos genótipos homozigóticos em detrimento das frequências dos genótipos heterozigóticos, sendo com isto, evidenciados os efeitos dos alelos recessivos deletérios, e redução do vigor (FALCONER, 1981).

A autofecundação é a forma mais drástica de obtenção da endogamia e a técnica mais comumente utilizada para a obtenção das linhagens. O predomínio dos locos em homozigose nas linhagens é alcançado com aproximadamente sete ciclos sucessivos de autofecundação, os quais correspondem a aproximadamente 99,20% dos locos em homozigose (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). A técnica de autofecundação consiste na seleção de plantas de com caracteres desejáveis na população base, proteção da estrutura reprodutiva feminina, antes da exteriorização

dos estigmas com um saco plástico, coleta do pólen da mesma planta com auxílio de um pacote de papel, e a realização da polinização da inflorescência feminina com o pólen coletado na mesma planta (KRUG; VIÉGAS, 1962). De acordo com Miranda Filho e Viégas (1987), a autofecundação conduz à homozigose das linhagens, no entanto, apenas conduzirá ao melhoramento se algum processo de seleção for aplicado concomitantemente, selecionando-se linhagens promissoras para caracteres agronômicos desejáveis e favoráveis ao melhoramento.

Os principais métodos para obtenção de linhagem endogâmicas são o método padrão e método genealógico (MIRANDA FILHO; VIÉGAS 1987; HALLAUER et al., 2010). A seleção e avaliação de linhagens realizadas em gerações precoces de endogamia aumentam a eficiência do processo, pois reduz o número de linhagens antes de atingir a homozigose completa, e com isso a quantidade de recursos e esforços envolvidos nas atividades de autofecundação. Dessa forma, a avaliação e caracterização das linhagens em gerações precoces são fundamentais para o sucesso do programa. Segundo Cabrera et al. (2005) a seleção das linhagens é efetiva já a partir das primeiras gerações de autofecundação  $S_2$  ou  $S_3$ , porém tratando-se de caracteres de herdabilidade baixa, a seleção nas gerações iniciais deve ser branda para evitar perda de famílias com bom potencial.

A pré-seleção e avaliação de linhagens em gerações precoces podem ser realizadas através do emprego de vários métodos, entre os quais se destaca o método *top cross* o qual fornece estimativas da capacidade de combinação das linhagens (CRUZ; CARNEIRO, 2006; CHAVES E MIRANDA FILHO, 1997). Este método foi proposto por Davis (1927) e complementado por Jenkins (1935) e Sprague (1946), e consiste em cruzar as linhagens com um testador comum, para obtenção de informações preliminares da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). A eficiência deste método está na escolha adequada do testador. Desta forma, a base genética do testador é crucial para obter estimativas confiáveis da capacidade de combinação (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Em linhagens com maior grau de endogamia (gerações  $S_6$  e  $S_7$ ), os métodos mais eficientes para estimar a capacidade de combinação, são os métodos de dialelo completo, parciais e circulantes. Estes métodos possibilitam estimar parâmetros genéticos cruciais para a seleção de genitores para hibridação,

como a identificação das ações gênicas do controle dos caracteres e identificação das melhores combinações entre as linhagens (VENCOVSKY, 1987; BERNINI; PATERNIANI, 2012).

As linhagens endogâmicas promissora selecionadas devem possuir um conjunto de características, tais como, sementes com alto vigor e alta qualidade fisiológica, as linhagens utilizadas como genitores masculinos devem apresentar produção elevada de pólen viável e possuir um longo intervalo de liberação do mesmo, além de possuir complementariedade gênica com o genitor feminino, resultando em vigor híbrido (POEHLMAN; SLEPER, 1995).

## **2.6 Parâmetros genéticos em milho**

A obtenção de estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos tem grande importância em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método apropriado, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas do melhoramento e também ao peso que se deve atribuir a cada caráter, separadamente ou em conjunto no momento da seleção (SILVEIRA, 2007).

As propriedades básicas de uma população são expressas em termos de frequências alélicas e frequências genotípicas. Para obter as propriedades genéticas de uma população ou conjunto de progênies deve-se decompor o valor fenotípico em suas partes componentes, atribuídas aos diferentes fatores casuais. Com isso, permite prever o efeito da seleção e planejar os procedimentos de melhoramento, já que estes têm suas origens nos quadrados médios da análise de variância, de dados experimentais e suas esperanças matemáticas (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

A utilização das variâncias no estudo dos caracteres quantitativos permite obter estimativas dos parâmetros genéticos, identificando a natureza das ações gênicas envolvidas no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de seleção para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada. Entre os parâmetros de maior importância, destacam-se as variâncias genéticas aditivas e não aditivas, as herdabilidades e as

correlações (Cruz et al., 2014).

### 2.6.1 Herdabilidade

A herdabilidade refere-se à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e indica o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres (Resende, 2002). Dessa forma, a herdabilidade é considerada um dos parâmetros genéticos mais relevantes para o trabalho dos melhoristas (RAMALHO et al., 2012).

A herdabilidade no sentido amplo ( $H^2$ ) é definida como a razão da variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ) pela variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), de modo que  $H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$ . No sentido amplo, se considera toda a variância genética, seja ela de origem aditiva, de dominância e epistática (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

A herdabilidade no sentido restrito ( $h^2$ ) é considerada a razão entre a variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) pela variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), de modo que  $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$ . Desta forma, a herdabilidade no sentido restrito considera apenas a variância genética aditiva, sendo assim mais útil no melhoramento que a herdabilidade no sentido amplo, visto que, quantifica a importância relativa da proporção da variância genética aditiva, a qual pode ser mantida de uma geração para a outra (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido restrito como no sentido amplo, pode variar de zero a um. Desta forma, coeficientes de herdabilidade igual a um, indicam que as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas entre os mesmos. Em contrapartida, coeficientes iguais ou próximos a zero, indicam que a variabilidade do caráter não tem origem genética, ou seja, é decorrente do efeito do ambiente, não existindo correlação entre valor genético e valor fenotípico (ALLARD, 1971).

## 2.7 Correlação entre caracteres

O melhoramento genético busca agrupar em um mesmo genótipo ou população o máximo de características desejáveis, para isso a seleção deve considerar vários caracteres simultaneamente (RAMALHO et al., 2012). A investigação das correlações entre caracteres é de suma importância para o melhoramento genético, visto que o aprimoramento de determinada população ou genótipo é direcionado para um conjunto de caracteres conjuntamente. Com isto, a estimação das correlações entre os caracteres permite estabelecer estratégias adequadas de seleção (VENCOVSKY, 1987). De acordo com Falconer (1981), as correlações entre caracteres são importantes para o melhoramento genético por três causas principais, a primeira em conexão com as causas genéticas, por meio da ação pleiotrópica dos genes, em conexão com as mudanças efetuadas pela seleção e pela conexão com a seleção natural (FALCONER, 1981).

O estudo de correlações entre caracteres em milho envolve diversos tipos de constituições genéticas, como linhagens, híbridos e progênie de populações. No caso específico de linhagens, o sentido e a magnitude das correlações devem interferir no critério de seleção entre as linhagens (HALLAEUR; MIRANDA FILHO, 1995). A existência de correlação entre os caracteres é fundamental para o melhorista, pois as alterações aplicadas sobre um caráter específico pode causar modificações em outro caráter. Com isso, essas associações quantificam a possibilidade de ganhos indiretos por seleção, onde caracteres de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando realizada sobre caracteres que estão correlacionados a ele, e que apresentam maior herdabilidade e facilidade de mensuração (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A correlação consiste na medida de associação linear entre dois caracteres, sendo o grau em que estes variam juntos (STEEL; TORRIE, 1980). A correlação estimada por meio do coeficiente de correlação quantifica o grau de associação genético e não-genético entres dois caracteres (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Em relação ao coeficiente de correlação, Cruz e Regazzi (1997) descrevem que o coeficiente é adimensional, podendo variar de -1 a +1, onde coeficiente igual a zero não implica em falta de relação entre dois caracteres, apenas reflete a ausência

de relação linear entre os caracteres, a correlação será nula se os caracteres são duas variáveis aleatórias independentes, neste caso a covariância.

A interpretação das correlações entre caracteres deve considerar a magnitude e o sinal, sendo que a magnitude indica a existência de relação linear entre os caracteres estudados e o sinal indica se ambos os caracteres são influenciados conjuntamente de forma positiva ou na medida em que se incrementa um carácter ou outro é influenciado negativamente, reduzindo sua expressão (CRUZ, 2012).

A correlação entre caracteres pode ser considerada como um indicativo à seleção indireta, a qual consiste na seleção aplicada a outro carácter, que não seja o carácter principal que se deseja melhorar, sendo esse carácter denominado de carácter secundário. Falconer (1981) apontou uma série de condições para obter-se eficiência na seleção indireta pela correlação, entre elas: a herdabilidade do carácter selecionado ser maior que a do carácter que se pretende melhorar; a correlação genética entre os dois seja alta; alterando-se a intensidade de seleção do carácter, ou seja, a intensidade de seleção aplicada no carácter secundário ser superior a intensidade aplicada no carácter de interesse. Entretanto, este mesmo autor, afirma que a seleção indireta apenas será mais eficiente que a seleção direta em casos que dizem respeito a dificuldades técnicas, ao se aplicar a seleção direta no carácter de interesse a ser melhorado. Essas dificuldades técnicas estão relacionadas à precisão na mensuração do carácter, à ocorrência do carácter desejado em apenas um sexo, enquanto o carácter secundário puder ser mensurado em ambos os sexos.

### 2.7.1 Correlações Fenotípicas

O fenótipo de um indivíduo é determinado por sua constituição genética (genótipo) e pelo efeito do ambiente, sendo o Fenótipo (F) = Genótipo (G) + Ambiente (A). Diante disto, o fenótipo é resultado da ação conjunta dos efeitos genotípicos e do ambiente em que a planta está exposta. A associação entre dois caracteres que pode ser diretamente mensurada, em um grupo de indivíduos é a denominada de correlação fenotípica. Dessa forma, esta correlação é baseada a partir da mensuração do fenótipo, sendo influenciada por duas causas, a primeira causa genética e a segunda causa do ambiente (FALCONER, 1981).

As inferências das associações fenotípicas entre dois caracteres são importantes, pois permitem avaliar a viabilidade do emprego de seleção indireta, no entanto, sua utilização de forma equivocada pode induzir a conclusões errôneas, reduzindo sua aplicabilidade prática (CARVALHO et al., 2004). Neste contexto, se o caráter principal possui baixa herdabilidade a correlação fenotípica é determinada principalmente pela correlação de ambiente. Em contrapartida, se o caráter apresenta alta herdabilidade a correlação fenotípica é decorrente da correlação genética (FALCONER, 1981).

### 2.7.2 Correlações Genéticas

A correlação genética procura explicar por meio de mecanismos genéticos, a variação conjunta de dois caracteres, sendo assim, determinada inteiramente pelo genótipo, visto que os efeitos atribuídos ao ambiente são desconsiderados (RAMALHO et al., 2012). Esta correlação é a mais importante para o melhoramento, principalmente em situações que envolvam caracteres de herança complexa, controladas por vários genes e com alta participação do ambiente (Falconer, 1981).

As causas da correlação genética são atribuídas principalmente ao pleiotropismo, que consiste em um único gene ser responsável por mais de uma característica, isto é, a propriedade do gene em afetar duas ou mais características simultaneamente (FALCONER, 1981). Segundo esse mesmo autor, o grau de correlação oriundo do pleiotropismo expressa a quantidade pela qual dois caracteres são influenciados pelo mesmo gene, porém, as correlações podem ser positivas ou negativas. Positivas quando um gene afeta a expressão de dois genes, aumentando assim os dois caracteres, e negativas quando a medida que se aumenta um caráter se reduz o outro caráter.

A segunda causa da correlação genética é em função das ligações gênicas, porém essa causa é eventual e transitória, e ocorre quando os genes que têm efeito nos caracteres estão no mesmo cromossomo e muito próximos (RAMALHO et al., 2012). As ligações gênicas possuem efeito sobre a frequência das diversas combinações gênicas, ou seja, sem a presença de ligação gênica os genes são independentemente distribuídos e têm todas as combinações possíveis de ocorrer de

igual forma, na medida em que ocorre a ligação gênica, altera-se a equilíbrio da distribuição, e conseqüentemente a perda da igualdade, resultando no aumento de combinações parecidas com genitores em determinados indivíduos e redução ou deficiência de recombinações (ALLARD, 1971). A ligação gênica consiste em uma força conservadora que mantém juntas as combinações gênicas preexistentes. Dessa forma, tende a considerar e conservar juntas as combinações favoráveis existentes o que causa a correlação genética entre os caracteres que apresentam a ligação gênica.

### 2.7.3 Correlações de Ambiente

O ambiente exerce grande efeito sobre a expressão do fenótipo, dessa forma, os fatores ambientais afetam os caracteres por meio de diferentes estímulos e mecanismos fisiológicos (FALCONER, 1989). O ambiente torna-se uma causa de correlação entre dois caracteres quando estes são influenciados pelas mesmas variações nas condições do ambiente. No entanto, a correlação de ambiente consiste nos desvios de ambiente e também dos desvios genéticos não aditivos, em situações que se trabalha com a variância genética aditiva (FALCONER, 1981). Correlações de ambiente negativas indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos indicam que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações de ambiente (CRUZ; REGAZZI, 1997).

As correlações genéticas e de ambiente podem apresentar magnitudes, sentido e direção diferente, nestas circunstâncias as causas de variação genética e de ambiente afetam os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos (FALCONER, 1981).

### 2.7.4 Estimativas dos coeficientes de correlação

A estimativa dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente entre dois caracteres, é obtida com a realização de análises individuais, segundo o modelo estatístico apropriado e a análise da soma dos valores dos

caracteres X e Y, obtendo as covariâncias associadas a cada fonte de variação. Os componentes de covariância podem ser estimados através da esperança matemática do produto médio das fontes de variação, que podem ser obtidas de forma semelhante às esperanças dos respectivos quadrados médios da análise de variância (CRUZ et al., 2004).

Os produtos médios têm sido calculados utilizando-se as estimativas dos quadrados médios obtidos na análise de variância, pela soma de X e Y, fornecidos por:  $Z = X + Y$ .

As estimativas de variâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente podem ser obtidas conforme metodologia de Vencovsky e Barriga (1992); Ramalho et al. (2012):

$$\sigma_{f(X)}^2 = QMT_{(X)} / r$$

$$\sigma_{f(Y)}^2 = QMT_{(Y)} / r$$

$$\sigma_{g(X)}^2 = (QMT_{(X)} - QMR_{(X)}) / r$$

$$\sigma_{g(Y)}^2 = (QMT_{(Y)} - QMR_{(Y)}) / r$$

$$\sigma_{a(X)}^2 = QMR_{(X)}$$

$$\sigma_{a(Y)}^2 = QMR_{(Y)}$$

de forma que:  $\sigma_{f(X)}^2$  = variância fenotípica de X;  $\sigma_{f(Y)}^2$  = variância fenotípica de Y;

$\sigma_{g(X)}^2$  = variância genética de X;  $\sigma_{g(Y)}^2$  = variância genética de Y;  $\sigma_{a(X)}^2$  = variância

de ambiente de X; e  $\sigma_{a(Y)}^2$  = variância de ambiente de Y.

As estimativas de covariâncias fenotípicas, genéticas e de ambiente podem ser obtidas da seguinte forma:

$$Cov_{f(XY)} = \frac{QMT_{(XY)} - QMT_{(X)} - QMT_{(Y)}}{2}$$

$$Cov_{g(XY)} = (Cov_{f(XY)} - COV_{a(XY)})$$

$$Cov_{a(XY)} = \frac{QMR_{(XY)} - QMR_{(X)} - QMR_{(Y)}}{2}$$

onde:  $Cov_{f(XY)}$  = covariância fenotípica de XY;  $Cov_{g(XY)}$  = covariância genética de XY;  $Cov_{a(XY)}$  = covariância de ambiente de XY.

Obtidas as variâncias e covariância fenotípicas, genéticas e de ambiente, pode-se estimar as correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente, conforme:

$$r_{f(XY)} = \frac{Cov_{f(XY)}}{\sqrt{\sigma_{f(X)}^2 \cdot \sigma_{f(Y)}^2}}$$

$$r_{g(XY)} = \frac{COV_{g(XY)}}{\sqrt{\sigma_{g(X)}^2 \cdot \sigma_{g(Y)}^2}}$$

$$r_{a(XY)} = \frac{COV_{a(XY)}}{\sqrt{\sigma_{a(X)}^2 \cdot \sigma_{a(Y)}^2}}$$

sendo:  $r_{f(XY)}$  = correlação fenotípica de XY;  $r_{g(XY)}$  = correlação genotípica de XY; e  $r_{a(XY)}$  = correlação de ambiente de XY.

Conforme observado, a correlação fenotípica não é obtida através da soma algébrica das correlações genéticas e ambientais (RAMALHO et al., 2012).

A significância do coeficiente de correlação fenotípica, genética e de ambiente pode ser testada pela estatística t, conforme Steel e Torrie (1980), verificando-se a hipótese do coeficiente de correlação ser igual a zero ( $H_0: \rho = 0$ ), dada por:

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2}$$

em que  $t$  está associado a  $n-2$  graus de liberdade e em um nível de significância  $\alpha$  desta forma, se  $|r| \geq r(\alpha, n-2)$ , rejeita-se  $H_0: \rho = 0$ , caso contrário não se rejeita a hipótese de nulidade, sendo o coeficiente de correlação significativo (CRUZ; REGAZZI, 1997).

## 2.8 Distância genética e métodos multivariados

A distância genética está relacionada ao grau de distanciamento entre genótipos, linhagens e populações quanto ao conjunto de caracteres que são comuns em ambos (OLIBONI et al., 2012). A distância genética evidenciada entre genótipos é resultante da variabilidade genética existente entre eles, sendo as diferenças atribuídas a alterações encontradas nas constituições genéticas dos indivíduos. Em programas de melhoramento genético de milho, o conhecimento da distância genética entre linhagens é fundamental, pois a obtenção desta informação permite melhorar a eficiência da seleção de linhagens para o desenvolvimento da próxima geração e na formação de híbridos (AMORIN, 2005). Dessa forma, o conhecimento da distância permite prever em gerações precoces de endogamia, possíveis constituições genéticas promissoras que se distanciam das já existentes no programa de melhoramento.

O estudo da distância genética entre linhagens candidatas para genitores é uma ferramenta adicional para a produção de novos híbridos, além disso, proporciona maior possibilidade de atuação na formação de grupos heteróticos (HALLAUER et al., 2010). Estudos vêm comprovando que o cruzamento entre linhagens distantes geneticamente resultam em híbridos superiores, mostrando-se assim positivamente correlacionadas à heterose. De acordo com Falconer (1989), em qualquer grau de dominância superior a zero, a heterose manifestada em um indivíduo decorre da frequência alélica entre seus genitores, havendo correlação positiva entre distância genética e heterose. No entanto, existem divergências para

estes estudos, segundo Moll et al. (1965) e Paterniani e Lonquist (1963), deve existir um grau ótimo de distância entre os genitores, para a máxima expressão da heterose, visto que populações com ampla distância genética foram cruzadas e pouca ou nenhuma heterose foi evidenciada. Desta forma, para exploração da máxima heterose a distância genética deve ocorrer dentro de uma faixa ideal, pois genitores muito distantes geneticamente podem apresentar caracteres não desejáveis agronomicamente. Com isso, tende a ser mais promissor selecionar para cruzamento, dois genótipos que apresentem bom desempenho e bases genéticas diferentes, do que selecionar os genitores mais distantes geneticamente (GHADERI et al., 1984).

Para Miranda Filho et al. (1988), a distância genética avaliada com base na dissimilaridade genética entre os indivíduos constitui um método de natureza preditiva, o que permite a constatação prévia dos cruzamentos com maior probabilidade de sucesso, otimizem-se a heterose, e evitando a avaliação dos cruzamentos indesejáveis. Os métodos preventivos de estimativa da distância genética baseiam-se em diferenças morfológicas, fisiológicas e moleculares entre as constituições genéticas dos indivíduos (CARVALHO et al., 2003).

As análises multivariadas contribuem neste sentido, pois possuem como objetivo avaliar um conjunto de variáveis aleatórias relacionadas entre si, onde cada uma possui o mesmo grau de importância (HAIR et al., 2005). A análise multivariada fornece coeficientes de distância genética entre as linhagens, proporcionando grande contribuição ao melhoramento genético (CHIORATO, 2004). A utilização de técnicas multivariadas para estimar a distância genética tem se tornado uma prática rotineira entre os melhoristas de plantas. A associação de técnicas multivariadas constitui uma forma eficiente de estimar a distância genética, as quais envolvem técnicas analíticas como métodos de agrupamento, componentes principais e variáveis canônicas (CRUZ et al., 2004).

#### 2.8.1 Análise de agrupamento, medidas de dissimilaridade e componentes principais

Análises de agrupamento é a denominação atribuída para um conjunto de técnicas multivariadas, que apresentam como finalidade agrupar indivíduos com base

nos caracteres que eles possuem (HAIR et al., 2005). O processo de agrupamento pode ser resumido em duas etapas principais, sendo a primeira relacionada à estimativa de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre as linhagens e a segunda, o emprego de um método de agrupamento para formar os grupos. As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos dos melhoristas por quantificarem e informarem o grau de semelhança ou de diferenças apresentadas entre dois indivíduos (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Para obtenção da matriz de similaridade ou dissimilaridade, em caracteres quantitativos pode-se utilizar a distância generalizada de Mahalanobis, distância ponderada pelo quadrado médio do resíduo, distância Euclidiana, distância Euclidiana média, quadrado da distância Euclidiana, distância de Cole-Rodgers e distância de Gower. No entanto, as mais usuais no melhoramento são a distância Euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ et al., 2004).

A distância Euclidiana na sua originalidade é uma medida do comprimento de um segmento de reta desenhado entre dois objetos (HAIR et al., 2005), desta forma, pode ser utilizada no melhoramento para determinar a distância de um caráter entre dois indivíduos. Devido se tratar de distância (comprimento) é necessário considerar a escala de mensuração dos caracteres, a qual tem efeitos sobre o valor obtido, sendo preciso realizar a padronização dos valores, a fim de contornar este obstáculo (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

A distância generalizada de Mahalanobis considera as estimativas das variâncias e covariâncias residuais que existem entre os caracteres mensurados, desta forma, a estimação necessita de repetições, conduzidas sob um delineamento experimental (CRUZ et al., 2004). Deve considerar ainda para o cálculo da distância generalizada de Mahalanobis a existência de distribuição normal multidimensional e homogeneidade da matriz de covariâncias residuais (CRUZ; CARNEIRO, 2006). A escolha do método mais adequado para estimação das distâncias genéticas é determinada pela precisão desejada pelo melhorista, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (CRUZ et al., 2004).

As técnicas multivariadas de análise de agrupamento possuem como pressuposto a formação de grupos homogêneos, reunindo as progênies em um determinado número de grupos, de modo que exista maior homogeneidade dentro de

cada grupo e que a heterogeneidade manifeste-se entre os grupos (CRUZ et al., 2004). Desta forma, os métodos de agrupamento ou de projeções de distância em gráficos n-dimensionais, permitem estruturar e resumir as matrizes de distância de forma a facilitar a formação dos grupos e a interpretação dos resultados. Os métodos se diferenciam pelo tipo de resultado a ser fornecido e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já formado ou entre dois grupos quaisquer. Dentre os métodos de agrupamentos mais utilizados no melhoramento genético de plantas destacam-se os métodos hierárquicos e os de otimização (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os métodos hierárquicos envolvem a construção de uma hierarquia de uma estrutura do tipo árvore, desta forma, o agrupamento ocorre por um processo que se repete em vários níveis, até estabelecer o dendrograma ou o diagrama de árvore. Estes métodos podem ser divididos basicamente em métodos aglomerativos e divisivos (HAIR et al., 2005). As principais diferenças entre os métodos aglomerativos e divisivos estão na forma como o agrupamento será procedido, nos métodos aglomerativos, o agrupamento inicia-se com a comparação de cada indivíduos em um grupo separado, com isso, os grupos mais parecidos são combinados para constituir um novo agrupamento, sendo este procedimento repedido até que todos os indivíduos estejam combinados em um único agrupamento, em contrapartida, os métodos divisivos, iniciam com um grupo contando todos os indivíduos, a partir disto, inicia-se a separação dos subgrupos (HAIR et al., 2005; CRUZ et al., 2012).

Os principais métodos de agrupamento hierárquico descritos por Cruz e Regazzi (1997) são o método do vizinho mais próximo, o método do vizinho mais distante, o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*), o método do centroide, o método da WPGMC e o método da variância mínima de Ward. Atualmente, os estudos e pesquisas relacionadas a distância genética no melhoramento de plantas, tem priorizado a utilização do método de UPGMA, pois este considera as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, evitando a caracterização da dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados, além disso, origina as maiores estimativas do coeficiente de correlação cofenética, o qual está associado as menores distorções quanto a representação das dissimilaridades entre os indivíduos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os métodos de otimização consistem na formação de grupos pela adequação de algum critério de agrupamento, dessa forma, a finalidade é alcançar uma separação dos indivíduos que otimize alguma medida predefinida. No melhoramento genético de milho, o método de otimização mais utilizado pelos pesquisadores é o Tocher (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Este método utiliza um critério de agrupamento que apresenta como particularidade a obtenção de distância média intragrupo sempre menor que a distância média intergrupo (RAO, 1952). O agrupamento inicia-se com a identificação do par de indivíduos mais similares, formando o primeiro grupo, em seguida, avalia-se a possibilidade de inclusão ou rejeição do próximo indivíduo no grupo, sendo que a inclusão de indivíduos aumenta a média da distância dentro do grupo e reduz a possibilidade de inclusão de novos indivíduos. Devido a este pressuposto, os primeiros grupos formados são constituídos por maior número de indivíduos, e os últimos apresentam apenas um indivíduo (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

O método dos componentes principais tem por objetivo avaliar a similaridade dos genitores por meio de uma dispersão gráfica, considerando dois eixos cartesianos (CRUZ; REGAZZI, 1997). A metodologia dos componentes principais foi originalmente descrita por Pearson (1901) e mais tarde aplicada por Hotelling (1936) em várias áreas da ciência. Esta análise consiste em transformar um conjunto original de variáveis, em outro conjunto de dimensões equivalentes, no qual é atribuído um conjunto de propriedades e restrições. Cada componente é uma combinação linear das variáveis originais, e são independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, ou seja, o máximo da variação contida nos dados (CRUZ et al., 2004).

No melhoramento genético a utilização dos componentes principais permite a realização de inferências sobre as distâncias genéticas, pois possibilita agrupar um conjunto de variáveis originais em poucos componentes. Além de possibilitar o estudo das distâncias genéticas de um grupo de linhagens. Esta técnica possibilita a avaliação da importância de cada caráter mensurado sobre a variação total entre os genótipos avaliados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

## 2.9 Referências Bibliográficas

ABREU, L.; CANSI, E.; JURIATTI, C. Avaliação do rendimento sócio-econômico de variedades crioulas e híbridos comerciais de milho na microrregião de Chapecó. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 2, n. 1, p.1230-1233, 2007.

AGUIAR-PERECIN, M. L. R. Estrutura dos cromossomos do milho. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Volume I. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 81-102.

ALLARD, R. W. **Princípio do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Blücher Ltda, 1971, 485 p.

AMORIM, E. P. **Produtividade de híbridos de milho, derivados de populações S<sub>0</sub>, e associação com distância genética baseada em microssatélites**. Tese (Doutorado) Universidade Federal de Lavras. Lavras: UFLA, 2005. 97 f.

AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S<sub>0</sub> de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, v. 64, n. 3, p. 561-567, 2005.

ANDRADE, R. V.; FILHO, I. A. P.; SANTOS, M. X.; FRANCISCO, R. S. S.; LEITE, C. E. P. Banco Ativo de Germoplasma de Milho. In: **Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e Caribe** - Sirgealc; Reunião Latino-Americana de Especialistas em Arachis; Reunião Latino-Americana de Especialistas em Recursos Genéticos Florestais, 2001, Londrina. Anais... Londrina: IAPAR, 2001. p. 506-507.

ARAÚJO, P. M.; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, v. 59, n.3, p.589-593, 2002.

BEADLE, G. W. THE ANCESTRY OF CORN. **Scientific American**, v. 242, p. 112-119, 1980.

BEAL, W. J. In **Rept. Michigan Bd. Agric.**,p. 287-288, 1880.

BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Estimativas de parâmetros de heterose em híbridos de populações F<sub>2</sub> de milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 42, n. 1, p. 56-62, 2012.

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

CABRERA, A. C.; SOUZA JUNIOR, C. L.; SOUZA, A. P. Use of partly inbred S3 lines for the development of maize single-crosses. **Maydica**, v. 50, n. 2, p. 113-121, 2005.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SOUZA, A.; SILVA, D. A.; BARRETO, T. P.; GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, J. M. Avaliação de cultivares de milho crioulo em sistema de baixo nível tecnológico. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 2, p. 229-233, 2010.

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

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J. W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.

CHANG, T. T. Availability of plant germplasm for use in crop improvement. In: STALKER, H. T.; MURPHY, J. P. (Ed.) **Plant breeding in the 1990s**. Melksham: Redwood Press, 1992. P. 17-35.

CHAVES, L. J.; MIRANDA FILHO, J. B. Predicting variety composite means without diallel crossing. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, p. 501-506, 1997.

CHIORATO, A. F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.) do banco de Germoplasma do instituto agrônomo-IAC**. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Vegetal) Instituto Agrônomo de Campinas, 2004. 85f.

CONAB – Companhia Brasileira de Abastecimento. **Acompanhamento da safra Brasileira de grãos, safra 2015/2016**. Décimo Segundo Levantamento, n. 12, 2016.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 394 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3 ed. Viçosa: UFV, 2006. 586 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C. S.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 1, 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 2, 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2014. 668p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 1, 4ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ª ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

DARWIN, C. **The effects of crops and self-fertilization in the vegetal kingdom.** Daniel Appleton & Company, New York, 1877, 482 p.

DAVENPORT, C. B. Degeneration, albinism and inbreeding. **Science**, v. 28, n. 718, p. 454-455, 1908.

Davis, R. L. Report of the plant breeder. **Reports of Puerto Rico Agricultural Experimental Station**, p. 14-15, 1927.

DIAS PAES, M. C. Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. **Circular Técnica 75**, EMBRAPA, Sete Lagoas, MG, p. 1-6, 2006.

DOEBLEY, J. F. Molecular evidence and the evolution of maize. **Economic Botany**, v. 44, n. 3 SUPPLEMENT, p. 6-27, 1990.

DOEBLEY, J. F.; GOODMAN, M. M.; STUBER, C. W. Isoenzymatic variation in *Zea* (Gramineae). **Systematic Botany**, v. 9, p. 203-218, 1984.

DOEBLEY, J. F. The genetics of maize evolution. *Annual Review of Genetics*, v. 38, p. 37-59, 2004.

DOEBLEY, J. F.; STEC, A.; inheritance of the morphological differences between maize and teosinte: comparison of results for two F<sub>2</sub> populations. **Genetics**, v. 134, v. 6, p. 559-570, 1993.

DOEBLEY, J. F.; STEC, A.; WENDEL, J.; EDWARDS, M. Genetic and morphological analysis of a maize-teosinte F<sub>2</sub> population: implications for the origin of maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 87, p. 9888-9892, 1990.

DOEBLEY, J. F.; STEC, A.; HUBBARD, L. The evolution of apical dominance in maize. **Nature**, v. 386, p. 485-488, 1997.

DOEBLEY, J.F.; STEC, A.; GUSTUS, C. *Teosinte branched1* and the origin of maize: evidence for epistasis and the evolution of dominance. **Genetics**, v.141, p. 333- 346, 1995.

EAST, E. M. Heterosis. **Genetics**, v. 21, n. 7, p. 375-397, 1936.

EAST, E. M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experiment Station Report**, p. 419-428, 1908.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, 1981. 279 p.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics.** 3. ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1989. 438 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. 4. Ed. Essex, England: Ed. Longman, 1996. 464 p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

GHADERI, A.; ADAMS, M. W.; NASSIB, A. M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry Edible Bean and Fava Bean. **Crop Science**, v. 24, p. 37-42, 1984.

GAUT, B. S.; DOEBLEY, J. F. DNA sequence evidence for the segmental allotetraploid origin of maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 94, p. 6809-6814, 1997.

GOODMAN, M. M.; SMITH, J. S. C. Botânica In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Volume I. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 41-70.

HAIR J. R. J. F., ANDERSON, R. E., TATHAM, R .L., BLACK, W. C. **Análise multivariada de dados**. Porto Alegre: Bookman, 2005. 593 p.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Springer, 2010. 663 p.

HALLAEUR, A.R. e MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468 p.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 1. ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.

HECTOR, J. M. **Introduction to the botany of field crops**. Central News Agency Ltda., Johannesburg, 1936. 478 p.

HOTELLING, H. Simplified calculation of principal components. **Psychometrika**, v. 1, p. 27-35, 1936.

JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of corn upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Journal of Science**, v. 3, p. 429-450, 1935.

JONES, D. F. The effects of inbreeding and cross breeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, v. 207, n. 4, p. 1-100, 1918.

KRUG, C. A.; VIÉGAS, G. P. O milho híbrido. São Paulo: Ed. Melhoramentos, 1962. 30 p.

KRUG, C. A.; VIÉGAS, G. P.; PAOLIERI, I. Híbridos comerciais de milho. **Bragantia**, v. 3, n. 11, p. 367-551, 1943.

MARQUES JÚNIOR, O.; PEREIRA, R.S.B. Condução de um programa de melhoramento para obtenção de híbridos de milho. In: **V Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas – genética e melhoramento do milho**, 2001, Lavras. Anais... Lavras: UFLA, 2001, p. 51–54.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Volume I. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 277-340.

MIRANDA, J. E. C.; COSTA, C. P.; CRUZ, C. D. Análise dialéctica em pimentão. Capacidade combinatória. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, n. 2, p. 431- 440. 1988.

MOLL, R. H.; LONNQUIST, J. H.; FORTUNO, J. V.; JOHNSON, E. C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. **Genetics**, v. 52, 139-144, 1965.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; RESENDE, J. T. V. Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum**, v. 34, n. 1, p. 37-44, 2012.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose**. São Paulo: Fundação Cargill, 1974. 36 p. (Boletim n. 1).

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2 ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.

PATERNIANI, E.; LONNQUIST, J. H. Heterosis in inter-racial crosses of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, vol. 3, p.504-507, 1963.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.) **Melhoramento e produção de milho**. Volume I. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 277-340.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos. Brasília: **Paralelo 15**, 2000. p. 11-41.

PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. 410 p.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. **Philosophical Magazine**, v. 2, p. 559-572, 1901.

POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding field crops**. 4. ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 494 p.

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

RAMALHO, M. A. P.; SILVA, N. O. Fluxo gênico em plantas. In: MIR, L. **Genômica**. São Paulo: Editora Atheneu, 2004. p. 863-885.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley and Sons, 1952. 390 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informações Tecnológica, 2002. 975 p.

SCHNABLE, P. S.; WARE, D.; FULTON, R. S.; STEIN, J. C.; WEI, F.; PASTERNAK, S.; LIANG, C.; ZHANG, J.; FULTON, L.; GRAVES, T. A.; MINX, P.; REILY, A. D.; COURTNEY, L.; KRUCHOWSKI, S. S.; TOMLINSON, C.; STRONG, C.; DELEHAUNTY, K.; FRONICK, C.; COURTNEY, B.; ROCK, S. M.; BELTER, E.; DU, F.; KIM, K.; ABBOTT, R. M.; COTTON, M.; LEVY, A.; MARCHETTO, P.; OCHOA, K.; JACKSON, S. M.; GILLAM, B.; CHEN, W.; YAN, L.; HIGGINBOTHAM, J.; CARDENAS, M.; WALIGORSKI, J.; APPLEBAUM, E.; PHELPS, L.; FALCONE, J.; KANCHI, K.; THANE, T.; SCIMONE, A.; THANE, N.; HENKE, J.; WANG, T.; RUPPERT, J.; SHAH, N.; ROTTER, K.; HODGES, J.; INGENTHON, E.; CORDES, M.; KOHLBERG, S.; SGRO, J.; DELGADO, B.; MEAD, K.; CHINWALLA, A.; LEONARD, S.; CROUSE, K.; COLLURA, K.; KUDRNA, D.; CURRIE, J.; HE, R.; ANGELOVA, A.; RAJASEKAR, S.; MUELLER, T.; LOMELI, R.; SCARA, G.; KO, A.; DELANEY, K.; WISSOTSKI, M.; LOPEZ, G.; CAMPOS, D.; BRAIDOTTI, M.; ASHLEY, E.; GOLSER, W.; KIM, H.; LEE, S.; LIN, J.; DUJMIC, Z.; KIM, W.; TALAG, J.; ZUCCOLO, A.; FAN, C.; SEBASTIAN, A.; KRAMER, M.; SPIEGEL, L.; NASCIMENTO, L.; ZUTAVERN, T.; MILLER, B.; AMBROISE, C.; MULLER, S.; SPOONER, W.; NARECHANIA, A.; REN, L.; WEI, S.; KUMARI, S.; FAGA, B.; LEVY, M. J.; MCMAHAN, L.; VAN BUREN, P.; VAUGHN, M. W.; YING, K.; YEH, C.; EMRICH, S. J.; JIA, Y.; KALYANARAMAN, A.; HSIA, A.; BARBAZUK, W. B.; BAUCOM, R. S.; BRUTNELL, T. P.; CARPITA, N. C.; CHAPARRO, C.; CHIA, J.; DERAGON, J.; ESTILL, J. C.; FU, Y.; JEDDELOH, J. A.; HAN, Y.; LEE, H.; LI, P.; LISCH, D. R.; LIU, S.; LIU, Z.; NAGEL, D. N.; MCCANN, M. C.; SANMIGUEL, P.; MYERS, A. M.; NETTLETON, D.; NGUYEN, J.; PENNING, B. W.; PONNALA, L.; SCHNEIDER, K. L.; SCHWARTZ, D. C.; SHARMA, A.; SODERLUND, C.; SPRINGER, N. M.; SUN, Q.; WANG, H.; WATERMAN, M.; WESTERMAN, R.; WOLFGRUBER, T. K.; YANG, L.; YU, Y.; ZHANG, L.; ZHOU, S.; ZHU, Q.; BENNETZEN, J. L.; DAWE, R. K.; JIANG, J.; JIANG, N.; PRESTING, G. G.; WESSLER, S. R.; ALURU, S.; MARTIENSSEN, R. A.; CLIFTON, S. W.; MCCOMBIE, W. R.; WING, R. A.; WILSON, R. K. The b73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. **Science**, v. 326, n.11, p. 1112-1115, 2009.

SHULL, G. H. A puri line method of corn breeding. **American Breeders Association report**, vol. 5, p. 51-59, 1909.

SHULL, G. H. What is "Heterosis". **Genetics**, v. 33, p. 439-446, 1948.

SILVEIRA, G. D. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. Tese (Doutorado) Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias: UNESP, *campus* de Jaboticabal, 2007. 45 f.

SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S. Polyploidy: recurrent formation and genome evolution. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 14, n. 9, p. 348-352, 1999.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.159-199.

SPRAGUE, G. F.; EBERHART, S. A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G. F. (Ed.) **Corn and corn improvement**. 2. ed. Madison: American Society of Agronomy, 1977. p. 305-362.

SPRAGUE, G. F. The experimental basis for hybrid maize. **Biological Reviews**, v. 21, n. 3, p. 101-120, 1946.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill Book Company, 1980. 633p.

TEIXEIRA, F. F.; SOUZA, B. O.; ANDRADE, R. V.; PADILHA, L. **Boas práticas na manutenção de germoplasma de variedades crioulas de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, p. 1-8, 2005.

TROYER, A. F. Background of U.S. hybrid corn. **Crop Science**, v. 39, n. 3, p. 601-626, 1999.

USDA – United States Department of Agriculture. **Statistics of grain and feed**. 2016.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E; VIÉGAS, G.P. (ed). **Melhoramento e produção do milho**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill. 1987. p. 137-214.

WANG, H.; NUSSBAUM-WAGLER, T.; LI, B.; ZHAO, Q.; VIGOUROUX, Y.; FALLER, M.; BOMBLIES-YANT, K.; LUKENS, L.; DOEBLEY, J. F. The origin of the naked grains of maize. **Nature**, v. 4, n. 8, p. 714-719, 2005.

WET, J. M. J.; HARLAN, J. R. Cytogenetic evidence for the origin of teosinte (*Zea*

*mays* ssp. *mexicana*). **Euphytica**, v. 25, p. 447-455, 1976.

### **3. CAPÍTULO II**

**Correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente em progênies S<sub>1</sub> de milho crioulo**

### 3.1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é pertencente à família das *Poaceae*, e destaca-se entre os cereais mais cultivados mundialmente em razão de sua grande importância econômica e social. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial estando atrás dos Estados Unidos e da China, com uma produção de aproximadamente 84,0 milhões de toneladas na safra agrícola 2015/2016 (USDA, 2016). Na região Sul, o Paraná é o principal estado produtor, seguido pelo Rio Grande do Sul. Na última safra, o Rio Grande do Sul cultivou uma área de 823 mil hectares, com produção total de 5,8 milhões de toneladas e produtividade média de 7,16 toneladas por hectare (CONAB, 2016).

O melhoramento genético busca aumentar a produtividade das espécies cultivadas com o intuito de incrementar a disponibilidade de fontes alimentícias à crescente população mundial (ALLARD, 1971). O sucesso de um programa de melhoramento está condicionado à existência de variabilidade genética, que possibilita ao melhorista realizar seleção e obter constituições genéticas superiores (CRUZ, 2012). Neste sentido, as populações ou variedades crioulas de milho são importantes para as pesquisas de melhoramento genético da cultura, pois são fontes potenciais de variabilidade genética. Estas populações são cultivadas em comunidades, povos indígenas e por agricultores familiares, onde apresentam desempenho satisfatório nas condições de ambientes em que são cultivadas (TEIXEIRA et al., 2005), e se destacam por contemplarem propriedades genéticas ainda não exploradas e serem possíveis fontes de alelos favoráveis para resistência a doenças, estresse hídrico e rendimento de grãos (PATERNIANI et al., 2000; ARAÚJO; NASS, 2002).

O estudo das associações entre caracteres é de fundamental importância nos trabalhos de melhoramento genético, pois com base nestas associações é possível obter um indicativo de como atuar na seleção indireta de indivíduos. Desta forma, as associações quantificam a possibilidade de ganhos por seleção em caracteres correlacionados, onde caracteres de baixa herdabilidade e difícil mensuração podem ser selecionados com maior eficiência quando a seleção é baseada em caracteres de maior herdabilidade e que apresentam altas magnitudes de correlação (CRUZ;

REGAZZI, 1997). De acordo com Paterniani e Campos (2005) aumenta-se a eficiência da seleção de um caráter, em tais circunstâncias quando se considera a correlação entre caracteres.

A associação entre dois caracteres obtida pela mensuração direta é denominada de correlação fenotípica (FALCONER, 1981) e mede o grau de associação genético e não-genético entre dois ou mais caracteres (HALLAUER et al., 2010). Para fins de inferências mais precisas sobre a correlação entre caracteres, é necessário distinguir as causas genéticas e as causas decorrentes do ambiente, visto que a correlação fenotípica tem pouco valor prático, podendo induzir a erros na seleção (FALCONER; MACKAY, 1996). A correlação genética é causada principalmente pela pleiotropia e pela ligação gênica. O pleiotropismo relaciona-se a capacidade de um gene controlar simultaneamente dois ou mais caracteres, e a ligação gênica compete a uma causa transitória, onde genes localizados em um mesmo cromossomo são transferidos em conjunto, em função da distância em que os mesmos se encontram. A correlação ambiental refere-se a dois caracteres influenciados pelas mesmas condições ambientais (FALCONER, 1981; GONZÁLEZ et al., 1994; CHURATA; AYALA-OSUMA, 1996).

Estudos das estimativas de correlação fenotípica, genéticas e de ambiente envolvendo caracteres morfológicos e de rendimento de grãos em milho são abundantes na literatura, podendo-se mencionar os trabalhos de Churata e Ayala-Osuma, (1996), Carpentieri-Pípolo et al. (2002); Carvalho et al. (2001), Cargnellutti et al. (2010), Barros et al. (2010), Mahesh et al. (2013) e Nardino et al. (2016). Entretanto, estudos sobre as estimativas de correlação genética, fenotípica e de ambiente em linhagens precoces ( $S_1$ ) de milho, ainda são escassos. Desta forma, o estudo das correlações entre caracteres em linhagens precoces são relevantes, pois possibilitam ao melhorista obter progressos mais rápidos, do que somente pela seleção direta do caráter desejado.

O presente estudo tem como objetivo estimar e identificar associações fenotípicas, genéticas e de ambiente em progênies  $S_1$  de milho provenientes de populações crioulas de milho, da região Sul do Rio Grande do Sul.

### 3.2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, da Universidade Federal de Pelotas, localizada no Centro Agropecuário da Palma, no município de Capão do Leão – RS, sob as coordenadas geográficas: latitude 31°45' S, longitude 52°29' O, com altitude média de 13 metros. O solo é classificado como Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico, de textura argilosa e relevo ondulado (SANTOS et al., 2006). O clima, segundo a classificação de Köppen, é do tipo *Cfa*, com precipitação pluviométrica média anual de 1,280 mm (ALVARES et al., 2013).

O delineamento experimental utilizado foi de blocos aumentados, com dez grupos de progênies  $S_1$ , e duas testemunhas comerciais, os híbridos simples Pioneer 30F53 e Agroeste 1590, alocados em quatro repetições. As progênies  $S_1$  foram obtidas após a autofecundação de plantas aleatórias nas populações crioulas de milho. Sendo estas: Amarelão, Argentino Branco, Argentino Amarelo, Branco Roxo Índio, Branco Oito Carreiras, Caiano Rajado, Cateto Branco, Criolão e Dente de Ouro, e da variedade de polinização aberta (VPA) BRS Planalto. Em cada progênie  $S_1$  foram avaliadas 40 plantas.

A semeadura foi realizada no dia 05/12/2014, sendo utilizado espaçamento de 0,70 metros entre linhas e densidade populacional ajustada através de desbaste manual para 60 mil plantas por hectare. A adubação de base foi realizada no momento da abertura dos sulcos, com auxílio do conjunto trator-semeadora em sistema de semeadura direta, sendo incorporados 300 kg da formulação N-P-K (05-20-20). O manejo e os tratos culturais subsequentes foram realizados de forma preventiva de acordo com as recomendações técnicas da cultura (RTAM, 2013).

Os caracteres avaliados foram: altura de inserção da espiga (AE), mensurado em centímetros (cm); altura de planta (AP), mensurado em centímetros; diâmetro do colmo (DC), mensurado em milímetros (mm); comprimento da haste principal do pendão (CHP), mensurado em centímetros; número de ramificações do pendão (NRP), em unidades (un.); número de dias para o florescimento (NDF), em unidades; Comprimento da espiga (CE), mensurado em centímetros; diâmetro da espiga (DE), mensurado em milímetros; massa da espiga (ME), mensurado em gramas (g); e

profundidade dos grãos (PFG), mensurado em milímetros.

Os dados obtidos para cada caráter, em todas as populações foram submetidos à análise de variância conjunta e individual, incluindo a variável Z, que consiste na soma dos dois caracteres X e Y, sendo necessária para estimar o produto médio entre os caracteres X e Y, tanto para as progênies, como para o erro experimental. As estimativas de variâncias e covariâncias dos componentes das esperanças matemáticas foram obtidas através dos quadrados médios e produtos médios da análise de variância e covariância.

Os componentes de covariância para cada par de caracteres (X e Y) foram obtidos pelos produtos médios da fonte de variação da progênie (Pro) e resíduo (R), através de  $PM_{xy} = [(QM_{xy} - QM_x - QM_y)/2]$ , que equivale  $Cov_{XY} = [(\sigma_{x+y} - \sigma_x - \sigma_y)/2]$  e os estimadores:  $\sigma_{xy}^2 = [(PMP_{ro} - PMR)/r]$ ,  $\sigma_{x^2} = [(QMP_{ro(x)} - QMR_{(x)})/r]$  e  $\sigma_{y^2} = [(QMP_{ro(y)} - QMR_{(y)})/r]$  obtidos por meio dos Quadrados Médios da progênie (Pro) e resíduo (R) para os caracteres X e Y.

As estimativas das correlações fenotípicas ( $r_f$ ), genotípicas ( $r_g$ ) e de ambiente ( $r_a$ ) foram calculadas pelo método proposto por Cruz e Regazzi (1997).

$$r_{f(XY)} = \frac{Cov_{f(XY)}}{\sqrt{\sigma_{f(X)}^2 \cdot \sigma_{f(Y)}^2}}$$

$$r_{g(XY)} = \frac{Cov_{g(XY)}}{\sqrt{\sigma_{g(X)}^2 \cdot \sigma_{g(Y)}^2}}$$

$$r_{a(XY)} = \frac{Cov_{a(XY)}}{\sqrt{\sigma_{a(X)}^2 \cdot \sigma_{a(Y)}^2}}$$

, em que:  $Cov_{f(XY)}$ ,  $Cov_{g(XY)}$  e  $Cov_{a(XY)}$  correspondem respectivamente, às covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre os caracteres X e Y; e  $\sigma_{f(X)}^2$ ,  $\sigma_{g(X)}^2$  e  $\sigma_{a(X)}^2$  correspondem às variâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente do caráter X, e  $\sigma_{f(Y)}^2$ ,  $\sigma_{g(Y)}^2$  e  $\sigma_{a(Y)}^2$  correspondem às variâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente do caráter Y.

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente foram testadas pelo teste t, à 0,05 e 0,01 de significância, obtidos da fórmula  $t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2}$  (STEEL; TORRIE, 1980). Classificou-se os coeficientes de

correlação de acordo com a magnitude, seguindo o modelo proposto por Carvalho et al. (2004), sendo  $r = 0,00$  = nula; de  $r = 0,00$  a  $r = 0,30$  = fraca;  $r = 0,30$  a  $r = 0,60$  = média;  $r = 0,60$  a  $r = 0,90$  = forte;  $r = 0,90$  a  $r = 1$  = fortíssima; e  $r = 1$  = perfeita.

### 3.2 Resultados e Discussão

A análise de correlação fenotípica, genética e de ambiente realizada para os caracteres morfológicos e de rendimento de grãos em progênies  $S_1$  oriundas de populações crioulas de milho, revelou um total de 45 pares de correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente, sendo que em 29 correlações fenotípicas, 39 correlações genéticas e 41 correlações de ambiente foram detectados efeitos significativos pelo teste t (Tabela 3.1). As correlações genéticas, na sua maioria apresentaram magnitudes superiores às correlações fenotípicas e inferiores as correlações de ambiente. A superioridade das correlações de ambiente está relacionada ao efeito das condições edafoclimáticas e parte é decorrente dos desvios genéticos não aditivos, visto que na geração  $S_1$ , há uma grande proporção de locos em heterozigose, prevalecendo os efeitos de dominância e epistasia, desta forma, inflacionando as correlações de ambiente (FALCONER, 1981). No entanto, as correlações genéticas são mais relevantes que as correlações fenotípicas e de ambiente, principalmente quando os caracteres envolvidos possuem herança complexa, controlados por vários genes, e com elevado efeito do ambiente (VENCOVSKY; BARRIGA 1992).

O caráter altura de inserção da espiga revelou correlação fenotípica e genética forte e positiva com altura de planta para a maioria das progênies  $S_1$  das populações, exceto para a correlação genética da população Argentino Branco. De maneira geral, a medida que se aumenta a altura da planta incrementa-se a altura da inserção de espiga, estes resultados corroboram com Andrade e Miranda Filho (2008) e Barros et al. (2010) os quais evidenciaram correlações fenotípicas e genéticas fortes e positivas entre estes caracteres. A ausência de correlação genética nas progênies da população Argentino Branco possibilita a exploração de linhagens com menor altura de planta, sem reduzir demasiadamente a altura de inserção da espiga. Está característica é almejada pelos melhoristas, pois a tendência é a produção de

híbridos que possuam baixa estatura, com uma altura de inserção em torno de 90 à 110 centímetros (PATERNIANI; CAMPOS, 2005).

Os pares de correlação entre os caracteres comprimento da espiga e massa da espiga, e diâmetro da espiga e profundidade de grãos revelaram correlações genéticas e fenotípicas fortes e positivas para todas as progênies  $S_1$  estudadas (Tabela 3.1, Tabela 3.2, Tabela 3.3, Tabela 3.4, Tabela 3.5 e Tabela 3.6). Liao et al. (2014) indicaram que dentre os caracteres de maior importância pesquisados, a massa de espiga se destaca por contribuir positivamente para o rendimento de grãos. A identificação de caracteres que apresentem correlações estáveis com a massa da espiga é de grande importância para o melhoramento e obtenção de linhagens superiores, visto que a produção de um híbrido simples é dependente do desempenho das linhagens, ou seja, a capacidade da linhagem em contribuir com alelos para formação do híbrido (VENCOVSKY, 1987). A consistência destes pares de correlações permite inferir que estes caracteres estão associados geneticamente, possibilitando a utilização da seleção indireta para obtenção de maior massa de espiga quando se seleciona espigas de maior comprimento, e aumento na profundidade dos grãos selecionando espigas com maior diâmetro. Para He et al. (2014) a altura de inserção da espiga e o diâmetro da espiga são caracteres fundamentais a serem considerados durante a seleção de linhagens, com intuito de explorar genótipos com maior rendimento de grãos.

O comprimento da espiga é determinado principalmente pelo número de grãos por fileira da espiga, sendo que espigas maiores apresentam maior número de grãos e conseqüentemente maior massa da espiga. Estes resultados corroboram com os estudos de Munawar et al. (2013) e Nardino et al. (2016) os quais revelaram a existência de efeito positivo do comprimento da espiga com a massa da espiga e conseqüentemente com o rendimento de grãos. O caráter diâmetro da espiga é constituído pela profundidade de grãos e pelo diâmetro do sabugo, no melhoramento de linhagens, como na obtenção de híbridos tende-se reduzir a diâmetro do sabuco e aumentar o comprimento dos grãos, desta forma, a profundidade de grãos representa a parcela mais importante na constituição do diâmetro da espiga. Lopes et al. (2007) estudando as associações fenotípicas em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos observou correlação de 0,63 entre os caracteres diâmetro da

espiga e comprimento dos grãos.

As correlações fenotípicas e genéticas apresentaram-se significativas, no entanto com sinais contrários nas associações entre os caracteres altura de inserção da espiga e diâmetro do colmo ( $r_f=0,144$  e  $r_g = -0,364$ ), altura de planta e diâmetro do colmo ( $r_f = 0,220$  e  $r_g = -0,409$ ), comprimento da haste principal do pendão e número de dias para o florescimento ( $r_f = 0,123$  e  $r_f = -0,413$ ), comprimento da espiga e comprimento da haste principal do pendão ( $r_f = 0,120$  e  $r_g = -0,127$ ), altura de planta e massa da espiga ( $r_f = 0,159$  e  $r_g = -0,503$ ) na análise conjunta das dez progênies (Tabela 3.1). Nestas circunstâncias onde os coeficientes de correlação fenotípico e genético não apresentam o mesmo sinal, atribui-se este inconveniente aos erros de amostragem (CRUZ et al., 2004) ou devido a grande heterogeneidade entre as progênies, visto que nas análises individuais por progênies não foram observadas nenhuma situação deste sentido (Tabela 3.2, Tabela 3.3, Tabela 3.4, Tabela 3.5 e Tabela 3.6).

Magnitudes de correlações superiores a +1 e inferiores a -1 foram evidenciadas nas correlações genéticas entre os caracteres diâmetro de colmo e comprimento do pendão ( $r_g = 1,465$ ), diâmetro do colmo e diâmetro da espiga ( $r_g = 1,389$ ), diâmetro do colmo e massa da espiga ( $r_g = -2,758$ ) e diâmetro da espiga e massa da espiga ( $r_g = 1,428$ ) (Tabela 3.1), comprimento da espiga e massa da espiga ( $r_g = 1,086$ ) (Tabela 3.2), altura de planta e massa da espiga ( $r_g = -1,455$ ), e comprimento da espiga e massa da espiga ( $r_g = 1,425$ ) (Tabela 3.3), comprimento da haste principal do pendão e número de dias para o florescimento ( $r_g = -1,983$ ), e comprimento da espiga e massa da espiga ( $r_g = 1,012$ ) (Tabela 3.5) e comprimento da espiga e massa da espiga ( $r_g = 1,036$ ) (Tabela 3.6). A ocorrência de correlações genéticas fora da unidade se deve principalmente a valores superestimados e problemas de amostragem dos dados. Segundo Moro et al. (1992) e Cavassim e Borém (1998), estas estimativas quando próximas do intervalo podem ser consideradas como verdadeiras associações entre os caracteres e magnitudes mais distantes da unidade podem ser empregadas com finalidade de orientar outros trabalhos de correlação em programas de melhoramento.

As correlações genéticas e de ambiente entre os caracteres altura de inserção da espiga e altura de planta ( $r_g = 0,702$ ;  $r_a = 0,842$ ), altura de inserção da espiga e

profundidade dos grãos ( $r_g = 0,091$ ;  $r_a = 0,730$ ), número de ramificações do pendão e comprimento do pendão ( $r_g = 0,090$ ;  $r_a = 0,369$ ), altura de planta e profundidade de grãos ( $r_g = 0,171$ ;  $r_a = 0,8899$ ), comprimento da espiga e profundidade de grãos ( $r_g = 0,157$ ;  $r_a = 0,219$ ), e massa da espiga e profundidade de grãos ( $r_g = 0,639$ ;  $r_a = 0,920$ ), evidenciaram mesmo sentido (Tabela 3.1). Os resultados esperados em estudos de correlação indicam que a correlação genética e correlação de ambiente geralmente possuem o mesmo sentido (GONZÁLEZ et al., 1994; CHURATA; AYALA-OSUNA, 1996; MARCHIORO et al., 2003;). As demais associações entre caracteres revelaram sentido contrário em relação a correlação genética e de ambiente significativas, quando isto ocorre, há um indicativo de que as causas da variação genética e ambiental influenciam os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos (FALCONER, 1981; CRUZ, 2012).

Nas correlações de ambiente (Tabela 3.1), constatou-se magnitudes fortes e positivas entre o caráter altura de inserção da espiga e altura de planta ( $r_a=0,842$ ), diâmetro do colmo ( $r_a=0,871$ ), massa da espiga ( $r_a=0,749$ ) e profundidade de grãos ( $r_a=0,730$ ); entre o caráter altura de planta e diâmetro do colmo ( $r_a=0,817$ ), massa da espiga ( $r_a=0,962$ ), profundidade de grãos ( $r_a=0,899$ ); entre o caráter diâmetro do colmo e massa da espiga ( $r_a=0,642$ ) e profundidade de grãos ( $r_a=0,685$ ); entre o caráter comprimento da haste principal do pendão e número de dias para o florescimento ( $r_a=0,785$ ) e comprimento da espiga ( $r_a=0,616$ ), entre o caráter número de ramificações do pendão e comprimento da espiga ( $r_a=0,957$ ); entre o caráter número de dias para o florescimento e comprimento da espiga ( $r_a=0,644$ ); entre o caráter massa da espiga e profundidade de grãos ( $r_a=0,920$ ). Correlações de ambiente com magnitudes médias e negativas foram evidenciadas entre o caráter altura de inserção da espiga e comprimento da haste principal do pendão ( $r_a= -0,423$ ) e diâmetro da espiga ( $r_a= -0,304$ ), entre o caráter altura de planta e comprimento da haste do pendão ( $r_a= -0,387$ ), entre o caráter número de dias para o florescimento e diâmetro da espiga ( $r_a= -0,3540$ ). Correlações de ambiente negativas indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos indicam que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações de ambiente (CRUZ; REGAZZI, 1994).

Nas progênies  $S_1$  da população Amarelão a associação entre os dez

caracteres morfológicos e de rendimento de grãos revelou 45 associações fenotípicas e genéticas, sendo que 13 correlações fenotípicas e 20 correlações genéticas foram significativas (Tabela 3.2). Para as progênes da população Argentino Amarelo foram evidenciadas 16 correlações fenotípicas e 23 correlações genéticas com efeitos significativos (Tabela 3.2). As correlações fenotípicas e genéticas das progênes da população Argentino Branco revelaram 14 correlações fenotípicas e 24 correlações genéticas significativas (Tabela 3.3). Nas progênes da população Branco Oito Carreiras foram evidenciadas 19 correlações fenotípicas e 26 correlações genéticas com efeitos significativos (Tabela 3.3). As correlações fenotípica e genética para as progênes da população Branco Roxo Índio revelaram que 23 correlações fenotípicas e 26 correlações genéticas foram significativas (Tabela 3.4). Para as progênes da população Caiano Rajado foram evidenciadas 17 correlações fenotípicas e 23 correlações genéticas com efeitos significativos (Tabela 3.4). Nas progênes da população Cateto Branco foram evidenciadas 26 correlações fenotípicas e 26 correlações genéticas com efeitos significativos (Tabela 3.5). As correlações fenotípicas e genéticas das progênes da população Criolão revelaram 14 correlações fenotípicas e 21 correlações genéticas significativas (Tabela 3.5). Nas progênes da população Dente de Ouro foram evidenciadas 13 correlações fenotípicas e 19 correlações genéticas com efeitos significativos (Tabela 3.6). Para as progênes da variedade de polinização aberta BRS Planalto foram evidenciadas 11 correlações fenotípicas e 15 correlações genéticas com efeitos significativos (Tabela 3.6).

Os resultados evidenciados na tabela 3.2, tabela 3.3, tabela 3.4, tabela 3.5 e tabela 3.6 demonstram que a grande maioria dos pares de correlação não mantiveram seus efeitos significativos constantes para todas as progênes  $S_1$  das populações. Foram evidenciadas correlações pontuais em determinadas progênes ou para um grupo de progênes. Estes resultados revelam a necessidade de exploração diferencial das progênes, sendo preciso assim, considerar as correlações de cada progênie a fim de evitar erros de seleção, quando esta for baseada na seleção indireta por meio das correlações entre caracteres. Para Falconer (1981) em populações com baixa intensidade de seleção artificial, as características genéticas de um caráter são determinadas inicialmente pela relação entre uma característica

métrica e o poder adaptativo, dessa forma, as associações entre os caracteres podem assumir parâmetros específicos conforme a necessidade adaptativa que cada população foi submetida.

As correlações fenotípicas e genéticas entre o caráter altura de inserção da espiga e os caracteres morfológicos diâmetro do colmo, comprimento da haste principal do pendão e número de ramificações do pendão apresentam magnitudes e sentido inconsistente nas progênies  $S_1$ , com isto, há grande dificuldade por parte do melhorista em empregar uma estratégia de seleção indireta baseada nas correlações, que possam ser extrapoladas em todas as progênies. No entanto, tem-se a possibilidade de explorar as progênies das populações de maneira diferencial, obtendo constituições genéticas que expressem alelos favoráveis para formação de linhagens elite. De forma generalizada, ao explorar as progênies observa-se maior tendência de associações fenotípicas e genéticas positivas entre altura de inserção da espiga e comprimento da haste principal do pendão. Estes resultados corroboram com Andrade e Miranda Filho (2008), que evidenciaram correlações genéticas positivas entre os caracteres altura de inserção da espiga e comprimento do pendão e são contrários aos encontrados por Coimbra et al. 2001 onde foram obtidas correlações negativas entre altura de inserção da espiga e número de ramificações do pendão.

O caráter altura de inserção da espiga revelou correlações fenotípicas e genéticas de magnitudes médias e negativas com o número de dias para o florescimento nas progênies das populações Amarelão ( $r_f = -0,283$ ;  $r_g = -0,318$ ), Branco Oito Carreiras ( $r_f = -0,505$ ;  $r_g = -0,554$ ), Branco Roxo Índio ( $r_f = -0,352$ ;  $r_g = -0,416$ ), Caiano Rajado ( $r_f = -0,268$ ;  $r_g = -0,299$ ), Dente de Ouro ( $r_f = -0,367$ ;  $r_g = -0,425$ ) e BRS Planalto ( $r_f = -0,360$ ;  $r_g = -0,405$ ). Para estas progênies o aumento no número de dias para o florescimento tende a reduzir a altura de inserção de espiga. No entanto, nas progênies das populações Argentino Branco e Cateto Branco a correlação genética entre estes caracteres revelou-se positiva ( $r_g = 0,546$ ;  $r_g = 0,272$ ), sendo que o maior número de dias para o florescimento tende a aumentar a altura de inserção da espiga, visto que a planta permanece por um maior período realizando fotossíntese e com isso, tende a produzir maior quantidade de fotoassimilados e/ou energia para o seu desenvolvimento. Este resultado encontra-se de acordo com

Barros et al. (2010) que obtiveram correlação fenotípica e genética de 0,320 e 0,590, respectivamente, entre os caracteres altura de inserção da espiga e dias para o florescimento.

Para altura de inserção da espiga as estimativas de correlação fenotípica e genética foram significativas e positivas com o caráter comprimento da espiga nas progênes Argentino Branco ( $r_f = 0,296$ ;  $r_g = 0,376$ ), Branco Oito Carreiras ( $r_f = 0,264$ ;  $r_g = 0,311$ ), Criolão ( $r_f = 0,333$ ;  $r_g = 0,371$ ) e Dente de Ouro ( $r_f = 0,611$ ;  $r_g = 0,672$ ), e fortes e negativas nas progênes Branco Roxo Índio ( $r_f = -0,623$ ;  $r_g = -0,647$ ) e Caiano Rajado ( $r_f = -0,517$ ;  $r_g = -0,536$ ). Estudos realizados por Coimbra et al. (2001) encontraram valores de correlações fenotípicas e genéticas negativas entres o caráter altura da espiga e comprimento da espiga.

As progênes  $S_1$  das populações Argentino Branco, Branco Roxo Índio, Caiano Rajado e Cateto Branco revelaram correlações genéticas de magnitudes médias e negativas entre altura de inserção de espiga e massa da espiga. Correlação genética forte e positiva entre esses caracteres foi observada apenas nas progênes da população Dente de Ouro. Tendências similares foram evidenciadas para a associação entre o caráter altura de planta e massa da espiga, no entanto, as progênes Branco Oito Carreiras e Dente de Ouro revelaram correlações de magnitudes médias e positivas. Estudos realizados por Churata e Ayala-Osuna (1996) e Coimbra et al. (2001) revelam correlações genéticas e fenotípicas de alta magnitude e de mesmo sentido entre altura de inserção da espiga e massa de grãos das espigas.

O caráter altura de planta revelou correlações fenotípicas e genéticas negativas de magnitude média a forte com número de dias para o florescimento nas progênes Argentino Branco, Branco Oito Carreiras e Dente de Ouro. As estimativas obtidas indicam que os locos que estão envolvidos no controle destes caracteres podem estar ligados ou ter ação pleiotrópica (FALCONER, 1981).

O caráter altura de planta revelou correlações fenotípicas e genéticas significativas com o caráter comprimento da haste principal do pendão, para a maioria das progênes, com exceção das progênes Amarelão e Branco Roxo Índio. As correlações observadas foram positivas com magnitudes variando de média a forte. Desta forma, plantas com maior estatura apresentam maior comprimento da

haste principal do pendão, além disto, a comprimento do pendão contribui de forma significativa no incremento da altura de planta. Estes resultados corroboram com Andrade e Miranda Filho (2008) que encontraram estimativas de correlações fenotípicas e genéticas positivas entre os caracteres altura de planta e comprimento do pendão.

As correlações fenotípicas e genéticas entre o caráter altura de planta e os caracteres de rendimento de grãos, diâmetro da espiga e profundidade de grãos revelaram efeitos positivos de magnitude média a forte nas progênes Argentino Amarelo ( $r_f = 0,451$ ;  $r_g = 0,573$  e  $r_f = 0,309$ ;  $r_g = 0,299$ ), Branco Roxo Índio ( $r_f = 0,468$ ;  $r_g = 0,545$  e  $r_f = 0,314$ ;  $r_g = 0,316$ ), Caiano Rajado ( $r_f = 0,382$ ;  $r_g = 0,431$  e  $r_f = 0,274$ ;  $r_g = 0,269$ ) e Criolão ( $r_f = 0,422$ ;  $r_g = 0,517$  e  $r_f = 0,438$ ;  $r_g = 0,488$ ). Desta forma, nas linhagens da progênie  $S_1$  Caiano Rajado plantas com maior estatura tendem a incrementar o comprimento e diâmetro da espiga e proporcionar grãos de maior comprimento. No entanto, as estimativas de correlação genética entre altura de planta e comprimento da espiga revelaram magnitudes medianas e negativas nas progênes Argentino Branco ( $r_g = -0,316$ ) e Caiano Rajado ( $r_g = -0,532$ ) e magnitudes positivas nas progênes Branco Oito Carreiras ( $r_g = 0,456$ ) e Dente de Ouro ( $r_g = 0,642$ ). Estudos realizados por Andrade e Miranda Filho (2008) na população ESALQ-PB1, evidenciaram correlações genéticas e fenotípicas negativas ( $r_g = -0,267$ ;  $r_f = -0,112$ ) entre altura de planta e diâmetro da espiga.

O caráter diâmetro do colmo evidenciou correlações fenotípicas e genéticas negativas de magnitudes médias com o caráter número de dias para o florescimento nas progênes Amarelão, Argentino Amarelo, Branco Oito Carreiras, Branco Roxo Índio, Criolão e BRS Plantalto. Com isto, plantas com maior diâmetro de colmo tendem a apresentar ciclo vegetativo menor, visto que são mais eficientes em acumular reservas nestas estruturas durante um menor período de tempo. O acúmulo de reservas no colmo está relacionado com o maior crescimento desta estrutura.

As correlações fenotípicas e genéticas entre o caráter diâmetro do colmo e os caracteres comprimento da haste principal do pendão, número de ramificações do pendão e diâmetro da espiga revelaram tendência de associações positivas para as progênes Amarelão, Argentino Branco, Caiano Rajado e Cateto Branco. Nas

progênes Argentino Amarelo e Branco Roxo Índio as correlações apresentaram efeitos contrários, evidenciando-se correlações negativas entre diâmetro do colmo e número de ramificações do pendão e comprimento da haste principal do pendão, respectivamente.

Em relação ao caráter comprimento da haste principal do pendão evidenciaram-se correlações fenotípicas e genéticas positivas e magnitude mediana com o caráter número de ramificações do pendão, nas progênes Argentino Amarelo ( $r_f = 0,420$ ;  $r_g = 0,440$ ), Criolão ( $r_f = 0,307$ ;  $r_g = 0,302$ ), e Dente de Ouro ( $r_f = 0,379$ ;  $r_g = 0,385$ ). Correlações de mesmo sentido e magnitude foram observadas na associação entre o comprimento da haste principal do pendão e profundidade de grãos, no entanto, somente nas progênes Criolão ( $r_f = 0,459$ ;  $r_g = 0,516$ ), e BRS Planalto. ( $r_f = 0,430$ ;  $r_g = 0,480$ ). Na progênie  $S_1$  proveniente da população Criolão plantas com maior comprimento de pendão estão associadas a maior número de ramificações, diâmetro da espiga, massa da espiga e profundidade de grãos, e menor número de dias para o florescimento (Tabela 3.5).

Resultados semelhantes foram observados na progênie Branco Roxo Índio, porém a correlação fenotípica e genética foram positivas entre o comprimento da haste principal e o número de dias para o florescimento ( $r_f = 0,715$ ;  $r_g = 0,709$ ). Correlações fenotípicas e genéticas entre estes caracteres foram positivas também nas progênes Amarelão ( $r_f = 0,372$ ;  $r_g = 0,300$ ), Argentino Amarelo ( $r_f = 0,366$ ;  $r_g = 0,267$ ), Dente de Ouro ( $r_f = 0,273$ ) e BRS Planalto ( $r_f = 0,382$ ;  $r_g = 0,311$ ). Em contrapartida, na progênie Cateto Branco, as correlações genéticas revelam que o comprimento da haste principal do pendão associa-se de forma negativa com os caracteres número de dias para o florescimento, comprimento da espiga e massa da espiga. Dessa forma, a seleção de plantas nesta progênie com maior tamanho de pendão, aumenta a precocidade e reduz os caracteres de rendimento de grãos. Correlações negativas entre o tamanho do pendão e os componentes de rendimento são evidenciados por Geraldi (1977) e por Nardino et al. (2016) estudando híbridos simples de milho. A progênie Argentino Branco também revelou correlações fenotípicas e genéticas negativas entre os caracteres comprimento da haste principal do pendão e massa da espiga (Tabela 3.3).

As progênes Amarelão, Argentino Branco e Cateto Branco revelaram

correlações genéticas negativas com magnitudes médias entre o caráter número de ramificações do pendão e número de dias para o florescimento. Em contrapartida, as progênies Argentino Amarelo e Branco Oito Carreiras evidenciaram correlações fenotípicas e genéticas positivas entre estes caracteres. Correlações fenotípicas e genéticas positivas com magnitude mediana foram observadas entre o número de ramificação do pendão e os caracteres comprimento da espiga ( $r_f = 0,323$ ;  $r_g = 0,271$ ) e massa da espiga ( $r_f = 0,343$ ;  $r_g = 0,350$ ) na progênie Criolão. Nas demais progênies que revelaram efeitos significativos para as correlações genéticas e fenotípicas entre o caráter número de ramificação do pendão e os caracteres diâmetro da espiga, comprimento da espiga, massa da espiga e profundidade de grãos evidenciou-se estimativas negativas e magnitudes médias a fortes. Desta forma, para a maioria das progênies S<sub>1</sub> o número elevado de ramificações está associado a redução nos caracteres de rendimento de grãos, visto que, as reservas energéticas da plantas são gastas para o crescimento da estrutura de reprodução masculina, e não são direcionadas para as estruturas femininas, nas quais se concentram os componentes primário do rendimento de grãos (MUNARO et al., 2011).

O caráter número de dias para o florescimento revelou correlações genéticas negativas com magnitudes fracas à fortes com os caracteres massa da espiga e profundidade de grãos nas progênies Amarelão ( $r_g = -0,275$ ;  $r_g = -0,289$ ), Argentino Branco ( $r_g = -0,959$ ;  $r_g = -0,556$ ), Branco oito Carreiras ( $r_g = -0,992$ ;  $r_g = -0,465$ ) e Dente de Ouro ( $r_g = -0,482$ ;  $r_g = -0,294$ ). Correlações genéticas negativas também foram evidenciadas entre o caráter e o comprimento de espiga nas progênies Argentino Amarelo ( $r_g = -0,449$ ), Branco Oito Carreiras ( $r_g = -0,512$ ) e BRS Planalto ( $r_g = -0,283$ ). Desta forma, a redução do período vegetativo para estas progênies resulta no incremento da massa da espiga e na profundidade dos grãos, sendo fontes de alelos de interesse quando se busca linhagens precoces para a formação de híbridos. Entretanto, nas progênies Caiano Rajado, Cateto Branco e Criolão o caráter número de dias para o florescimento revelou correlações fenotípicas e genéticas positivas e de média magnitude com os caracteres comprimento da espiga e massa de espiga.

As correlações genéticas entre os caracteres diâmetro da espiga e massa da espiga se revelaram positivas com magnitudes médias a forte nas progênies das

populações Amarelão ( $r_g = 0,764$ ), Argentino Amarelo ( $r_g = 0,846$ ), Argentino Branco ( $r_g = 0,671$ ), Branco Roxo Índio ( $r_g = 0,368$ ), Caiano Rajado ( $r_g = 0,614$ ), Cateto Branco ( $r_g = 0,325$ ) e BRS Planalto ( $r_g = 0,391$ ). Estimativas de correlações fenotípicas positivas entre estes caracteres foram evidenciados em estudos realizados por Lopes et al. (2007). O incremento no diâmetro da espiga proporciona aumento da massa da espiga em progênes  $S_1$  provenientes de populações crioulas de milho.

O caráter profundidade de grãos evidenciou correlações fenotípicas e genéticas positivas de magnitude mediada com o caráter massa de espiga nas progênes Amarelão ( $r_f = 0,344$ ;  $r_g = 0,376$ ), Argentino Amarelo ( $r_f = 0,550$ ;  $r_g = 0,638$ ), Branco Roxo Índio ( $r_f = 0,326$ ;  $r_g = 0,331$ ), Caiano Rajado ( $r_f = 0,451$ ;  $r_g = 0,501$ ) e somente correlação genética com a progênie Branco Oito Carreiras ( $r_g = -0,237$ ).

### 3.4 Conclusão

As progênes  $S_1$  provenientes de diferentes populações crioulas de milho apresentam correlações genéticas e fenotípicas específicas tanto em sentido como em magnitude, que dificultam a definição de estratégias abrangentes de seleção indireta baseada na correlação entre caracteres.

O comprimento da espiga possui correlação fenotípica e genética forte e positiva com a massa da espiga, e pode ser utilizado para seleção indireta de progênes  $S_1$  com maior massa de espiga, independentemente da origem de formação das progênes.

Correlações fenotípicas e genotípicas positivas e de magnitudes médias foram identificadas entre o diâmetro de espiga e a profundidade de grãos, sendo estas similares para ambas a progênes.

O caráter altura de planta revela associação fenotípica e genética forte e positiva com o caráter altura de espiga, no entanto, este caráter não se correlacionou de forma constante com os caracteres de rendimento de grãos.

As correlações de ambiente possuem efeitos significativos sobre a expressão dos fenótipos das progênes  $S_1$  produzidas na região Sul do Rio Grande Do Sul.

### 3.5 Referências Bibliográficas

ALLARD, R. W. **Princípio do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Blücher Ltda, 1971, 485 p.

ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brasil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711 – 728, 2013.

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

ARAÚJO, P. M.; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agrícola**, l. 59, n.3, p. 589-593, 2002.

BARROS, L. B.; MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA, J. M. Phenotypic, additive genetic and environment correlations of maize landraces populations in family farm systems. **Scientia Agrícola**, v. 67, n. 6, p. 685-691, 2010.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; TAKAHASHI, H. W.; ENDO, R. M.; PETEK, M. R.; SEIFERT, A. L. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 551-554, 2002.

CARGNELUTTI FILHO, A.; TOEBE, M.; BURIN, C.; DA SILVEIRA, T. R.; CASAROTTO, G.. Tamanho de amostra para estimação do coeficiente de correlação linear de Pearson entre caracteres de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.12, p. 1363-1371, 2010.

CARVALHO, C. G. P.; BORSATO, R.; CRUZ, C. D.; VIANA, J. M. S. Path analysis under multicollinearity in  $S_0 \times S_0$  maize hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 3, p. 263-270, 2001.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. Estimativas e implicações da correlação no melhoramento genético. Pelotas: UFPel, 2004. 142 p.

CAVASSIM, J. E.; BORÉM, A. Correlações em seis populações de trigo (*Triticum aestivum* L.). **Revista Ceres**, v. 45, n. 262, p. 555-566, 1998.

CHURATA, B. G. M.; AYALA-OSUNA, J. T. Correlações genótípicas, fenotípicas e de ambiente e análise de trilha em caracteres avaliados no composto de milho (*Zea mays*) arquitetura. **Revista Ceres**, v. 43, n. 249, p. 628-636, 1996.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D. Correlações entre caracteres na população de milho-pipoca DFT1-Ribeirão. **Revista Ceres**, v. 48, n. 278, p. 427-435, 2001.

CONAB – Companhia Brasileira de Abastecimento. **Acompanhamento da safra**

**Brasileira de grãos, safra 2015/2016.** Décimo segundo levantamento, n. 12, 2016.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa.** 1ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2ª ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Volume 1, 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, 1981. 279 p.

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

GERALDI, I. O. Estimativa de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays*) e perspectivas de melhoramento. **Boletim Científico da Escola Superior Luiz de Queiróz**, Piracicaba, v. 11, p. 63-70, 1977.

GONZÁLVIZ, P. A.; LEMOS, M. A.; RAMALHO NETO, C. E.; REIS, O. V.; TABOSA, J. M.; TAVARES FILHO, J. G. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 3, p. 419-425, 1994.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding.** Springer, 2010. 663 p.

HE, D.; ZHANG, H.; LIAO, C.; LUO, Q.; HUI, G.; NAN, Z.; ZHANG, Y. Investigation and analysis on ear diameter and ear axis diameter in maize ril population. In: LI, S.; JIN, Q.; JIANG, X.; PARK, J. J. **Frontier and Future Development of Information Technology in Medicine and Education.** Springer Netherlands, 2014. p. 795-801.

LIAO, C. Study on two agronomic traits associated with kernel weight in a maize ril segregation population. In: LI, S.; JIN, Q.; JIANG, X.; PARK, J. J. **Frontier and Future Development of Information Technology in Medicine and Education.** Springer Netherlands, 2014. p. 811-817.

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

MARCHIORO, V. S.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; SILVA, J. A. G.; KUREK, A. J.; HARTWING, I. Herdabilidade e correlações para caracteres de panícula em populações segregantes de aveia.

**Revista Brasileira de Agrociências**, v. 9, n. 4, p. 323-328, 2003.

MAHESH, N.; WALI, M.C.; GOWDA, M.V.C.; MOTAGI, B.N.; UPPINAL, N.F. Correlation and path analysis of yield and kernel components in maize. **Karnataka Journal of Agricultural Sciences**, v. 26, n. 2, p. 306-307, 2013.

MORO, G. L.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, C. S.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, A. B. Correlações entre alguns caracteres agronômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres**, v. 29, n. 223, p. 225-232, 1992.

MUNARO, E. M.; EYHÉRABIDE, G. H.; D'ANDREA, K. E.; CIRILO, A. G.; OTEGUI, M. E. Heterosis x environment interaction in maize: What drives heterosis for grain yield? **Field Crops Research**, v. 124, p. 441-449, 2011.

MUNAWAR, M.; SHAHBAZ, M.; HAMMADA, G.; YASIR, M. Correlation and path analysis of grain yield components in exotic maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Sciences: Basic and Applied Research**, v.12, n.1, p.22-27, 2013.

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

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2 ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos. Brasília: **Paralelo 15**, 2000. p. 11-41.

RTAM - REUNIÃO TÉCNICA ANUAL DO MILHO. **Indicações técnicas para a cultivo de milho e de sorgo no Rio Grande do Sul**. Pelotas, 2013.

SANTOS, H. G.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. A.; OLIVEIRA, J. B.; COELHO, M. R.; LUMBRERAS, J. F.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2006. 306 p.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill Book Company, 1980. 633p.

TEIXEIRA, F. F.; SOUZA, B. O.; ANDRADE, R. V.; PADILHA, L. **Boas práticas na manutenção de germoplasma de variedades crioulas de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, p. 1-8, 2005.

USDA – United States Department of Agriculture. **Statistics of grain and feed**. 2016.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P.

**Melhoramento e produção de milho no Brasil.** Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

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

**Tabela 3.1** Correlações fenotípicas ( $r_f$ ), genéticas ( $r_g$ ) e de ambiente ( $r_a$ ), entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, resultante na análise conjunta de 10 progênies  $S_1$  de dez populações de milho crioulos.

|     |       | AE <sup>(1)</sup> | AP       | DC       | CHP      | NRP      | NDF      | DE      | CE | ME | PGF |
|-----|-------|-------------------|----------|----------|----------|----------|----------|---------|----|----|-----|
| AE  | $r_f$ | -                 |          |          |          |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_g$ | -                 |          |          |          |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_a$ | -                 |          |          |          |          |          |         |    |    |     |
| AP  | $r_f$ | 0.716**           | -        |          |          |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_g$ | 0.702**           | -        |          |          |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_a$ | 0.842**           | -        |          |          |          |          |         |    |    |     |
| DC  | $r_f$ | 0.144**           | 0.220**  | -        |          |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_g$ | -0.364**          | -0.409** | -        |          |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_a$ | 0.871**           | 0.817**  | -        |          |          |          |         |    |    |     |
| CHP | $r_f$ | 0.120**           | 0.403**  | 0.023    | -        |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_g$ | 0.322**           | 0.832**  | 1.465**  | -        |          |          |         |    |    |     |
|     | $r_a$ | -0.423**          | -0.387** | -0.562** | -        |          |          |         |    |    |     |
| NRP | $r_f$ | 0.042             | 0.062    | 0.066    | 0.199**  | -        |          |         |    |    |     |
|     | $r_g$ | 0.082             | -0.012   | 0.850**  | 0.090*   | -        |          |         |    |    |     |
|     | $r_a$ | -0.115*           | 0.266**  | -0.360** | 0.369**  | -        |          |         |    |    |     |
| NDF | $r_f$ | -0.183**          | -0.205** | -0.269** | 0.123**  | 0.049    | -        |         |    |    |     |
|     | $r_g$ | -0.294**          | -0.412** | -0.892** | -0.413** | -0.230** | -        |         |    |    |     |
|     | $r_a$ | 0.138**           | 0.247**  | -0.029   | 0.785**  | 0.528**  | -        |         |    |    |     |
| DE  | $r_f$ | 0.083*            | 0.223**  | 0.103*   | 0.061    | -0.037   | -0.172** | -       |    |    |     |
|     | $r_g$ | 0.215**           | 0.337**  | 1.389**  | 0.353**  | -0.431** | -0.034   | -       |    |    |     |
|     | $r_a$ | -0.304**          | 0.004    | -0.445** | -0.276** | 0.597**  | -0.354** | -       |    |    |     |
| CE  | $r_f$ | 0.102*            | 0.136**  | -0.036   | 0.120**  | -0.021   | 0.060    | 0.117** | -  |    |     |
|     | $r_g$ | 0.162**           | 0.158**  | 0.604**  | -0.127** | -0.380** | -0.198** | -0.045  | -  |    |     |
|     | $r_a$ | -0.207**          | 0.057    | -0.533** | 0.616**  | 0.957**  | 0.644**  | 0.469** | -  |    |     |

|     |       |          |          |          |         |          |          |          |         |         |   |
|-----|-------|----------|----------|----------|---------|----------|----------|----------|---------|---------|---|
| ME  | $r_f$ | 0.075    | 0.159**  | -0.001   | 0.116** | 0.011    | 0.018    | 0.359**  | 0.764** | -       |   |
|     | $r_g$ | -0.294** | -0.503** | -2.758** | 0.491** | -0.523** | -0.700** | 1.024**  | 1.428** | -       |   |
|     | $r_a$ | 0.749**  | 0.962**  | 0.642**  | -0.104* | 0.468**  | 0.524**  | -0.049   | 0.304** | -       |   |
| PFG | $r_f$ | 0.117**  | 0.205**  | 0.083*   | 0.095*  | -0.004   | -0.079   | 0.553**  | 0.151** | 0.426** | - |
|     | $r_g$ | 0.091*   | 0.171**  | 0.000    | 0.148** | -0.036   | -0.160** | 0.767**  | 0.157** | 0.639** | - |
|     | $r_a$ | 0.730**  | 0.899**  | 0.685**  | -0.110* | 0.346**  | 0.500**  | -0.149** | 0.219** | 0.920** | - |

\*\* significativo a 1% pelo teste t. \* significativo a 5% pelo teste t. Para todos os caracteres o valor do número de observações (n) foi de 400. <sup>(1)</sup>  
 AE: altura de inserção da espiga; AP: altura de planta; DC: Diâmetro do colmo; CHP: comprimento da haste principal do pendão; NRP: número de ramificações do pendão; NDF: número de dias para o florescimento; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; ME: massa da espiga; e PFG: profundidade dos grãos.

**Tabela 3.2** Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênies  $S_1$  provenientes da população de milho crioulo Argentino Amarelo (diagonal superior) e Amarelão (diagonal inferior).

|     |       | Argentino Amarelo |         |          |         |          |          |         |          |          |         |
|-----|-------|-------------------|---------|----------|---------|----------|----------|---------|----------|----------|---------|
|     |       | AE                | AP      | DC       | CHP     | NRP      | NDF      | DE      | CE       | ME       | PFG     |
| AE  | $r_f$ | -                 | 0.692** | 0.122    | 0.161   | 0.026    | -0.070   | 0.263   | 0.218    | 0.199    | 0.301*  |
|     | $r_g$ | -                 | 0.686** | 0.038    | 0.223   | 0.032    | -0.091   | 0.372** | 0.255    | 0.149    | 0.295*  |
| AP  | $r_f$ | 0.499**           | -       | 0.236    | 0.468** | 0.102    | 0.066    | 0.451** | 0.092    | 0.129    | 0.309*  |
|     | $r_g$ | 0.471**           | -       | 0.165    | 0.583** | 0.094    | 0.048    | 0.573** | 0.097    | -0.004   | 0.299*  |
| DC  | $r_f$ | 0.443**           | 0.355*  | -        | 0.088   | -0.344*  | -0.278*  | 0.054   | 0.075    | 0.102    | 0.120   |
|     | $r_g$ | 0.405**           | 0.261   | -        | 0.326*  | -0.376** | -0.368** | 0.317*  | 0.259    | -0.206   | 0.103   |
| CHP | $r_f$ | -0.101            | 0.113   | -0.131   | -       | 0.420**  | 0.366*   | 0.260   | -0.149   | -0.051   | -0.127  |
|     | $r_g$ | -0.061            | 0.239   | -0.010   | -       | 0.440**  | 0.267*   | 0.463** | -0.309*  | -0.031   | -0.138  |
| NRP | $r_f$ | 0.330*            | 0.020   | 0.504**  | -0.092  | -        | 0.446**  | -0.122  | -0.189   | -0.056   | -0.151  |
|     | $r_g$ | 0.379**           | -0.024  | 0.677**  | -0.204  | -        | 0.449**  | -0.253  | -0.297*  | -0.156   | -0.163  |
| NDF | $r_f$ | -0.283*           | -0.211  | -0.376** | 0.372** | -0.427** | -        | -0.093  | -0.273*  | -0.255   | -0.058  |
|     | $r_g$ | -0.318*           | -0.278* | -0.436** | 0.300*  | -0.562** | -        | -0.006  | -0.449** | -0.552** | -0.085  |
| DE  | $r_f$ | -0.081            | 0.228   | 0.085    | 0.107   | -0.011   | -0.210   | -       | 0.235    | 0.516**  | 0.639** |
|     | $r_g$ | -0.050            | 0.307*  | 0.274*   | 0.273*  | -0.197   | -0.186   | -       | 0.173    | 0.846**  | 0.805** |
| CE  | $r_f$ | 0.135             | 0.063   | -0.076   | 0.086   | 0.019    | 0.008    | 0.109   | -        | 0.858**  | 0.353*  |
|     | $r_g$ | 0.162             | 0.065   | -0.003   | -0.014  | -0.110   | -0.064   | 0.028   | -        | 1.086**  | 0.375*  |
| ME  | $r_f$ | -0.025            | 0.134   | -0.048   | 0.027   | -0.156   | -0.096   | 0.458** | 0.772**  | -        | 0.550** |
|     | $r_g$ | -0.178            | -0.147  | -0.318*  | 0.090   | -0.375** | -0.275*  | 0.764** | 0.966**  | -        | 0.638** |
| PFG | $r_f$ | -0.234            | -0.016  | 0.161    | -0.048  | 0.194    | -0.258   | 0.493** | 0.105    | 0.344*   | -       |
|     | $r_g$ | -0.257            | -0.053  | 0.149    | -0.050  | 0.198    | -0.289*  | 0.626** | 0.105    | 0.376**  | -       |

Amarelão

\*\* significativo a 1% pelo teste t. \* significativo a 5% pelo teste t. Para todos os caracteres o valor do número de observações (n) foi de 40. <sup>(1)</sup>  
 AE: altura de inserção da espiga; AP: altura de planta; DC: Diâmetro do colmo; CHP: comprimento da haste principal do pendão; NRP: número de ramificações do pendão; NDF: número de dias para o florescimento; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; ME: massa da espiga; e PFG: profundidade dos grãos.

**Tabela 3.3** Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênies  $S_1$  provenientes da população de milho crioulo Branco Oito Carreiras (diagonal superior) e Argentino Branco (diagonal inferior).

|     |       | Branco Oito Carreiras |          |          |          |          |          |          |          |          |          |
|-----|-------|-----------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
|     |       | AE                    | AP       | DC       | CHP      | NRP      | NDF      | DE       | CE       | ME       | PFG      |
| AE  | $r_f$ | -                     | 0.884**  | 0.165    | 0.218    | -0.352*  | -0.505** | 0.187    | 0.264*   | 0.282*   | 0.231    |
|     | $r_g$ | -                     | 0.887**  | 0.074    | 0.318*   | -0.381** | -0.554** | 0.248    | 0.311*   | 0.245    | 0.219    |
| AP  | $r_f$ | 0.277*                | -        | 0.180    | 0.334*   | -0.335*  | -0.579** | 0.099    | 0.414**  | 0.386**  | 0.230    |
|     | $r_g$ | 0.176                 | -        | 0.084    | 0.465**  | -0.406** | -0.649** | 0.114    | 0.456**  | 0.320*   | 0.212    |
| DC  | $r_f$ | -0.300*               | -0.080   | -        | 0.022    | 0.008    | -0.330*  | -0.298*  | 0.029    | 0.290*   | 0.113    |
|     | $r_g$ | -0.664**              | -0.452** | -        | 0.251    | 0.111    | -0.408** | -0.254   | 0.178    | 0.058    | 0.084    |
| CHP | $r_f$ | 0.269*                | 0.391**  | 0.047    | -        | -0.027   | 0.009    | -0.050   | 0.277*   | 0.106    | -0.024   |
|     | $r_g$ | 0.440**               | 0.652**  | 0.367**  | -        | -0.131   | -0.142   | 0.018    | 0.198    | 0.254    | -0.020   |
| NRP | $r_f$ | 0.091                 | 0.102    | 0.239    | 0.040    | -        | 0.416**  | -0.365*  | -0.496** | -0.198   | -0.340*  |
|     | $r_g$ | 0.129                 | 0.061    | 0.487**  | -0.065   | -        | 0.403**  | -0.573** | -0.749** | -0.540** | -0.389** |
| NDF | $r_f$ | 0.455**               | -0.410** | -0.157   | 0.172    | -0.286*  | -        | -0.150   | -0.376** | -0.516** | -0.422** |
|     | $r_g$ | 0.546**               | -0.632** | -0.227   | -0.089   | -0.554** | -        | -0.119   | -0.512** | -0.992** | -0.465** |
| DE  | $r_f$ | -0.215                | -0.077   | -0.034   | -0.227   | 0.136    | -0.310*  | -        | -0.025   | -0.171   | 0.376**  |
|     | $r_g$ | -0.200                | -0.100   | 0.154    | -0.210   | 0.007    | -0.295*  | -        | -0.126   | -0.257   | 0.433**  |
| CE  | $r_f$ | 0.296*                | -0.248   | -0.079   | -0.113   | -0.283*  | 0.143    | 0.162    | -        | 0.575**  | 0.076    |
|     | $r_g$ | 0.376**               | -0.316*  | 0.078    | -0.321*  | -0.552** | 0.003    | 0.087    | -        | 0.787**  | 0.072    |
| ME  | $r_f$ | 0.041                 | -0.247   | 0.124    | -0.2873* | -0.223   | -0.138   | 0.262    | 0.740**  | -        | 0.258    |
|     | $r_g$ | -0.395**              | -1.455** | -0.608** | -0.584** | -0.931** | -0.959** | 0.671**  | 1.425**  | -        | 0.267*   |
| PFG | $r_f$ | -0.101                | 0.037    | 0.125    | -0.201   | 0.247    | -0.428** | 0.623**  | -0.075   | 0.123    | -        |
|     | $r_g$ | -0.141                | -0.015   | 0.093    | -0.233   | 0.257    | -0.556** | 0.732**  | -0.094   | 0.050    | -        |

#### Argentino Branco

\*\* significativo a 1% pelo teste t. \* significativo a 5% pelo teste t. Para todos os caracteres o valor do número de observações (n) foi de 40. <sup>(1)</sup>  
 AE: altura de inserção da espiga; AP: altura de planta; DC: Diâmetro do colmo; CHP: comprimento da haste principal do pendão; NRP: número de ramificações do pendão; NDF: número de dias para o florescimento; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; ME: massa da espiga; e PFG: profundidade dos grãos.

**Tabela 3.4** Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênes S<sub>1</sub> provenientes da população de milho crioulo Caiano Rajado (diagonal superior) e Branco Roxo Índio (diagonal inferior).

|     |       | Caiano Rajado |         |          |         |        |         |         |          |          |         |
|-----|-------|---------------|---------|----------|---------|--------|---------|---------|----------|----------|---------|
|     |       | AE            | AP      | DC       | CHP     | NRP    | NDF     | DE      | CE       | ME       | PFG     |
| AE  | $r_f$ | -             | 0.746** | 0.271*   | 0.010   | 0.163  | -0.268* | 0.393** | -0.517** | -0.209   | 0.207   |
|     | $r_g$ | -             | 0.744** | 0.213    | 0.060   | 0.180  | -0.299* | 0.456** | -0.536** | -0.361*  | 0.202   |
| AP  | $r_f$ | 0.608**       | -       | 0.405**  | 0.319*  | 0.253  | -0.205  | 0.382** | -0.485** | -0.123   | 0.274*  |
|     | $r_g$ | 0.598**       | -       | 0.338*   | 0.447** | 0.252  | -0.254  | 0.431** | -0.532** | -0.360*  | 0.269*  |
| DC  | $r_f$ | 0.326*        | 0.229   | -        | 0.128   | 0.163  | 0.010   | 0.341*  | -0.222   | -0.096   | 0.082   |
|     | $r_g$ | 0.281*        | 0.071   | -        | 0.381** | 0.274* | 0.020   | 0.560** | -0.180   | -0.430** | 0.066   |
| CHP | $r_f$ | -0.476**      | 0.066   | -0.441** | -       | 0.116  | -0.110  | 0.024   | -0.193   | -0.057   | 0.152   |
|     | $r_g$ | -0.485**      | 0.129   | -0.434** | -       | 0.080  | -0.278* | 0.088   | -0.317*  | -0.040   | 0.177   |
| NRP | $r_f$ | 0.377**       | 0.165   | 0.040    | 0.033   | -      | 0.023   | -0.147  | -0.053   | 0.021    | 0.178   |
|     | $r_g$ | 0.426**       | 0.149   | 0.161    | -0.015  | -      | -0.026  | -0.231  | -0.131   | -0.063   | 0.179   |
| NDF | $r_f$ | -0.352*       | -0.016  | -0.409** | 0.715** | 0.097  | -       | -0.011  | 0.499**  | 0.332*   | 0.087   |
|     | $r_g$ | -0.416**      | -0.068  | -0.555** | 0.709** | 0.009  | -       | 0.035   | 0.486**  | 0.302*   | 0.080   |
| DE  | $r_f$ | 0.380**       | 0.468** | 0.114    | -0.106  | 0.213  | 0.025   | -       | -0.025   | 0.465**  | 0.610** |
|     | $r_g$ | 0.448**       | 0.545** | 0.289*   | -0.081  | 0.146  | 0.105   | -       | -0.078   | 0.614**  | 0.661** |
| CE  | $r_f$ | -0.623**      | -0.222  | -0.312*  | 0.517** | 0.090  | 0.301*  | -0.027  | -        | 0.714**  | -0.039  |
|     | $r_g$ | -0.647**      | -0.253  | -0.295*  | 0.509** | -0.005 | 0.262   | -0.083  | -        | 0.835**  | -0.045  |
| ME  | $r_f$ | -0.325*       | -0.094  | -0.300*  | 0.267*  | 0.123  | 0.162   | 0.303*  | 0.652**  | -        | 0.451** |
|     | $r_g$ | -0.430**      | -0.275* | -0.612** | 0.325*  | 0.060  | 0.083   | 0.368** | 0.701**  | -        | 0.501** |
| PFG | $r_f$ | 0.367**       | 0.314*  | 0.144    | -0.153  | 0.160  | -0.264* | 0.287*  | 0.016    | 0.326*   | -       |
|     | $r_g$ | 0.366*        | 0.316*  | 0.147    | -0.160  | 0.164  | -0.311* | 0.315*  | 0.013    | 0.331*   | -       |

Branco Roxo Índio

\*\* significativo a 1% pelo teste t. \* significativo a 5% pelo teste t. Para todos os caracteres o valor do número de observações (n) foi de 40. <sup>(1)</sup>  
 AE: altura de inserção da espiga; AP: altura de planta; DC: Diâmetro do colmo; CHP: comprimento da haste principal do pendão; NRP: número de ramificações do pendão; NDF: número de dias para o florescimento; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; ME: massa da espiga; e PFG: profundidade dos grãos.

**Tabela 3.5** Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênies  $S_1$  provenientes da população de milho crioulo Criolão (diagonal superior) e Cateto Branco (diagonal inferior).

|     |       | Criolão  |          |          |          |         |          |          |         |         |          |
|-----|-------|----------|----------|----------|----------|---------|----------|----------|---------|---------|----------|
|     |       | AE       | AP       | DC       | CHP      | NRP     | NDF      | DE       | CE      | ME      | PFG      |
| AE  | $r_f$ | -        | 0.567**  | 0.144    | -0.131   | 0.165   | 0.038    | 0.087    | 0.333*  | 0.132   | -0.001   |
|     | $r_g$ | -        | 0.542**  | 0.040    | -0.096   | 0.188   | 0.026    | 0.147    | 0.371** | 0.008   | -0.014   |
| AP  | $r_f$ | 0.695**  | -        | 0.088    | 0.449**  | 0.131   | 0.063    | 0.422**  | 0.216   | 0.331*  | 0.438**  |
|     | $r_g$ | 0.699**  | -        | -0.073   | 0.613**  | 0.115   | 0.026    | 0.517**  | 0.235   | 0.140   | 0.448**  |
| DC  | $r_f$ | -0.106   | 0.135    | -        | -0.185   | -0.162  | -0.276*  | 0.185    | -0.063  | 0.015   | 0.202    |
|     | $r_g$ | -0.324*  | -0.134   | -        | -0.081   | -0.131  | -0.347*  | 0.381**  | 0.005   | -0.294* | 0.206    |
| CHP | $r_f$ | 0.319*   | 0.466**  | 0.324*   | -        | 0.307*  | -0.259   | 0.195    | 0.024   | 0.239   | 0.459**  |
|     | $r_g$ | 0.449**  | 0.719**  | 0.987**  | -        | 0.302*  | -0.520** | 0.323*   | -0.052  | 0.399** | 0.516**  |
| NRP | $r_f$ | -0.304*  | -0.158   | 0.379**  | 0.248    | -       | 0.032    | 0.080    | 0.323*  | 0.343*  | 0.047    |
|     | $r_g$ | -0.330*  | -0.235   | 0.777**  | 0.215    | -       | -0.045   | -0.006   | 0.271*  | 0.350*  | 0.042    |
| NDF | $r_f$ | 0.127    | 0.129    | 0.026    | -0.217   | 0.079   | -        | -0.230   | 0.349*  | 0.307*  | -0.440** |
|     | $r_g$ | 0.272*   | 0.122    | 0.173    | -1.983** | -0.345* | -        | -0.196   | 0.318*  | 0.224   | -0.513** |
| DE  | $r_f$ | -0.123   | 0.103    | 0.115    | 0.055    | 0.052   | -0.149   | -        | 0.001   | 0.145   | 0.557**  |
|     | $r_g$ | -0.118   | 0.144    | 0.626**  | 0.254    | -0.157  | 0.220    | -        | -0.067  | 0.244   | 0.643**  |
| CE  | $r_f$ | -0.083   | 0.038    | -0.211   | -0.354*  | -0.140  | 0.496**  | -0.279*  | -       | 0.578** | -0.106   |
|     | $r_g$ | -0.076   | 0.035    | -0.107   | -0.633** | -0.337* | 0.770**  | -0.558** | -       | 0.724** | -0.114   |
| ME  | $r_f$ | -0.249   | 0.017    | -0.100   | -0.319*  | 0.079   | 0.379**  | 0.146    | 0.729** | -       | 0.046    |
|     | $r_g$ | -0.511** | -0.378** | -0.925** | -0.489** | -0.098  | 0.110    | 0.325*   | 1.012** | -       | 0.007    |
| PFG | $r_f$ | 0.185    | 0.105    | -0.299*  | -0.023   | -0.281* | 0.166    | 0.540**  | 0.007   | 0.055   | -        |
|     | $r_g$ | 0.176    | 0.078    | -0.511** | -0.021   | -0.326* | 0.312*   | 0.730**  | -0.001  | -0.017  | -        |

Cateto Branco

\*\* significativo a 1% pelo teste t. \* significativo a 5% pelo teste t. Para todos os caracteres o valor do número de observações (n) foi de 40. <sup>(1)</sup>  
 AE: altura de inserção da espiga; AP: altura de planta; DC: Diâmetro do colmo; CHP: comprimento da haste principal do pendão; NRP: número de ramificações do pendão; NDF: número de dias para o florescimento; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; ME: massa da espiga; e PFG: profundidade dos grãos.

**Tabela 3.6** Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre dez caracteres morfológicos e de rendimento de grãos, em progênies  $S_1$  provenientes da variedade de polinização aberta BRS Planalto (diagonal superior) e da população de milho crioulo Dente de Ouro (diagonal inferior).

|     |       | BRS Planalto |          |         |         |          |          |          |          |         |         |
|-----|-------|--------------|----------|---------|---------|----------|----------|----------|----------|---------|---------|
|     |       | AE           | AP       | DC      | CHP     | NRP      | NDF      | DE       | CE       | ME      | PFG     |
| AE  | $r_f$ | -            | 0.676**  | -0.037  | 0.082   | 0.120    | -0.360*  | -0.185   | 0.148    | 0.137   | -0.035  |
|     | $r_g$ | -            | 0.671**  | -0.163  | 0.130   | 0.146    | -0.405** | -0.183   | 0.166    | 0.069   | -0.049  |
| AP  | $r_f$ | 0.845**      | -        | 0.155   | 0.327*  | -0.026   | -0.074   | -0.066   | -0.052   | -0.082  | 0.119   |
|     | $r_g$ | 0.845**      | -        | 0.010   | 0.440** | -0.072   | -0.117   | -0.082   | -0.061   | -0.319* | 0.099   |
| DC  | $r_f$ | 0.166        | 0.204    | -       | -0.098  | 0.074    | -0.337*  | -0.037   | 0.207    | 0.125   | -0.174  |
|     | $r_g$ | 0.089        | 0.139    | -       | 0.046   | 0.215    | -0.430** | 0.125    | 0.346*   | -0.110  | -0.254  |
| CHP | $r_f$ | 0.300*       | 0.453**  | 0.207   | -       | 0.074    | 0.382**  | 0.017    | -0.276*  | -0.222  | 0.430** |
|     | $r_g$ | 0.346*       | 0.508**  | 0.359*  | -       | 0.010    | 0.311*   | 0.095    | -0.381** | -0.262  | 0.480** |
| NRP | $r_f$ | 0.000        | 0.044    | -0.038  | 0.379** | -        | -0.032   | -0.055   | 0.167    | 0.036   | -0.214  |
|     | $r_g$ | 0.010        | 0.024    | 0.055   | 0.385** | -        | -0.136   | -0.233   | 0.080    | -0.099  | -0.252  |
| NDF | $r_f$ | -0.367**     | -0.328*  | 0.172   | 0.273*  | 0.207    | -        | 0.029    | -0.200   | -0.137  | 0.361*  |
|     | $r_g$ | -0.425**     | -0.392** | 0.231   | 0.205   | 0.139    | -        | 0.118    | -0.283*  | -0.313* | 0.372** |
| DE  | $r_f$ | -0.005       | -0.137   | -0.160  | -0.243  | -0.246   | -0.130   | -        | -0.080   | 0.267*  | 0.352*  |
|     | $r_g$ | 0.030        | -0.162   | -0.059  | -0.245  | -0.472** | -0.072   | -        | -0.161   | 0.391** | 0.417** |
| CE  | $r_f$ | 0.611**      | 0.600**  | 0.059   | 0.249   | 0.084    | -0.085   | -0.247   | -        | 0.812** | -0.104  |
|     | $r_g$ | 0.672**      | 0.642**  | 0.184   | 0.211   | -0.053   | -0.197   | -0.391** | -        | 0.955** | -0.112  |
| ME  | $r_f$ | 0.633**      | 0.536**  | 0.049   | 0.112   | -0.080   | -0.188   | 0.074    | 0.803**  | -       | 0.193   |
|     | $r_g$ | 0.724**      | 0.550**  | -0.270* | 0.183   | -0.308*  | -0.482** | 0.138    | 1.036**  | -       | 0.178   |
| PFG | $r_f$ | 0.068        | 0.060    | 0.113   | -0.153  | 0.037    | -0.243   | 0.632**  | -0.177   | 0.147   | -       |
|     | $r_g$ | 0.053        | 0.040    | 0.086   | -0.157  | 0.022    | -0.294*  | 0.744**  | -0.196   | 0.105   | -       |

Dente de Ouro

\*\* significativo a 1% pelo teste t. \* significativo a 5% pelo teste t. Para todos os caracteres o valor do número de observações (n) foi de 40. <sup>(1)</sup>  
 AE: altura de inserção da espiga; AP: altura de planta; DC: Diâmetro do colmo; CHP: comprimento da haste principal do pendão; NRP: número de ramificações do pendão; NDF: número de dias para o florescimento; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; ME: massa da espiga; e PFG: profundidade dos grãos.

#### **4. CAPÍTULO III**

**Estimativas de herdabilidade e distância genética de progênies  $S_1$  derivadas de populações crioulas de milho**

## 4.1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie caracterizada como diploide  $2n=2x=20$  cromossomos, monóica, sistema de reprodução alógama e de ciclo anual (PATERNIANI; VIÉGAS, 1987). Esta espécie tem sido cultivada em uma ampla extensão geográfica, que abrange uma faixa entre as latitudes 58° Norte à 40° Sul, desta forma, manifesta elevada adaptação às mais variadas condições edafoclimáticas e sistemas de produção (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000). Seu amplo cultivo e a boa qualidade nutricional do milho faz com que seja o cereal mais produzido em nível mundial. Grande parte da sua produção é destinada a fabricação de rações, produção de etanol e utilização na indústria de alta tecnologia. No entanto, uma parte significativa é destinada ao consumo humano, na forma direta e indireta, sendo o ingrediente principal na elaboração de polentas, cuscuz, canjicas, pães, mingaus, papas, bolos, massas e bebidas (DIAS PAES, 2006).

Na safra agrícola 2015/2016 foram cultivados mundialmente 177 milhões de hectares, com produção de 970 milhões de toneladas de grãos, e média de produtividade de 5,65 toneladas por hectares (USDA, 2016). No Brasil, o milho destaca-se como a segunda espécie agrícola mais cultivada, tornando-se uma importante *commodity* agrícola, que movimenta o comércio exterior e gera recursos econômicos ao país. Na última safra agrícola foram produzidas 84 milhões de toneladas, sendo o Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Paraná e o Rio Grande do Sul os estados que mais contribuíram para este montante (CONAB, 2016).

O aumento na produtividade de grãos, tolerâncias à estresses bióticos e abióticos e melhoria na composição nutricional dos grãos são os objetivos clássicos almejados pelos programas de melhoramento da cultura do milho (PATERNIANI; VIÉGAS, 1987; HALLAUER et al., 2010). Os programas de melhoramento genético desta cultura são fundamentados na exploração comercial de híbridos, os quais caracterizam pela grande complexidade de processos e etapas para sua obtenção, os quais requerem abundante mão-de-obra e recursos financeiros. A etapa de formação das populações base e a obtenção de linhagens endogâmicas melhoradas são fundamentais para o sucesso do programa de melhoramento, pois consistem na seleção e obtenção de constituições genéticas desejáveis agronomicamente, e que

contenham os alelos de interesse aos melhoristas (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Desta forma, buscam-se populações que apresentam elevada variabilidade genética, que sejam distantes geneticamente e reúnam alelos favoráveis para os caracteres de interesse agrônômico, sendo estes herdáveis, possibilitando assim a formação de grupos heteróticos. Uma alternativa promissora para os melhoristas é a exploração das populações crioulas de milho, visto que estas populações apresentam grande variabilidade genética, contemplam genes de tolerância e/ou resistência aos fatores bióticos e abióticos e não passaram por ciclos intensos de seleção (ARAÚJO; NASS, 2002).

A variabilidade genética presente nas populações e progênies refere-se à divergência de diferentes formas gênicas existentes nos vários locos gênicos da espécie, sendo a mutação a fonte primária da variabilidade genética, potencializada pela recombinação gênica (RAMALHO et al., 2012). Desta forma, com base na distância genética é possível quantificar a variabilidade genética presente em uma população ou em grupo de progênie, pois a distância genética está associada ao grau de distanciamento entre genótipos, para um conjunto de caracteres comuns em ambos os indivíduos. Em programas de melhoramento genético de milho, o conhecimento da distância genética entre progênies é fundamental, pois a obtenção desta informação permite melhorar a eficiência da seleção de linhagens para o desenvolvimento da próxima geração e a formação de híbridos (AMORIN, 2005).

As análises multivariadas contribuem neste sentido com os melhoristas, pois possibilitam avaliar um conjunto de caracteres aleatórios relacionados entre si, atribuindo o mesmo grau de importância, resultando nos coeficientes de distância genética entre os genótipos (CRUZ et al., 2012). A associação de técnicas multivariadas constitui uma forma eficiente de estimar a distância genética, as quais envolvem técnicas analíticas como medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamento, componentes principais e variáveis canônicas (CRUZ et al., 2004). A utilização de técnicas multivariadas para estimar a distância genética tem-se tornado uma prática rotineira entre os melhoristas de plantas como evidenciado nos trabalhos realizados por Costa Pinto et al. (2001), Moro et al. (2007), Paterniani et al. (2008) e Lamkey e Lorenz (2014).

Para embasar as estratégias de seleção e maximizar o sucesso dos

programas de melhoramento, os melhoristas necessitam conhecer as estimativas dos parâmetros genéticos dos caracteres quantitativos, como a herdabilidade das progênes e linhagens endogâmicas (ALLARD, 1971; HALLAUER et al. 2010). A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos que mais contribuem na tomada de decisão para seleção dos melhoristas, pois se trata da proporção da variância genética presente na variação fenotípica total, ou seja, está associada com as semelhanças entre indivíduos no decorrer das gerações (FALCONER, 1981; RAMALHO et al., 2012). Além disto, a herdabilidade tem como função expressar de forma preditiva o valor fenotípico, sendo este um indicativo para o valor genético (FALCONER, 1981). O estudo dos parâmetros genéticos em milho tem sido relatado nos trabalhos conduzidos por Churata e Ayala-Osuna (1996), Paterniani et al. (2004); Carvalho et al. 2005, Hallaeur et al. (2010), Rovaris et al. (2011) e Ribeiro et al. (2016).

Nos programas de melhoramento genético de milho a seleção em progênes  $S_1$  têm sido utilizadas para obtenção de populações melhoradas, tendo em vista, que a endogamia aumenta a variância genética entre as progênes (STEOLA et al., 2006). Desta forma, o presente estudo tem como objetivo estimar a herdabilidade no sentido amplo de progênes  $S_1$  e quantificar a variância genética por meio de análises multivariadas em progênes  $S_1$  provenientes de populações crioulas de milho cultivadas na região Sul, do Rio Grande do Sul.

## 4.2 Material e Métodos

O estudo foi realizado na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, localizada no Centro Agropecuário da Palma, no município de Capão do Leão – RS e pertencente a Universidade Federal de Pelotas, sob as coordenadas geográficas: latitude  $31^{\circ}45'$  S, longitude  $52^{\circ}29'$  O, com altitude média de 13 metros, na safra agrícola 2015/2016. O clima, segundo a classificação de Köppen, é do tipo *Cfa*, com precipitação pluviométrica média anual de 1,280 mm (ALVARES et al., 2013). O solo é classificado como Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico, de textura argilosa e revelo ondulado (SANTOS et al., 2006).

O experimento foi conduzido em delineamento experimental de blocos

aumentados, com dez grupos de progênies  $S_1$ , e duas testemunhas comerciais, os híbridos simples Pioneer 30F53 e Agroeste 1590, alocados em quatro repetições. As progênies  $S_1$  foram obtidas após a autofecundação de plantas aleatórias nas populações crioulas de milho Amarelão, Argentino Branco, Argentino Amarelo, Branco Roxo Índio, Branco Oito Carreiras, Caiano Rajado, Cateto Branco, Criolão e Dente de Ouro, e da variedade de polinização aberta BRS Planalto, oriundas da associação de pequenos produtores rurais de Canguçu – RS. Em cada progênie  $S_1$  foram avaliadas 40 plantas.

O experimento foi semeado no dia 05/12/2014, sendo utilizado espaçamento de 0,70 metros entre linhas e densidade populacional foi ajustada através de desbaste manual para 60 mil plantas por hectare. A adubação de base foi realizada no momento da abertura dos sulcos, com auxílio do conjunto trator-semeadora em sistema de semeadura direta, sendo incorporados 300 kg da formulação N-P-K 05-20-20. O manejo e os tratos culturais subsequentes foram realizados de forma preventiva de acordo com as recomendações técnicas da cultura (RTAM, 2013).

Os caracteres mensurados foram: Altura de inserção da espiga (AE), mensurado a partir do nível do solo até o nó de inserção da espiga, resultados expressos em metros; Altura de planta (AP), mensurado a partir do nível do solo até a última folha completamente expandida, resultados expressos em metros; Diâmetro do colmo (DC); mensurado no segundo entre nós acima do nível do solo, resultados expressos em milímetros; Comprimento da haste principal do pendão (CHP), obtido pela medida entre o último nó do colmo até o ápice da haste principal do pendão, dado em cm; Número de ramificações do pendão (NRP), obtido pela contagem do número de ramificações totais do pendão, dado em unidades; Número de dias para o florescimento (NDF), mensurado com base no intervalo entre a emergência das plântulas e a data do florescimento pleno, resultados expressos em dias; Diâmetro da espiga (DE), medido no terço médio da espiga, resultados expressos em milímetros; Comprimento da espiga (CE), medida da extremidade basal até a extremidade apical da espiga, resultados expressos em cm; Massa da espiga (ME), massa de cada espiga sem a presença de palha, resultados expressos em gramas; Profundidade dos grãos (PFG), mensurado através da medida do comprimento dos grãos, resultados expressos em milímetros.

Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta pelo teste F a  $p \leq 0,05$  de probabilidade à fim de revelar diferenças significativas entre as progênies. Em seguida realizaram-se as análises de variância individual para cada progênie  $S_1$ , com intuito de obter os componentes de variância para cada progênie separadamente, sendo estes estimados através da esperança matemática do produto médio das fontes de variação, que são obtidas de forma semelhante às esperanças dos respectivos quadrados médios da análise de variância para cada caráter (CRUZ et al., 2004). Os componentes de variância fenotípicas e genotípicas foram obtidos conforme metodologia de Vencovsky e Barriga (1992); Cruz e Carneiro (2006); Ramalho et al. (2012):

$$\sigma_{f(X)}^2 = QMPR_{(X)} / r$$

$$\sigma_{g(X)}^2 = (QMPR_{(X)} - QMR_{(X)}) / r$$

de forma que:  $\sigma_{f(X)}^2$  = variância fenotípica de X;  $\sigma_{g(X)}^2$  = variância genética do caráter X; QMPR = quadrado médio da progênie; QMR = quadrado médio do resíduo; r = número de repetições.

A herdabilidade no sentido amplo ( $H^2$ ) foi obtida pela razão entre a variância genética e a variância fenotípica, conforme expressão de Vencovsky e Barriga (1992); Ramalho et al. (2012):

$$H^2 = \frac{\sigma_{g(X)}^2}{\sigma_{f(X)}^2}$$

onde:  $\sigma_{f(X)}^2$  = variância fenotípica do caráter X;  $\sigma_{g(X)}^2$  = variância genética do caráter X.

Os padrões de herdabilidade das progênies foram obtidos com a utilização da distância Euclidiana Média, e o agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*), conforme Cruz e Carneiro (2006).

Baseando-se nas estimativas das variâncias genéticas para cada caráter em

cada progênie  $S_1$ , estimou-se a distância genética das progênies, utilizando-se a medida da distância Euclidiana média, obtida pela matriz  $d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2}$ , com os dados padronizados, conforme proposto por Cruz et al. (2004). Para confecção do dendrograma da distância Euclidiana média utilizou-se o agrupamento pelo método UPGMA. Para o ponto de corte dos dendrograma (PC) utilizou-se a média, mais um desvio padrão. Foram realizados também os métodos multivariados de agrupamentos de Tocher, citado por Rao (1952), e dispersão gráfica através dos componentes principais (CRUZ et al., 2004).

Para obter a importância relativa dos caracteres utilizou-se a matriz das distâncias oriundas das variâncias genética entre as progênies  $S_1$ , e utilizou-se a metodologia proposta por Singh (1981). As análises foram realizadas com auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2013).

### 4.3 Resultados e Discussão

A análise de variância conjunta pelo teste F a  $p \leq 0,05$  de probabilidade revelou diferenças significativas entre as progênies  $S_1$  provenientes de populações de milho crioulo para todos os caracteres estudados. Desta forma, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre as progênies para os caracteres mensurados, condição determinante para um programa de melhoramento. Estudos conduzidos por Carvalho et al. (2003), Steola et al. (2006) revelaram a importância da variabilidade genética no desenvolvimento de novos ciclos de seleção em meios irmãos de milho.

Nas condições do estudo evidenciou-se de modo geral que todas as progênies  $S_1$  revelaram baixas estimativas de herdabilidade para o conjunto de caracteres mensurados (Tabela 4.1). Estes resultados possivelmente estão associados à elevada participação da variação de ambiente na expressão dos caracteres, ou seja, a maior parte da variação fenotípica evidenciada nas progênies é decorrente dos efeitos do ambiente. Segundo Borém e Miranda (2009) as estimativas de herdabilidade são influenciadas pelo método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, a variabilidade na população, o nível de endogamia da população, o

tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes considerados, a unidade experimental considerada e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados. Além disso, Hallauer et al. (2010) demonstra que populações de polinização aberta apresentam estimativas de herdabilidade menores, em comparação com variedades sintéticas e progênes provenientes de híbridos. De forma geral, caracteres com menor herdabilidade estão intimamente associados com a adaptação reprodutiva, enquanto os caracteres que possuem maiores herdabilidade são menos importantes na determinação do valor seletivo natural (FALCONER,1981).

As estimativas da herdabilidade permitem aos melhoristas estimarem o progresso esperado com a seleção, bem como auxiliam na escolha do método mais adequado para melhorar um grupo de progênes (LAMKEY; HALLAUER, 1987). Para o caráter altura de inserção da espiga evidenciou-se herdabilidade média de 23,51%, sendo que a maior herdabilidade foi obtida para a progênie Argentino Amarelo (25,61%) e menor na progênie Argentino Branco (18,51%) (Tabela 4.1). Resultados semelhantes foram observados para o caráter altura de planta, onde a progênie S<sub>1</sub> Argentino Amarelo apresentou a maior herdabilidade (24,36%) e a progênie Argentino Amarelo a menor herdabilidade (18,03%). A média de herdabilidade para estes caráter foi de 22,09%, sendo que as progênes Branco Oito Carreiras, Caiano Rajado, Dente de Ouro e BRS Planalto revelaram herdabilidade acima da média. Os resultados encontrados corroboram com os estudos realizados por Faluba et al. (2010) avaliando o potencial genético da população de milho UFV 7, o qual evidenciou estimativas de herdabilidade de 18,39% para o caráter altura de planta e 24,01% para o caráter altura da espiga, na média de três ambientes.

Segundo Carvalho et al. (2003) os valores da herdabilidade devem ser computados com base no tipo da unidade de seleção, a qual é usada para estimar o ganho esperado. A progênie Amarelão apresentou a maior herdabilidade para o caráter diâmetro do colmo (20,31%), as demais progênes revelaram herdabilidade para este caracteres inferior a 20%, sendo a menor herdabilidade evidenciada na progênie Cateto Branco (11,81%) (Tabela 4.1). Explorando 35 experimentos de milho, Hallauer et al. (2010) obtiveram uma média de herdabilidade para o caráter diâmetro da planta de 36,1%.

A herdabilidade segundo Gomes et al. (2004) é o melhor parâmetro para se fazer qualquer inferência sobre o sucesso do melhoramento em um dado caráter. As estimativas de herdabilidade para os caracteres relacionados ao pendão são escassas na literatura, no entanto, estes caracteres são de suma importância para o melhorista, e o conhecimento das estimativas são imprescindíveis. Desta forma, as estimativas de herdabilidade do caráter comprimento da haste principal do pendão variaram de 16,86% a 22,88%, nas progênes Cateto Branco e Dente de Ouro, respectivamente (Tabela 4.1). A herdabilidade média para este caráter foi de 19,65%. O caráter número de ramificações do pendão revelou herdabilidade média de 21,52%, sendo a maior estimativa evidenciada na progênie Argentino amarelo (23,93%) e a menor estimativa na progênie Argentino Branco (19,61%).

O caráter número de dias para o florescimento apresentou herdabilidade média de 19,12%, variando de 3,74% na progênie Cateto Branco à 22,63% na progênie Branco Oito Carreiras (Tabela 4.1). Com isto, observa-se que apenas as progênes Cateto Branco e Argentino Branco revelaram herdabilidade inferior a média. Estudos realizados por Hallauer et al. (2010) evidenciaram uma média de 57,90% de herdabilidade para o caráter número de dias para o florescimento, analisando a média de 48 experimentos. Nota-se que as estimativas obtidas neste experimento ficaram muito a baixo da média relatado por estes autores. Segundo Falconer (1981), diferentes determinações da herdabilidade de um mesmo caráter demonstram uma considerável faixa de variação, sendo isto atribuído a amostragens e diferenças reais entre populações ou condições sob as quais elas foram estudadas.

As estimativas de herdabilidade para o caráter diâmetro da espiga revelaram valores de 14,33% na progênie Cateto Branco à 21,65% na progênie Caiano Rajado. A herdabilidade média observada para o caráter foi de 18,64%, desta forma, as progênes Amarelão, Argentino Branco e Cateto Branco tiveram valores inferiores a média (Tabela 4.1). Segundo estudos de Hallauer et al. (2010) a herdabilidade média para este caráter é de 36,10%, sendo assim, superior ao constatado para as progênes em estudo.

Para o caráter comprimento da espiga evidenciou-se pequena amplitude entre as estimativas de herdabilidade das progênes, ficando os valores compreendidos no intervalo de 20,26% à 23,60%, e com média de 22,39% (Tabela 4.1). Trabalhos

conduzidos por Hallauer et al. (2010) investigando 52 experimentos, identificou uma herdabilidade para este caráter de 66,20%, com isso, nota-se que as estimativas reveladas neste estudos são inferiores a encontradas por estes autores. Em populações pequenas ou em amostragens reduzidas a tendência esperada é estas apresentarem herdabilidade inferiores do que em comparação com populações grandes (FALCONER, 1981).

A progênie Branco Roxo Índio apresentaram a maior estimativa de herdabilidade para o caráter massa da espiga (20,96%), em contrapartida a menor estimativa de herdabilidade foi evidenciada na progênie Argentino Branco (4,27%), a qual afastou-se consideravelmente da médias das progênies (14,52%) (Tabela 4.1). Estudos conduzidos por Steola et al. (2006), em progênies  $S_{0:1}$  de milho derivadas de um híbrido simples evidenciou herdabilidade no sentido amplo de 70,82% a 71,30% para o caráter produtividade de espigas despalhadas em função da densidade de semeadura. Pinto et al. (2000), avaliando progênies  $S_1$  das populações BR-105 e BR-106, observou herdabilidade média de 73,3% para a primeira população e de 61,2% para a segunda. No entanto, Carvalho et al. (2003) ao estimar os parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 encontrou coeficientes de herdabilidade que oscilaram de 40,02% a 48,59% para o caráter peso da espiga.

De acordo com Marques Sanchez e Hallauer (1970) uma das maneiras de se avaliar as propriedades intrínsecas de uma população ou progênie é através da adequada estimativa de seus parâmetros genéticos, o que deve ser realizado de acordo com as facilidades disponíveis e com a variabilidade existente nas diferentes populações. O caráter profundidade de grãos revelou herdabilidade média de 24,70%, sendo que, com exceção da progênie Argentino Amarelo, a qual apresentou a maior herdabilidade (29,70%) e a progênie Argentino Branco que evidenciou a menor herdabilidade (18,98%), as demais progênies expressaram estimativas de herdabilidade muito próximas da média.

De maneira abrangente, as maiores estimativas de herdabilidade foram evidenciadas nas progênies Argentino Amarelo, Caiano Rajado, Criolão e Branco Roxo Índio, desta forma, essas progênies podem ser consideradas como potencialmente promissoras para serem exploradas em um programa de melhoramento. Em contrapartida, as progênies Argentino Branco e Cateto Branco

manifestaram as menores estimativas de herdabilidade para o conjunto de caracteres avaliados, mesmo assim, devem ser mantidas no programa pois apresentam caracteres agronômicos desejáveis. Segundo Falconer (1981) maiores variações nas condições de ambiente reduzem a herdabilidade, e maiores uniformidade desta condição aumenta a herdabilidade.

Para o melhoramento é interessante a obtenção de grande variabilidade genética para a imposição de processos seletivos que efetivamente resultem em ganhos significativos (BERNARDO, 2002). Desta forma, a determinação de padrões de herdabilidade possibilita aos melhorista, inferir de forma precisa sobre a seleção e condução das progênes e linhagens nas próximas gerações. Observou-se nas progênes Caiano Rajado (CARA), Criolão (CRIO), Branco Roxo Índio (BRR1), BRS Planalto (BPLA), Dente de Ouro (DEOU), Amarelão (AMRA) e Branco Oito Carreiras (BROC) padrões de herdabilidade semelhantes para o conjunto de caracteres avaliados (Figura 4.1). Em contrapartida as progênes Argentino Amarelo (ARAM), Argentino Branco (ARBR) e Cateto Branco (CABR) apresentam padrões de herdabilidade específico, visto que constituíram grupos isolados. Para a progênie Argentino Amarelo pode-se justificar a formação de um grupo isolado, devido a esta progênie evidenciar as maiores estimativas de herdabilidade para o conjunto de caracteres estudados. No entanto, nas progênes Argentino Branco e Cateto Branco a seleção dos caracteres peso da espiga e número de dias para o florescimento, respectivamente, deve ser ponderada de forma criteriosa, pois possivelmente foram os caracteres que influenciaram para a separação destas progênes. Falconer (1981) ressalta que todos os componentes genéticos são influenciados pelas frequências gênicas e podem, dessa forma, diferir de uma população para outra.

As análises de distância genética estão relacionadas com a capacidade específica de combinação entre os progenitores e evidenciam a importância de interações não aditivas, caracterizadas pela complementaridade em relação à frequência dos alelos nos locos com alguma dominância entre os genitores (SPRAGUE; TATUM, 1942). Além disso, a distância genética entre os genitores é indicativo da expressão heterótica nas progênes (FALCONER, 1981). Desta forma, a distância da variação genética de progênes  $S_1$  derivadas de populações de milho crioulo estimada pela distância Euclidiana média e agrupada pelo método de

UPGMA, revelou a formação de cinco grupos, sendo o Grupo I, formado pelas progênes Amarelão (AMAR) e Branco Oito Carreiras (BROC), o grupo II constituído pelas progênes Argentino Branco (ARBR) e Cateto Branco (CABR), o grupo III foi composto apenas pela progênie Amarelão (ARMA) (Figura 2). O grupo IV também foi constituído de apenas progênie, sendo está a Dente de Ouro (DEOU). O grupo V contemplou o maior número de progênes, sendo formado pelas progênes Criolão (CRIO), BRS Planalto (BPLAN), Caiano Rajado (CARA) e Branco Roxo Índio (BRRI) (Figura 4.2).

Para uma interpretação satisfatória da variabilidade encontrada entre os genótipos ou progênes foi necessário que os três primeiros componentes principais permitam estimativas mínimas de 70% da variação total contida no conjunto de caracteres (CRUZ et al., 2004). Foram necessários três componentes principais para explicar 69,00%, desta forma, foi necessário representar em três dimensões (3D) à dispersão gráfica para expor a variação genética existente entre as progênes  $S_1$ , sendo possível explicar de forma satisfatória a variabilidade manifestada entre estas progênes.

Os componentes principais proporcionaram a formação visual de cinco grupos de progênes. O grupo I foi composto pelas progênes Amarelão, Criolão e BRS Planalto, o grupo II foi constituído pelas progênes Argentino Branco e Cateto Branco (Figura 4.3). O grupo III foi formado somente pela progênie Branco Oito Carreiras. O grupo IV contemplou as progênes Argentino Amarelo e Dente de Ouro e o grupo V foi composto pelas progênes Caiano Rajado e Branco Roxo Índio. A identificação da distância entre as variâncias genéticas das progênes  $S_1$  possibilitam ao melhorista prever as estratégias de seleção que podem ser aplicadas em função de cada grupo. Além disto, quanto maior a variabilidade existente dentro das progênes maior a possibilidade de extrair constituições genéticas promissoras e empregar seleções para os caracteres de interesse.

A identificação dos grupos, realizada pelo método de agrupamento proposto por Tocher a partir das distâncias Euclidiana média, possibilitou formar cinco grupos distintos (Tabela 4.2), onde o primeiro grupo foi constituído pelas progênes Argentino Branco, Branco Roxo Índio e Branco Oito Carreiras. O grupo dois foi composto pelas progênes Argentino Amarelo, Criolão e Cateto Branco. O terceiro grupo foi formado

pelas progênies Dente de Ouro e BRS Planalto. O quarto grupo contemplou apenas a progênie Amarelão. O quinto grupo foi constituído pela progênie Caiano Rajado (Tabela 2). Com isto, é possível apontar que a progênie Caiano Rajado possui variação genética que se distingue das demais, sendo esta variação genética composta dos efeitos aditivos e não aditivos.

Os grupos formados pelos três métodos multivariados de agrupamento utilizando as variâncias genéticas apresentaram resultados específicos, não havendo resultados concordantes entre os métodos. No entanto, as evidências experimentais comprovam que as análises multivariadas são eficientes para discriminar os indivíduos, geneticamente, permitindo agrupá-los de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos, mesmo havendo particularidades na formação dos grupos em função do algoritmo ou da equação matemática empregada por cada método para obtenção da formação dos grupos (HAIR et al., 2005).

A contribuição relativa de Singh (1981) revelou que o comprimento da espiga (13,10%), profundidade de grãos (11,58%), altura de planta (11,39%), comprimento da haste principal do pendão (10,00%) e diâmetro da espiga (10,00%) foram os caracteres que mais contribuíram para explicar as diferenciações expressas pela variação genética presente nas progênies  $S_1$  testadas (Tabela 4.3). A importância da contribuição relativa de Singh está na possibilidade de descartar os caracteres que menos contribuíram para explicar a variância genética, reduzindo tempo e custo nas avaliações (CRUZ et al. 2004). No entanto, como todos os caracteres avaliados são importantes e de interesse na busca por progênies promissoras pelo melhorista e não foram evidenciados caracteres com baixa contribuição, não se recomenda a exclusão de caráter neste estudo.

#### **4.4 Conclusão**

Os caracteres profundidade de grão e altura de inserção da espiga expressam as maiores estimativas de herdabilidade no sentido amplo.

A progênie  $S_1$  Argentino Amarelo proporciona as maiores estimativas de herdabilidade no sentido amplo para o conjunto de caracteres avaliados.

As progênies S<sub>1</sub> Caiano Rajado, Criolão, Branco Roxo Índio, BRS Planalto, Dente de Ouro, Amarelão e Branco Oito Carreiras possuem padrões de herdabilidade semelhantes para os caracteres estudados, e possibilitam utilizar uma estratégia de seleção similar nas próximas gerações.

As progênies S<sub>1</sub> provenientes de populações crioulas de milho apresentam variabilidade genética para os caracteres de importância agronômicas estudados.

#### 4.5 Referências Bibliográficas

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento de plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971, 381p.

ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brasil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711 – 728, 2013.

ARAÚJO, P. M.; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, v. 59, n.3, p.589-593, 2002.

AMORIM, E. P. **Produtividade de híbridos de milho, derivados de populações S0, e associação com distância genética baseada em microssatélites**. Tese (Doutorado) Universidade Federal de Lavras. Lavras: UFLA, 2005. 97 f.

BERNANDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002, p. 360.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5ª ed. Ver. Ampl. Viçosa: Ed. UFV, 2009. 529 p.

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

CARVALHO, H. W. L.; SANTOS, M. X.; LEAL, M. L. S.; SOUZA, E. M. Estimativas dos parâmetros genéticos de variedades de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 8, p. 929-935, 2003.

CHURATA, B. G. M.; AYALA-OSUNA, J. T. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente e análise de trilha em caracteres avaliados no composto de milho (*Zea mays*) arquitetura. **Revista Ceres**, v. 43, n. 249, p. 628-636, 1996.

CONAB – Companhia Brasileira de Abastecimento. **Acompanhamento da safra Brasileira de grãos, safra 2015/2016**. Décimo segundo levantamento, n. 12, 2016.

COSTA PINTO, R. M.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA JUNIOR, C. L. Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n.3, p.541-548, 2001.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao**

**melhoramento genético**. Volume 2, 2ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 585p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 2, 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 1, 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.

DIAS PAES, M. C. Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. **Circular Técnica 75**, EMBRAPA, Sete Lagoas, MG, p. 1-6, 2006.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, 1981. 279 p.

FALUBA, J. S.; 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**, v. 40, n.6, p.1250-1256, 2010.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

GOMES, M.S.; VON PINHO, R.G.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.V.; BRITO, A.H. Variabilidade genética em linhagens de milho nas características relacionadas com a produtividade de silagem. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n.9, p.879-885, 2004.

HAIR J. R. J. F., ANDERSON, R. E., TATHAM, R .L., BLACK, W. C. **Análise multivariada de dados**. Porto Alegre: Bookman, 2005. 593 p.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Springer, 2010. 663 p.

LAMKEY, C. M.; LORENZ, A. J. Relative effect of drift and selection in diverging populations within a reciprocal recurrent selection program. **Crop Science**, v. 54, p. 576-585, 2014.

LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, v. 32, n. 1, p. 61-78, 1987.

MARQUEZ-SANCHEZ, F.; HALLAUER, A. R. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. grain yield. **Crop Science**, v. 10, n. 4, p. 357-61, 1970.

MORO, J. R.; SILVEIRA, F. T.; GARGNELUTTI FILHO, A. Dissimilaridade genética em sessenta e quatro linhagens de milho avaliadas para resistência ao complexo

enfazamento. **Revista de Biologia e Ciências da Terra**, v. 7, n. 1, p. 153-160, 2007.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2 ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.

PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. 410 p.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P. B.; LUDERS, R. R.; SILVA, R. M. Estimatives of genetic parameters in a maize composite and potential for recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p.81-85, 2004.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P. S.; LÜDERS, R. R.; GALLO, P. B.; SOUZA, A. P.; LABORDA, P. R.; OLIVEIRA, K. M. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, v. 67, n.3, p.639-648, 2008.

PINTO, R. M. C.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Estimativas do número apropriado de progênes S1 para seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 63-73, 2000.

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.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley and Sons, 1952. 390 p.

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

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

RTAM - REUNIÃO TÉCNICA ANUAL DO MILHO. **Indicações técnicas para a cultivo de milho e de sorgo no Rio Grande do Sul**. Pelotas, 2013.

SANTOS, H. G.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. A.; OLIVEIRA, J. B.; COELHO, M. R.; LUMBREAS, J. F.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2º Edição. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2006. 306 p.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p.237-245, 1981.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 34, p. 923-932, 1942.

STEOLA, A. G.; PINHO, R. G. V.; PEREIRA, J. L. A. R. Seleção de progênies  $S_{0:1}$  de milho em diferentes densidades de semeadura. **Bragantia**, v. 65, n.1, p.75-82, 2006.

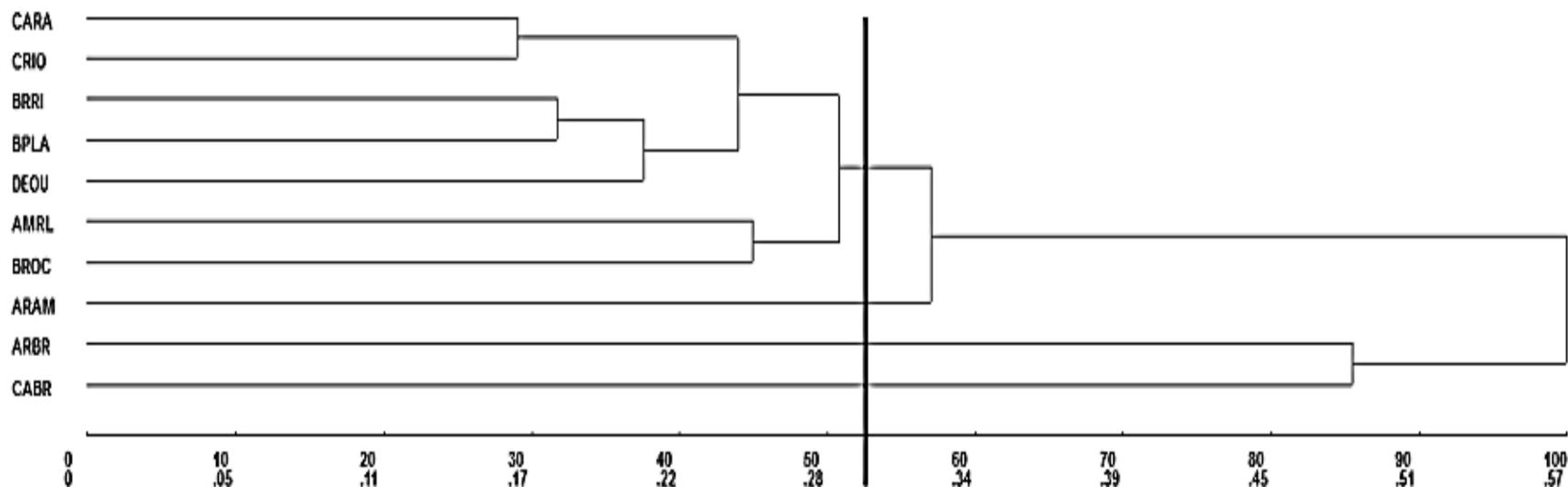
USDA – United States Department of Agriculture. **Statistics of grain and feed**, 2016.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p

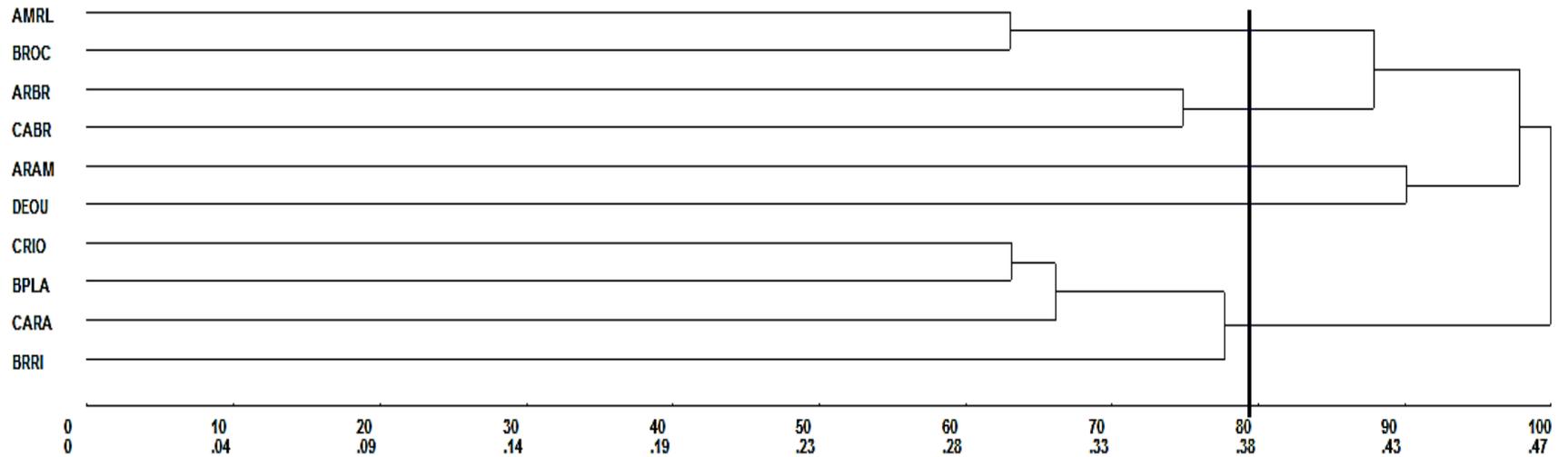
**Tabela 4.1.** Estimativas de herdabilidade no sentido amplo ( $H^2$ ) de progênes  $S_1$  para os caracteres altura de inserção da espiga (AE), altura de planta (AP), diâmetro do colmo (DC), comprimento da haste principal do pendão (CHP), número de ramificações do pendão (NRP), número de dias para o florescimento (NDF), diâmetro da espiga (DE), comprimento da espiga (CE), massa da espiga (ME) e profundidade de grãos (PFG), em dez progênes  $S_1$  provenientes de populações crioulas de milho.

|                            | AE    | AP    | DC    | CHP   | NRP   | NDF   | DE    | CE    | ME    | PFG   |
|----------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Amarelão                   | 23.65 | 21.12 | 20.31 | 18.66 | 21.34 | 22.42 | 16.18 | 22.50 | 15.07 | 24.79 |
| Argentino Amarelo          | 25.61 | 24.36 | 17.01 | 20.43 | 23.94 | 21.22 | 19.39 | 22.09 | 18.95 | 29.70 |
| Argentino Branco           | 18.52 | 18.03 | 14.56 | 16.92 | 19.62 | 16.61 | 17.04 | 20.27 | 4.27  | 18.98 |
| Branco Oito Carreira       | 23.79 | 23.43 | 17.61 | 18.29 | 21.13 | 22.64 | 19.96 | 21.44 | 11.32 | 24.66 |
| Branco Roxo Índio          | 23.98 | 21.68 | 16.30 | 22.26 | 21.40 | 19.99 | 21.25 | 23.32 | 20.96 | 24.90 |
| Caiano Rajado              | 23.97 | 22.72 | 17.18 | 19.33 | 23.12 | 22.36 | 21.65 | 23.29 | 17.23 | 24.88 |
| Cateto Branco              | 24.19 | 21.54 | 11.81 | 16.86 | 20.76 | 3.74  | 14.33 | 21.61 | 11.86 | 24.75 |
| Criolão                    | 23.36 | 21.62 | 18.97 | 20.17 | 22.82 | 19.83 | 19.16 | 23.36 | 14.14 | 24.88 |
| Dente de Ouro              | 24.00 | 23.94 | 18.09 | 22.89 | 20.53 | 20.72 | 18.81 | 22.46 | 14.17 | 24.68 |
| BRS Plantalto              | 24.07 | 22.47 | 17.04 | 20.65 | 20.48 | 21.66 | 18.67 | 23.60 | 17.30 | 24.80 |
| $H^2$ Média <sup>(1)</sup> | 23.51 | 22.09 | 16.89 | 19.65 | 21.51 | 19.12 | 18.65 | 22.39 | 14.52 | 24.70 |

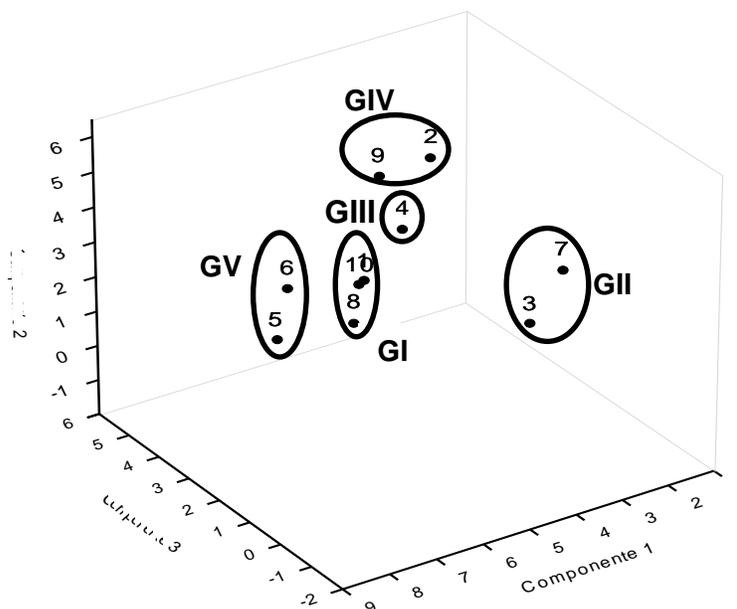
<sup>(1)</sup>  $H^2$  Média = Herdabilidade média no sentido amplo.



**Figura 4.1.** Dendrograma do padrão de herdabilidade no sentido amplo estabelecido pela análise de agrupamento pelo método hierárquico de UPGMA, com base na distância euclidiana média, para dez progênies  $S_1$  provenientes de populações crioulas de milho (AMRL: Amarelão; ARAM: Argentino Amarelo; ARBR: Argentino Branco; BROC: Branco Oito Carreiras; BRR1: Branco Roxo Índio; CARA: Caiano Rajado; CABR: Cateto Branco; CRIO: Criolão; DEOU: Dente de Ouro; BPLA: BRS Planalto). O ponto de corte (PC) consiste da média da distância, mais um desvio padrão.



**Figura 4.2.** Dendrograma do padrão de dissimilaridade das estimativas de variâncias genéticas, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), para dez progênies  $S_1$  provenientes de populações crioulas de milho (AMRL: Amarelão; ARAM: Argentino Amarelo; ARBR: Argentino Branco; BROC: Branco Oito Carreiras; BRRI: Branco Roxo Índio; CARA: Caiano Rajado; CABR: Cateto Branco; CRIO: Criolão; DEOU: Dente de Ouro; BPLA: BRS Planalto). O ponto de corte (PC) consiste da média da distância, mais um desvio padrão.



**Figura 4.3.** Dispersão gráfica dos escores das estimativas de variâncias genéticas obtidos pela análise dos componentes principais em dez progênies  $S_1$  provenientes de populações crioulas de milho, sendo 1: Amarelão; 2: Argentino Amarelo; 3: Argentino Branco; 4: Branco Oito Carreiras; 5: Branco Roxo Índio; 6: Caiano Rajado; 7: Cateto Branco; 8: Criolão; 9: Dente de Ouro; 10: BRS Planalto.

**Tabela 4.2.** Grupos de progênies  $S_1$  de populações crioulas de milho, estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade das variâncias genéticas expressa pela distância Euclidiana média.

| Grupo | Progênies $S_1$  |
|-------|--|
| I     | Argentino Branco; Branco Roxo Índio; Branco Oito Carreiras |
| II    | Argentino Amarelo; Criolão; Cateto Branco                  |
| III   | Dente de Ouro; BRS Planalto                                |
| IV    | Amarelão   |
| V     | Caiano Rajado  |

**Tabela 4.3.** Contribuição relativa das estimativas das variâncias genéticas de dez caracteres agronômicas estimado em dez progênies  $S_1$  derivadas de populações crioulas de milho, por meio da metodologia de Singh (1981).

| Caráter Agronômico | Contribuição Relativa (%) |
|--------------------|---------------------------|
| AE <sup>(1)</sup>  | 9,48                      |
| AP                 | 11,39                     |
| DC                 | 7,21                      |
| CHP                | 10,01                     |
| NRP                | 9,89                      |
| NDF                | 9,88                      |
| DE                 | 10,00                     |
| CE                 | 13,10                     |
| ME                 | 7,44                      |
| PFG                | 11,57                     |

<sup>(1)</sup> AE: altura de inserção da espiga; AP: altura de planta; DC: Diâmetro do colmo; CHP: comprimento da haste do pendão; NRP: número de ramificações do pendão; NDF: número de dias para o florescimento; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; PE: massa da espiga; e PFG: profundidade dos grãos.

## 5. Discussão Geral

O melhoramento genético tem grande importância para o cenário agrícola mundial, pois tem como principais funções incrementar o potencial de rendimento e a composição nutricional dos grãos. Desta forma, o objetivo do melhoramento é a obtenção de constituições genéticas superiores, as já existentes no mercado, sendo estas adaptadas às condições específicas dos ambientes de cultivo. O melhoramento genético de plantas é um processo dinâmico, contínuo e progressivo de recombinação e seleção das melhores plantas, com objetivo de elevar as frequências de genes e alelos desejáveis da população a ser melhorada (ALLARD, 1971). Um dos grandes feitos do melhoramento de plantas foi a produção de milho híbrido, iniciada com os trabalhos de East (1908), Shull (1909) e Jones (1918), no início do século XX.

O milho híbrido consiste na exploração comercial da geração  $F_1$ , resultante do cruzamento entre linhagens endogâmicas, onde se busca explorar a heterose, (ALLARD, 1971; PATERNIANI, 1974). O sucesso dos programas de melhoramento genético de milho dependem: da variabilidade da população original; tamanho efetivo da população; método de melhoramento empregado; técnica e precisão da avaliação dos genótipos; influência do ambiente; da interação genótipo x ambiente; dos efeitos pleiotrópicos; das correlações fenotípicas e genotípicas; e da interrelação entre esses fatores (ALLARD, 1971; PATERNIANI; VIÉGAS, 1987).

Os estudos de correlação entre caracteres, parâmetros genéticos e distância genética são amplamente utilizados pelos programas de melhoramento genético, com o intuito de aumentar a eficiência do processo de seleção, visto que proporcionam a obtenção de parâmetros, os quais possibilitam ao melhorista inferir de forma precisa sobre os efeitos genéticos e de ambiente.

Os resultados do trabalho (Capítulo II) relacionado às análises de correlação entre caracteres demonstram que conforme a origem da população, as correlações em diferentes populações não se mantêm constantes, indicando a ocorrência de variação de ligação e pleiotropia no controle dos caracteres. Dessa forma, é dificultada a obtenção de estratégias de seleção comuns para todas as populações, e sendo necessário avaliar o comportamento específico de cada população a fim de

tornar a seleção indireta mais eficiente na seleção de progênies promissoras em gerações precoces. Os únicos caracteres que mantiveram correlações genéticas e fenotípicas significativas e de mesmo sentido em todas as populações foram o comprimento da espiga e a massa da espiga, com isso, a seleção de espigas com maior comprimento tende a incrementar a massa da espiga, sendo este caráter de elevada importância para determinar o *per se* da linhagem.

O capítulo III apresenta resultados dos parâmetros genéticos e da distância genética, obtida pela variância das progênies  $S_1$  de populações crioulas de milho oriundas da região Sul do Rio Grande do Sul. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo são relevantes aos programas de melhoramento, pois à medida que os caracteres apresentam coeficientes de herdabilidade altos, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Em contrapartida, coeficientes de herdabilidade baixos, indicam que a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, pois o aumento da homozigose em consequência da autofecundação proporciona incremento na herdabilidade no sentido restrito (FALCONER; MACKAY, 1996). Os coeficientes de herdabilidade inferiores aos encontrados nos estudos de Hallauer et al. (2010) podem ser justificados por Ramalho et al. (2012), pois segundo este autor, existe uma grande faixa de variação nas estimativas da herdabilidade de um mesmo caráter, sendo isto parcialmente atribuído à amostragem, às diferenças populacionais e às diferenças ambientais. Dessa forma, os experimentos com a finalidade de obtenção de estimativas de herdabilidade devem ser conduzidos em ambiente semelhante no qual, as estimativas serão aplicadas.

A obtenção de padrões de herdabilidade e a quantificação das distâncias genéticas de progênies  $S_1$  de provenientes de população crioulas de milho, pela implicação de técnicas multivariadas, revelam que o grupo de progênies estudadas possui elevada variabilidade genética, sendo possíveis de serem exploradas comercialmente para obtenção de linhagens promissoras, as quais podem ser incluídas em programas de melhoramento, como fonte de alelos favoráveis aos caracteres de interesse do melhorista.

As informações obtidas com este estudo auxiliam no melhor entendimento das relações entre caracteres, dos parâmetros genéticos e da distância genética de

progênies precoces oriundas de populações crioulas de milho, dando suporte para definições de estratégias de seleção que aumentem a eficiência nos programas de melhoramento genético de milho.

## Vitae

Mauricio Ferrari, nascido em 01/12/1992 em Constantina, Rio Grande do Sul. Obteve formação do ensino médio de 2007 – 2009 pela Escola Estadual de Ensino Médio São José (EEEMSJ) de Constantina – RS. Ingressou no Curso de Agronomia em 2010 na Universidade do Sul de Santa Catarina (UNISUL), em Tubarão – SC. Em 2011, pelo processo seletivo de vestibular, ingressou no curso de Agronomia da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), campus de Frederico Westphalen – RS. Foi estagiário do Laboratório de Melhoramento Genético e Produção de Plantas de 2011 – 2015, sob orientação do professor Dr. Velci Queiróz de Souza. Durante este período realizou trabalhos em parceria com a Universidade de São Paulo – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz” (USP – ESALQ), com a Universidade Federal de Pelotas – Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (UFPel – FAEM) e com a empresa Limagrain Guerra Sementes. Formou-se engenheiro agrônomo em julho de 2015. Em agosto de 2015 iniciou o mestrado no Programa de Pós-Graduação em Agronomia (UFPel), sob orientação do professor Dr. Luciano Carlos da Maia. Durante todo este período vêm desenvolvendo trabalhos na área de melhoramento genético de plantas, biometria e experimentação agrícola, com ênfase em genética quantitativa, estratégias de seleção, interação genótipos x ambiente e produção de plantas. Tem estado trabalhando com o melhoramento genético do milho, trigo, da soja e da cana-de-açúcar, e pesquisas de fitotecnia com as culturas do trigo, milho, soja, feijão, arroz, cana-de-açúcar e espécies forrageiras. Durante sua vida acadêmica tem publicado na posição de autor e coautor 55 artigos científicos, 7 capítulos de livro e 42 resumos.

## 6. Referências Bibliográficas (Introdução Geral e Discussão Geral)

ALLARD, R. W. **Princípio do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Blücher Ltda, 1971, 485 p.

ARAÚJO, P. M.; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, v. 59, n.3, p.589-593, 2002.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Stemma Press, Woodbury, Minnesota, 2002. 369 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ª ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

DIAS PAES, M. C. Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. **Circular Técnica 75**, EMBRAPA, Sete Lagoas, MG, p. 1-6, 2006.

EAST, E. M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experiment Station Report**, p. 419-428, 1908.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. 4. Ed. Essex, England: Ed. Longman, 1996. 464 p.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Springer, 2010. 663 p.

JONES, D. F. The effects of inbreeding and cross breeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, v. 207, n. 4, p. 1-100, 1918.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose**. São Paulo: Fundação Cargill, 1974. 36 p. (Boletim n. 1).

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2 ed. 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 de milho**. Volume I. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 277-340.

PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 410 p.

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

SHULL, G. H. A puri line method of corn breeding. **American Breeders Association report**, vol. 5, p. 51-59, 1909.

SILVEIRA, G. D. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. Tese (Doutorado) Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias: UNESP, *campus* de Jaboticabal, 2007. 45 f.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p