

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CÂMPUS JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**Variabilidade genética e potencial produtivo em três
populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.)**

Aurilene Santos Oliveira
Engenheira Agrônoma

JATAÍ – GOIÁS - BRASIL

2013

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CÂMPUS JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**VARIABILIDADE GENÉTICA E POTENCIAL PRODUTIVO
EM TRÊS POPULAÇÕES SEMIEXÓTICAS DE MILHO
(*Zea mays* L.)**

Aurilene Santos Oliveira

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Co-orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Goiás – UFG, Câmpus Jataí, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Produção Vegetal).

JATAÍ – GOIÁS - BRASIL

Agosto de 2013

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Aurilene Santos Oliveira, filha de José Oliveira de Jesus e Josenilma Pereira Santos, nascida em Santa Helena de Goiás a 1 de julho de 1986. Graduiu-se em Agronomia na UFG – Câmpus Jataí em Junho de 2011. Iniciou o curso de Pós-graduação “*strictu-senso*” em nível de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, na UFG – Câmpus Jataí, em agosto de 2011.

“Só é lutador quem sabe lutar consigo mesmo”

Carlos Drummond de Andrade

A minha avó Janete e meu irmão Jose Roberto

Aos meus queridos Pais Josenilma e Jose Oliveira

Ofereço e dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus pela força, proteção e oportunidade concedida.

À minha mãe pelo amor incondicional, por ter compartilhado momentos de alegria, tristeza, trabalho, por ter me ajudado a superar os obstáculos e a minha família que sempre me apoiou e acreditou em mim.

Aos professores Edésio Fialho dos Reis e José Branco de Miranda Filho pelo apoio, confiança e orientações. Foi uma honra trabalhar com pessoas competentes, honestas e dedicadas como vocês.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

À Universidade Federal de Goiás – Câmpus Jataí pela oportunidade.

Aos meus amigos Aline C. de Souza, Carolina M. Silva, Eloene R. Godoy e Udenys C. Mendes pela amizade sincera, pelo apoio nos experimentos e pelo companheirismo no dia a dia.

Aos docentes do programa de pós-graduação em agronomia da UFG – CAJ pelos ensinamentos transmitidos e pelo apoio.

Ao Leomar, sua família e funcionários que contribuíram para que os ensaios pudessem ser realizados e por nos receber em sua casa com muito carinho.

Aos funcionários da UFG-CAJ em especial ao Jefferson Pinto e senhor Gilmar Emidio pelo auxílio e ensinamentos.

À todos os colegas da UFG-CAJ que de alguma forma contribuíram para minha formação, em especial a Luana, Poliana, Geiciane, Yasmim, Uadson.

Ao Dr. Herberte Pereira da Silva pelo auxílio nas avaliações do complexo de enfezamento.

À funcionária Moni pelo apoio e conselhos.

Ao meu namorado pelo amor, dedicação, compreensão e por ter me ajudado diversas vezes nos experimentos.

À Flávia, aluna de pós-graduação da ESALQ-USP, pelo auxílio na parte experimental e pelas alunas Melina, Marcela, Izabela e Lígia por ter me acolhido em seus lares durante meus trabalhos em Anhembi.

À todos os funcionários da ESALQ-USP que ajudaram na realização dos trabalhos em Anhembi.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	ix
LISTA DE FIGURAS	xi
RESUMO	xii
ABSTRACT	xiii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Importância econômica do Milho	4
2.2. Origem, evolução e melhoramento do milho	4
2.3. Uso de germoplasma exótico.....	6
2.4. Variabilidade genética em milho	8
2.5. Endogamia	11
2.6. Complexo de enfezamento	13
3. MATERIAL E MÉTODOS	15
3.1. Material genético.....	15
3.2. Métodos	16
3.2.1. Obtenção de famílias	16
3.2.2. Procedimento experimental	16
3.2.3. Caracteres avaliados	17
3.2.4. Análise estatística	19
3.2.4.1. Análise de variância.....	19
3.2.4.2. Estimativas de parâmetros genéticos	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	22
4.1. Experimento Rio Verde/GO	22
4.1.1. Médias e coeficientes de variação experimental (CVe%)	22
4.1.2. Análise de variância	27
4.1.3. Estimativas de parâmetros estatístico-genéticos	30
4.1.3.1. Altura de planta e altura de espiga.....	30
4.1.3.2. Diâmetro de espiga e comprimento de espiga	33
4.1.3.3. Peso de espiga e peso de grãos	33
4.2. Experimento Anhembi/SP	35
4.2.1. Médias e coeficientes de variação experimental (CVe%).....	35
4.2.2. Depressão por endogamia	42
4.2.3. Análise de variância	44

4.2.4. Estimativas de parâmetros estatístico-genéticos	46
4.2.4.1. Número de ramificações do pendão e comprimento do pendão	46
4.2.4.2. Altura de planta e altura de espiga	49
4.2.4.3. Diâmetro de espiga e comprimento de espiga	50
4.2.4.4. Peso de espigas, peso de quatro espigas e peso de grãos de quatro espigas	50
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	52
6. CONCLUSÕES	54
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	55

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estimativas de variância genética aditiva (σ_A^2) e herdabilidade (h^2) em famílias de meios-irmãos para produção de grãos, em diversas populações de milho no Brasil	10
Tabela 2. Esquema do resultado de análise de variância individual e esperanças de quadrado médio para modelos em blocos ao acaso	20
Tabela 3. Médias da população (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_l), média da testemunha, porcentagem em relação a testemunha ($m\%$) e coeficiente de variação ($CV\%$) para sete caracteres em famílias de meios irmãos de três populações semiexóticas. Rio Verde, 2012	23
Tabela 4. Quadrados médios da análise de variância de quatro experimentos individuais e agrupados com relação a sete caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos para a população semiexótica CRE- 01. Rio Verde, 2012	28
Tabela 5. Quadrados médios da análise de variância de quatro experimentos individuais e agrupados com relação a sete caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos para a população semiexótica CRE- 02. Rio Verde, 2012	29
Tabela 6. Quadrados médios da análise de variância de quatro experimentos individuais e agrupados com relação a sete caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos para a população semiexótica CRE- 03. Rio Verde, 2012	30
Tabela 7. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica entre FMI (σ_G^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade com base em média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética ($CVg\%$) e do índice de variação (θ) para seis caracteres em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Rio Verde, 2012	31
Tabela 8. Médias da população (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_l), média da testemunha, porcentagem em relação a testemunha ($m\%$) e coeficiente	

de variação (CV%) para dez caracteres em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012 36

Tabela 9. Médias (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_l) e coeficiente de variação (CV%) para oito variáveis em famílias S_1 de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012 37

Tabela 10. Estimativas da depressão por endogamia (DP) e da contribuição dos homozigotos ($\mu + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para média observada de sete caracteres avaliados em famílias de meios-irmãos (m_0) e famílias endogâmicas (m_1) em três populações semiexóticas. Anhembi, 2012 43

Tabela 11. Quadrados médios da análise de variância para dez características em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012 45

Tabela 12. Quadrados médios da análise de variância para oito variáveis em famílias S_1 de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012 46

Tabela 13. Estimativas da variância genotípica (σ_G^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade para média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para nove variáveis em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012 47

Tabela 14. Estimativas da variância genotípica (σ_G^2), da herdabilidade com base em média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para sete variáveis em famílias S_1 de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012 48

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de produtividade nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03. Rio Verde, 2012 26
- Figura 2. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de avaliação de doença foliar nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03, de acordo com a escala de notas. Rio Verde, 2012 26
- Figura 3. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de produtividade nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03. Anhembi, 2012 39
- Figura 4. Percentagem de famílias de S_1 com suas respectivas médias de produtividade nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03. Anhembi, 2012 40
- Figura 5. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de avaliação de complexo de enfezamento nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03, de acordo com a escala de notas. Anhembi, 2012 41
- Figura 6. Percentagem de famílias S_1 com suas respectivas médias de avaliação de complexo de enfezamento nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03, de acordo com a escala de notas. Anhembi, 2012 42

VARIABILIDADE GENÉTICA E POTENCIAL PRODUTIVO EM TRÊS POPULAÇÕES SEMIEXÓTICA DE MILHO (*Zea mays* L.)

RESUMO: Com a possibilidade do plantio de milho em duas épocas (safra e safrinha) o Brasil tem elevado a produção total de milho, porém é necessário desenvolver novos híbridos e variedades visando o aumento da produtividade em ambas as épocas de plantio, para atender a crescente demanda pelo grão de milho. Os objetivos do presente trabalho se dirigem ao estudo da variabilidade genética, avaliar o potencial produtivo, estimar a depressão por endogamia e avaliar o comportamento quanto a resistência ao complexo de enfezamento em três populações semiexóticas de milho, para fins de seleção recorrente. Foram instalados dois experimentos: Jataí (GO) e Anhembi (SP). No primeiro experimento foram utilizadas famílias de meios-irmãos, que foram avaliadas em experimentos delineados em blocos casualizados com três repetições de parcelas de 4m (espaçamento de 0,90m) com 20 plantas. No segundo experimento foram utilizadas famílias de meios-irmãos e famílias S_1 com duas repetições de parcelas de 3m (espaçamento de 0,90m) com 15 plantas. Foram avaliados os seguintes caracteres: AP – altura de planta (cm), AE – altura de espiga (cm), DE – diâmetro de espiga (cm), CE – comprimento de espiga (cm), NP – número de plantas, NE – número de espiga, PE – peso de espiga ($g.parcela^{-1}$), PG – peso de grãos ($g.parcela^{-1}$), PE4 – peso de quatro espigas, PG4 – peso de grãos de quatro espigas, NR – número de ramificações do pendão, CP – comprimento de pendão (cm), AD – avaliação de doença foliar e ACE – avaliação do complexo de enfezamento. As populações semiexóticas apresentaram um excelente padrão de variabilidade genética e um bom potencial produtivo, apresentando em média produtividade de 70% em relação à testemunha. Dentro das três populações observou-se um comportamento diferente das famílias em relação à resistência ao complexo de enfezamento, indicando que seleções para este caráter nas populações pode trazer resultados satisfatórios.

PALAVRA CHAVE: complexo de enfezamento, depressão por endogamia, famílias de meios-irmãos, famílias S_1 e germoplasma exótico.

GENETIC VARIABILITY AND POTENTIAL PRODUCTION IN THREE SEMIEXOTIC POPULATIONS OF MAIZE (*Zea mays* L.)

ABSTRACT: With the possibility of planting corn in two seasons (normal and late crops) the Brazil has increased the total corn production, but it is necessary to develop new hybrids and varieties aiming to increase productivity in both planting dates, to attend increasing demand for this commodity. The objectives of the present work were directed for the study the genetic variability, evaluate the yield potential and estimate inbreeding depression in three semiexotic populations of maize, for purposes of recurrent selection. The field evaluation was in two experiments: Jataí (GO) and Anhembi (SP). The first experiment was represented by half-sib families, which were evaluated in randomized complete blocks with three replications with plots of 4m (0.90 m spacing) with 20 plants. The second experiment included half-sib and S1 families in two replications with plots of 3m (0,90 m spacing) with 15 plants. The following primary characters were evaluated: AP - plant height (cm), AE - ear height (cm), DE – ear diameter (cm), EC - ear length (cm), NP - number of plants, NE – ear of number, PE - ear weight (g parcela⁻¹), PG – total grain weight (g parcela⁻¹), PE4 - four ear weight, PG4 - four ear grain weight , NR -tassel branch number, CP - tassel length (cm), AD - evaluation of foliar disease and ACE - evaluation of corn stunt complex. The semiexótico populations CRE had an excellent pattern of genetic variability and a good productive potential, presenting an average yield of 70% compared to checks. Within the three populations it was observed differences of families in relation to resistance to corn stunt, indicating that selection for this trait can fairly effective.

KEYWORD: corn stunt complex, exotic germoplasm, half-sib families, inbreeding depression e S₁ families.

1. INTRODUÇÃO

Com o crescimento populacional, estima-se que o planeta terá cerca de 9,6 bilhões de habitantes em 2050 (FAO, 2013) o que demandará um grande aumento na produção de alimentos para atender as necessidades de toda a população humana. O milho é um dos principais cereais utilizados na alimentação humana, utilizado de forma direta ou indireta. O uso indireto destinado para alimentação animal, corresponde a 70% da sua produção. A crescente demanda por energia alternativa e renováveis elevou a demanda por milho para produção de etanol. Na safra de 2010/2011, aproximadamente 128 milhões de toneladas foi destinado à produção de etanol (USDA, 2012).

Estima-se que a produção mundial de milho atingirá 945,8 milhões de toneladas na safra 2012/2013. Os Estados Unidos, sendo o principal produtor deste cereal, irá produzir cerca de 38% deste total e o Brasil, como o terceiro maior produtor, contribuirá com aproximadamente 8% da produção mundial (USDA, 2013).

A produção de milho no Brasil é caracterizada pelo plantio em duas épocas: primeira safra e segunda safra ou safrinha. Devido a uma demanda crescente e como uma alternativa viável ao sistema de produção e de sucessão de culturas, o plantio de milho safrinha cresceu acentuadamente nos últimos anos. A expansão do plantio de segunda safra se deu em diferentes regiões edafoclimáticas e o aumento do nível tecnológico do agricultor permitiu que aumentos significativos de produtividade fossem alcançados. Na última safra (2012/2013) a área cultivada na safrinha foi superior ao da safra normal atingindo uma produção de 44,2 milhões de toneladas. Porém a expansão por si só, não é suficiente para atender a demanda, sendo necessário desenvolver híbridos e variedades mais produtivas. A principal região produtora de milho safrinha, com mais de 65% da produção nacional, é o Centro-Oeste (CONAB, 2013).

A expansão do cultivo do milho em todas as regiões agrícolas do país, nas diferentes condições edafoclimáticas, se deve à sua ampla variabilidade genética. Entre as espécies cultivadas com elevado interesse econômico, o milho é uma das espécies geneticamente mais estudada, sendo aquela que possui a caracterização

genética mais detalhada (NASS et al., 2001. Este cereal se tornou um modelo para espécies alógamas, devido à separação das inflorescências masculina e feminina na mesma planta (espécie monóica), do número de sementes produzida pela inflorescência feminina, da facilidade na manipulação, da natureza dos cromossomos, do baixo número de cromossomos ($n=10$), do tipo de reprodução, da facilidade para realizar polinizações manuais e da possibilidade de gerar diferentes tipos de progênies (NASS; PATERNIANI, 2000).

Um dos pontos importantes no melhoramento de milho é a escolha do germoplasma a ser utilizado, que deverá ser realizada de acordo com o objetivo do programa. Germoplasma exótico tem sido de grande importância no melhoramento de milho e sua utilização tem contribuído expressivamente para aumentos de produtividade do milho no Brasil. A introgressão do germoplasma exótico não é uma tarefa fácil, em função da baixa capacidade adaptativa, recomenda-se o cruzamento com material local adaptado. Estudos clássicos sobre a introdução de germoplasmas demonstraram a possibilidade de cruzamentos aumentando a variabilidade genética resultante (HALLAUER, 1978).

Após introgressão o conhecimento das populações geradas assume um papel importante. Para tal, a estimação dos parâmetros genéticos, torna-se de grande relevância, pois possibilita a identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos, avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção da base genética adequada nas populações.

Com intuito de estudar o potencial agrônomo de três populações semiexóticas de milho para utilização em programas de melhoramento, o presente trabalho teve como objetivos: a) avaliar a variabilidade genética em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas de milho, com vistas à ampliação da base genética do germoplasma utilizado no Brasil, com ênfase na região do sudoeste de Goiás; b) avaliar o potencial produtivo das três populações semiexóticas de milho em condições de safrinha no Sudoeste de Goiás; c) obter estimativas de depressão por endogamia para variáveis de interesse agrônomo e d) avaliar o comportamento das populações quanto à resistência ao complexo de enfezamento.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância econômica do milho

O milho é uma gramínea da família poaceae e da espécie *Zea mays*. É uma espécie tipicamente alógama com predominância de polinização cruzada, sendo que a quantidade de autofecundação que ocorre no campo de cruzamento é considerada insignificante (KIESSELBACH, 1922).

Um dos cereais de maior importância na economia mundial é o milho e é caracterizado pelas diferentes formas de utilização, que vai desde a alimentação animal até a sua utilização na indústria de alta tecnologia. O uso deste cereal como alimentação animal representa cerca de 70% da produção mundial. Atualmente os Estados Unidos é o principal produtor de milho no mundo, estimando uma produção total de 359,2 milhões de toneladas para o ano de 2013 (USDA, 2013), enquanto o Brasil é o terceiro maior produtor do mundo com uma produção estimada para a safra 2012/2013 de 79,08 milhões de toneladas (CONAB, 2013).

No Brasil o milho tem destaque por ocupar a segunda maior área cultivada no país e pela viabilidade do cultivo em duas safras. A segunda safra (safrinha) tem ganhado destaque devido ao crescimento em área e produtividade, nos últimos anos. No ano agrícola 2002/2003, a safrinha contribuiu com 27% da produção nacional de milho, nesta última safra 2012/2013, a safrinha atingiu 56% da produção. A principal região produtora de milho safrinha é o centro-oeste do Brasil, que é representada pelos estados do Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás que juntos representaram cerca de 65,7% da produção nacional da segunda safra (CONAB, 2013). Em Goiás a região de Jataí, no sudoeste do estado, tem se destacado pela extensa área cultivada com milho safrinha e por apresentar uma das maiores médias de produtividade do país.

2.2. Origem, evolução e melhoramento genético do milho

Há evidências de que o milho tenha origem da América Central e tem sido desenvolvido nos últimos oito mil anos (PATERNIANI et al., 2000), sendo uma das

culturas mais importantes das civilizações asteca, maia e íncas. O botânico Lineu em sua classificação de gêneros e espécies, denominou-o de *Zea mays*, “Zeia” do grego (grãos, cereal) e “mays” em homenagem a um dos principais povos da América, os maias. A teoria mais aceita sobre a origem do milho é que tenha se originado do teosinte; ambos possuem $n=10$ cromossomos, os quais são homólogos e se cruzam facilmente, resultando em produtos férteis e semelhantes ao milho e/ou teosinte, com pequenas diferenças gênicas. Provavelmente, é a espécie que possui maior variabilidade genética entre todas as plantas cultivadas, decorrente de alterações nas frequências gênicas, que ocorreram durante o processo evolutivo (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

O milho era cultivado pelos indígenas na América do Sul sob diferentes condições, épocas de semeadura e altitudes, principalmente, pela grande variabilidade genética existente e especificidade desenvolvida pela cultura em ambientes específicos. Posteriormente, essas variedades indígenas foram melhoradas pelos povos ocidentais do hemisfério Norte, que desenvolveram as primeiras raças comerciais, que mais tarde foram re-introduzidas na América do Sul, dando origem às nossas raças recentes (PATERNIANI et al., 2000)

Por volta de 1915, raças provenientes da América do Norte, foram introduzidas, cultivadas e cruzadas com raça local. As variedades produzidas a partir destes cruzamentos foram disseminadas pelo País. Posteriormente, os agricultores deram início ao processo de seleção simples, selecionando de suas lavouras as melhores espigas por planta individual (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

Os primeiros trabalhos de melhoramento de milho híbrido iniciaram em 1930 no Instituto Agrônomo de Campinas – IAC e na Universidade Federal de Viçosa – UFV. Em meio a este período, iniciou-se o resgate e conservação de germoplasma de milho pelas instituições públicas junto à agricultura familiar. Em 1937, o Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz (ESALQ), em Piracicaba, iniciou os estudos de raças indígenas de milho (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987). Em 1952, foi criado na ESALQ/USP o primeiro banco de germoplasma de milho no Brasil, no qual foram armazenados e conservados os materiais coletados na Argentina, Bolívia, Paraguai, Brasil e Guianas, totalizando 3.000 acessos, que serviram de base para programas nacionais de melhoramento

de milho (SOARES, 1998). Em 1975, os acessos de milho da ESALQ foram transferidos para o Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), mediante suporte do Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN). Desde então, trabalhos de regeneração, conservação em curto e longo prazo e de caracterização vêm sendo realizados pelo Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAG – milho), que também disponibiliza os materiais para intercâmbios com outras instituições (SOARES, 1998; PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

2.3. Uso de germoplasma exótico

O termo exótico foi definido por vários autores e entre estas definições está a de Hallauer (1978) que considerou germoplasma exótico como sendo todas as fontes de germoplasma que não são imediatamente úteis ou adaptadas para um programa de melhoramento genético específico, ou seja, quando ajustes fisiológicos serão necessários para naturalizar e aclimatizar o germoplasma para sua utilização. Por sua vez, Lonquist (1974) definiu milho exótico como sendo oriundo de outra área, estando representado por adaptações a diferentes altitudes, latitudes, tipo de solo, além de outros fatores ambientais. Dentro desta ampla diversificação de significados, os germoplasmas exóticos podem ser constituídos por raças, populações, linhagens, etc., desde que quando cultivados em áreas diferentes dos seus locais de adaptação, não manifestem suas potencialidades sem um ajuste fisiológico (SANTOS, 1985).

Segundo Sprague (1980), os melhoristas têm procurado ampliar a variabilidade genética manipulada em seus programas, principalmente através de intercâmbio de linhagens elites entre programas distintos de melhoramento genético; porém, os germoplasmas exóticos existentes nos centros de origem, centros de diversificação e bancos de germoplasma, ainda são pouco explorados. As três principais razões para o uso de germoplasma exótico nos programas de melhoramento descritas por Geadelmann (1984); Albrecht e Dudley (1987) são: 1) aumentar a diversidade genética para se proteger contra a vulnerabilidade genética aparente; 2) proporcionar uma fonte de genes para características específicas, tais

como resistência a doenças, pragas e a tolerância a estresses; 3) proporcionar uma fonte de alelos favoráveis para aumentar o rendimento por variações genéticas úteis e aumentar a heterose. Independentemente de sua importância e a grande quantidade de informação sobre germoplasma exótico, Goodman e Gonzáles (1985), relatou que menos de 1% do germoplasma base de milho dos Estados Unidos é exótica, porém após 12 anos o uso de germoplasma exótico em híbridos americanos de milho triplicou para 3% (NASS et al., 2001).

A similaridade apresentada entre as raças, variedades e linhagens de milho em relação à morfologia dos seus cromossomos, permite que germoplasmas exóticos sejam amplamente cruzados (GALINAT, 1977).

A potencialidade de incorporar germoplasma exótico em linhagens adaptadas, para posterior aproveitamento no desenvolvimento de milhos híbridos foi demonstrada por Griffing e Lindstrom (1954), Efron e Everett (1969) e Nelson (1972). Outras alternativas na utilização de germoplasma exóticos foram sugeridas por Kramer e Ullstrup (1959) e Thompson (1968), na identificação de fontes de resistência a doenças e na produção de silagem, respectivamente.

O procedimento mais comum em estudos de germoplasma exótico tem sido a realização de cruzamentos entre materiais exóticos e adaptados (HALLAUER, 1978). O cruzamento entre germoplasma exótico e adaptado pode ser definido como germoplasma semiexótico, devido a sua constituição genética não ser totalmente exótica.

Têm sido realizados alguns estudos para determinar o percentual de germoplasma exótico a ser incorporado nas populações adaptadas, porém, ainda não há informações que permita afirmar o percentual exato. Griffing e Lindstrom (1954) relataram que os híbridos F_1 compostos por germoplasma exóticos mais produtivos foram aqueles em que houve a participação de linhagens com 25% a 50% de exóticos em cruzamentos com linhagens adaptadas. Posteriormente, Wellhausen (1965) recomendou incorporar percentagens menores ou iguais a 25% de germoplasma exótico dentro de materiais adaptados do "Corn Belt" dos Estados Unidos. Portanto, a proporção adequada de germoplasma exótico pode ser qualquer valor acima de zero ($0 < p \leq 1$) dependendo dos objetivos e do grau de adaptação do germoplasma introduzido (NASS et al., 2001).

Considerando a probabilidade de fixação de alelos, Crossa (1989) verificou que se as populações exóticas têm sido selecionadas para adaptabilidade e possui alelos favoráveis em alta frequência, a população de cruzamento pode ser utilizada diretamente como população base no processo de seleção. Caso o retrocruzamento para o parental adaptado seja utilizado, então um aumento no tamanho da população é necessário para conservar os alelos favoráveis que foram previamente incorporados.

De acordo com Miranda Filho e Viégas (1987), no Brasil a introdução de germoplasma exótico tem contribuído de forma importante e contínua para o melhoramento e, recentemente, a utilização de novas fontes de germoplasma tem despertado o interesse dos pesquisadores, principalmente em relação a problemas de tolerância a estresses bióticos e abióticos. Alguns estudos com germoplasmas semiexóticos avaliados na região centro-oeste do Brasil tem demonstrado potencial produtivo e variabilidade genética em nível aceitável para serem utilizadas em programas de seleção recorrente (OLIVEIRA et al., 2012; RODRIGUES, 2013).

2.4. Variabilidade genética em milho

O sucesso de um programa de melhoramento depende fundamentalmente da variabilidade genética existente nas populações escolhidas para estudos genéticos, sendo que em milho, grande parte dos esforços estão concentrado nos caracteres quantitativos. Segundo Vencovsky (1987) a maior complexidade genética destes, aliados à erros experimentais e efeitos do meio ambiente que estão sempre presentes, obrigam os melhoristas a utilizar técnicas específicas no tratamento dos mesmos com o fim de separar e interpretar as variações genéticas e ambientais.

A variância genética aditiva é o componente mais importante, uma vez que é a principal causa da semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (FALCONER, 1987). Além disso, é o único componente que pode ser prontamente estimado através das observações feitas na população. O autor define-a como a variância dos valores genéticos e ressalta que, sob o ponto de vista prático, o que interessa na decomposição de variância genotípica é o parcelamento entre variância

genética aditiva e o resto, sendo o resto as variâncias genéticas não-aditivas (dominância e epistasia) e as causadas pelo ambiente. Esse parcelamento é mais convenientemente expresso como σ_A^2/σ_F^2 , sendo esta razão denominada de herdabilidade.

A herdabilidade, relacionada com o efeito médio dos genes, tem um papel importante na predição, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético. Estudos em milho têm enfatizado a importância desse parâmetro para a eficiência da seleção (RISSI, 1980; KASSOUF; MIRANDA FILHO, 1986; BIGOTO, 1988). Muitos trabalhos comparam as estimativas da herdabilidade para média de progênies, obtidas em experimentos de seleção, porém cada população possui valores específicos, sendo que esta estimativa está relacionada com a estrutura genética da população e do ambiente considerado (SPRAGUE, 1966; RAMALHO, 1977). Mesmo assim, Hallauer et al. (2010) forneceram uma estimativa média de 18,7% para produção de grãos, obtidas de 99 estimativas, ao passo que Vencovsky et al. (1988) relataram média de 11,0%, na mesma característica, para populações brasileiras.

A variância aditiva tem sido uma das principais ferramentas do melhorista para obtenção de parâmetros genéticos que possibilitam ampliar os conhecimentos sobre caracteres sob seleção e mostrar a escolha de métodos de melhoramento mais eficazes (CRUZ, 2005) e uma metodologia frequentemente empregada é a obtenção da variância genética aditiva, através de ensaios de famílias de meios-irmãos, pois através destes ensaios obtém a variância entre progênies, sendo esta $\frac{1}{4}$ da variância aditiva. Vários trabalhos têm sido feitos utilizando tal metodologia, sendo que algumas são apresentadas na tabela 1.

Outro método importante na condução das populações em um programa de melhoramento de milho é a seleção recorrente, podendo ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados para formar a nova população (FEHR, 1987). Portanto, a seleção recorrente tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população, mantendo também a variabilidade genética.

Um ponto importante a se considerar em programas de seleção recorrente é o tamanho da amostra, caracterizada pelo número de progênies a ser retirada da

Tabela 1. Estimativas de variância genética aditiva (σ_A^2) e herdabilidade (h^2) em famílias de meios-irmãos para produção de grãos, em diversas populações de milho no Brasil.

População	σ_A^2 (g.planta ⁻¹) ²	h^2	Referências
BR 5011	26,4 a 865,0	2,1 a 26,4	Carvalho et al. (2007)
ESALQ-PB1	365,2	39,4	Andrade e Miranda Filho (2008)
Crioulo de Milho Branco	13,3 a 371,4	0,01 a 65,8	Souza et al. (2009)
EPB-4	325,92 a 493,6	42,19 a 56,4	Lima Neto e Souza Junior (2009)
UFV 7	622,7	47,0	Faluba et al. (2010)
Isanão VF – 1	312,3	81,3	Candido et al. (2011)

população sob seleção, pois esta deve representar a variabilidade genética existente na população. De acordo com Falconer (1989), amostras pequenas podem acarretar problemas de representatividade e até mesmo a perda de alelos favoráveis ou a fixação de alelos indesejáveis e amostras muito grandes podem tornar impraticável a realização deste tipo de estudo em virtude da elevada mão-de-obra que seria demandada para um único ensaio.

Estudando o número de progênies S_1 ideal para avaliação em programas de seleção recorrente, Pinto et al. (2000), constatou que para a variável peso de espiga o valor estaria entre 175-200 progênies, sendo que 200 progênies S_1 seria o tamanho adequado para avaliação. Porém, outros autores utilizando tamanhos de 140 (GOULAS; LONNQUIST, 1976), 100 (WEYHRICH et al., 1998a, 1998b) e até mesmo 30 (GROMBACHER et al., 1989) progênies, sob diferentes intensidades de seleção, obtiveram respostas satisfatórias em seus trabalhos.

Os vários processos de seleção recorrente, com descrição detalhada de cada método, podem ser encontrados em Hallauer et al. (2010) e a escolha de determinado método de seleção dependerá do objetivo do programa, ou seja, obtenção de populações melhoradas ou de híbridos (Hallauer, 1987). Se o objetivo for à obtenção de um cultivar de polinização aberta ou a adaptação do germoplasma exótico, pode-se dar ênfase ao melhoramento intrapopulacional. Entretanto, se a finalidade for o melhoramento do potencial da população para extração de linhagens

e, conseqüentemente, obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional pode ser o mais apropriado. No entanto, as combinações dos métodos intra e interpopulacional também podem ser usadas.

O método de seleção recorrente intrapopulacional entre famílias de meios irmãos é muito utilizado (CARVALHO et al., 2003; CARVALHO; SOUZA, 2007; SOUZA et al., 2009). Este método é simples, rápido e eficiente na avaliação do potencial de populações de milho (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Atualmente, vários métodos de seleção são empregados, porém as diferenças entre eles nem sempre são bem definidas. Estas diferenças referem-se ao grau de controle parental dos progenitores selecionados, existência ou não de avaliação de progênies, uso de testadores e controle do ambiente. Tanto na seleção recorrente intra como interpopulacional, podem ser utilizadas progênies de meios-irmãos, irmãos germanos, e as progênies S_1 ou S_2 . O uso de progênies endogâmicas é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, uma vez que a endogamia remete ao aumento da variância genética entre progênies (HALLAUER; SEARS, 1973; RODRIGUEZ; HALLAUER, 1991; EDWARDS; LAMKEY, 2002) e conduz a um aumento do progresso esperado com a seleção (PARTENIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

2.5. Endogamia

De acordo com Cruz (2005) endogamia é definido como fenômeno que ocorre em decorrência do acasalamento entre indivíduos aparentados. A endogamia em populações panmíticas como é o caso do milho, em muitos casos é indesejável. Isto porque a endogamia conduz à homozigose e, nestas populações, existem genes recessivos deletérios que, quando em homozigose, causam prejuízos à fisiologia da planta, diminuindo o seu valor fenotípico (MIRANDA FILHO, 2001).

As causas genéticas que a controlam não são completamente conhecidas, porém existem algumas hipóteses para explicá-la. Uma dessas hipóteses está ligada ao fato de que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda hipótese é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (CROW; KIMURA, 1970). Na primeira hipótese, a

depressão por endogamia resultaria, então, da quebra da combinação ideal dos alelos que governam o caráter em estudo.

A teoria da dominância parcial preconiza que a existência de dominância entre alelos faz com que ocorram diferenças entre os valores fenotípicos de indivíduos homocigotos e heterocigotos, ressaltando que a depressão causada pela endogamia é proporcional ao grau de dominância, sendo maior para os locos com frequência intermediária (ALLARD, 1960; FALCONER, 1989). Cornelius e Dudley (1974) observaram diferentes gerações de endogamia e relataram que, mesmo havendo um declínio gradual em quase todos os caracteres com o aumento da homocigose, as diferenças fenotípicas observadas após a quarta geração de autofecundação foram muito pequenas. No entanto, o mesmo não ocorre para produção, parecendo ser bastante afetada pela endogamia em qualquer grau de homocigose (GOOD; HALLAUER, 1977).

Em trabalhos realizados por Simon et. al, (2004) e Scapim et. al, (2006) com populações de milho pipoca, o caráter produção de grãos tem se mostrado o mais afetado pela endogamia. Os autores encontraram taxas de depressão por endogamia variando de 5,38 a 67,9% nas populações avaliadas.

A seleção com base no desempenho de progênies de meios irmãos seleciona, primordialmente, para genes aditivos e dominantes; porém não seleciona efetivamente, contra os genes deletérios existente na população, uma vez que estes podem ser mascarados pela heterocigose. À medida que a endogamia progride, o melhoramento do potencial da população, devido ao aumento na frequência de genes favoráveis, pode ser contrabalançado pelo aumento na frequência de genes homocigóticos deletérios.

Miranda Filho e Viégas (1987) salientaram que populações oriundas de linhagens endogâmicas ou que já passaram por alguma fase de endogamia são menos sensíveis aos efeitos da depressão provocados pelos genes deletérios.

Através da endogamia tem sido possível obter linhagens geneticamente uniformes em milho para a obtenção de híbridos altamente produtivos, pela restauração do vigor através de cruzamentos. As linhagens endogâmicas que apresentam boa performance e capacidade de combinação com outras linhagens, podem ser usadas comercialmente para produção de híbridos. Porém, a endogamia

não pode ser considerada um método de melhoramento, pois não altera as frequências gênicas, e sim as genotípicas.

2.6. Complexo de enfezamento

O sistema de cultivo em duas épocas (safra e safrinha) tem gerado problemas de ordem sanitária tornando doenças que antes eram consideradas de importância secundária, e hoje se tornaram doenças primárias causando grandes prejuízos e expondo os produtores a situações até então inexistentes, como é o caso do complexo do enfezamentos.

O complexo de enfezamentos, responsável pelos enfezamentos pálido causado por espiroplasma (*Spiroplasma kunkelli* Whitcomb) e vermelho do milho causado por fitoplasma (Maize bushy stunt phytoplasma), ambos patógenos pertencentes à classe dos mollicutes, o qual é transmitido pela cigarrinha-do-milho (*Daubulus maidis*) (OLIVEIRA et al., 2002a). A maior importância dessa doença nos cultivos de safra e safrinha está relacionada com o aumento da população do inseto vetor nessa época (FERNANDES; BALMER, 1990; SILVA et al., 1991; WALQUIL, 1997). A situação é ainda mais agravante quando a cultura anterior também era o milho.

Os primeiros relatos dessa doença no Brasil, foi no início da década de 70 (COSTA et al., 1971), quando foram consideradas de importância secundária. Porém naquela época já alertava para os sérios prejuízos que poderiam causar com o plantio tardio. A sua maior importância no país foi relatada entre os anos de 2001 a 2003 (MASSOLA JÚNIOR, 2001; OLIVEIRA et al., 2002b, 2004; SILVA et al., 2003). Portanto, como os surtos dessa doença têm ocorrido apenas em anos anteriores, há uma carência de informações sobre o comportamento da maioria dos híbridos comerciais de milho atualmente disponível no mercado.

Atualmente, a alternativa mais eficiente para controle dos enfezamentos é o emprego de cultivares com resistência genética, mas além de fontes de resistência que possibilitem a síntese de novos cultivares, o desenvolvimento de cultivares resistentes requer o conhecimento sobre a herança dos caracteres envolvidos na seleção. Permitindo, assim, a utilização de métodos mais eficientes para seleção em

programa de melhoramento (Basso, 1999). A variabilidade genética de resistência em híbridos tem sido relatada em trabalhos de avaliação de cultivares (Basso, 1999), e pelas próprias empresas produtoras de sementes.

3. MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi dividido em dois experimentos, sendo um realizado na fazenda “Rio Doce” em Rio Verde/GO e o outro na estação experimental da ESALQ/USP em Anhembi/SP. No primeiro experimento utilizou-se famílias de meios-irmãos com objetivo de estudar a variabilidade genética e o potencial produtivo. No segundo experimento, implantado em Anhembi, utilizou-se famílias de meios-irmãos e famílias S_1 , com o objetivo de estudar a variabilidade genética, depressão por endogamia e comportamento quanto à resistência ao complexo de enfezamento das populações semiexóticas.

3.1. Material genético

Em 1999 foram introduzidas ao programa de melhoramento de milho da ESALQ/USP 682 linhagens endogâmicas do CIMMYT (Colômbia), selecionadas para resistência ao complexo do enfezamento. Estas linhagens foram plantadas na Estação Experimental de Anhembi (SP), local apropriado para a expressão do enfezamento. Após avaliação visual, foram selecionadas as 51 linhagens com menor expressão da resistência. As 51 linhagens foram cruzadas com três testadores, o híbrido P3041(resistente) e as populações CMS14 e ESALQ PB23, sendo os dois últimos escolhidos pelo bom padrão de produtividade em ensaios realizados em Piracicaba (SP) e Anhembi (SP) em um esquema dialélico parcial. Considerando-se que foi realizada uma leve seleção a partir da avaliação das 51 linhagens, e que não foi possível obter sementes suficientes dos 51 cruzamentos realizados, alguns cruzamentos não foram incluídos na formação de novas populações. Portanto, para a formação das três novas populações a partir de “test-cross”, foram utilizados os seguintes tratamentos: 38 linhagens x P3041(híbrido comercial), 39 linhagens x CMS14 (desenvolvida pelo Programa de Melhoramento de Milho da Embrapa) e 32 linhagens x ESALQ PB23 (desenvolvida pelo Programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP). Gerando, assim, as três populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente.

3.2. Métodos

3.2.1. Obtenção de famílias

Em setembro de 2011, as três populações foram plantadas em lotes isolados de polinização livre para obtenção de famílias de meios irmãos (FMI) e outro campo de autofecundação foi plantado com as três populações para obter as famílias S_1 . Em fevereiro de 2012 foram colhidas 200, 180 e 180 famílias de meios irmãos das populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente, para realizar o experimento em Rio Verde. Para o experimento de Anhembi foram colhidas 60 famílias de meios-irmãos e 60 famílias S_1 de cada população semiexótica.

3.2.2. Procedimento experimental

As FMI das três populações semiexóticas foram avaliadas na fazenda “Rio Doce” no município de Rio Verde/GO em condições de safrinha. As 200 FMI da população CRE-01 foram divididas em 4 experimentos com 50 famílias cada e as 180 FMI das populações CRE-02 e CRE-03 divididas em 4 experimentos com 45 famílias cada, respectivamente. O manejo agrônômico foi aquele recomendado para cultivo de média/alta tecnologia e uniformes em todos os experimentos, a fim de minimizar a influência de fatores bióticos e abióticos.

Os experimentos de Rio Verde, para as famílias de meios-irmãos foram implantados no início de março de 2012. Cada parcela foi constituída de uma linha de 4 metros, sendo semeadas 30 sementes por parcela; 20 dias após a germinação foi efetuado o desbaste, procurando-se manter um estande de 20 plantas parcela⁻¹. Nas parcelas utilizou-se o espaçamento entre plantas de 20 cm e entre parcelas de 90 cm. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições, sendo intercalada uma testemunha comercial (DAS 2B-710) a cada dez tratamentos para se ter um maior controle da variação ambiental.

No experimento de Anhembi, as famílias de meios-irmãos e as famílias S_1 foram avaliadas em condições de safra normal utilizando irrigação. O manejo agrônômico dos experimentos no ensaio foi feito conforme recomendações para a

cultura do milho. Os ensaios para estudo de variabilidade e depressão por endogamia, com famílias de meios-irmãos e famílias S_1 , foram distribuídos em seis experimentos sob delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, onde a parcela útil foi representada por uma linha de três metros de comprimento espaçadas 90 cm entre linhas e 20 cm entre plantas. A semeadura dos experimentos foi realizada no final de setembro de 2012, sendo colocadas 20 sementes por parcela; 20 dias após a germinação foi efetuado o desbaste, procurando-se manter um estande de 15 plantas parcela⁻¹. A testemunha utilizada nos experimentos com famílias de meios-irmãos foi o híbrido comercial DOW 2B 587, intercalado a cada 10 parcelas. Nas famílias S_1 não foi utilizada testemunha intercalar.

3.2.3. Caracteres avaliados

Foram avaliados nove caracteres no experimento realizado em Rio Verde, e doze caracteres no experimento de Anhembi, sendo que a avaliação de dois dos doze caracteres foi realizada somente nas famílias de meios-irmãos (o número de ramificações e comprimento do pendão). Os caracteres são descritos a seguir:

- Altura de planta (AP): avaliadas em quatro plantas competitivas na parcela; a altura de planta foi medida em metros, da superfície do solo até a inserção da última folha (folha bandeira). A avaliação de AP foi realizada somente em duas das três repetições.
- Altura de espiga (AE): avaliadas pelos mesmos critérios adotados para altura de planta; a altura de espiga foi medida em metros, da superfície do solo até a inserção basal da primeira espiga. A avaliação de AE foi realizada somente em duas das três repetições.
- Número de plantas (NP): avaliado no momento em que a parcela atingiu a maturação fisiológica, contando-se o número de plantas na unidade experimental.
- Número de espigas (NE): após a colheita das espigas, efetuou-se a contagem do número total de espiga em cada parcela.
- Diâmetro de espiga (DE): foram tomadas quatro espigas ao acaso para avaliação. Para tanto, foi utilizada uma escala graduada, onde as quatro espigas foram

colocadas lado a lado sobre a régua, alternadamente em relação à posição da base da espiga; a medida foi feita em centímetros.

- Comprimento de espiga (CE): avaliados através do mesmo procedimento adotado para o diâmetro de espiga. As quatro espigas tomadas aleatoriamente, foram colocadas em sequência linear sobre a régua, onde foi medido, em centímetros, o comprimento total das quatro espigas.

- Peso de espigas (PE): após a colheita, as espigas despalhadas foram levadas ao galpão onde foi realizada a pesagem. Foi utilizada uma balança eletrônica, com capacidade máxima para 10 kg e com sensibilidade para 10 gr.

- Peso de grãos (PG): cada parcela foi debulhada e os grãos pesados.

- Peso de quatro espigas (PE₄): foram tomadas quatro espigas ao acaso para avaliação deste caráter.

- Peso de grãos de 4 espigas (PG₄): as quatro espigas tomadas ao acaso foram debulhada e os grãos pesados. - Número de ramificações do pendão (NR): foram cortados quatro pendões ao acaso, e levados para o laboratório para realizar a contagem do número total de ramificações do pendão, envolvendo o eixo central e as ramificações laterais. O corte foi realizado abaixo das ramificações, após o florescimento.

- Comprimento do pendão (CP): foram cortados quatro pendões ao acaso para avaliação deste caráter. Para tanto, foi utilizada uma escala graduada, onde o pendão foi colocado sobre a régua; a medida foi feita em centímetros.

- Avaliação da doença complexo de enfezamento (ACE): esta avaliação foi realizada de acordo com a escala de notas de 1 a 5, onde 1 não há presença da doença e 5 quando a planta tem mais de 75% da área foliar tomada pela doença.

- Avaliação de doença foliar (ADF): esta avaliação foi realizada de acordo com a escala diagramática da Agroceres, utilizando notas de 1 a 9, onde 1 corresponde a resistência e 9 totalmente suscetível para as doenças prevalentes no ensaio.

Para os ensaios de Rio Verde, foram realizadas correções nos caracteres PE e PG para o número de espiga ideal (20 espigas), através da metodologia de correção por covariância, sugerida por Miranda Filho, J.B. (Vencovsky & Barriga, 1992). A partir das análises de variância e covariância para número de espiga e produção, em blocos casualizados, estimou-se o coeficiente de regressão linear (b),

obtido por $b = SP_{xy}/SQ_x$ sendo x o número de espiga e y a produção; SP_{xy} a soma de produtos residual de análise de covariância (número de espiga x produção); SQ_x é a soma de quadrados residual da análise de variância para número de espigas.

A correção foi efetuada ao nível de totais de parcelas, ao invés de médias de tratamentos. Assim, o peso de campo corrigido (P_c) foi obtido do seguinte modo:

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

P_c : peso corrigido de espigas ou de grãos;

P : peso observado de espigas ou de grãos;

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

x : número de espiga observado.

Nos ensaios realizados em Anhembi, foi utilizada a mesma metodologia descrita acima para correção no caráter peso de espiga, porém foi utilizado para correção do número de plantas ao invés do número de espiga, considerando o estande ideal de 15 plantas parcela⁻¹.

3.2.4. Análise Estatística

3.2.4.1. Análise de variância

A partir das variáveis obtidas nos experimentos, foram realizadas as análises de variâncias, considerando o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} = é a observação da i -ésima família no bloco j ;

m = é a média geral das observações;

g_i = é o efeito de tratamento suposto aleatório, com distribuição normal e independente distribuído com média zero e variância σ_G^2 ;

b_j = é o efeito de repetições suposto aleatório;

e_{ij} : é o erro experimental suposto aleatório.

O esquema da análise de variância individual para cada variável, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, está apresentado na tabela 2.

Tabela 2. Esquema do resultado de análise de variância individual e esperanças de quadrado médio para modelos em blocos ao acaso

FV	GL	QM	E (QM)
Repetições	J-1	QMB	$\sigma^2 + t\sigma_b^2$
Tratamento	I-1	QMT	$\sigma^2 + r\sigma_G^2$
Erro	(J-1)(I-1)	QMR	σ^2

3.2.4.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2006). As estimativas de parâmetros estatísticos-genéticos foi realizada para as variáveis avaliadas de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky & Barriga (1992), Nass et al. (2001) e Cruz et al. (2004) e:

Variância genética entre famílias de meios-irmãos ou famílias S_1 (σ_G^2)

$$\sigma_G^2 = \frac{QMT - QMR}{r}$$

Variância fenotípica entre médias de famílias de meios-irmãos (σ_F^2)

$$\sigma_F^2 = \frac{QMT}{r}$$

Variância genética aditiva entre famílias de meios-irmãos (σ_A^2)

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_G^2$$

Coefficiente de herdabilidade para médias de famílias (h_m^2)

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

Coefficiente de variação ambiental ($CV_e\%$)

$$CV_e\% = 100 \frac{\sqrt{QMR}}{m}$$

Coefficiente de variação genética ($CV_g\%$)

$$CV_g\% = 100 \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{m}$$

Índice de variação (θ)

$$\theta = \frac{CV_g}{CV_e}$$

em que:

QMT é o quadrado médio de tratamento;

QMR é o quadrado médio de resíduo;

r é o número de repetições;

m é a média da população original.

Ganho esperado por seleção (G_S)

$$G_S = d_s \cdot h$$

d_s é o diferencial de seleção (diferença entre a média das famílias selecionadas e a média da população original);

O ganho de seleção calculado em resposta à seleção direta praticada nos experimentos realizados em Jataí para peso de grãos em famílias de meios-irmãos de cada população ($G_S\%$), é dado pela seguinte expressão:

$$G_S \% = 100 \frac{G_S}{m}$$

Os cálculos das estimativas de depressão endogâmica foi realizada a partir das seguintes expressões :

Depressão por endogamia em porcentagem (DP)

$$DP = 100 \frac{m_0 - m_1}{m_0}$$

Contribuição dos Homozigotos ($\mu + a^*$)

$$\mu + a^* = 2 (m_1 - m_0)$$

Contribuição dos heterozigotos (d^*)

$$d^* = 2m_0 - m_1$$

em que:

m_0 é a média da população base (famílias de meios-irmãos);

m_1 é a média das famílias S_1 .

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O presente trabalho apresenta resultados referentes à variabilidade genética, potencial produtivo, estimativas de depressão por endogamia e comportamento quanto à resistência ao complexo de enfezamento de três populações semixóticas de milho obtidas por introgressão de germoplasma exótico, via CIMMYT (*Centro Nacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo, Colômbia*); a avaliação tem por base a análise da variabilidade genética em caracteres quantitativos, sob condições de plantio de “safrinha” na região de Rio Verde/GO e sob condições de plantio de “safra” na estação experimental da ESALQ-USP em Anhembi/SP. Para efeito de discussão, os dois experimentos serão tratados de forma individualizada.

4.1. Experimento Rio Verde/GO

4.1.1. Médias e coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$)

Os valores médios obtidos para as sete variáveis analisadas nas três populações semiexóticas, referentes a famílias de meios-irmãos e às testemunhas, considerando as médias dos experimentos agrupados, encontram-se na tabela 3. Os resultados são apresentados na sequência, CRE-01 → CRE-02 → CRE-03.

A média geral do número de espiga para as três populações foram de 17,3; 16,9 e 17,5 que correspondem a 101,2%; 96,0% e 92,1% da testemunha. O número de espiga foi utilizado para correção de peso de espiga e de grãos, considerando o valor ideal de vinte espigas por parcela. Muitos trabalhos utilizam o estande para esta correção, porém neste trabalho não houve correspondência esperada do número de plantas com o número de espiga por parcela pelo fato de plantas que sobreviveram até a colheita, não produziram espiga, provavelmente devido ao ataque de alguma praga de solo ou por alguma outra reação que tenha prejudicado o desenvolvimento da planta, porém este mau desenvolvimento ocorreu ao acaso somente em algumas parcelas, não prejudicando os experimentos como um todo.

Assim o número de espiga por parcela reflete o número de plantas que efetivamente produziram espigas.

Tabela 3. Médias da população (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_l), média da testemunha, porcentagem em relação a testemunha ($m\%$) e coeficiente de variação (CV%) para sete caracteres em famílias de meios irmãos de três populações semiexóticas. Rio Verde, 2012

População	Φ	Caracteres						
		NE	AP	AE	DE	CE	PE	PG
CRE 01 [n= 200]	m_0	17,3	246,7	141,3	4,7	15,1	7,21	5,68
	m_s	24,0	281,0	180,0	5,3	19,3	9,78	7,94
	m_l	8,00	205,0	100,0	4,0	10,0	4,83	3,44
	m_T	17,1	215,4	112,7	4,9	14,7	9,21	8,01
	$m\%$	101,2	114,5	125,4	95,9	102,7	78,28	70,91
	CV %	11,8	5,6	8,6	4,3	7,0	9,9	11,1
CRE 02 [n= 180]	m_0	16,9	247,7	147,4	4,7	15,4	7,39	5,83
	m_s	24,0	284,0	190,0	5,5	19,0	10,06	8,0
	m_l	8,00	211,0	100,0	4,0	10,8	4,56	3,5
	m_T	17,6	222,2	118,2	4,8	14,5	9,22	8,17
	$m\%$	96,0	111,5	124,7	97,9	106,2	80,15	71,36
	CV %	13,3	4,9	7,7	4,5	7,3	9,6	10,7
CRE 03 [n= 180]	m_0	17,5	261,3	156,6	4,7	15,2	7,48	5,83
	m_s	23,0	300,0	190,0	5,5	19,8	10,06	8,33
	m_l	2,00	200,0	113,0	4,3	11,8	4,83	3,66
	m_T	19,0	231,8	126,9	4,9	14,8	9,54	8,28
	$m\%$	92,1	112,7	123,4	95,9	104,8	78,41	70,41
	CV %	11,9	4,5	7,6	4,0	6,8	8,7	9,7

* Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de grãos ($t\ ha^{-1}$) corrigidos para número de espiga (NE); PG: peso de grãos ($t\ ha^{-1}$) corrigidos para NE.

[n] = número de famílias avaliadas de cada população.

Para as características altura de planta (cm) e altura de espiga (cm) as médias gerais foram de 246,7; 247,7; 261,3 e 141,3; 147,4; 156,6, respectivamente. As médias foram superiores as médias encontradas em um trabalho realizado em cinco municípios do estado de Goiás, onde foi avaliado 49 cultivares de milho safrinha (CAMPOS et al., 2010), portanto é necessário realizar seleções para redução da AP e AE das três populações ou realizar cruzamentos com variedades ou híbridos que propiciem uma redução destas características. Para as populações

CRE-01 e CRE-02 as variáveis altura de planta e de espiga são classificadas como intermediárias quando comparadas com outras populações semiexóticas. Em relação às populações semiexóticas, alguns trabalhos apresentam resultados médios para AP e AE que mostram valores superiores (GOODMAN, 1965; SHAUMAN, 1971) ou inferiores (TROYER; BROWN, 1972; GENTER, 1976) que as médias da população local dependendo dos germoplasmas exóticos que participaram nos cruzamentos e da população base utilizada. Ambas, as variáveis são importantes no melhoramento de milho, visto que a redução destas pode conferir vantagens, tais como maior resistência ao acamamento, facilidade de colheita e plantio mais denso (SAMPAIO, 1986).

A média geral do diâmetro de espiga foi igual para as três populações, apresentando um valor de 4,7 cm, que corresponde em média a 96,6% da testemunha. Para a característica comprimento de espiga as médias gerais foram de 15,1, 15,4 e 15,2 que correspondem a 102,7%, 106,2% e 104,8% da testemunha. Estes resultados indicam que as populações apresentam valores padrões para estas duas características, quando comparadas ao híbrido comercial. Pode-se observar que as médias em relação ao comprimento de espiga apresentam pequenas variações quando comparadas as populações. Outros trabalhos apresentam, em valores médios, diâmetro de espiga variando de 4,2 a 4,8 e comprimento de espiga variando de 15,0 a 17,5 (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008; GARBUGLIO et al., 2009).

Para as variáveis peso de espiga ($t\ ha^{-1}$) e peso de grãos ($t\ ha^{-1}$), as médias gerais foram 7,21, 7,39, 7,48 e 5,68, 5,83, 5,83, respectivamente, sendo que as médias para peso de grãos correspondem a 70,91%, 71,36% e 70,41% em relação a média da testemunha. Outro estudo realizado com as populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, porém com um número menor de famílias avaliadas por populações, apresentaram médias de peso de espiga 5,86, 6,19 e 5,31, respectivamente (OLIVEIRA et al., 2012), indicando o bom potencial produtivo destas populações semiexóticas. A boa performance das populações podem ser explicadas devido aos testadores utilizados (P-3041, CMS-14C e ESALQ-PB23) serem adaptados ao clima tropical e apresentarem boa produtividade e considerando que a testemunha DAS (2B710) é um híbrido comercial com elevado potencial produtivo, pode-se constatar

que as populações estudadas, no presente trabalho, apresentaram altas produtividades.

Os coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), para a variável número de espiga oscilaram entre 11,8% para a população CRE-01 e 13,3% para a população CRE-02. As variáveis altura de planta e altura de espiga apresentaram como valores mínimos 4,50% e 7,60% para a população CRE-03 e valores máximos 5,60% e 8,60% para a população CRE-01, respectivamente. Nos caracteres diâmetro de espiga e comprimento de espiga observou-se valores entre 4,00% e 6,80% para a população CRE-03 e 4,50% e 7,30% para a população CRE-02, respectivamente. A variável peso de espiga apresentou valores entre 8,70% para a população CRE-03 e 9,90% para CRE-01. Peso de grãos apresentou valor mínimo 9,70% para a população CRE-03 e máximo 11,1% para CRE-01. Segundo a classificação para os coeficientes de variação ambiental para a cultura do milho proposta por Scapim et al. (1995), as variáveis NE, AP, AE e PG apresentaram valores de coeficiente médio, indicando boa precisão experimental e a variável PE apresentou valores de coeficientes baixo, indicando alta precisão experimental.

A figura 1 apresenta as porcentagens das famílias com suas respectivas produtividades e, apesar da média das populações serem em torno de $5,7 \text{ t ha}^{-1}$, algumas famílias apresentaram médias superiores a $7,0 \text{ t ha}^{-1}$ e este resultado indica que as três populações possui variabilidade genética para produção e são passivas para serem utilizadas em programas de seleção recorrente, podendo atingir produtividades superiores a partir de seleções para esta característica.

As avaliações de incidência de doença (porcentagem de área foliar afetada por lesão) para todas as populações com as porcentagens de famílias para cada nota na escala de avaliação estão apresentadas na figura 2. A avaliação média de doença foliar para as três populações apresentaram comportamento intermediário de grau de resistência, porém algumas famílias apresentaram valores médios de 2,5, sendo consideradas resistentes. A partir destes resultados é possível observar variabilidade genética nas três populações considerando esta característica e prever ganhos com a seleção das famílias mais resistentes.

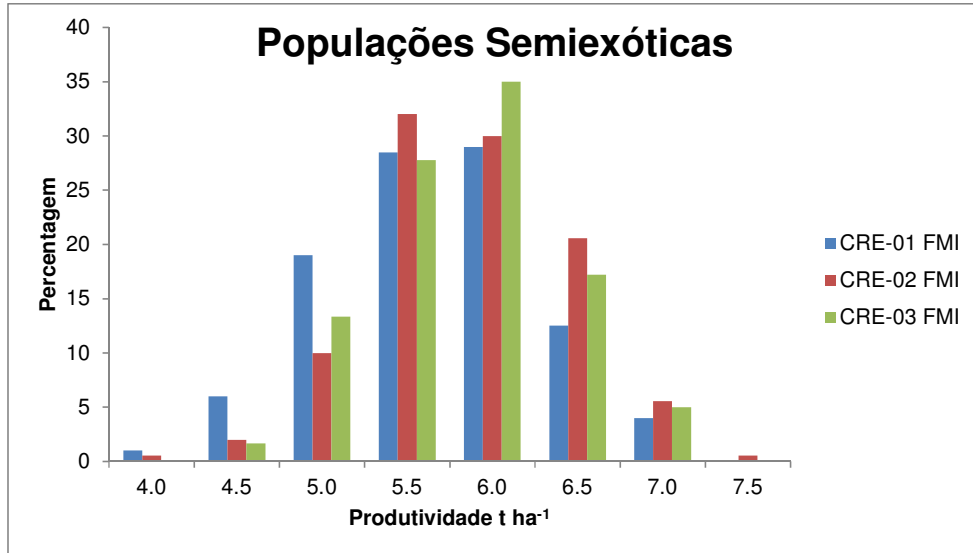


Figura 1. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de produtividade nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03. Rio Verde, 2012

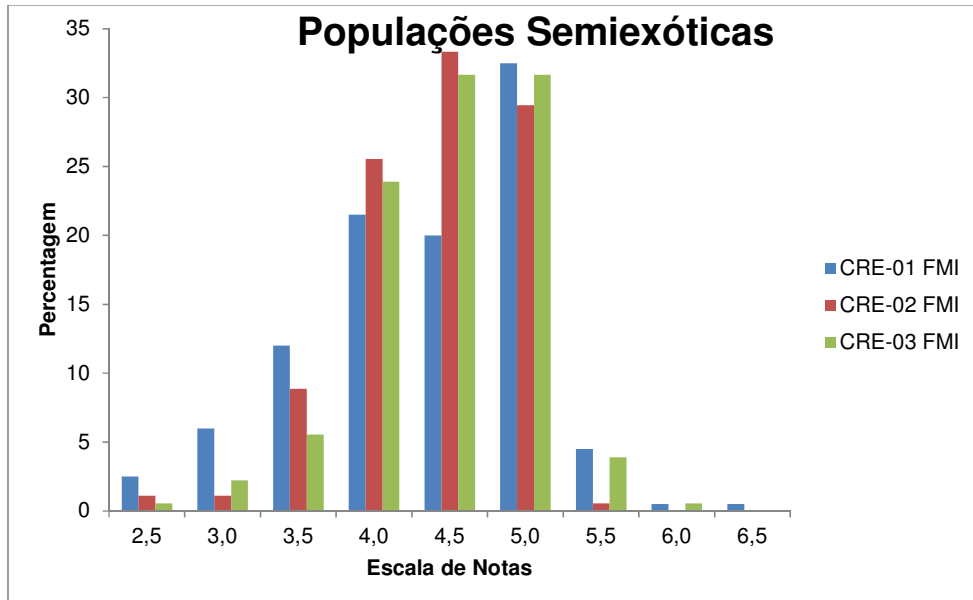


Figura 2. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de avaliação de doença foliar nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03, de acordo com a escala de notas. Rio Verde, 2012

4.1.2. Análise de variância

Pelas análises de variâncias observou-se que a relação entre o maior e o menor valor de QM_{Erro} foi de 1,79, indicando que as variâncias do erro experimental podem ser consideradas homogêneas (PIMENTEL GOMES, 2009), permitindo então que os experimentos de cada população sejam analisados de forma agrupados.

Com base nos resultados das análises de variâncias dos experimentos individuais das três populações (Tabela 4 a 6), foram detectadas diferenças significativa ($\alpha \leq 0,01$) para as variáveis diâmetro de espiga, peso de espiga e peso de grãos nas populações CRE-01 e CRE-02 e na população CRE-03 comprimento de espiga, peso de espiga e de grãos, sendo que para as outras variáveis alguns experimentos não apresentaram diferença significativa ao nível de 5% de probabilidade e outros experimentos apresentaram significância somente ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F.

Nas análises de variâncias dos experimentos agrupados das três populações (Tabela 4 a 6), foram detectadas diferenças significativas para todas as variáveis avaliadas no estudo. Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética nas três populações, permitindo estimar os componentes de variância e outros parâmetros genéticos.

Tabela 4. Quadrados médios da análise de variância de quatro experimentos individuais e agrupados com relação a sete caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos para a população semiexótica CRE- 01. Rio Verde, 2012

Caracteres	Fonte de variação f	Quadrados médios						Agrupados
		⁽¹⁾ GL	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	⁽²⁾ GL	
AP	Família	49	186,4 ^{NS}	267,4 ^{NS}	368,4 ^{NS}	348,5 ^{**}	199	299,6 ^{**}
	Erro	49	143,0	193,0	256,4	176,1	199	191,7
AE	Família	49	181,9 ^{NS}	220,4 [*]	214,4 ^{NS}	284,6 [*]	199	246,6 ^{**}
	Erro	49	121,5	131,6	190,5	148,3	199	147,7
DE	Família	49	0,082 ^{**}	0,086 ^{**}	0,092 ^{**}	0,086 ^{**}	199	0,086 ^{**}
	Erro	98	0,043	0,034	0,042	0,042	398	0,041
CE	Família	49	1,914 [*]	2,322 ^{**}	1,775 ^{**}	3,507 ^{**}	199	2,405 ^{**}
	Erro	98	1,118	1,080	0,989	1,125	398	1,113
NE	Família	49	5,541 ^{NS}	9,232 ^{**}	12,42 ^{**}	10,16 ^{**}	199	9,263 ^{**}
	Erro	98	4,232	3,895	3,869	4,145	398	4,128
PE	Família	49	691,1 ^{**}	533,8 ^{**}	349,9 ^{**}	488,9 ^{**}	199	546,5 ^{**}
	Erro	98	169,7	164,9	174,4	132,4	398	164,1
PG	Família	49	434,5 ^{**}	382,1 ^{**}	263,0 ^{**}	325,4 ^{**}	199	365,4 ^{**}
	Erro	98	156,8	116,2	128,78	93,66	398	128,3

[†] Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de grãos (t ha⁻¹) corrigidos para número de espiga (NE); PG: peso de grãos (t ha⁻¹) corrigidos para NE.

^{(1),(2)}: graus de liberdade nos experimentos individuais e agrupados, respectivamente.

^{**}, ^{*}, ^{NS}: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

Tabela 5. Quadrados médios da análise de variância de quatro experimentos individuais e agrupados com relação a sete caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos para a população semiexótica CRE- 02. Rio Verde, 2012

Caracteres	Fonte de variação f	Quadrados médios						Agrupados
		⁽¹⁾ GL	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	⁽²⁾ GL	
AP	Família	44	276,5 **	207,2 ^{NS}	207,9 ^{NS}	305,1 **	179	277,6 **
	Erro	44	130,1	143,1	155,8	141,8	179	148,6
AE	Família	44	218,1 **	176,1 ^{NS}	273,8 **	266,0 *	179	247,0 **
	Erro	44	86,23	136,8	126,4	141,0	179	127,2
DE	Família	44	0,136 **	0,108 **	0,111 **	0,163 **	179	0,128 **
	Erro	88	0,040	0,042	0,058	0,043	358	0,044
CE	Família	44	2,050 ^{NS}	1,999 **	3,059 **	2,529 **	179	2,439 **
	Erro	88	1,403	1,040	1,429	1,157	358	1,256
NE	Família	44	5,512 ^{NS}	8,946 **	8,894 *	9,055 *	179	8,045 **
	Erro	88	3,821	4,516	5,157	5,839	358	4,992
PE	Família	44	449,1 **	538,6 **	671,2 **	416,7 **	179	516,3 **
	Erro	88	136,4	142,6	194,0	183,5	358	162,9
PG	Família	44	298,1 **	334,9 **	396,1 **	278,7 **	179	325,4 **
	Erro	88	99,36	118,2	152,2	136,3	358	125,6

[†] Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de grãos (t ha⁻¹) corrigidos para número de espiga (NE); PG: peso de grãos (t ha⁻¹) corrigidos para NE.

^{(1), (2)}: graus de liberdade nos experimentos individuais e agrupados, respectivamente.

**, *, ^{NS}: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

Tabela 6. Quadrados médios da análise de variância de quatro experimentos individuais e agrupados com relação a sete caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos para a população semiexótica CRE- 03. Rio Verde, 2012

τ	Caracteres	Fonte de variação	Quadrados médios					
			⁽¹⁾ GL	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	⁽²⁾ GL
AP	Família	44	232,1*	235,0 ^{NS}	193,8*	187,6 ^{NS}	179	222,9**
	Erro	44	122,1	182,1	96,82	127,0	179	136,6
AE	Família	44	288,7**	321,4**	197,82 ^{NS}	208,7 ^{NS}	179	269,9**
	Erro	44	86,04	92,23	191,07	150,13	179	139,9
DE	Família	44	0,106**	0,079**	0,067 ^{NS}	0,088**	179	0,087**
	Erro	88	0,036	0,033	0,045	0,032	358	0,037
CE	Família	44	2,615**	2,385**	2,297**	2,057**	179	2,334**
	Erro	88	1,348	1,020	0,892	1,091	358	1,081
NE	Família	44	7,327**	6,639 ^{NS}	21,04**	6,394 ^{NS}	179	10,19**
	Erro	88	3,889	4,643	3,853	4,890	358	4,346
PE	Família	44	558,6**	410,0**	389,6**	327,8**	179	429,4**
	Erro	88	128,37	138,60	159,22	118,96	358	137,07
PG	Família	44	380,2**	300,3**	228,1**	232,6**	179	297,4**
	Erro	88	83,81	121,64	111,28	90,15	358	103,54

τ Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de grãos (t ha⁻¹) corrigidos para número de espiga (NE); PG: peso de grãos (t ha⁻¹) corrigidos para NE.

⁽¹⁾, ⁽²⁾: graus de liberdade nos experimentos individuais e agrupados, respectivamente.

**, *, ^{NS}: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

4.1.3. Estimativas de parâmetros estatístico-genéticos

As estimativas de parâmetros estatístico-genéticos foram obtidas para todas as variáveis com base nas análises de variâncias dos experimentos agrupados para as três populações. Os resultados dos componentes genéticos estão apresentados na tabela 7.

4.1.3.1. Altura de planta e altura de espiga

Em relação a variável altura de planta, verificou-se a que a população CRE 01 apresentou a maior variância fenotípica com o valor de 149,81 cm² em relação às

Tabela 7. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica entre FMI (σ_G^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade com base em média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para seis caracteres em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Rio Verde, 2012

Estimativas	* Caracteres					
	AP	AE	DE ^[1]	CE ^[2]	PE	PG
População CRE-01						
σ_F^2	149,8	123,3	2,85	8,01	182,2	121,8
σ_G^2	53,98	49,42	1,50	4,30	127,5	79,03
σ_A^2	215,9	197,7	6,00	17,2	509,9	316,1
h_m^2	0,36	0,40	0,53	0,54	0,70	0,65
CVg	2,98	4,97	2,59	4,34	8,70	8,70
θ	0,53	0,58	0,61	0,62	0,88	0,79
Ds	- 2,90	- 3,30	0,07	0,60	21,40	18,6
Gs	- 1,04	- 1,32	0,04	0,32	14,98	12,07
Gs%	- 0,42	- 0,93	0,84	2,12	11,54	11,81
População CRE-02						
σ_F^2	138,8	123,5	4,25	8,13	172,1	108,5
σ_G^2	64,53	59,93	2,79	3,94	117,8	66,60
σ_A^2	258,1	239,7	11,1	15,6	471,2	266,4
h_m^2	0,47	0,49	0,66	0,49	0,69	0,61
CVg	3,24	5,25	3,56	4,09	8,16	7,77
θ	0,66	0,69	0,80	0,56	0,85	0,73
Ds	4,30	2,70	0,10	0,40	20,47	17,42
Gs	2,02	1,32	0,07	0,20	14,12	10,63
Gs%	0,81	0,89	1,40	1,27	10,62	10,12
População CRE-03						
σ_F^2	111,4	134,9	2,90	7,78	143,1	99,12
σ_G^2	43,11	64,99	1,68	4,17	97,43	64,61
σ_A^2	172,4	259,9	6,75	16,8	389,7	258,4
h_m^2	0,39	0,48	0,58	0,54	0,68	0,65
CVg	2,51	5,15	2,73	4,25	7,33	7,66
θ	0,56	0,68	0,68	0,62	0,84	0,79
Ds	0,30	- 1,33	0,06	0,08	17,57	14,97
Gs	0,12	- 0,64	0,04	0,04	11,95	9,731
Gs%	0,05	- 0,41	0,84	0,26	8,87	9,274

* Caracteres – AP: altura de planta (cm planta⁻¹); AE: altura de espiga (cm planta⁻¹); DE: diâmetro de espiga (cm espiga⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm espiga⁻¹); PE: peso de grãos (g planta⁻¹); PG: peso de grãos (g planta⁻¹).

[1], [2] valores de variâncias multiplicados por 10⁻² e 10⁻¹, respectivamente.

outras duas populações. Porém, em relação às estimativas de variância genética aditiva o maior valor observado foi de 258,12 cm² na população CRE-02, e além de

apresentar a maior variabilidade, a mesma também apresentou média para altura de planta favorável para ser utilizada em programas de melhoramento de milho. Para a variável altura de espiga, observou-se a maior variância fenotípica e genética aditiva para a população CRE-03 com valores de 134,94 e 259,96 cm², respectivamente.. As estimativas de variância genética aditiva de altura de planta e altura de espiga foi menor em relação a outros trabalhos (CANDIDO et al., 2011; ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008), mas os valores refletem um bom potencial genético para fins de seleção.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade para médias de famílias para altura de planta ficou compreendida entre os valores 0,36 (CRE-01) e 0,47 (CRE-02) e para altura de espiga os valores 0,40 (CRE-01) e 0,49 (CRE-02). As populações que apresentaram os menores e maiores valores de herdabilidade para AP e AE foram as mesmas, no entanto, verificou-se uma maior variação e maiores valores na variável AE. Os valores para as duas variáveis ficaram abaixo dos valores encontrados para populações semiexóticas (OLIVEIRA et al., 2012; RODRIGUES, 2013) e próximos aos encontrados para famílias de meios-irmãos com um e dois ciclos de seleção recorrente (LIMA NETO; SOUZA JÚNIOR, 2009). Os baixos valores indicam que as populações apresentam pouca variabilidade genética para as duas variáveis e apesar destas características normalmente serem pouco influenciadas pelo ambiente, obtendo maiores valores de herdabilidade, esta estimativa depende muito do material genético e do ambiente onde está sendo realizado o experimento.

A relação entre CV_g e CV_e (índice θ), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (VENCOVSKY, 1987). Como exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde, Vencovsky e Barriga (1992), sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção. Para a variável AP e AE nenhuma das populações apresentaram valores iguais ou superiores a 1, sendo que os maiores índices foram observados na população CRE-02 com valores de 0,66 e 0,69 para AP e AE, respectivamente. Estes valores indicam que a seleção não seria tão efetiva para a redução destes caracteres, devido às causas variáveis e não genéticas existentes.

4.1.3.2. Diâmetro de espiga e comprimento de espiga

Para a variável DE nas três populações, os componentes das variâncias fenotípica e genética aditiva foram estimados em 2,85; 4,25; 2,90 e 6,00; 11,1; 6,75; respectivamente, sendo que a população CRE-02 foi a que apresentou os maiores valores das variâncias. Em relação a variável CE, os valores estimados destas variâncias foram de 8,01; 8,13 e 7,78 para variância fenotípica e 17,2; 15,6, e 16,8 para variância genética aditiva e o maior valor de variância fenotípica foi apresentado na população CRE-02 e para a variância genética aditiva a população CRE-03 apresentou valor superior em relação às outras populações.

Para o coeficiente de herdabilidade considerando médias de famílias os valores ficaram compreendidos entre 0,53 (CRE-01) e 0,66 (CRE-02) para a variável DE e entre 0,49 (CRE-02) e 0,54 (CRE-01 e CRE-03) para a variável CE. As estimativas do coeficiente de herdabilidade média foi menor em relação a outro trabalho com famílias de meios-irmãos (KIST, 2010). A população CRE-02 apresentou o maior e o menor índice θ para a variável DE e para a variável CE, respectivamente; porém para estas duas variáveis não foi encontrado em nenhuma população índice θ igual ou superior a 1, o que indica uma condição não favorável para seleção nestas três populações.

4.1.3.3. Peso de espiga e peso de grãos

A população CRE-01 se destacou por apresentar os maiores valores de variâncias fenotípica e genética aditiva, sendo estes valores compreendidos em 182,2 e 509,9 para a variável PE e 121,8 e 316,1 para a variável PG, respectivamente. Os menores valores destas variâncias foram observados na população CRE-03, apresentando variâncias fenotípica e genética aditiva de 143,1 e 389,7 para variável PE e 99,12 e 258,4 para a variável PG, respectivamente. Apesar da população CRE-01 apresentar a maior variância genética, a média observada para este caráter foi a menor em relação às outras duas populações, porém a diferença entre as médias de PG (3%) é baixa. A magnitude de variância genética

aditiva estimada para estas duas variáveis foram similares aos valores encontrados por Andrade e Miranda Filho (2008); Lima Neto e Souza Júnior (2009).

As estimativas do coeficiente de herdabilidade para a variável PE ficou compreendida entre 0,68 (CRE-03) e 0,70 (CRE-01) e para a variável PG entre 0,61 (CRE-02) e 0,65 (CRE-01 e CRE-03). Assim, a maior parte da variação fenotípica apresentada para esses dois caracteres pelas populações semiexóticas de milho é de causa genética. Em ambas as características foram encontrados valores considerados altos. No entanto, estas variáveis são bastante influenciadas pelo ambiente, apresentando coeficiente de herdabilidade baixo ou intermediários, porém este componente está relacionado com as características da população e o ambiente, podendo, portanto apresentar valores baixos, intermediários e altos. Os valores dos índices θ para PE variaram entre 0,84 (CRE-03) e 0,88 (CRE-01) e para PG entre 0,73 (CRE-02) e 0,79 (CRE-01 e CRE-03), estes valores indicam uma condição razoavelmente favorável à seleção. Faluba et al. (2010), avaliando o potencial genético da população de milho UFV7 verificaram estimativa de herdabilidade e índice de variação para produção de grãos similares aos encontrados neste trabalho.

No que se refere aos ganhos esperados com seleção, em relação ao peso de grãos foi realizada uma seleção para cada população utilizando uma intensidade de seleção de 10% para a população CRE-01 e 11% para as populações CRE-02 e CRE-03 com o objetivo de verificar o efeito desta na mesma variável e em outras variáveis. Foi realizada a seleção direta obtendo as vinte famílias de meios-irmãos mais produtivas de cada população. Os efeitos de seleção direta sobre as variáveis em estudo foram calculados pelos ganhos de seleção nas unidades trabalhadas (G_S) e em valores percentuais ($G_S\%$). Para calcular os efeitos indiretos nas demais variáveis foi utilizado o diferencial de seleção (D_S), uma vez que este serve como indicativo da magnitude do aumento ou decréscimo no valor médio de uma dada variável, em função da seleção praticada. Estimativas do coeficiente de herdabilidade também são úteis para fazer inferência sobre o progresso por seleção.

Com base na tabela 7 é possível verificar um ganho de seleção para peso de grãos de 11,81%; 10,12% e 9,27% para as populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente. Também é possível verificar que a seleção direta para os valores

médios de peso de grãos acarretou uma redução da variável altura de planta da população CRE-01 e da variável altura de espiga das populações CRE-01 e CRE-03, sendo que para a população CRE-02 houve um aumento em ambas as variáveis. Em relação às variáveis diâmetro de espiga e comprimento de espiga houve um acréscimo em todas as populações, sendo que a população CRE-02 foi a que apresentou o maior valor para diâmetro de espiga e a população CRE-01 o maior valor para comprimento de espiga. Os valores de ganho de seleção esperado foi superior a outros valores encontrados para população ESALQ-PB1 por Andrade e Miranda Filho (2008).

4.2. Experimento Anhembi – SP

4.2.1. Médias e coeficientes de variação experimental (CVe%)

Os valores médios obtidos para as dez e oito variáveis analisadas em famílias de meios-irmãos e famílias S_1 , respectivamente, nas três populações semiexóticas e nas testemunhas, encontram-se nas tabelas 8 e 9. Os resultados são apresentados na sequência, CRE-01 → CRE-02 → CRE-03.

Para famílias de meios irmãos o número médio de plantas por parcela (NP) para as três populações foi de 14,1, 14,6 e 14,6 que correspondem a 95,3, 94,2 e 95,4% da testemunha, respectivamente. Nas famílias S_1 , as médias foram de 13,8, 12,7 e 13,9. Portanto, pode ser observado que a endogamia de 50% (valor esperado em famílias S_1) afetou a variável NP, isso ocorre devido a maior carga genética existente nas famílias endogâmicas em relação a FMI, prejudicando o desenvolvimento das plantas. A população CRE-02 foi a que apresentou o maior decréscimo (13,01%), indicando que esta população é mais sensível a endogamia em relação a este caráter. É importante salientar que essa variável é uma das principais responsáveis pelo potencial produtivo.

Observou-se para o caráter número de ramificações do pendão, valores de maior magnitude na população CRE-03, com média igual a 19,9. Na variável comprimento de pendão o maior valor médio foi encontrado para a população CRE-02, com média de 42,4 cm. Farias Neto e Miranda Filho (2001), trabalhando com a

Tabela 8. Médias da população (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_i), média da testemunha, percentagem em relação a testemunha ($m\%$) e coeficiente de variação ($CV\%$) para dez caracteres em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012

Variável f	Estimativas					
	m_0	m_s	m_i	m_T	$m\%$	$CV\%$
População CRE-01						
NP	14,1	17	12	14,8	95,3	9,4
NR	16,8	20,9	11,6	16,1	104,4	14,1
CP	39,8	46,0	34,4	37,8	105,3	5,97
AP	212,5	241,9	170,6	174,6	121,7	5,89
AE	120,1	150,0	90,6	93,7	128,2	7,32
CE	17,9	20,0	16,0	16,9	105,9	5,27
DE	5,01	5,38	4,31	5,41	92,6	4,45
PE	10,61	12,96	6,88	12,67	83,7	11,0
PE4	10,16	12,66	7,16	12,26	82,9	10,1
PG4	8,54	10,84	6,44	10,93	78,1	12,0
População CRE-02						
NP	14,6	16,0	11,0	15,5	94,2	6,8
NR	18,9	24,0	13,5	17,0	111,2	16,2
CP	42,4	48,4	37,9	41,1	103,2	6,15
AP	237,9	273,1	205,6	188,5	126,2	4,75
AE	136,9	165,0	110,0	99,38	137,8	7,79
CE	18,1	20,0	16,1	16,7	108,4	6,30
DE	4,99	5,44	4,5	5,4	92,5	4,31
PE	10,42	13,02	7,93	12,68	82,2	13,5
PE4	10,62	13,31	8,09	12,38	85,8	10,5
PG4	8,68	10,16	6,59	10,75	80,7	11,7
População CRE-03						
NP	14,6	17,0	12,0	15,3	95,4	7,6
NR	19,9	26,1	14,1	16,7	119,2	12,2
CP	41,0	44,9	36,1	39,3	104,3	5,38
AP	241,4	280,6	191,9	192,5	125,4	6,14
AE	139,9	170,6	106,3	103,2	135,6	7,84
CE	17,9	19,9	16,3	16,4	109,2	5,09
DE	5,07	5,56	4,63	5,30	95,7	4,40
PE	10,84	12,78	8,59	12,61	86,0	12,1
PE4	11,38	13,53	9,38	12,44	91,5	8,36
PG4	9,44	11,16	7,78	10,98	86,0	9,27

¹NP- número de plantas, NR – número de ramificações do pendão, CP – comprimento do pendão, AP – altura de planta, AE – altura de espiga, CE – comprimento de espiga, DE – diâmetro de espiga, PE – peso de espiga da parcela, PE₄ – peso de quatro espiga, PG₄ – peso de grãos de quatro espiga.

Tabela 9. Médias (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_i) e coeficiente de variação (CV%) para oito variáveis em famílias S_1 de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012

Estimativas	[‡] Caracteres							
	NP	AP	AE	CE	DE	PE	PE4	PG4
População CRE-01								
m_0	13,8	200,5	110,2	16,5	4,52	6,47	6,91	5,72
m_s	16,0	238,1	129,4	18,7	5,13	9,37	9,38	7,84
m_i	10,0	166,9	82,5	13,6	3,56	3,40	4,03	3,63
CV %	9,60	6,68	11,1	5,90	4,06	16,6	12,4	12,9
População CRE-02								
m_0	12,7	199,9	119,2	15,7	4,29	5,53	6,58	5,12
m_s	15,5	258,8	178,1	18,0	4,75	11,0	8,75	7,38
m_i	7,0	140,6	78,1	13,2	3,19	2,28	2,78	1,84
CV %	14,3	5,88	9,62	8,14	5,49	17,2	15,5	17,6
População CRE-03								
m_0	13,9	214,6	120,7	15,8	4,46	5,93	7,16	5,68
m_s	17,0	268,1	154,4	18,7	5,06	10,9	11,78	9,19
m_i	8,0	167,5	87,5	12,3	3,63	2,41	5,19	3,63
CV %	9,40	5,26	9,09	6,26	4,85	16,4	13,6	16,3

[‡]NP- número de plantas, AP – altura de planta, AE – altura de espiga, CE – comprimento de espiga, DE – diâmetro de espiga, PE – peso de espiga da parcela, PE₄ – peso de quatro espiga, PG₄ – peso de grãos de quatro espiga.

população ESALQ-PB1 encontraram valores entre 6,3 a 43,0 ramificações por pendão e 38,2 a 43,6 cm por pendão.

Para as características altura de planta (cm) e altura de espiga (cm) as médias gerais foram de 212,5; 237,9; 241,4 e 120,1; 136,9; 139,9 para FMI e 200,5; 199,9; 214,6 e 110,2; 119,2; 120,7 para famílias S_1 , respectivamente. Foi observado as maiores médias para a população CRE-03 e este resultado pode ser explicado pela base genética do testador (ESALQ-PB23) que apresenta média de altura de planta e espiga consideradas altas. Para as populações CRE-01 e CRE-02 as variáveis altura de planta e de espiga são classificadas como intermediárias quando comparadas com outras populações semiexóticas. Em relação a famílias endogâmicas, Garbuglio et al., (2009) mostram resultados médios para AP superiores e para AE valores similares aos encontrados neste trabalho. Ambas as variáveis são importantes no melhoramento de milho, visto que a redução destas

pode conferir vantagens tais como, maior resistência ao acamamento, facilidade de colheita e plantio mais denso (SAMPAIO, 1986).

A média geral do diâmetro de espiga (cm) variou de 4,99 (CRE-02) a 5,07 (CRE-03) para FMI e de 4,29 (CRE-02) a 4,52 (CRE-01) para famílias S_1 . Para o caráter comprimento de espiga as médias foram de 17,9; 18,1 e 17,9 para FMI e 16,5; 15,7 e 15,8 para famílias S_1 , respectivamente na ordem das populações (Tabela 8 e 9). Outros trabalhos apresentaram, em valores médios de diâmetro e comprimento de espiga variando de 4,81 e 17,54 em famílias de meios irmãos da população ESALQ-PB1, respectivamente e para famílias S_1 o diâmetro de espiga variando de 4,2 a 4,4 cm e o comprimento de espiga variando 15,0 a 16,2 cm (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008; GARBUGLIO et al., 2009).

Para as famílias de meios irmãos a variável peso de espiga ($t\ ha^{-1}$) apresentaram médias gerais de 10,61; 10,42 e 10,84 que correspondem a 83,7; 82,2 e 86,0% em relação a média da testemunha. A partir dos resultados apresentados pode-se observar o bom potencial produtivo das populações semiexóticas, visto que as mesmas apresentam em média 84% da média das testemunhas, que são representadas por híbridos comerciais de alto potencial produtivo. A boa performance destas populações podem ser explicadas devido aos testadores utilizados (P-3041, CMS-14C e ESALQ-PB2.3) serem adaptados ao clima tropical e apresentarem boa produtividade (Tabela 8).

As famílias S_1 das três populações semiexóticas apresentaram médias para peso de espiga de 6,47; 5,53 e 5,93 $t\ ha^{-1}$. As médias são consideradas altas, confirmando o bom potencial de produtividade dessas populações (Tabela 9). Bison et al., (2003) encontraram valores inferiores para famílias S_1 das populações AG 9012 e C333.

Outras duas variáveis avaliadas foram peso de quatro espigas (PE4) e peso de grãos de quatro espigas (PG4) e estas apresentaram médias de 10,16; 10,62; 11,38 $t\ ha^{-1}$ e 8,54; 8,64; 9,44 para FMI e 6,91; 6,58; 7,16 e 5,72; 5,12; 5,68 para famílias S_1 , respectivamente. A população CRE-03 foi a que apresentou as maiores médias para produção nos dois tipos de famílias (FMI e S_1), com exceção do caráter PG4 nas famílias S_1 , onde a população CRE-01 apresentou a maior média (Tabela 8 e 9).

As figuras 3 e 4 apresentam as porcentagens das famílias com suas respectivas produtividades de peso de espiga, e apesar das médias em FMI das populações serem em torno de $10,62 \text{ t ha}^{-1}$, algumas famílias apresentaram médias superiores a $12,0 \text{ t ha}^{-1}$. As famílias S_1 apresentaram médias em torno de $5,98 \text{ t ha}^{-1}$, mas algumas famílias das populações CRE-02 e CRE-03 apresentaram médias acima de $11,0 \text{ t ha}^{-1}$. Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética em ambas as famílias, podendo obter ganhos satisfatórios com seleção das famílias mais produtivas. As médias das famílias S_1 correspondem à 56,4% das médias apresentadas pelas FMI.

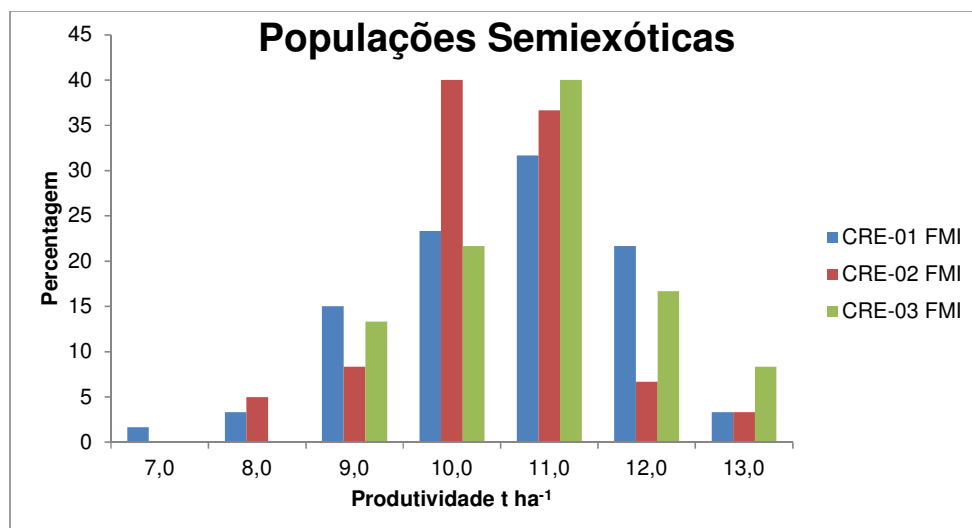


Figura 3. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de produtividade nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03. Anhembi, 2012

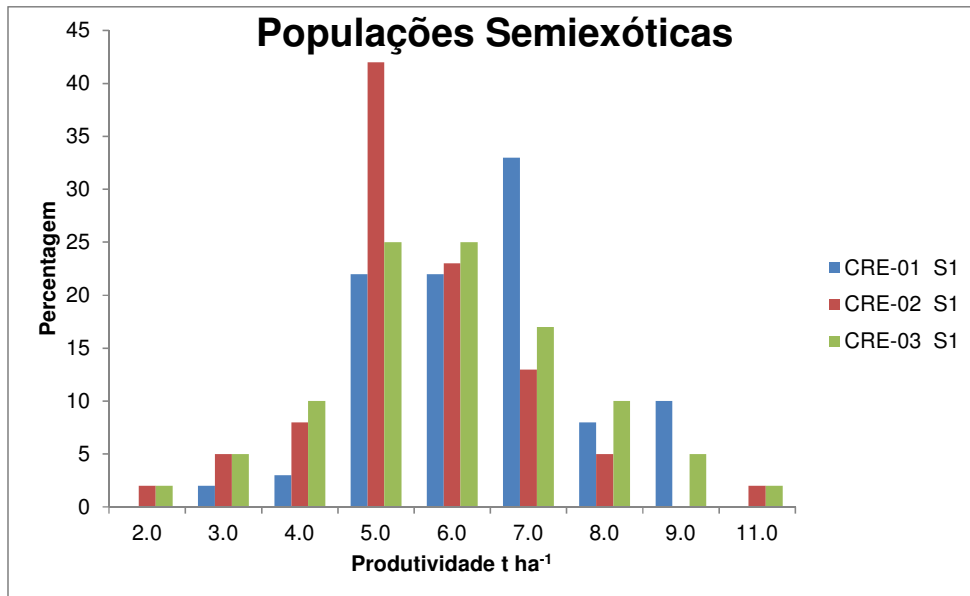


Figura 4. Percentagem de famílias S₁ com suas respectivas médias de produtividade nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03. Anhembi, 2012

Nas tabelas 8 e 9 os coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), para a variável NP ficaram compreendidos entre 6,8% (CRE-02) e 9,4% (CRE-01) para as FMI e 9,4% (CRE-03) e 14,3% (CRE-02) para famílias S₁. NR e CP apresentaram valores mínimos de 12,2% (CRE-03) e 5,38% (CRE-03) e valores máximos de 16,2% (CRE-02) e 6,15% (CRE-02). As variáveis AP e AE apresentaram como valores mínimos 4,75% (CRE-02) e 7,32% (CRE-01) para FMI e valores máximos 6,68% (CRE-01) e 11,1% (CRE-01) para famílias S₁, respectivamente. Diâmetro de espiga apresentou valores entre 4,06% (CRE-01) para FMI e 5,49% (CRE-02) para famílias S₁ e comprimento de espiga apresentaram valores entre 5,09% (CRE-03) para FMI e 8,14% (CRE-02) para famílias S₁. Os valores de coeficiente de variação para as variáveis PE, PE4 e PG4 variaram entre 8,36% (CRE-03) para FMI a 17,6% (CRE-02) para famílias S₁.

Segundo a classificação para os coeficientes de variação ambiental para a cultura do milho proposta por Scapim et al. (1995), as variáveis avaliadas apresentaram valores de coeficiente médio, indicando boa precisão experimental.

As avaliações das populações em relação à resistência ao complexo de enfezamento com as porcentagens das FMI e famílias S₁ em cada nota na escala de

avaliação estão apresentadas nas figuras 5 e 6, respectivamente. Observou-se a partir dos resultados, diferenças no comportamento das famílias de todas as populações relação à resistência ao complexo de enfezamento, sendo assim seleções nas populações considerando este caráter pode trazer resultados satisfatórios. A população CRE-03 foi a que apresentou a média com a menor nota de avaliação, tanto nas FMI, quanto nas famílias S_1 , indicando que esta possui um maior número de alelos favoráveis para resistência a esta doença. Comparando as médias de avaliação das FMI com as famílias S_1 , observa-se que as famílias endogâmicas apresentaram uma maior sensibilidade, diminuindo a resistência das populações e isto ocorre devido as famílias endogâmicas apresentarem uma maior carga genética.

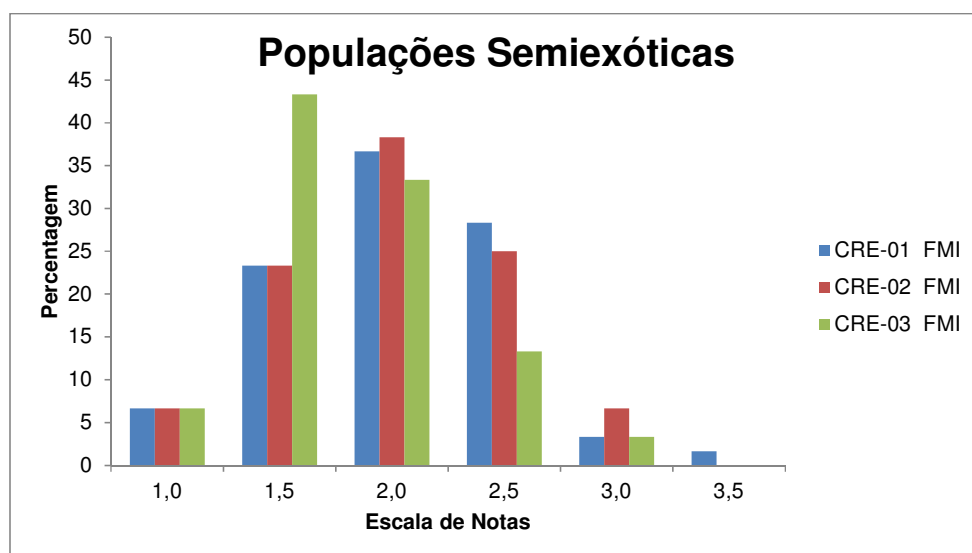


Figura 5. Percentagem de famílias de meios-irmãos com suas respectivas médias de avaliação de complexo de enfezamento nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03, de acordo com a escala de notas. Anhembi, 2012

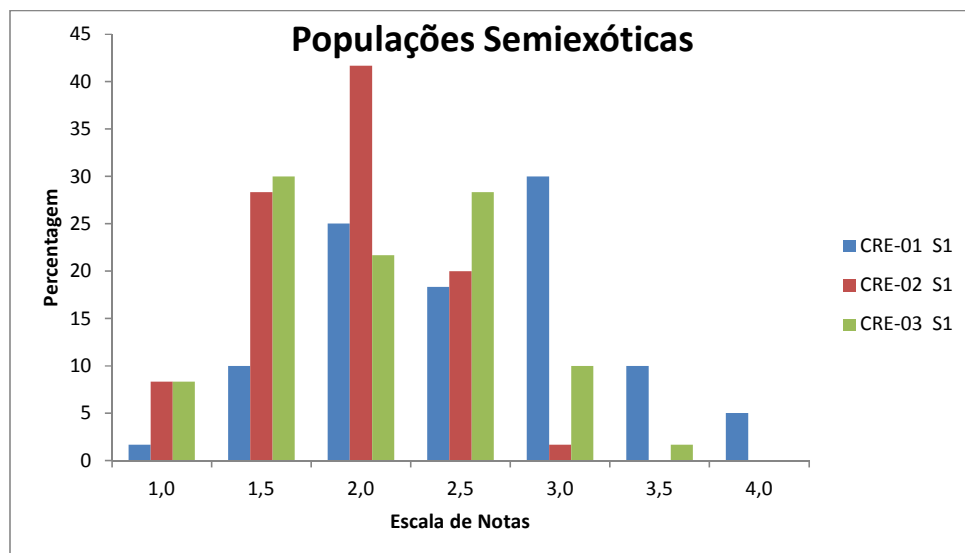


Figura 6. Percentagem de famílias S_1 com suas respectivas médias de avaliação de complexo de enfezamento nas populações semiexóticas CRE-01, CRE-02 e CRE-03, de acordo com a escala de notas. Anhembi, 2012

4.2.2. Depressão por endogamia

Na tabela 10, estão apresentados os valores médios para as FMI (m_0) e famílias S_1 (m_1), depressão por endogamia em porcentagem (DP%) em relação a FMI, contribuição relativa dos homozigotos ($\mu + a^*$) e a contribuição relativa dos heterozigotos (d^*), para sete caracteres nas populações avaliadas em Anhembi-SP.

Com relação à depressão por endogamia, a população CRE-02 foi a que apresentou os maiores valores para todos os caracteres, com exceção do caráter AE, no qual a população CRE-03 foi a que apresentou a maior depressão por endogamia, porém a diferença da DP% desta variável entre as duas populações foi menor que 1%. Os menores valores de DP% para todas as variáveis foram observados na população CRE-01, indicando que esta população é menos sensível a endogamia. Esse resultado pode ser explicado devido ao testador utilizado para formação da população ser um híbrido comercial, sendo que o mesmo passou por

processo de seleção diminuindo a carga genética. Entre as variáveis apresentadas pôde-se observar que os caracteres relacionados à produção (PE, PE4 e PG4)

Tabela 10. Estimativas da depressão por endogamia (DP) e da contribuição dos homozigotos ($\mu + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para média observada de sete caracteres avaliados em famílias de meios-irmãos (m_0) e famílias endogâmicas (m_1) em três populações semiexóticas. Anhembi, 2012

Estimativas	‡ Caracteres						
	AP	AE	CE	DE	PE	PE4	PG4
População CRE-01							
m_0	212,5	120,1	17,91	5,007	10,61	10,16	8,540
m_1	200,5	110,2	16,54	4,520	6,465	6,910	5,719
DP%	5,642	8,239	7,633	9,736	39,09	31,98	33,03
($\mu + a^*$)	188,5	100,3	15,17	4,032	2,316	3,661	2,899
d^*	23,98	19,79	2,733	0,975	8,298	6,499	5,641
População CRE-02							
m_0	237,9	136,9	18,09	4,993	10,42	10,62	8,680
m_1	199,9	119,2	15,72	4,291	5,527	6,582	5,117
DP%	15,97	12,95	13,06	14,06	46,95	38,01	41,05
($\mu + a^*$)	161,9	101,4	13,36	3,589	0,636	2,547	1,554
d^*	76,00	35,46	4,723	1,404	9,783	8,070	7,126
População CRE-03							
m_0	241,4	139,9	17,92	5,071	10,84	11,38	9,440
m_1	214,6	120,7	15,79	4,463	5,925	7,157	5,677
DP%	11,09	13,79	11,84	11,99	45,35	37,12	39,86
($\mu + a^*$)	187,9	101,4	13,67	3,854	1,008	2,932	1,914
d^*	53,54	38,58	4,244	1,217	9,833	8,450	7,526

‡ NP- número de plantas, AP – altura de planta, AE – altura de espiga, CE – comprimento de espiga, DE – diâmetro de espiga, PE – peso de espiga da parcela, PE₄ – peso de quatro espiga, PG₄ – peso de grãos de quatro espiga.

foram os que apresentaram os maiores valores de DP% variando entre 31,98% (CRE-01) e 46,95% (CRE-02). Diversos trabalhos apresentam valores superiores de DP para variável produção em relação às variáveis AP e AE (SIMON et al., 2004; SCAPIM et al., 2006). Good e Hallauer (1977), constataram que a produção é bastante afetada pela endogamia em qualquer grau de homozigose.

A contribuição relativa dos heterozigotos foi superior em relação aos homozigotos, tanto para PE quanto para PE4 e PG4. Esse resultado implica indiretamente na existência de heterogeneidade genética nas populações. Levando em consideração os efeitos genéticos, as estimativas da depressão por endogamia

são menores para AP e AE em relação ao caráter produção de grãos porque os efeitos gênicos de dominância são menos importante para estas características (Lima et al., 1984). Valores elevados de $\mu + a^*$ são indicativos do potencial das populações como fonte de linhagens com alto potencial produtivo. Para as variáveis AP e AE a contribuição dos locos em homozigose foi maior do que a contribuição dos locos em heterozigose.

As estimativas de $\mu + a^*$ nas três populações são consideradas baixas, podendo torná-las inadequadas para extração de linhagens, portanto é necessário selecionar as melhores famílias endogâmicas e recombiná-las para novas avaliações. Maldonado e Miranda Filho (2002) apresentaram resultados similares.

4.2.3. Análise de variância

Com base nos resultados das análises de variâncias dos experimentos de FMI das três populações (Tabelas 11), foram detectadas diferenças significativas ($\alpha \leq 0,01$) para as variáveis AP e AE nas três populações, NR na população CRE-01 e CE, PE e PE4 na população CRE-01; as variáveis NR e CP na população CRE-01 e DE e PE4 nas populações CRE-02 e CRE-03 apresentaram significância somente ao nível de 5% e outras variáveis não apresentaram significância ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F.

Nas análises de variâncias dos experimentos de famílias S_1 das três populações (Tabela 12), foram detectadas diferenças altamente significativas para todas as variáveis avaliadas nos estudo, com exceção do caráter CE na população CRE-02, na qual não foi detectada diferença significativa.

Os resultados indicam a existência de variabilidade genética nas três populações para a maioria das variáveis avaliadas, permitindo estimar os componentes de variância e outros parâmetros genéticos.

Tabela 11. Quadrados médios da análise de variância para dez características em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012

Características da planta	NP	NR	CP	AP	AE
Fonte de variação f	População CRE-01				
Família	2,6795 ^{NS}	11,430 [*]	10,278 [*]	398,89 ^{**}	232,32 ^{**}
Erro	1,7541	5,5865	5,6602	156,82	77,259
CV %	9,40	14,1	5,97	5,89	7,32
	População CRE-02				
Família	1,2350 ^{NS}	12,286 ^{NS}	8,1540 ^{NS}	302,84 ^{**}	221,76 ^{**}
Erro	0,9994	9,3331	6,8998	127,94	113,64
CV %	6,80	16,2	6,15	4,75	7,79
	População CRE-03				
Família	1,2774 ^{NS}	16,442 ^{**}	6,8284 ^{NS}	484,57 ^{**}	320,03 ^{**}
Erro	1,2435	5,9253	4,8750	219,67	120,50
CV %	7,6	12,2	5,38	6,14	7,84
Características da espiga	CE ^[1]	DE ^[2]	PE ^[3]	PE4 ^[3]	PG4 ^[3]
	População CRE-01				
Família	16,810 ^{**}	6,4643 ^{NS}	2069,8 ^{**}	128,39 ^{**}	79,427 ^{NS}
Erro	8,8911	4,9654	986,96	67,345	66,962
CV %	5,27	4,45	11,0	10,1	12,0
	População CRE-02				
Família	15,604 ^{NS}	7,6031 [*]	1611,6 ^{NS}	137,70 [*]	97,996 ^{NS}
Erro	12,981	4,6370	1432,0	79,834	66,038
CV %	6,30	4,31	13,5	10,5	11,7
	População CRE-03				
Família	11,758 ^{NS}	8,6458 [*]	1506,8 ^{NS}	105,61 [*]	66,249 ^{NS}
Erro	8,3249	4,9868	1246,4	57,972	49,044
CV %	5,09	4,40	12,1	8,36	9,27

^f 59 graus de liberdade para Famílias e 59 graus de liberdade para o Erro;
^[1], ^[2], ^[3] quadrados médios multiplicados por 10, 10² e 10⁻², respectivamente.

Tabela 12. Quadrados médios da análise de variância para oito variáveis em famílias S₁ de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012

Caracteres	NP	AP	AE	CE	DE ^[4]	PE ^[6]	PE4 ^[5]	PG4 ^[5]
Fonte de variação f	População CRE-01							
Família	3,194*	573,4**	285,1**	2,999**	21,78**	26,09**	12,30**	9,569**
Erro	1,753	179,5	150,72	0,9517	3,371	8,403	4,7047	3,471
CV %	9,60	6,68	11,1	5,90	4,06	16,6	12,4	12,9
	População CRE-02							
Família	8,547**	787,3**	536,1**	2,903 ^{NS}	16,52**	30,25**	15,29**	11,50**
Erro	3,296	138,1	131,42	1,6391	5,557	6,562	6,6964	5,213
CV %	14,3	5,88	9,62	8,14	5,49	17,2	15,5	17,6
	População CRE-03							
Família	4,039**	796,3**	446,5**	3,396**	18,52**	39,78**	19,26**	12,817**
Erro	1,712	127,6	120,3	0,976	4,679	6,867	6,103	5,478
CV %	9,4	5,26	9,09	6,26	4,85	16,4	13,6	16,30

^f 59 graus de liberdade para Famílias e 59 graus de liberdade para o Erro;
^[4], ^[5], ^[6] quadrados médios multiplicados por 10, 10² e 10⁻², respectivamente.

4.2.4. Estimativas de parâmetros estatístico-genéticos

As estimativas de parâmetros estatístico-genéticos foram calculadas para todas as variáveis com base nas análises de variâncias dos experimentos para as três populações e as magnitudes dos valores estão apresentadas nas tabelas 13 e 14.

4.2.4.1. Número de ramificações do pendão e comprimento do pendão

Número de ramificações do pendão e comprimento do pendão apresentaram variância genética aditiva de 11,69; 5,90; 21,03 e 9,21; 2,50; 3,90 para as populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente. Os valores estimados do coeficiente de herdabilidade para médias de FMI de ambos os caracteres avaliados variam entre 0,15 (CRE-02) na variável CP a 0,64 (CRE-03) no caráter NR. Os

Tabela 13. Estimativas da variância genotípica (σ_G^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade para média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (Θ) para nove variáveis em famílias de meios-irmãos de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012

†Caracteres	Estimativas de Parâmetros				
	σ_G^2	σ_A^2	h_m^2	CVg%	Θ
População CRE-01					
NR	2,922	11,69	0,51	10,2	0,72
CP	2,304	9,216	0,45	3,81	0,64
AP	121,0	484,2	0,61	5,18	0,88
AE	77,53	310,1	0,67	7,33	1,00
CE	39,60	158,4	0,47	3,51	0,67
DE	7,495	29,98	0,23	1,73	0,39
PE	240,6	962,5	0,52	8,12	0,74
PE4	190,8	763,1	0,48	6,80	0,67
PG4	38,96	155,8	0,16	3,65	0,31
População CRE-02					
NR	1,476	5,905	0,24	6,42	0,40
CP	0,627	2,508	0,15	1,85	0,30
AP	87,45	349,8	0,58	3,93	0,83
AE	54,06	216,2	0,49	5,37	0,69
CE	13,12	52,46	0,17	2,00	0,32
DE	14,83	59,32	0,39	2,44	0,57
PE	39,92	159,7	0,11	3,37	0,25
PE4	180,9	723,4	0,42	6,33	0,60
PG4	99,87	399,5	0,33	5,76	0,49
População CRE-03					
NR	5,259	21,03	0,64	11,5	0,94
CP	0,977	3,907	0,29	2,41	0,45
AP	132,5	529,8	0,55	4,77	0,78
AE	99,76	399,1	0,62	7,14	0,91
CE	17,17	68,66	0,29	2,31	0,46
DE	18,30	73,18	0,42	2,67	0,61
PE	57,86	231,4	0,17	3,90	0,32
PE4	148,9	595,4	0,45	5,36	0,64
PG4	53,77	215,1	0,26	3,88	0,42

†NR – número de ramificações do pendão, CP – comprimento do pendão, AP – altura de planta, AE – altura de espiga, CE – comprimento de espiga, DE – diâmetro de espiga, PE – peso de espiga da parcela, PE₄ – peso de quatro espiga, PG₄ – peso de grãos de quatro espiga.

valores do coeficiente de herdabilidade apresentados são considerados de baixo a médio para estas características.

Tabela 14. Estimativas da variância genotípica (σ_G^2), da herdabilidade com base em média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CV_g%) e do índice de variação (θ) para sete variáveis em famílias S1 de três populações semiexóticas. Anhembi, 2012

Estimativas	† Caracteres						
	AP	AE	CE	DE	PE	PE4	PG4
População CRE-01							
σ_G^2	197,0	67,21	1,024	9,206	392,4	239,1	190,2
h_m^2	0,69	0,47	0,68	0,85	0,68	0,62	0,64
CV _g %	7,00	7,43	6,12	6,71	17,0	11,2	12,1
θ	1,05	0,67	1,04	1,65	1,03	0,90	0,94
População CRE-02							
σ_G^2	324,6	202,4	0,632	5,482	528,5	270,1	197,6
h_m^2	0,83	0,76	0,44	0,66	0,78	0,56	0,55
CV _g %	9,01	11,9	5,06	5,46	23,1	12,5	13,7
θ	1,55	1,24	0,62	0,99	1,34	0,80	0,78
População CRE-03							
σ_G^2	334,4	163,2	1,210	6,919	730,9	411,8	227,5
h_m^2	0,84	0,73	0,71	0,75	0,83	0,68	0,57
CV _g %	8,52	10,6	6,97	5,90	25,4	14,2	13,3
θ	1,62	1,17	1,11	1,22	1,55	1,04	0,82

† AP – altura de planta, AE – altura de espiga, CE – comprimento de espiga, DE – diâmetro de espiga, PE – peso de espiga da parcela, PE₄ – peso de quatro espiga, PG₄ – peso de grãos de quatro espiga.

A relação entre CV_g e CV_e (índice θ), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (VENCOSKY, 1987). Como por exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde, Vencovsky e Barriga (1992), sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção. A população CRE-03 apresentou o maior índice de variação (0,94) para a variável NR, portanto os resultados com seleção para esta variável na população CRE-03 podem apresentar resultados bastante promissores.

Em estudos realizados na população ESALQ-PB1, Andrade e Miranda Filho (2008) relataram valores de variância genética aditiva similares para NR e valores superiores aos encontrados para CP. Os mesmos autores encontraram valores de herdabilidade e índice de variação de 0,61 e 0,87 para NR e 0,43 e 0,81 para CP, respectivamente.

4.2.4.2. Altura de planta e altura de espiga

Em relação às variáveis AP e AE, a população CRE-03 foi a que apresentou os maiores valores de variância genética para ambas as famílias (FMI e S_1). Verificou-se que a variância genética entre progênies endógamas (S_1) foi maior do que entre FMI em todas as populações semiexóticas, confirmando-se as expectativas, já que a endogamia conduz a um aumento na variação genética entre progênies (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987; MARQUES, 1988).

As estimativas de herdabilidade média para altura de planta ficou compreendida entre os valores 0,55 (CRE-03) e 0,61 (CRE-01) para as FMI e entre 0,69 (CRE-01) e 0,84 (CRE-03) para as famílias S_1 ; para altura de espiga os valores 0,49 (CRE-02) e 0,67 (CRE-01) para as FMI e 0,47 (CRE-01) e 0,76 (CRE-02) para as famílias S_1 . Os valores para as duas variáveis são considerados altos, com exceção do caráter AE para a população CRE-01 que apresentou um valor médio para a estimativa. Garbuglio et al., (2009) encontraram valores de herdabilidade entre 0,54 e 0,84 para os caracteres AP e AE.

A relação entre CV_g e CV_e (índice θ), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (VENCOVSKY, 1987). Como já foi mencionado anteriormente para FMI, quanto mais próximo de 1, melhores serão as respostas a seleção, porém no caso de famílias S_1 , não há estudos que permitam estabelecer um valor de referência, no que diz respeito à situação ser favorável ou não à seleção; desse modo, foi considerado o mesmo valor de referência para meios irmãos. Nas FMI as populações CRE-01 e CRE-02 apresentam valores igual e próximo de 1, indicando condição favorável à seleção para esta característica, porém para a variável AP o maior índice (0,88) foi observado na população CRE-01.

4.2.4.3. Diâmetro de espiga e comprimento de espiga

Para a variável DE, os componentes das variâncias genética aditiva foram estimados em 0,008, 0,015, 0,018 para as populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente para FMI; para as famílias S_1 as variâncias genéticas apresentaram valores de 9,21, 5,48 e 6,92 para as populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente. Em relação a variável CE, o maior valor de variância genética aditiva foi encontrado para a população CRE-01 nas FMI e maior variância genética apresentada na população CRE-03 nas famílias S_1 . Os valores de herdabilidade para as variáveis DE e CE em ambas as famílias (FMI, S_1) nas três populações oscilaram entre 0,23 (CRE-01) a 0,85 (CRE-01) e 0,17 (CRE-03) a 0,71 (CRE-03), respectivamente. Rodrigues (2013) obteve valores de herdabilidade entre 0,70 e 0,88 para variável DE e 0,48 e 0,95 para a variável CE em estudos com famílias S_1 em populações semiexóticas.

4.2.4.4. Peso de espigas, peso de quatro espigas e peso de grãos de quatro espigas

Nas FMI a população CRE-01 se destacou por apresentar os maiores valores de variâncias genética aditiva para os caracteres PE e PE4 sendo estes valores compreendidos em 962,5 e 763,1. As populações CRE-02 e CRE-03 apresentaram variância genética aditiva de 159,7 e 231,4 para o caráter PE, respectivamente. Estes valores são considerados baixos, indicando pouca variabilidade genética na população para esta variável. O resultado confirma a não significância deste caráter encontrada na análise de variância para as duas populações. Os valores de variância genética aditiva encontrados para a variável PG4 foram de 155,8; 399,5 e 215,1 para as populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente. A magnitude de variância genética aditiva estimada para a variável relacionada a produtividade de grãos foram entre os valores estimados por Carvalho et al., (1996); Candido et al., (2011). Pôde-se observar que a variância genética aditiva para PE na população CRE-01 foi superior ao valor encontrado para PE4, isto ocorre porque

quando se toma quatro espigas de aspecto normal para avaliar o caráter ocorre uma padronização entre as famílias, diminuindo, portanto a variância entre as mesmas.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade para médias de famílias entre as três variáveis avaliadas em FMI oscilaram entre 0,11 (CRE-02) para a variável PE a 0,52 (CRE-01) também para a variável PE. Os valores do coeficiente de herdabilidade encontrados nestas variáveis para as três populações, com exceção da variável PE na população CRE-01, são considerados relativamente baixos indicando que a maior parte da variação fenotípica apresentada pelas populações é de causa ambiental. Apesar de esta estimativa depender da população e o ambiente onde esta sendo realizados os estudos, estas variáveis normalmente são bastante influenciadas pelo ambiente.

Os valores dos índices θ para PE, PE4 e PG4 variaram entre 0,25 (CRE-02) e 0,74 (CRE-01), sendo o maior índice encontrado na população CRE-01 para PE. Portanto, seria a variável dentro desta população a que apresenta à condição mais favorável a seleção efetiva.

A partir dos parâmetros estimados nas famílias S_1 , com relação as variáveis PE, PE4 e PG4 pôde ser verificado que a população CRE-03 apresentou os maiores valores de variância genética (731,0; 411,8 e 227,5) quando comparados às outras populações (Tabela 14). Com relação à estimativa de herdabilidade os valores dos três caracteres nas três populações ficaram compreendidos entre 0,55 (CRE-02) para variável PG4 e 0,83 (CRE-03) para a variável PE. Daros et al., (2004), trabalhando com 222 famílias S_1 de milho pipoca encontrou valores de herdabilidade para peso de grãos de 0,84. Packer (1998) obteve valores de herdabilidade entre 0,69 e 0,86 em famílias S_1 em estudos realizados com quatro populações. O índice de variação encontrados nas três variáveis das populações foram próximos ou superior a 1. O maior índice (1,55) foi encontrado para variável PE4 na população CRE-03 e o menor na variável PG4 (0,78) na CRE-02. Com base nos resultados apresentados para as famílias S_1 , pode-se considerar que as três populações apresentam variabilidade genética suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O potencial de utilização de germoplasma exótico no melhoramento do milho tem sido enfatizado desde há muito tempo (Brown, 1953; Wellhasem, 1956; Wellhasem, 1965). Porém, apesar da reconhecida importância da introgressão de germoplasma exótico à linhagens, variedades e populações adaptadas, essa metodologia tem sido pouco utilizada.

As populações semiexóticas (CRE-01, CRE-02 e CRE-03) foram formadas a partir de um projeto que iniciou com a introgressão de germoplasma exótico com alto potencial de resistência ao complexo de enfezamento. Este material representado por linhagens (CIMMYT) foi incorporado em materiais adaptados. Todas as evidências indicam que a estratégia de introgressão mostrou-se eficiente. De fato, as famílias avaliadas das três populações semiexóticas mostraram um bom padrão de produtividade e variabilidade.

Inicialmente, este projeto não tinha como objetivo produzir variedades melhoradas e nem cultivares comerciais, no entanto, as populações semiexóticas poderão vir a ser fontes de germoplasma para programas de melhoramento de milho, visando o desenvolvimento de variedades ou híbridos comerciais. Porém, para o desenvolvimento de linhagens é recomendado a realização de pelo menos um ciclo de seleção com famílias endogâmicas, em virtude da depressão por endogamia constatada nas populações base.

Jataí tem-se destacado no cenário produtivo de milho, por apresentar uma extensa área plantada e pelas altas produtividades, tanto na safra como na safrinha. A região de Jataí é considerada uma das principais produtoras de milho safrinha do País. A partir dos resultados apresentados neste trabalho, indicando o alto potencial agrônomo das três populações semiexóticas nesta região em condições de safrinha, este programa tem perspectivas de ser ampliado e inclusive com a incorporação de outros germoplasmas.

No caso particular do milho, justifica uma maior participação da Universidade no desenvolvimento de conhecimento científico e de germoplasma, assim contribuindo para o desenvolvimento de híbridos e variedades melhoradas, visto que

a região de Jataí apresenta uma produção de milho significativa e de grande importância para a produção nacional.

6. CONCLUSÕES

Os resultados apresentados no presente trabalho permitem inferir que:

- a) As populações semiexóticas apresentaram bom padrão de variabilidade genética, indicando perspectivas favoráveis para serem exploradas em programas de melhoramento direcionados à região do sudoeste de Goiás.
- b) O padrão de produtividade apresentado nas três populações semiexóticas, foi considerado satisfatório, visto que as populações estão em processo inicial de melhoramento e não são totalmente adaptadas.
- c) Para extração de linhagens é necessário fazer ciclos de seleção com famílias endogâmicas.
- d) As três populações apresentaram famílias com nível de resistência ao enfezamento elevado.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBRECHT, B.; DUDLEY, J.W. Evaluation of four maize populations containing different proportions of exotic germoplasma. **Crop Science**. Madison, 27: 480-486, 1987.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Willey, 1960. 485p.

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

BASSO, M.C. **Síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com resistência ao “complexo de enfezamento”**. 1999. 122p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade Estadual de São Paulo, Piracicaba, 1999.

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

BISON, O.; RAMALHO, M.A.P.; RAPOSO, F.V. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. **Ciência e agrotecnologia**. Lavras, v.27, n.2, p. 348-355, mar./abr. 2003.

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

CAMPOS, M.C.C.; SILVA, V.A. da; CAVALCANTE, I.H.L.; MÁRKILA, Z. B. Produtividade e características agrônômicas de cultivares de milho safrinha sob

plantio direto no Estado e Goiás. *Revista Acadêmica Ciência Agrária Ambiental*, Curitiba, v. 8, n. 1, p. 77-84, jan./mar. 2010.

CANDIDO, L.S. et al. Seleção de progênies de meios-irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. **Ciência Rural**. Santa Maria, v.41, n.6, p.947-953, jun. 2011.

CARVALHO, H.W.L. et al. Estimativas de parâmetros genéticos da variedade BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.929-935, ago. 2003.

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

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, décimo levantamento, julho 2013**. Brasília, 2013. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 15 jul. 2013.

COSTA, A.S.; KITAJIMA, E.W.; ARRUDA, S.C. Moléstia de vírus e de micoplasma do milho em São Paulo. **Revista da Sociedade Brasileira de Fitopatologia**, v.4, p. 39-41, 1971.

CORNELIUS, P. L.; DUDLEY, J. W. Effects of inbreeding by selfing and full-sib mating in a maize population. **Crop Science**, Madison.14, p.891-819, 1974.

CROSSA. J. Theoretical considerations for the introgression of exotic germoplasm into adapted maize populations. **Maydica**, Bergamo, 34: 53-62, 1989.

CROW, J. F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. Minneapolis: Alpha Editions, 1970, 591p.

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

CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. 1ª Ed., Viçosa: Ed. UFV, v.1, 2005. 394p.

CRUZ, C.D. Programa Genes: **Biometria**. Viçosa: Editora UFV. 382p. 2006.

DAROS, M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; SANTOS, F. S.; GABRIEL, A. P. C.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JUNIOR, S. P.; SILVÉRIO, L. Selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.61, n.6, p.609-614, 2004.

EDWARDS, J. W.; LAMKEY, K. R. Quantitative genetics of inbreeding in a synthetic maize population. **Crop Science**, Madison, v.42, p. 1094-1104, 2002.

EFRON, Y.; EVERETT, H. L. Evaluation of exotic germplasm for improving corn hybrids in northern United States. **Crop Science**, Madison, 9 : 44-47, 1969.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Almeida, M.; Silva, J.C. Viçosa : Editora UFV, Imprensa Universitária. 1987. 279p.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. New York: Longman, 1989. 340p.

FALUBA, J.S. et al. Potencial genético da população de milho UFV para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**. Santa Maria, v.40, n.6, p. 1250-1256, jun. 2010.

FAO. **FAOSTAT**. 2013. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em: 23 jul. 2013.

FARIAS NETO, A.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetic correlation between traits in the ESALQ-PB1 maize population divergently selected for tassel size and ear height. **Scientia Agricola**, v.58, n.1. p.119-123, 2001.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**: Theory and technique. 2.ed. New York: Macmillan Publishing Co., 1987. 536p.

FERNANDES, F.T.; BALMER, E. Situação das doenças de milho no Brasil. **Informe Agropecuária**, Belo Horizonte, v. 14, n. 165, p. 35-37, 1990.

GALINAT, W. C. The origin of corn. In: SPRAGUE, G. F. **Corn and corn improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1977. 1-47p.

GARBUGLIO, D.D.; MIRANDA FILHO, J.B.; CELLA, M. Variabilidade genética em famílias S₁ de diferentes populações de milho. **Acta Scientiarum Agronomy**. Maringá, v.31, n.2, p.209-213, 2009.

GEADELMANN, J.L. Using exotic germplasm to improve Northern Corn. In: Annu. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf. 39th. Chicago, IL. 5-6 Dec. Am. Seed Trade Assoc., Washington D.C. p. 98-110, 1984.

GENTER, C. F. Mass selection in a composite of intercrosses of Mexican races of maize. **Crop Science**, Madison, 16 : 556-558, 1976.

GOOD, R. L.; HALLAUER, A. R. Inbreeding depression in maize by selfing an full-sibbing. **Crop Science**, Madison, v.17, p.935-940, 1977.

GOODMAN, M. M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. **Crop Science**, Madison, 5: 87-90, 1965.

GOODMAN, M.M.; GONZÁLEZ, F.C. Exotic maize germoplasma: Status, prospects and remedies. **J. of Res.**, Iowa State, 59: 497-527. 1985.

GOULAS, A.G.; LONNQUIST, J.H. Combined half-sib and S1 family selection in maize composite population. **Crop Science**, Madison, v.16, p.461-464. 1976.

GRIFFING, B.; LINDSTROM, E. W. A study of the combining abilities of corn inbreds having varying proportions of Corn Belt and non Corn Belt germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, 46 : 545-552, 1954.

GROMBACHER, A. W.; RUSSEL, W. A.; GUTHRIE, W. D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic trait of S₁ lines. **Maydica**, Bergamo, v.34, p. 343-352, 1989.

HALLAUER, A. R.; SEARS, J. H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. **Crop Science**, Madison, v.13, p.327-330, 1973.

HALLAUER, A. R. Potential of exotic germplasm for maize improvemet. In: WALDEN, D. B. **Maize breeding and genetics**. New York, John Wiley, 1978. p.229-277.

HALLAUER, A. R. Breeding systems. In: CHRISTIE, B. R. **Handbook of plant science in agriculture**. Boca Raton: CRC Press, 1987, v. 1, p. 61-87.

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

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

KIESSELBACH, T. A. Corn investigations. **Nebraska Agricultural Experiment Station Research Bulletin**, v.20, p.5-151, 1922.

KIST, V; OGLIARI, JB; MIRANDA FILHO, JB; ALVES, AC. Genetic potential of a maize population from Southther Brazil for the modified convergent-divergent selection scheme. **Euphytica** 176:25-36. 2010.

KRAMER, H. H. & ULLSTRUP, A. J. Preliminary evaluation of exotic maize germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, 51 : 687-689, 1959.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J. B.; GALLO, P. B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v.29, p.203-215, 1984.

LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Number of recombinations and genetic properties of a maize population undergoing recurrent selection. **Scientia Agrícola**. Piracicaba, v.66, n.1, p.52-58, jan./fev. 2009.

LONNQUIST, J. H. **Consideration and experiences with recombinations of exotic and Corn Belt maize germplasms**. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 29. , Chicago, 1974. *Proceedings*. Washington, American Seed Trade Association, 1974. p.102-117.

MALDONADO, F.A. A.; MIRANDA FILHO, J.B. Inbreeding depression in maize populations of reduced size. **Scientia agrícola**, Piracicaba, v.59, n.2, p.335-340, 2002.

MARQUES, J.R.B. Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho (*Zea mays* L.). 1988. 145p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo. Piracicaba. 1988.

MASSOLA JÚNIOR, N.S. Enfezamento vermelho e pálido: doenças em milho causadas por mollicutes. *Semina, Ciências Agrárias*, v.22, p. 237-243, 2001.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho Híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.277-340.

MIRANDA FILHO, J.B. Endogamia ou consanguinidade. In: Nass, L.L.; Valois, A.C.C.; Melo I.S.; Valadares-Inglis, M.C. (eds.). **Recursos Genéticos & Melhoramento**. Fundação MT, Rondonópolis. 2001. p.629-647.

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

NASS, L.L; MIRANDA FILHO, J.B; SANTOS, M.X. Uso de germoplasma exótico no melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento: Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 101-122.

NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento: Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183p.

NELSON, M. G. **The use of exotic germplasm in practical corn breeding programs**. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY – RESEARCH CONFERENCE, 27., Chicago. Proceedings. Washington, American Seed Trade Association, 1972. p. 115-118.

OLIVEIRA, C.M. de; MOLINA, R.M.S.; ALBRES, R.S.; LOPES, J.R.S. Disseminação de molícutes do milho a longas distâncias por *Daubulus maidis* (Hemiptera: Cicadellidae). *Fitopatologia Brasileira*, v. 27, p. 91-95, 2002a.

OLIVEIRA, C.M. de; CARVALHO, R.V.; DUARTE, A.P.; ANDRADE, R.A.; RESENDE, R.O.; OLIVEIRA, C.M. de; RECCO, P.C. Molícutes e vírus em milho na safrinha e na safra de verão. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.1, p. 38-46, 2002b.

OLIVEIRA, E.; DUARTE, A.P.; CARVALHO, R.V.; OLIVEIRA, A.C. Molicutes e vírus na cultura do milho no Brasil: caracterização e fatores que afetam sua incidência. In: OLIVEIRA, E. de; OLIVEIRA, C.M. de (Ed.). Doenças em milho: molicutes, vírus, vetores, mancha por *Phaeosphaeria*. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo; Brasília: Embrapa Informações Tecnológica, 2004. p. 17-34.

OLIVEIRA, A.S.; REIS, E.F.; MIRANDA FILHO, J.B.; RODRIGUES, L.O. **Parâmetros Genéticos de Populações Semiexóticas de Milho com Resistência ao Complexo do Enfezamento**. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 7, 2012, Águas de Lindóia. Anais. Águas de Lindóia: ABMS, 2012. 1 CD-ROM.

PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.)** 1998. 102p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1998.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987, p.217-274.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999, 817p.

PATERNIANI, E.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X. **O Valor dos Recursos Genéticos para o Brasil**. Paralelo 15, 2000, p.136.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15 ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451p.

PINTO, R. M.; LIMA NETO, F.P; SOUZA JUNIOR, C. L. Estimativa do número apropriado de progênies S_1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.1, p. 63-73, 2000.

[A1] Comentário: Colocar mês

RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. 1977. 122 p.. Dissertação (Genética e Melhoramento de Planta) – Escola Superior de Agricultura ‘Luís de Queiroz’, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

RISSI, R. Estimção de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. 1980. 87 p.. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

RODRIGUES, L.O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho**. 2013. 59p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal) – Universidade Federal de Goiás, *Campus* – Jataí, Jataí, 2013.

RODRIGUEZ, O. A.; HALLAUER, A. R. Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. **Crop Science**, Madison, v. 31, p.43-47, 1991.

SAMPAIO, N. F. **Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-PB4 e ESALQ-PB5**. 1986. 105p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Planta) – Escola Superior de Agricultura ‘Luís de Queiroz’. Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1986.

SANTOS, M. X. **Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento**. 1985. 186p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de planta) – Escola Superior de Agricultura ‘Luís de Queiroz’, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1985.

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

SCAPIM, C. A.; LUCCA E BACCINI, A.; PINTO, R. J. B.; AMARAL JUNIOR, A. T.; RODOVALHO, M. A.; SILVA, R. M.; MOTERLE, L. M. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.36, n.1, p. 36-41, 2006.

SHAUMAN, W.L. **Effect of incorporation of exotic germoplasm on variance components of an adapted open-pollinated corn variety at two populations densities**. Lincoln, 1971. 93p. (Ph. D. University of Nebraska).

SILVA, H.P. et al. Identificação e controle das doenças de milho. **Informativo CooperCitrus**, v.6, n. 61, p. 18-24, 1991.

SILVA, R.G.; GALVÃO, J.C.C.; MIRANDA, G.V.; OLIVEIRA, E. de. Controle genético da resistência aos enfezamentos do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.921-928, 2003.

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

SOARES, A.C.; MACHADO, A.T.; VON DER WEID, J.M. **Milho Crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro, AS-PTA, 1998, 185p.

SOUZA, A.R.R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M.G.; SOUZA, L.V. de. Predicting genetic gain in the Brazilian white maize landrace. **Ciência Rural**, v.39, p.19-24, 2009a.

SPRAGUE, G. F. **Quantitative genetics in plant improvement**. In: FREY, K. J. Plant breeding. Ames: Iowa State University Press, 1966, p. 315-347.

SPRAGUE, G. F. Germplasm resources of plants: their preservation and use. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, 18: 147-165, 1980.

THOMPSON, D. L. Silage yield of exotic corn. **Agronomy Journal**, Madison, 60 : 579-581, 1968.

TROYER, A. F.; BROWN, N. L. Selection for early flowering in corn. **Crop Science**, Madison, 12: 301-304, 1972.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Agroconsult**. 2012. Disponível em: <<http://www.ocbgo.org.br/arquivos/downloads/cenario-de-soja-e-milho-para-2013-andre-pessoa-754171.pdf>>. Acesso em: 03 jul. 2013.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **USDA**. 2013. Disponível em: <<http://www.usda.gov>>. Acesso em: 20 jul. 2013.

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

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; **Quantitative genetics and corn breeding in Brazil**. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2nd, 1987, Raleigh. Proceedings. Sunderland: Sinauer Associates Press, 1988, p. 465-477.

VENCOVSKI, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de genética, 1992, 496p.

WAQUIL, J.M. Amostragem e abundância de cigarrinha e danos de *Daubulus maidis* (Delong e Wolcott) (Homoptera Cicadellidae) em plântulas de milho. **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, v. 26, n. 1, p. 27-33, 1997.

WELLAUSEN, E.J. **Improving American corn with exotic germplasm**. Proceedings of the 11 th. Hybrid Corn Industry Research Conference, v.11, p. 85-96, 1956.

WELLHAUSEN, E.J. **Exotic germoplasm for improvement of Corn Belt maize**. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY- RESERCH CONFERENCE, 20., Chicago. Proceedings. Washington, American Seed Trade Association, 1965. p. 31-45.

WEYHRICH, R.A.; LAMKEY, K.R. HALLAUER, A.R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v.38, p. 308-321, 1998a.

WEYHRICH, R.A.; LAMKEY, K.R. HALLAUER, A.R. Effective population size and response to S_1 -Progeny selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v.38, p.1149-1158, 1998b.