

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
REGIONAL JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**POTENCIAL PRODUTIVO, VARIABILIDADE GENÉTICA E
DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM POPULAÇÃO
DERIVADA DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO**

**André Cavalet Chavaglia
Engenheiro Agrônomo**

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL

Junho de 2016

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

**POTENCIAL PRODUTIVO, VARIABILIDADE GENÉTICA E
DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM POPULAÇÃO
DERIVADA DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO**

André Cavalet Chavaglia

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

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

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

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL

Junho de 2016

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

André Cavalet Chavaglia, filho de Rogério Ferreira Chavaglia e Elizete Maria Cavalet, nascido em Rio Verde - GO a 15 de janeiro de 1990. Graduou-se em Agronomia na Fesurv – Universidade de Rio Verde em Fevereiro de 2013. Iniciou o curso de Pós-graduação “*strictu-sensu*” em nível de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, na UFG – Regional Jataí, em março de 2014.

Carlos Drummond de Andrade “Só é lutador quem sabe lutar consigo mesmo”

A minha avó Erita (*in memoriam*)

Aos meus pais Elizete e Rogério
e aos meus avós José, Tereza e Selgir.

OFEREÇO E DEDICO.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus pela força, proteção e oportunidade concedida.

Aos Professores Edésio Fialho dos Reis e José Branco de Miranda Filho
pela orientação, confiança, paciência, empenho e dedicação na condução e

realização deste trabalho, pelos seus ensinamentos e incentivos contribuindo para o meu crescimento pessoal e profissional.

A minha mãe Elizete M. Cavalet pelo exemplo de dedicação e esforço, que muito me motivou para seguir em frente e alcançar meus objetivos e todos os outros familiares que me deram suporte e força nesta caminhada.

Aos colegas da equipe de melhoramento de milho, Aline Cardoso, Aurilene Oliveira, Udenys Cabral e em especial a Carolina Messias pela contribuição direta ou indireta na realização deste trabalho.

A Capes, pela concessão da bolsa de estudos.

A Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí pela oportunidade.

Aos docentes do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da UFG pelos ensinamentos transmitidos e pelo apoio.

Ao Dr. Ederson Antonio Civardi pelo auxílio nas avaliações de doenças foliares.

Aos funcionários da UFG em especial ao senhor Gilmar Emidio, Jefferson Pinto e Cristiano pelo auxílio durante a montagem e condução dos experimentos.

A todos os colegas da UFG que de alguma forma contribuíram para minha formação e também momentos de descontração e amizade, em especial ao Edivan Assis, Tiago Camilo, Guilherme Filgueiras, Cristiane Monteiro, Paula Assis e Jorge Luiz.

E todos os outros que contribuíram diretamente ou indiretamente nesse período em que o trabalho foi conduzido, muito obrigado!

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	15
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	17
2.1. Importância do milho.....	17
2.2. Melhoramento genético.....	19

	IV
2.3. Variabilidade genética.....	21
2.4. Seleção recorrente.....	22
2.5. Endogamia.....	24
2.6. Melhoramento visando resistência a doenças.....	25
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1. Material genético.....	29
3.1.1. Obtenção de famílias.....	29
3.2. Métodos.....	29
3.2.1. Procedimento experimental.....	29
3.2.2. Campo de avaliação das famílias MI.....	30
3.2.2.1. Caracteres avaliados.....	30
3.2.2.2. Análise estatística.....	33
3.2.2.2.2. Análises para cada experimento.....	33
3.2.2.2.3. Análise agrupada.....	34
3.2.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos.....	34
3.2.2.4. Confeção das figuras.....	35
3.2.2.5. Teste de comparação de médias.....	36
3.2.3. Campo de avaliação das famílias S1.....	36
3.2.3.1. Caracteres avaliados.....	37
3.2.3.2. Análise Estatística.....	37
3.2.3.3. Estimativas de parâmetros genéticos.....	38
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	40
4.1. Avaliação de famílias de meios irmãos.....	40
4.1.1. Análise de variância.....	40
4.1.2. Médias e coeficientes de variação experimental	45
4.1.3. Parâmetros genéticos	49
4.1.4. Avaliação de Cercospora zeae-maydis.....	54
4.2. Campo das famílias endogâmicas (S1).....	57
4.2.1. Análise de variância.....	57
4.2.2. Comportamento médio dos caracteres	58
4.2.3. Parâmetros genéticos.....	60
4.3. Endogâmia.....	61
5. Conclusões	64
6. Referências.....	65
Anexo.....	73

2. REVISÃO DE LITERATURA.....	15
2.1. Importância do milho.....	15
2.2. Melhoramento genético.....	16
2.3. Variabilidade genética.....	16
2.4. Seleção recorrente.....	16
2.5. Endogamia.....	17
2.6. Melhoramento visando resistência a doenças.....	17
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1. Material genético.....	18
3.1.1. Obtenção de famílias.....	18
3.2. Métodos.....	18
3.2.1. Procedimento experimental.....	18
3.2.2. Campo de avaliação das famílias MI.....	19
3.2.2.1. Caracteres avaliados.....	19
3.2.2.2. Análise estatística.....	19
3.2.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos.....	20
3.2.2.4. Confeção das figuras.....	21
3.2.2.5. Teste de comparação de médias.....	21
3.2.3. Campo de avaliação das famílias S1.....	21
3.2.3.1. Caracteres avaliados.....	21
3.2.3.2. Análise Estatística.....	21
3.2.3.3. Estimativas de parâmetros genéticos.....	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	23
4.1. Avaliação de famílias de meios irmãos.....	23
4.1.1. Análise de variância.....	23
4.1.2. Médias e coeficientes de variação experimental.....	24
4.1.3. Parâmetros genéticos.....	25
4.1.4. Avaliação de Cercospora zeae-maydis.....	26
4.2. Campo das famílias endogâmicas (S1).....	34
4.2.1. Análise de variância.....	34
4.2.2. Comportamento médio dos caracteres.....	34
4.2.3. Parâmetros genéticos.....	34
4.3. Endogâmia.....	35
5. Conclusões.....	36
6. Referências.....	37
Anexo.....	42

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estoque inicial, produção, importação, consumo interno, exportação e estoque final de milho em milhões de toneladas nos principais países produtores e importadores no ano agrícola de 2014/2015.....4

Tabela 2. Relação entre área cultivada, produtividade, total produzido de milho e a população durante a primeira década do século XX e a primeira década do século XXI e a mudança ocorrida entre estes dois períodos nos EUA.....6

Tabela 3. Esquema da análise de variância individual com famílias e testemunhas para modelo em blocos ao acaso.....19

Tabela 4. Esquema da análise de variância conjunta de vários ensaios, nos quais são avaliados tratamentos comuns (testemunhas) e não-comuns (famílias).....20

Tabela 5. Esquema da análise de variância entre progênies para modelo em blocos ao acaso.....24

Tabela 6. Quadrados médios da análise de variância de três experimentos individuais e agrupados em relação a onze caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos para a população RV-02. Jataí (GO), 2015.....27

Tabela 7. Médias da população (m_0), média das testemunhas (m_T), porcentagem em relação às testemunhas ($m\%: m_0/m_T$), médias extremas (m_s : superior; m_i : inferior) dos tratamentos e coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) para onze caracteres em 182 famílias de meios-irmãos da população RV-02 e duas testemunhas. Jataí (GO), 2015.....28

Tabela 8. Estimativas da variância genotípica entre famílias MI (σ_G^2), da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade em sentido amplo com base em média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética ($CVg\%$) e do índice de variação (θ) para onze caracteres em 182 famílias de meios-irmãos da população RV-02. Jataí (GO), 2015.....31

Tabela 9. Quadrados médios da análise de variância da AACPD para *Cercospora zeae-maydis* nas famílias de MI da população RV-02. Jataí (GO), 2015.....37

Tabela 10. Médias da AACPD para a *Cercospora zeae-maydis*, para cada família de meios irmãos e da testemunha suscetível e resistente (AG1051 e SH5050)

comparadas pelo teste de Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade, Jataí (GO), 2015.....38

Tabela 11. Quadrados médios da análise de variância para 80 famílias endogâmicas S_1 em relação a dez caracteres analisadas na população RV-02. Jataí (GO), 2015.....39

Tabela 12. Médias da população (m_0) e médias extremas (m_s : média superior; m_i : média inferior) para dez caracteres nas famílias S_1 da população RV-02. Jataí (GO), 2015.....40

Tabela 13. Estimativas de variância genotípica entre famílias (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 dez caracteres em 80 famílias S₁ da população RV-02. Jataí (GO), 2015.....41

Tabela 14. Estimativas da depressão por endogamia (DP) e da contribuição dos homozigotos ($\frac{1}{2} + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para média observada de dez caracteres avaliados em 80 famílias S₁ da população RV-02. Jataí (GO), 2015.....43

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Médias das notas obtidas nas 182 famílias de meios-irmãos (MI) da população RV-02, média das 10 famílias mais tolerantes (10 tolerantes) e das 10 mais suscetíveis (10 suscetíveis), da testemunha medianamente suscetível (Test 1) e da testemunha tolerante (Test 2) para *Cercospora zeae-maydis* em três épocas de avaliações após o florescimento do milho. Jataí (GO), 2015.....36

POTENCIAL PRODUTIVO, VARIABILIDADE GENÉTICA E DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM POPULAÇÃO DERIVADA DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO

RESUMO - A variabilidade genética presente na cultura do milho permite a sua semeadura em vários ambientes, sendo assim, a seleção de plantas mais adaptadas para cada região produtora pode melhorar a produtividade da cultura. A população avaliada no presente trabalho é um composto que foi derivado de híbridos comerciais, que tem como objetivo estimar a variabilidade genética, verificar o potencial produtivo e a depressão por endogamia para caracteres de importância agrônômica e o nível de tolerância à doença foliar cercosporiose. Da população RV-02 foram geradas 182 famílias de meios-irmãos (MI) que foram distribuídos em 3 experimentos e 80 famílias S_1 . O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com 3 repetições. Foram utilizadas duas testemunhas sendo uma medianamente suscetível a cercosporiose (SHS5050) e a segunda tolerante a cercosporiose (AG1051). Os genótipos foram avaliados em 12 caracteres quantitativos de interesse agrônômico: florescimento masculino (FM) e feminino (FF); altura de planta (AP) e de espiga (AE); comprimento de pendão (CP) e ramificação de pendão (RP); número de espigas (NE); diâmetro de espigas (DE); comprimento de espigas (CE); peso de espigas (PE); peso de grãos (PG) e avaliação de cercosporiose (ADC). Para o caráter PG, as famílias MI produziram em média $5,17 \text{ t ha}^{-1}$, com produção máxima de $9,79 \text{ t ha}^{-1}$ e mínima de $1,98 \text{ t ha}^{-1}$, variabilidade genética aditiva de $312,74 \text{ g planta}^{-1}$, herdabilidade média de 59,14% e índice de variação de 0,70. Algumas famílias que não diferiram estatisticamente para produção de grãos, foram classificadas tolerantes a cercosporiose. Na análise das famílias S_1 , o PG obteve $3,27 \text{ t ha}^{-1}$, herdabilidade de 74,04% e depressão por endogamia de 36,43%. As famílias MI e famílias S_1 possuem variabilidade genética e potencial produtivo para serem exploradas em programas de melhoramento além de tolerância ao fungo *Cercospora zeae-maydis*.

Palavra chave: *Cercospora zeae-maydis*, famílias de meios-irmãos, famílias S_1 , Seleção recorrente, *Zea mays*

YIELD POTENTIAL, GENETIC VARIABILITY AND INBREEDING DEPRESSION OF A MAIZE POPULATION DERIVED FROM COMMERCIAL HYBRIDS

ABSTRACT – The genetic variability in maize allows its planting in different environments, therefore, the selection of the most adapted plants for each production region can improve crop productivity. The population evaluated in this study is a compound that was derived from commercial hybrids, which aims to estimate the genetic variability, besides estimating the productive potential and inbreeding depression for important agronomic characteristics and the level of tolerance to gray leaf spot disease. RV-02 population were generated 182 half-sibs (HS) families who were divided into 3 experiments and 80 S₁ families. The experimental design was a randomized block with 3 repetitions. Two checks were used to be a moderately susceptible to cercospora (SHS5050) and the second being tolerant to cercospora leaf spot (AG1051). The genotypes were evaluated in 12 quantitative traits of agronomic interest: male flowering (MF) and female flowering (FF); plant height (PH) and tang height (TH); length tassel (LT) and branching tassel (BT); number of ears (NE); ears diameter (ED); ear length (EL); ear weight (EW); grain weight (GW) and cercospora leaf spot assessment (CA). For the character GW, HS families produced on average 5.17 t ha⁻¹, with a maximum production of 9.79 t ha⁻¹ and a minimum of 1.98 t ha⁻¹, additive genetic variability of 312.74 g plant⁻¹, average heritability of 59.14% and 0.70 variation index. Some of the best families were classified tolerant to gray leaf spot. In the analysis of S₁ families, GW obtained on average 3.27 t ha⁻¹, heritability of 74.04% and inbreeding depression of 36.43%. The half-sib families and the S₁ families have genetic variability and production potential to be exploited in breeding programs as well as tolerance to the fungus *Cercospora zeae-maydis*.

Keywords: *Cercospora zeae-maydis*, half-sib families, recurrent selection, S₁ families, *Zea mays*

1. INTRODUÇÃO

A cultura do milho ocupa relevante papel no desenvolvimento das Américas. Nativa do ocidente, esta planta domesticada a milhares de anos se tornou base alimentar de vários povos. Com sua enorme versatilidade ganhou o mundo atual e ocupa papel de destaque seja na alimentação humana e animal, na produção de combustível ou matéria prima na indústria.

A crescente demanda por essa poacea reflete em esforços de todo o mundo para o desenvolvimento tecnológico na sua produção. No ano agrícola 2014/2015, a produção mundial de milho foi na ordem de 1008,79 milhões de toneladas, consumindo 949,46 milhões de toneladas e o restante se juntou ao estoque final mundial de 174,88 milhões de toneladas (USDA, 2015). Devido a alta demanda, uma possível quebra de safra em uma importante nação exportadora como EUA, China e Brasil, causaria uma desordem nos estoques finais do mundo, comprometendo a segurança alimentar de milhões de pessoas. Para assegurar o fornecimento de alimentos para atender uma demanda crescente, é aconselhável a busca e exploração de novas fontes de variabilidade para características importantes, incluindo resistência a fatores de estresses bióticos e abióticos, em busca de padrões desejáveis de adaptação e produtividade.

A variabilidade genética presente no milho permite a sua semeadura em vários ambientes, sendo cultivado em todas as regiões, relevos e altitudes em todo o planeta (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). A relevância econômica e social, a sua composição genética, a quantidade de cromossomos, as estruturas reprodutivas e a possibilidade de gerar diferentes tipos de progênies, são características que muito colaboraram para que este cereal viesse a se tornar um modelo para as espécies alógamas (NASS & PATERNIANI, 2000).

O melhoramento genético de uma espécie alógama pode ser dirigido essencialmente visando duas alternativas: a obtenção de populações melhoradas, ou a obtenção de uma geração F_1 com vigor de híbrido. No caso de melhoramento de populações, a utilização de métodos de seleção adequados, como seleção recorrente, possibilita o aumento gradativo das frequências dos genes favoráveis na população melhorada, sendo esta superior à original, com possibilidades de manter nível adequado de variabilidade genética. No segundo caso, tem-se por objetivo a produção de híbridos através do cruzamento de genitores geneticamente

contrastantes e que permitem a exploração da heterose (vigor de híbrido); nesta categoria, é mais frequente a exploração de híbridos entre linhagens endogâmicas com suficiente divergência genética que possibilitem a expressão da heterose e a complementação de características agronômicas importantes (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1978).

Outro tipo de população com grande potencial e que tem sido pouco utilizada são aquelas derivadas de híbridos simples comerciais. Entre as vantagens de se utilizar este tipo de população destaca-se o fato destas apresentarem ampla adaptação e alto potencial produtivo, já que os híbridos (F_1) que originam estas populações só são recomendados comercialmente se mostrarem bom desempenho em nível nacional. Como os híbridos comerciais são altamente heterozigóticos, espera-se que estas populações apresentem grande variabilidade. Desse modo, associam os dois aspectos que os melhoristas utilizam na escolha de uma população, isto é, média alta e grande variação (RAPOSO & RAMALHO, 2004).

Em decorrência do aumento nos períodos cultiváveis do milho, que se estende durante todo o ano, a crescente incidência de doenças foliares ameaça a viabilidade econômica da cultura, o que tem chamado atenção dos programas de melhoramento, tornando-se necessária a avaliação de materiais quanto à resistência a doenças, para melhor se proceder à recomendação de cultivares (SAWAZAKI et al., 1997).

A população avaliada no presente trabalho é um composto que foi derivado de híbridos comerciais, que tem como objetivo estimar a variabilidade genética em famílias de meios-irmãos e em famílias S_1 , além de estimar o potencial produtivo e a depressão por endogamia para caracteres de importância agrônoma e o nível de tolerância à doença foliar cercosporiose.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância do milho

O milho (*Zea mays* L.) é um dos principais cereais utilizado em todo mundo, sendo cultivado em pequenas, médias e grandes propriedades (FANCELLI & DOURADO NETO, 2000). Em termos de importância, o milho é o segundo cereal no mundo, após o trigo e seguido pelo arroz (LISBOA et al., 1999). Conforme salienta Jones (1985), a sua composição e valor nutritivo, alta produção, fonte de nutrição de fácil transporte, pequenas perdas de grãos causadas por pássaros e chuvas, período longo de colheita e por permitir o armazenamento, são algumas das vantagens que justificam a sua ampla distribuição.

O milho tem grande diversidade de aplicações, e apresenta relevante importância social e econômica. Além da geração de empregos no setor primário, é matéria-prima indispensável para impulsionar diversos complexos agroindustriais (FANCELLI & DOURADO NETO, 2000). É um alimento que se caracteriza por se destinar tanto para o consumo humano como para os animais. Maior parte do consumo deste cereal, cerca de 70% no mundo, é destinado a alimentação animal (DUARTE et al., 2011).

Segundo o USDA (2015), o maior produtor de milho atualmente é os EUA, seguido da China e em terceiro o Brasil e os maiores exportadores são EUA ocupando a primeira colocação e seguido pelo Brasil em segundo (Tabela 1). O Brasil é bastante competitivo nesta cultura, que está relacionado à sua versatilidade, que lhe permite ser produzida em várias regiões do país em duas safras. Na safra 2014/15, o país produziu 84,67 milhões de toneladas, porém com produtividade de 5,396 t ha⁻¹, considerada uma produtividade média baixa comparada com as principais regiões produtoras do Brasil, tais como Mato Grosso com 6,077 t ha⁻¹, Paraná com 6,457 t ha⁻¹ e Goiás com 6,599 t ha⁻¹ (CONAB, 2015). A variabilidade presente e o potencial de melhoria tanto genético quanto no manejo da cultura indica que pode-se ser mais competitivos investindo em híbridos mais

adaptados para cada região produtora e também adequando práticas agronômicas para cada genótipo desenvolvido.

Os principais países que são dependentes de importação deste cereal são Japão, México, Sudeste da Ásia e Coreia do Sul (Tabela 1). Pela elevada demanda anual, que cresce constantemente em virtude do aumento da população, o milho cada vez mais se estabelece como importante fonte alimentar em todo o mundo, justificando investimentos em seu estudo e desenvolvimento, tendo como objetivo o aumento sustentável na produtividade da cultura.

Tabela 1. Estoque inicial, produção, importação, consumo interno, exportação e estoque final de milho em milhões de toneladas nos principais países produtores e importadores no ano agrícola de 2014/2015

		Consumo					
2014/2015	Estoque inicial	Produção	Importação	Consumo interno	Exportação	Estoque final	
			1008,5				
Produtores	Mundo	174,58	2	122,92	975,87	137,79	207,23
	EUA	31,29	361,09	0,80	301,85	47,36	43,97
	China	81,32	215,65	5,52	202,00	0,01	100,46
	Brasil	13,97	84,67	0,60	57,00	32,50	10,07
	Argentina	1,41	26,50	0,01	9,30	17,50	1,11
	Japão	0,55	0,00	14,66	14,70	0,00	0,50
	Sudeste da Ásia	3,89	26,61	11,36	37,20	1,05	3,62
	México	2,69	25,48	11,27	34,45	0,78	4,21
	Coreia do Sul	1,86	0,08	10,18	10,20	0,00	1,92
	União Européia	6,83	75,79	8,76	78,00	4,03	9,35
Importadores							

Fonte: USDA, 2015.

Nos últimos anos, os avanços no campo da genética e as inovações nas práticas agronômicas na cultura do milho, foram de extrema importância para o avanço na produtividade em todo o mundo. Atualmente ainda não se consegue quantificar a porcentagem genética e a fitotécnica responsável por esse aumento,

porém a interação dessas duas áreas são de extrema importância para ganhos futuros. A busca por ganhos adicionais não é focada apenas em produção, mas também em outras características importantes que irão afetar diretamente ou indiretamente a produtividade (GARBUGLIO et al., 2009).

2.2. Melhoramento genético

O melhoramento de plantas é considerado o mais longo e contínuo estudo conduzido pelos humanos. A mudança de uma civilização dependente da caça e pesca para o atual modelo sedentário, dependeu diretamente do melhoramento genético que, inicialmente era fundamentado em princípios empíricos, assim, o homem pôs em prática a seleção de materiais que contribuíram para o desenvolvimento da agricultura (HALLAUER, 2011).

É estimado que os primeiros métodos de seleção massal datem de 10 000 anos atrás e que, por simples análises fenotípicas, os melhoristas primitivos selecionavam plantas mais produtiva e vigorosas, atendendo assim as necessidades alimentares dos humanos e de seus animais domesticados (HALLAUER, 2011). O fato de se plantar os tipos desejáveis provocou a mudança nas frequências gênicas das espécies escolhidas, embora, as teorias acerca do melhoramento de plantas só tenham progredido após os clássicos experimentos de Mendel e seus redescobridores no início do século XX. Deste modo, o melhoramento como arte foi praticado por um longo período proporcionando contribuições muito grandes na agricultura mundial (NASS et al., 2001).

Hallauer (2011) conceituou o melhoramento de plantas, como sendo a arte e a ciência de melhorar o padrão genético das plantas para sua utilização econômica.

Entre as primeiras plantas a serem domesticadas destaca-se o trigo e o milho e existem evidências indicando que esta ocorreu entre sete mil e dez mil anos atrás (DOEBLEY et al., 1994; NASS et al., 2001). O milho tem seu centro de origem e diversidade na América Central, sendo, portanto um cereal essencialmente americano, uma vez que é nesse continente que se encontram seus parentes silvestres mais próximos, os quais são o teosinte e o tripsacum (HALLAUER, 1985).

A importância agronômica do milho avança junto com a pesquisa que tem levado a cultura à melhoria da produtividade, com maior ênfase na introdução dos programas de híbridos no início do século XX e, dos métodos de melhoramento via

seleção recorrente, que permitiram melhorar a qualidade das populações para posterior extração de linhagens (BERNINI et al., 2013). A Tabela 2 mostra a evolução no cultivo de milho desde a primeira década do século XX até a primeira década do século atual, onde graças a evolução no melhoramento genético e demais práticas agrônômicas, constata-se uma produção 4,28 vezes maior em uma área cultivada 21,87% menor que no passado.

Tabela 2. Relação entre área cultivada, produtividade, total produzido de milho e a população durante a primeira década do século XX e a primeira década do século XXI e a mudança ocorrida entre estes dois períodos nos EUA

Anos	Área cultivada (ha x 1000)	Produtividade de (t ha ⁻¹)	Total produzido (t x 1000)	População dos EUA (x 1000)
1901 - 1910	39077	1,70	65807,4	90000
2001 - 2010	30530	9,30	281684,5	203000
Mudança	-21,87%	x 5,48	x 4,28	x 3,37

Fonte: Hallauer, 2011.

O melhoramento de milho, no seu sentido amplo, é dirigido essencialmente para atender algumas alternativas: a) melhorar o padrão agrônômico das populações; b) sintetizar novas populações; c) incorporar germoplasma, inserindo genes específicos de interesse; d) obtenção de variedade de polinização livre e e) obtenção de híbridos (GARBUGLIO & ARAÚJO, 2006).

Em programas de melhoramento do milho é comum a utilização de híbridos comerciais para a geração de novas populações-base que possuam variabilidade e potencial genético para a obtenção de linhagens promissoras visando o desenvolvimento de novos híbridos (HALLAUER, 1990). É amplamente reconhecido que a obtenção de híbridos superiores de milho depende em grande parte das populações parentais das quais serão extraídas as linhagens que vão compor esse híbrido (ARAÚJO & PATERNIANI, 1999).

Lima et al. (2000) avaliaram populações segregantes S_0 , S_1 e 196 famílias $S_{0:1}$ de cada um dos quatro materiais comerciais avaliados: híbridos simples (C333B e Z8392), triplo (AG1051) e a variedade (BR-105). Os autores relatam que a variação para produtividade oscilou entre 3,64 t ha⁻¹ para o híbrido Z8392 a 6,51 t ha⁻¹ para o híbrido AG1051. Para os autores, boas linhagens poderiam ser obtidas a partir do híbrido AG1051.

Um trabalho semelhante foi realizado por BISON et al. (2003), avaliando o potencial dos híbridos simples comerciais AG9012 e DKB333 como fontes para a extração de linhagens. Os autores avaliaram 169 famílias $S_{0:1}$ obtidas a partir desses dois híbridos comerciais. Em função das estimativas de média, herdabilidade e ganhos esperados com a seleção, concluiu-se que as duas populações são ótimas alternativas para a extração de linhagens.

Híbridos comerciais são amplamente testados antes de sua recomendação e só são adotados pelos agricultores se oferecerem alguma vantagem em relação aos pré-existentes (LIMA et al., 2000; BISON et al., 2003). Portanto, os sintéticos deles derivados devem associar média alta e, pelo fato de terem heterose acentuada, possuem grande variabilidade genética, condições essenciais em uma população segregante (CARVALHO et al., 2004).

2.3. Variabilidade genética

Segundo Garbuglio (2007), o trabalho com melhoramento de plantas é contínuo, sendo necessários reservatórios genéticos (“pool” gênicos) de onde novos genes possam ser introduzidos nos germoplasmas. As fontes destes genes podem estar presentes nos centros de origem das plantas cultivadas ou mesmo em cultivares antigas.

O progresso no melhoramento para qualquer característica depende primordialmente da existência de variabilidade genética. Em milho, a maior parte dos esforços direcionados na avaliação da variabilidade está concentrada em caracteres quantitativos (GARBUGLIO et al., 2009). A maior complexidade genética destes caracteres, aliados a erros experimentais e efeitos do ambiente, fazem necessário que os melhoristas utilizem técnicas específicas nos tratamentos dos mesmos com a finalidade de interpretar as variações genéticas e ambientais (VENCOVSKY, 1987).

A variância genética aditiva (que é a variância dos valores genéticos, devido aos efeitos médios de substituição dos alelos) 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; PACKER, 1998). Levantamento desta estimativa para a cultura do milho foi realizado por Hallauer & Miranda Filho (1988), os quais comentam que, para o rendimento de grãos, a variância aditiva (σ_A^2) é

responsável por 61,2% da variância genética presente nas populações de milho (OLIVEIRA, 2013).

Segundo Hallauer et al. (2010), herdabilidade é o grau de correspondência entre o fenótipo e o valor genético de um indivíduo para uma característica particular. A melhor maneira de determinar o valor genético de um indivíduo é examinar a sua progênie. Se a correlação entre o valor genético e o fenótipo é alta, então a herdabilidade é elevada. Se a dominância, epistasia e efeitos ambientais são grandes, a herdabilidade é baixa. Além disso, os resultados da estimativa dependem estritamente da população que está trabalhando. Em milho, a estimativa da herdabilidade para produção de grãos varia de menos de 0,1 (10%), quando calculada em base de plantas individuais em apenas um local, até maior que 0,8 (80%), quando calculada em média de progênies autofecundadas em mais de uma localidade e atinge valores intermediários quando se trata de meios-irmãos e irmãos germanos.

De acordo com Cruz et al. (2004), quando se trabalha com caracteres quantitativos, a existência de correlação genética entre caracteres distintos implica que a seleção em um caráter pode proporcionar alteração em outros, cujo sentido pode ser ou não de interesse no melhoramento. Sendo assim, a quantificação dos efeitos indiretos da seleção de um, ou vários caracteres, sobre outros secundários será fundamental para que se possam orientar programas de melhoramento em que se tenha um material genético que reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis. A frequência desses alelos favoráveis irá aumentar a probabilidade de se obter uma linhagem com boas características agrônômicas e a elevação dessas frequências se dá por meio do melhoramento dessas populações via seleção recorrente intra ou interpopulacional (VENCOVSKY, 1987).

2.4. Seleção recorrente

O principal objetivo do melhorista em seus trabalhos é selecionar genótipos superiores dentro de uma determinada população. Assim, as técnicas experimentais de seleção a serem aplicadas devem permitir uma identificação e a avaliação de genótipos, em menor tempo e custo possíveis (GAMA et al., 2003).

A seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento populacional de milho. Este tipo de seleção tem como objetivo

aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população, mantendo a variabilidade genética em níveis adequados (GARBUGLIO et al., 2009). É um método cíclico de seleção de genótipos de uma população que envolve três etapas: obtenção de progênies, avaliação das progênies e recombinação das progênies selecionadas (HALLAUER et al., 2010).

Quando o objetivo é adaptação de germoplasma ou obtenção de um cultivar de polinização aberta, recomenda-se o melhoramento intrapopulacional, que visa melhorar uma população. Se o objetivo for o melhoramento do potencial da população para extração de linhagens, com consequente obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional é o mais indicado, que visa melhorar o híbrido entre duas populações, também envolvendo a exploração da heterose entre elas (BORÉM & MIRANDA, 2013).

A seleção intrapopulacional vem sendo empregada por causa de sua simplicidade e aplicabilidade para um grande número de caracteres (HALLAUER et al., 2010). Entre os vários métodos de melhoramento intrapopulacional empregados na cultura do milho, o que utiliza progênies de meios-irmãos é o mais utilizado, sendo empregado para a obtenção de cultivares mais produtivas, como também visando à obtenção de linhagens (PALOMINO et al., 2000). Com este método, a cada ciclo de seleção recorrente ocorre uma maior concentração de alelos favoráveis nas populações trabalhadas, com a consequente alteração da média populacional (HALLAUER et al., 2010).

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 (RODRIGUES & HALLAUER, 1991; EDWARDS & LAMKEY, 2002; OLIVEIRA et al., 2015a), e conduz a um aumento do progresso esperado com a seleção (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987). A análise dos dados dos testes de progênies permite estimar a variância genética aditiva e herdabilidade na população base e, em consequência, verificar quais as chances de êxito na seleção (CARVALHO & SOUZA, 2007).

Oliveira et al. (2015a), em seu trabalho de adaptação de germoplasma exótico na região sudoeste de Goiás, avaliou progênies de meios-irmãos e progênies S_1 para estimar parâmetros genéticos de interesse. A seleção recorrente se mostrou eficiente para quantificar a variabilidade genética aditiva e a herdabilidade das três

populações semi-exóticas com que a autora e seus colaboradores trabalharam, possibilitando resultado satisfatório com a seleção.

2.5. Endogamia

No milho, o pendão (florescência masculina), se localiza no topo da planta, e a espiga (florescência feminina) habita a parte central da planta (monoicia), o pendão usualmente floresce antes que a espiga (protandria), mecanismos estes, que favorecem a polinização cruzada. Esta separação entre flor masculina e feminina torna relativamente fácil a autofecundação artificial dessa espécie (HALLAUER et al., 2010). A autofecundação artificial é frequentemente empregada em espécies alógamas, tanto no contexto da seleção recorrente como para a obtenção de linhagens homozigóticas, estas últimas sendo posteriormente utilizadas na síntese de híbridos (SCAPIM et al., 2006; VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

A endogamia é considerada, em muitos casos, como indesejável, principalmente nas populações panmíticas. Isto porque a endogamia conduz à homozigose e, nestas populações, existem genes recessivos deletérios que, quando em homozigose, causam prejuízo à fisiologia da planta ou do animal, diminuindo o seu valor fenotípico. Os genes deletérios são genes defectivos que diminuem ou bloqueiam passos metabólicos importantes para a fisiologia do organismo. Em casos extremos, tais genes podem ser semiletais (os indivíduos se desenvolvem, mas perecem antes do tempo normal) ou letais (morte do indivíduo na fase inicial) (MIRANDA FILHO, 2001). O principal benefício da endogamia é a dispersão de alelos de uma população, para seleção de plantas individuais, que irão produzir linhagens divergentes, de modo que a fixação de alelos favoráveis seja utilizada na obtenção de híbridos superiores e no melhoramento das populações (BISON et al., 2003; RIVERA et al., 2005; VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

Entende-se que a homozigose não é o estado genético natural de espécies em que predomina o inter cruzamento das plantas, ou seja, a panmixia ou alogamia. Daí a dificuldade de se obter linhagens puras vigorosas e sadias. Linhagens com tais propriedades, todavia, são condições básicas para viabilizar o programa de produção de híbridos (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Assim, é importante utilizar métodos ou procedimentos que permitam a produção de tais linhagens.

No processo de endogamia, deve-se partir de populações geneticamente adequadas, o que significa que elas devem ter alta frequência de alelos favoráveis para os diversos caracteres de interesse e pequena carga genética, isto é, baixa frequência de alelos deletérios (MIRANDA FILHO, 2001). A primeira condição, atingível pela seleção recorrente, é sinônima de alta capacidade geral de combinação. A segunda, por sua vez, significa depressão endogâmica pouco pronunciada. Com efeito, as duas condições são inter-relacionadas, ou seja, espera-se que populações ou variedades continuamente submetidas a seleção, devam ter maior capacidade geral de combinação e menor depressão por endogamia, quando autofecundadas (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

A carga de genes deletérios é usualmente estimada pelo componente de índice de depressão por endogamia (BERNINI et al., 2013). Os autores Viana et al. (1982), Lima et al. (1984) e Pacheco et al. (2002), citam que a carga genética baixa é esperada nas populações sintetizadas a partir de linhagens endogâmicas e de compostos de base genética ampla que já passaram por processo de seleção contra alelos deletérios, quando comparadas com aquelas populações de alta heterozigosidade nunca expostas a quaisquer níveis de endogamia.

Bernini et al. (2013), estimou a depressão por endogamia em cinco populações obtidas através da autofecundação de híbridos comerciais e posterior intercruzamento ao acaso, onde quantificaram a endogamia entre 18% a 48% para o caráter massa de grãos da geração F_1 para a geração F_2 .

Garbuglio et al. (2009), estudaram a variabilidade genética em sete populações de milho de ampla base genética, visando o melhoramento de populações. Neste trabalho obtiveram para o caráter altura de plantas, depressão por endogamia entre 12,5% a 17,4% e para o caráter peso de espigas, os índices foram entre 37,5% a 48%.

2.6. Melhoramento visando resistência a doenças

O impacto de doenças foliares no milho vem crescendo a cada ano. Este problema tem origem em práticas como a falta de rotação de culturas em sistemas de semeadura direta, permanência de restos culturais sobre o solo durante a entressafra, melhoramento sem seleção para doenças, utilização de híbridos suscetíveis e clima favorável à propagação de inóculos (COLOMBO et al., 2014;

BRITO et al., 2007). Segundo Rahul & Singh (2002), mais de 65 patógenos causam danos à cultura do milho. O surgimento de novas raças fisiológicas dessas doenças é o principal motivo da descontinuidade de híbridos comerciais no mercado (BRITO, 2010). Atualmente tem-se consolidado como mais relevantes as ferrugens causadas por ferrugem-comum (*Puccinia sorghi*), ferrugem-polissora (*Puccinia polysora*) e ferrugem-branca ou tropical (*Phyzopella zae*); a queima de turcicum (*Exserohilum turcicum*); a mancha-foliar de phaeosphaeria (*Phaeosphaeria maydis*) e, mais recentemente, a cercosporiose causada por *Cercospora zae-maydis* (BRASIL & CARVALHO, 1998; PINTO et al., 2006; CUNHA et al., 2010).

A cercosporiose, cujo agente etiológico é *Cercospora zae-maydis* Tehon & E.Y. Daniels é, atualmente, uma das principais doenças da cultura do milho em vários países (BRITO et al., 2007). No Brasil, a doença foi relatada pela primeira vez em 1953 (CHUPP, 1953), mas só adquiriu importância a partir do ano 2000 no Sudoeste de Goiás (Rio Verde, Jataí, Montividiú, Mineiros), quando foram relatadas as primeiras epidemias severas em lavouras comerciais (PINTO et al., 2004). Nas safras seguintes, a epidemia progrediu para toda região centro-sul brasileira (FANTIN et al., 2001).

As condições ótimas para o avanço da doença aumentam em condições de umidade relativa próxima de 100% e temperatura variando de 25°C a 30°C, bem como noites frias, com formação de orvalho e, principalmente, quando a temperatura se eleva logo após dias nublados ou chuvosos (PAUL & MUNKVOLD, 2005). Essas condições predominam nas regiões com altitudes superiores a 600m (SILVA et al., 2001). A presença de inóculo da doença em restos culturais é a mais importante forma de contágio da cercosporiose, sendo assim, a ampliação da prática da semeadura direta na década de 1990, e a popularização da semeadura de primeira safra (entre outubro a dezembro) e segunda safra (entre janeiro a março), foram fatores determinantes para o posterior surto da doença por todo território nacional (CONAB, 2015; FANTIN et al., 2001; LATTERELL & ROSSI, 1983).

O principal sintoma da doença caracteriza-se pela aparência linear retangular das lesões que geralmente, são delimitadas pelas nervuras (LATTERELL & ROSSI, 1983). Estas manchas possuem coloração palha e ou verde oliva e, sob alta umidade relativa, tornam-se cobertas por esporos, o que lhe fornece uma coloração acinzentada (BRITO, 2010). O impacto da doença na cultura se deve ao fato do patógeno colonizar grande parte do tecido foliar, diminuindo a área fotossintetizante,

levando à senescência precoce e, conseqüentemente, à redução do rendimento de grãos (BRITO et al., 2007; ENGELSING et al., 2011; FARIA et al., 2015). A cercosporiose do milho é capaz de reduzir de 20 a 60% a produtividade, dependendo da suscetibilidade do híbrido (PINTO et al., 2004).

Para o manejo da doença, recomenda-se a rotação de culturas com plantas não hospedeiras como a soja, o sorgo, o girassol, o algodão e outras, uma vez que o milho é o único hospedeiro de *C. zea-maydis*; deve-se evitar a semeadura sucessiva de milho na mesma área, realizar a adubação de acordo com as recomendações técnicas para evitar desequilíbrios nutricionais na planta, o que favorece o desenvolvimento do patógeno. Em áreas de grande incidência da doença, o controle químico deve ser avaliado como opção e a principal medida de controle é a utilização de cultivares resistentes (COSTA et al., 2009).

Até o início da década de 1990, a única forma de controle de doenças do milho era o uso de cultivares resistentes (JULIATTI & SOUZA, 2005), sendo esta a forma mais efetiva e econômica de controle de doenças foliares do milho (SILVEIRA et al., 2006). Na atual safra 2015/2016, estão disponíveis 477 cultivares de milho no mercado, destes, aproximadamente 22% são classificados de resistentes a tolerantes à cercosporiose, 52,58% são medianamente resistentes a tolerantes e o restante são suscetíveis (CRUZ et al., 2015). Como os programas de melhoramento de milho são muito dinâmicos, produzindo um grande número de novos híbridos anualmente, é necessário avaliar o comportamento desses materiais em relação a essas doenças, não só para direcionar futuros trabalhos de melhoramento visando à obtenção de híbridos resistentes, como para verificar o comportamento desses patógenos frente a diferentes ambientes (BRITO et al., 2011).

Brito (2010) em trabalho realizado com o objetivo de avaliar os efeitos da aplicação de fungicida na doença foliar cercosporiose e estabelecer a relação existente entre rendimento de grãos e a severidade dessa doença em doze diferentes híbridos comerciais de milho, observou que os híbridos sem controle com fungicida apresentaram rendimento de grãos inferiores quando comparado com o desempenho deles com uso de fungicida, com exceção dos híbridos mais resistentes a doença, que obtiveram comportamento semelhante com ou sem aplicação de fungicida, comprovando que a resistência genética é eficaz no controle desta doença.

A resistência horizontal tem sido mais eficiente que a vertical no controle das principais doenças foliares do milho, por atuar em maior número de genes na planta. A eficiência da resistência horizontal está em sua suposta maior estabilidade por atuar uniformemente contra todas as raças de um patógeno e em sua maior durabilidade por estar menos sujeita a flutuações na população do patógeno (PINHO et al., 2001). A área abaixo da curva de progresso da doença é uma metodologia utilizada com sucesso por diversos autores para identificar resistência horizontal (SHANNER & FINNEY, 1977; VIEIRA et al., 2009).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. *Material genético*

O material básico do estudo teve origem no trabalho referente à avaliação de cruzamento dialélico de 14 populações F_2 de milho, derivadas de híbridos comerciais da região Sudoeste do Estado de Goiás (CÁRDENAS, 2005; CÁRDENAS & MIRANDA FILHO, 2002; 2003). Foi utilizado o esquema dialélico (14 x 14) com vários caracteres agrônômicos avaliados e, dentre eles, a resistência a *Cercospora zea-maydis*. Após as avaliações foram selecionadas cinco populações (HG-04, HG-05, HG-07, HG-10 e HG-13) para confeccionar o composto denominado RV-01 e outras cinco (HG-03, HG-06, HG-09, HG-11 e HG-14) para o composto RV-02. Para o presente estudo foi utilizado o composto RV-02.

3.1.1. Obtenção de famílias

O composto RV-02, após recombinado, foi plantado em lote isolado, com polinização livre, para obtenção de 182 famílias de meios irmãos (MI). Um lote com as sementes da população base (RV-02) foi plantado para obtenção das famílias endogâmicas (S_1), que foram obtidas pela autofecundação das plantas totalizando 80 famílias. Também foi efetuada a multiplicação da população base (RV-02) utilizando mistura de pólen, para se obter a geração S_0 .

3.2. *Métodos*

3.2.1. Procedimento experimental

Os experimentos foram conduzidos na área experimental da Universidade Federal de Goiás na Regional Jataí, em Jataí – (GO), localizada a 17°53' S e 51°43' W, altitude de 780 m e precipitação anual de aproximadamente 1800 mm, com maior intensidade de chuva entre os meses de outubro a abril. Os experimentos

foram implantados no período de segunda safra no ano de 2015, no mês de fevereiro. As 182 famílias MI da população RV-02 foram divididas em três experimentos com respectivamente 60, 60 e 62 famílias e as 80 famílias S₁ formaram um quarto experimento.

3.2.2. Campo de avaliação das famílias MI

Para os experimentos de avaliação das famílias de meios irmãos foi utilizado o delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições, onde cada parcela foi representada por uma linha de 4 metros de comprimento espaçadas 90 cm entre linhas e 20 cm entre plantas com 20 plantas cada. Foram utilizadas como testemunhas, dois híbridos comerciais, sendo um híbrido triplo medianamente suscetível a cercosporiose (SHS5050) e outro, híbrido duplo, tolerante a doença (AG1051) (CRUZ et al., 2014).

O manejo agrônômico foi o recomendado para cultivo de milho, uniformes em todos os experimentos, a fim de minimizar a influência de fatores bióticos e abióticos.

3.2.2.1. Caracteres avaliados

Foram avaliados doze caracteres quantitativos descritos a seguir:

- Florescimento masculino (FM): determinado pelo número de dias da semeadura até que 50% das plantas da parcela tiverem anteras liberando pólen;
- Florescimento feminino (FF): determinado pelo número de dias da semeadura até que 50% das plantas da parcela tiverem estilo-estigma visível;
- Altura de planta (AP): medida em metros, do nível do solo até o final da bainha de inserção da folha bandeira (média de cinco plantas de cada parcela);
- Altura de espiga (AE): medida em metros, do nível do solo até a inserção da espiga superior (média de cinco plantas);
- Comprimento do pendão (CP): foram cortados quatro pendões ao acaso para avaliação deste caráter. Cada um foi colocado sobre uma régua, foram medidos em centímetros e foi utilizado a média dos quatro pendões.
- Ramificação do pendão (RP): após medir o comprimento do pendão, foi quantificado o número de ramificações para os quatro pendões e utilizado a média;

- 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 e utilizou-se a média;

- 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 e utilizado a média para análise;

- 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): após a pesagem das espigas despalhadas, as mesmas foram debulhadas e posteriormente pesadas;

As variáveis peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG) foram corrigidas para 13% de umidade conforme a seguinte equação:

$$PG \text{ (ou PE)} = PG \text{ original (ou PE original)} \times \left(\frac{100 - UD}{87,0} \right), \text{ onde}$$

PG e PE: peso de grãos e peso de espiga padronizados para 13% de umidade;

PG original e PE original: peso de grãos e peso de espigas colhidos na parcela experimental;

UD: porcentagem de umidade observada.

Ainda nos caracteres (PE) e (PG), foram realizadas correções 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:

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

Em que:

P_c : peso corrigido de espigas ou de grãos;

P : peso observado de espigas ou de grãos;

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

x : número de espiga observado.

Após as correções, os dados de (PE) e (PG) foram transformados de kg por parcela para toneladas por ha^{-1} .

- Avaliação de cercosporiose (ADC): foi utilizado como testemunha tolerante e medianamente suscetível os híbridos AG1051 e SHS5050 respectivamente, incluídos homogeneamente em toda a extensão dos experimentos. As três avaliações foram feitas após o florescimento com intervalo aproximado de 15 dias cada. Todas as plantas de cada parcela foram avaliadas visualmente e foi atribuída uma nota para que representasse o nível de severidade a doença. Foi adotada uma escala diagramática com notas variando de 1 a 9, que representam respectivamente, 0%, 1%, 2,5%, 5%, 10%, 25%, 50%, 75% e >75% de tecido foliar afetado (AMORIM, 1995).

Para avaliar a severidade da doença ao longo do tempo foi calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) de acordo com a seguinte fórmula:

$$\sum_{i=1}^n \frac{(Y_{i+1} + Y_i) \times (T_{i+1} - T_i)}{2}$$

em que:

Y_i = severidade da doença na época da avaliação i ($i=1, \dots, n$);

Y_{i+1} = severidade da doença na época da avaliação $i+1$;

T_i = época da avaliação i , que geralmente se considera o número de dias após a emergência das plantas;

T_{i+1} = época da avaliação $i+1$;

n = número total de observações.

3.2.2.2. Análise estatística

3.2.2.2.1. Análise de variância

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013). A partir das variáveis obtidas nos experimentos e, como o conjunto de famílias avaliadas foi dividido em grupos, com testemunhas comuns, foram realizadas as análises de variâncias agrupada para blocos ao acaso, conforme Cruz & Carneiro (2003), sendo adotadas dois modelos para análise. O primeiro baseado na análise para cada ensaio e o segundo a análise agrupada.

3.2.2.2.2. Análises para cada experimento

O esquema da análise de variância individual com famílias e testemunhas, para cada variável, está apresentado na Tabela 3.

Tabela 3. Esquema da análise de variância individual com famílias e testemunhas para modelo em blocos ao acaso

Fonte de Variação	Grau de Liberdade (GL)	Ensaio 1	Ensaio 2	..	Ensaio n
Blocos (B)	r-1	QMB ₁	QMB ₂		QMB _n
Tratamentos (T)	t-1	QMT ₁	QMT ₂		QMT _n
Genótipos (G)	g-1	QMG ₁	QMG ₂		QMG _n
Testemunhas (Te)	t-1	QMTe ₁ QMGvsTe	QMTe ₂ QMGvsTe		QMTe _n QMGvsTe
G versus Te	1	¹	²		ⁿ
Erro	(r-1)(t-1)	QME ₁	QME ₂		QME _n

QM: Quadrado Médio

Foi utilizado o seguinte modelo para análise de cada experimento, conforme sugerido por Cruz & Carneiro (2003).

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = valor observado no i-ésimo tratamento (família ou testemunha) no j-ésimo bloco;

m = média geral do ensaio;

t_i = efeito do i -ésimo tratamento. Para $i = 1, 2, \dots, g$, tem-se o efeito aleatório das famílias, e para $i = g+1, g+2, \dots, g+t$, tem-se o efeito fixo das testemunhas;

b_j = efeito do j -ésimo bloco;

ε_{ij} : efeito do erro aleatório.

3.2.2.2.3. Análise agrupada

Os parâmetros genéticos foram estimados considerando-se as informações de genótipos, conforme ilustrado na Tabela 4.

Tabela 4. Esquema da análise de variância conjunta de vários ensaios, nos quais são avaliados tratamentos comuns (testemunhas) e não-comuns (famílias)

Fonte de Variação	Grau de Liberdade (GL)	SQ
Blocos/Ensaio	$(r-1)e$	SQB
Ensaio (E)	$e-1$	SQE
Testemunhas (Te)	$t-1$	SQTe
E x Te	$(t-1)(e-1)$	SQTexE
Genótipos (G)/Ensaio	$\sum_{k=1}^e g_k - e$	SQG
(Te versus G)/E	e	SQGrupo
Resíduo	$(r-1) \left(\sum_{k=1}^e g_k + et - e \right)$	SQR
Total	$\left(ret + r \sum_{k=1}^e g_k \right) - 1$	

SQ: Soma de quadrados

A análise de variância agrupada foi realizada conforme o esquema 1 de variância agrupada proposta por Cruz & Carneiro (2003), onde foram avaliadas testemunhas e famílias. Para realização da análise agrupada foi utilizado procedimento recomendado por Gomes (2009) que indica a análise agrupada quando o quociente entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo entre os experimentos seja menor que 7.

As análises de variâncias e para as avaliações de *Cercospora zeae-maydis*, foram feitas pelo sistema estatístico R Core Team (2016).

3.2.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos

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), conforme a seguir:

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

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

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

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

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

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

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

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

Coeficiente de variação ambiental (CV_e%)

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

Coeficiente 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:

QMG é o quadrado médio de genótipo;

QMR é o quadrado médio de resíduo;

r é o número de repetições;

m é a média da população original.

3.2.2.4. Confeção das figuras

Para confeccionar a Figura 1 (pag. 36), foi utilizado o programa Microsoft Excel (2010). Foi feita a média de todas as famílias em cada uma das 3 avaliações, a média das testemunhas em cada uma das 3 avaliações e foram selecionadas as 10 melhores famílias MI e as 10 piores famílias MI tendo como base a classificação

destes grupos de famílias na 3ª avaliação e repetiu-se esses mesmos grupos de famílias para a 1ª e 2ª avaliações.

O Boxplot, usado na representação gráfica do Anexo 2 (pag. 59) foi feito pelo sistema estatístico R Core Team (2016), é um gráfico estatístico que possibilita representar a distribuição de um conjunto de dados com base em alguns parâmetros descritivos. Existem algumas variações quanto à quantidade de estatísticas representadas nesse tipo de gráfico, mas de uma forma geral todos incluem a mediana, o 1º e o 3º quartil, os valores mínimos e máximos e eventuais outliers e extremos (CAPELA & CAPELA, 2011).

3.2.2.5. Teste de comparação de médias

A AACPD foi submetida a análise de variância e posteriormente as médias foram comparadas pelo método de agrupamento de médias de Scott Knott (1974) com $\alpha = 0,05$ de probabilidade, após transformação logarítmica para atender as pressuposições estatísticas pelo sistema estatístico R Core Team (2016).

As médias dos caracteres FM, FF, AP, AE, e PG, foram agrupadas pelo procedimento de agrupamento de médias de Scott Knott (1974) com $\alpha = 0,05$ de probabilidade utilizando o aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013)

3.2.3. Campo de avaliação das famílias S₁

Para os experimentos de avaliação das famílias S₁ foi utilizado o delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições, onde cada parcela foi representada por uma linha de 3 metros de comprimento espaçadas 90 cm entre linhas, 20 cm entre plantas e com 15 plantas. Para estimar mais precisamente a depressão por endogamia, foi montado um esquema em que as famílias S₁ foram distribuídas e de forma intercalada foram colocadas parcelas da população base. Para reduzir o efeito dos diferentes tipos de progênies, endogâmicas e população-base, pois as endogâmicas possuem menor vigor e seu desenvolvimento pode ser afetado pelo melhor desenvolvimento da parcela ariunda da população-base. Para contornar tal problema foram usadas bordaduras internas de forma que, nas linhas externas vizinhas das famílias S₁ avaliadas, foram plantadas duas linhas de mistura de sementes S₁, ao lado dessas, foram plantadas

misturas de sementes S_0 e, finalmente no meio dessas 4 linhas foi plantada a quinta linha usada para estimar a média S_0 .

O manejo agrônomo foi o recomendado para cultivo de milho, uniformes em todos os experimentos, a fim de minimizar a influência de fatores bióticos e abióticos.

3.2.3.1. Caracteres avaliados

Foram avaliados os mesmos caracteres descritos no campo de avaliação das famílias MI (item 3.2.2.1), com exceção da avaliação para cercosporiose. Os caracteres PE e PG passaram pelas mesmas correções descritas no ensaio das famílias MI (pag. 17).

3.2.3.2. Análise Estatística

3.2.3.2.1. Análise de variância

As famílias foram avaliadas em delineamento experimental por blocos ao acaso, com 3 repetições, e foram tomados dados da média e do total da parcela, sendo assim, pode-se representar os valores obtidos na i -ésima família e j -ésima repetição por Y_{ij} , conforme descrito a seguir (CRUZ & CARNEIRO, 2003):

$$Y_{ij} = m + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

m = média geral;

G_i = efeito de i -ésima família, $i = 1, 2 \dots g$, sendo $G_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$;

B_j = efeito de j -ésimo bloco, $j = 1, 2 \dots b$, sendo $B_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;

ε_{ij} = erro aleatório, sendo $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

Para o modelo considerado, o esquema da análise de variância é apresentado na Tabela 5.

Tabela 5. Esquema da análise de variância entre progênies para modelo em blocos ao acaso

Fonte de variação	Grau de liberdade (GL)	Quadrado médio (QM)
Blocos (b)	b-1	QM _b
Famílias (g)	g-1	QM _g

Resíduo (r)	(b-1)(g-1)	QMr
-------------	------------	-----

3.2.3.3. Estimativas de parâmetros genéticos

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), conforme a seguir:

Variância genética entre famílias S_1 (σ_G^2)

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

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

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

Coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$)

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

Coeficiente 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:

QMG é o quadrado médio de genótipo;

QMR é o quadrado médio de resíduo;

r é o número de repetições;

m é a média da população original.

Empregou-se a metodologia proposta por Gardner (1965) para obter as estimativas de endogamia, onde $\bar{a}$ é a média geral, a^* fornece valores sobre a contribuição cumulativa dos locos em homozigose à média da população e o d^* representa a contribuição dos locos em heterozigose.

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 ($\cup + a^*$)

$$\cup + a^* = 2 m_1 - m_0$$

Contribuição dos heterozigotos (d^*)

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

em que:

m_0 é a média da população original;

m_1 é a média da população após uma geração de autofecundação.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliação de famílias de meios irmãos

4.1.1. Análise de variância

Pela relação entre o maior e o menor valor dos quadrados médios dos resíduos de cada experimento e para cada variável (Tabela 6), foi apurado que as variâncias do erro são homogêneas, o que permite que os três experimentos da população RV-02 sejam analisados também de forma agrupada (GOMES, 2009).

Nas análises individuais para os genótipos (Tabela 6), observa-se que apenas os caracteres comprimento de pendão e comprimento de espiga no experimento 1, não apresentaram diferença significativa, em todos os demais caracteres houve diferença a 1% ou a 5% de probabilidade. Na análise agrupada todos os caracteres foram significativos ao nível de 1% de probabilidade. Para o contraste genótipo vs testemunha, os caracteres altura de planta e comprimento de espigas não diferiram estatisticamente em nenhum dos experimentos e nem na análise agrupada, o caráter diâmetro de espigas diferiu a 1 % no experimento 3, porém não diferiu nos demais experimentos e na análise agrupada. Peso de espigas e peso de grãos diferiram estatisticamente da testemunha em todos os experimentos e na análise agrupada ao nível de 1% de probabilidade.

Tabela 6. Quadrados médios da análise de variância de três experimentos individuais e agrupados em relação a onze caracteres analisadas em famílias de meios-irmãos e testemunhas para a população RV-02. Jataí (GO), 2015

C a r a c t e r e s	F o n t e d e	Quadrados Médios – 182 famílias							
		V a r i a ç ã o	E x p . 1	G L	E x p . 2	G L	E x p . 3	G L	A g r u p a d o s
G e n ó t i p o s	F M	G	6	4	6	6			
		5	3	8	6	1	0		
		9	7	3	1	7	0		
		4	0	6	9	9	*		
		*	*	*	*	*	*		
F v s T e	R E S Í D U O	G	0	1	1	3	8		
		1	3	4	9	3	2		
		1	1	5	3	5	4		
R E S Í D U O	F F	G	1	1	2	3	1		
		2	6	2	3	7	7		
		5	1	5	0	0	2		
G e n ó t i p o s	F F	G	6	5	6	6			
		5	7	6	6	1	3		
		9	2	2	1	7	6		
		*	*	4	8	9	2		
		*	*	*	*	*	*		
G v	F F	G	1	2	1	2	3	2	
		3	0	0	7	0	0		
		,	,	,	,	,	,		

s	5	2	9	5
	5	3	6	8
T	3	2	8	4
	*	*	*	*
e	*	*		*
R	1	1	4	2
	1, 2	1, 2	1, 2	3, 7
S	8	4	2	5
	2	1	6	0
Í	2	2	6	1
	4	2	4	6
D				
U				
O				
G	0	0	0	0
	, 5	, 5	, 6	, 1
e	0	0	0	0
	3	2	2	7
n	0	3	1	9
	*	*	*	*
ó	*	*		*
t				
i				
p				
o				
s				
G	0	0	0	0
	, 1	, 0	, 0	, 3
A	0	0	0	0
	3	1	0	1
v	1	1	2	1
s				
T	n	n	n	n
	s	s	s	s
e				
R	0	0	0	0
	1, 2	1, 2	1, 2	3, 7
E	0	0	0	0
	2	1	6	1
S	2	1	3	1
	0	1		
Í				
D				
U				
O				
G	0	0	0	0
	, 5	, 5	, 6	, 1
e	0	0	0	0
	1	1	1	7
n	6	3	4	9
	*	*	*	*
ó	*	*		*
t				
i				
p				
o				
s				
G	0	0	0	0
	, 1	, 6	, 6	, 3
A	0	0	0	0
	3	6	2	3
v	1	*	*	*
s				
T	n	*	*	*
	s			
e	0			
R	0	0	0	0
	1, 2	1, 2	1, 2	3, 7
E	0	0	0	0
	6	2	0	0
S	2	6	8	7
	9	6		
Í	0			
	6			
D				
U				
O				
G	5	1	1	1
	7	6	1	1
C				

		T	n	n	*	n
		e	s	s	*	s
		R				
		E	0	0	0	0
		S	1, 2	1, 2	1, 2	3, 7
		Í	20	25	20	05
		D	25	26	55	05
		U	9	7	5	7
		O				
		G				
		e	2	2	1	2
		n	, 6	, 4	, 9	, 3
		ó	59	59	61	12
		t	13	43	29	74
		i		*	*	*
		p	n	*	*	*
		o	s			
		s				
		G	0	0	0	0
		C				
		v	, 4	, 2	, 0	, 2
		s	130	110	132	324
		T	n	n	n	n
		e	s	s	s	s
		R				
		E	2	1	1	1
		S	1, 2	1, 2	1, 3	, 5
		Í	22	22	21	75
		D	29	20	44	01
		U	3	6	8	1
		O				
		G				
		e	3	3	2	3
		n	2	6	9	2
		ó	, 9	, 1	, 2	, 7
		t	59	59	61	17
		i	19	82	99	61
		p	*	*	*	*
		o	*	*	*	*
		s				
		G	7	1	8	9
			6	30	3	6
		N				
		v	, 8	, 7	, 1	, 9
		s	186	170	151	313
		T	*	*	*	*
		e	*	*	*	*
		R				
		E	9	7	9	8
		S	1, 2	1, 5	1, 5	, 3
		Í	23	25	25	78
		D	26	23	77	03
		U	1	0	9	1
		O				
		P	5	5	1	1
		E	9	9	1	7
		n	8	3	5	9
						5

ó	6		4	3	8
t	1		8	2	0
i	*		*	*	*
p	*		*	*	*
o					
s					
G	1	2	1	1	1
	0	1	3	4	
v	, 2	, 1	, 4	, 3	, 9
s	1 8	1 4	1 6	3 6	6 1
T	3	0	0	1	*
e	*	*	*	*	*
R					
E	0	0	0	0	0
S	1 ,	1 ,	1 ,	3 ,	
Í	2 5	2 5	2 8	7 6	
D	2 0	2 5	2 6	0 3	
U	6	2	9	1	
O					
G					
e	1	1	1	1	
n	, 4	, 0	, 1	, 2	
ó	5 6	5 5	6 6	1 7	
t	9 4	9 2	1 0	2 9	
i	*	*	*	*	
p	*	*	*	*	
o					
s					
G	9	1	1	1	
	9	9	4	4	
P	, 9	, 9	, 9	, 9	
G	1 4	1 9	1 4	3 6	
v	0	8	5	1	
s	*	*	*	*	
T	*	*	*	*	
e					
R					
E	0	0	0	0	
S	1 ,	1 ,	1 ,	3 ,	
Í	2 3	2 4	2 6	7 5	
D	2 6	2 4	6 8	0 0	
U	3	3	9	0	
O					

GL: graus de liberdade; Exp.: experimento; G vs Te: contraste genótipo *versus* testemunha. Caracteres – FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); CP: comprimento de pendão (cm); RP: número de ramificações do pendão; DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); NE: número de espigas por parcela; PE: peso de espiga (t ha⁻¹); PG: peso de grãos (t ha⁻¹). **, *, ns: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

4.1.2. Médias e coeficientes de variação experimental

Na Tabela 7, considerando os três experimentos agrupados, estão apresentadas as médias para as 182 famílias de meios-irmãos, a média das duas

testemunhas, valores superior e inferior para parcelas e o coeficiente de variação experimental em onze variáveis estudadas.

Tabela 7. Médias da população (m_0), média das testemunhas (m_T), porcentagem em relação às testemunhas ($m\%$: m_0/m_T), médias extremas (m_s : superior; m_i : inferior) dos tratamentos e coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) para onze caracteres em 182 famílias de meios-irmãos da população RV-02 e duas testemunhas. Jataí (GO), 2015

População n=182					
C	m	m	m	m	C
F	6	5	1	6	5
M	8	8	0	4	6
A	2	2	0	2	6
R	0	0	0	3	3
E	3	3	3	2	9
R	5	7	6	1	3
B	4	4	5	5	4
E	1	1	8	1	1
N	5	5	9	2	2
P	8	9	8	3	4
P	5	6	9	7	3

Caracteres – FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); CP: comprimento de pendão (cm); RP: número de ramificações do pendão; DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); NE: número de espigas por parcela; PE: peso de espiga ($t\ ha^{-1}$); PG: peso de grãos ($t\ ha^{-1}$).

Analisando o caráter florescimento masculino representado em dias após a semeadura, a população RV-02 apresentou em média 60,44 dias para o pleno florescimento, correspondendo a 101,77% das testemunhas. A média superior da população foi de 64,89 dias e a inferior de 56,89 dias, indicando uma amplitude de 14 dias dentro da população. O número de dias médio para o florescimento feminino foi de 61,98 dias, indicando, na média, 1,54 dias a mais que o florescimento masculino, quanto a amplitude, verificou-se uma diferença de 20 dias da parcela de menor tempo para florescimento e a de maior tempo. Estes dados trazem duas importantes informações; a primeira é a possibilidade de seleção de famílias com menor ciclo, reduzindo, assim, o tempo de permanência no campo tornando-as mais adequada para a prática de segunda safra; a segunda é a necessidade de uma análise mais refinada para verificar o intervalo entre florescimento masculino e feminino, uma vez que são verificados valores diferenciados para essas duas

variáveis. A sincronia entre o florescimento masculino e feminino é essencial para garantir um bom rendimento de grãos (SANGOI et al., 2002).

O caráter altura de planta teve média de 203,4 cm, equivalente a 100,95% em relação à testemunha, com a maior altura de 232,80 cm e a menor de 179,80 cm e para altura de espiga, a população obteve média de 108,9 cm, com 93,32% de diferença comparada com a testemunha, e o maior valor na parcela com 142 cm e o menor com 79 cm. Em estudo realizado por Bison et al., (2003), em que foram avaliadas duas populações extraídas dos híbridos comerciais AG9012 e C333, os autores obtiveram médias de 191,66 cm e 182,7 cm para altura de plantas e 76,38 cm e 57,91 cm para altura de espiga respectivamente, valores próximos ao da população RV-02. A análise de variância não diferiu estatisticamente no contraste genótipos *versus* testemunhas para o caractere altura de plantas, sendo assim, pode-se dizer que a altura das plantas da população RV-02 é adequada.

O pendão é considerado um forte dreno de nutrientes, podendo competir no uso de fotoassimilados com a espiga, interação que pode ser significativa dependendo das condições ambientais presentes na ocasião do cultivo (SANGOI et al., 2002). Para os caracteres comprimento de pendão e ramificação de pendão, a população estudada teve em média 35,76 cm e 10,42 ramificações, média superior de 41,92 cm e 15,17 ramificações e inferior de 31,25 cm e 5,58 ramificações, correspondendo a 96,25% e 98,98%, respectivamente, em relação à testemunha, indicando boa performance da população avaliada para estes dois caracteres.

Diâmetro e comprimento de espigas mostraram médias de 4,54 cm e 15,98 cm respectivamente, com 98,21% e 99,99% em relação às testemunhas que em média atingiram 4,63 cm de diâmetro e 15,99 cm de comprimento, a maior média encontrada nas famílias foi de 5,00 cm e 18,5 cm e o menor de 4,08 cm e 12,33 cm respectivamente. Segundo análises de Oliveira et al. (2015a) nas famílias semiexóticas da população CRE-01 de meios-irmãos, foram observadas espigas com diâmetro médio de 4,7 cm, máximo de 5,3 cm e mínimo de 4,0 cm e comprimento de 15,1 cm, com o máximo em 19,3 cm e o mínimo de 10 cm, respectivamente. Os quadrados médios para o contraste genótipo *versus* testemunha não foi significativo, assim, entende-se que a população RV-02 não diferiu estatisticamente das testemunhas SHS5050 e AG1051.

Os valores médios de número de espigas das famílias MI foram de 15,78 espigas, índice baixo devido às falhas que ocorreram no estande, correspondendo a 79,46% em relação à testemunha, onde foi aferida uma média de 19,83 espigas por

parcela. Isto se explica pelo tempo de armazenamento das sementes da população RV-02, que pode ter influenciado na menor germinação de algumas famílias.

No caráter peso de espigas e peso de grãos, considerados os variantes de maior interesse econômico no melhoramento de milho, a população RV-02 apresentou em média 6,37 e 5,18 t ha⁻¹, respectivamente, o que corresponde a 80,06% e 76,51% em relação às testemunhas, que atingiram 7,95 e 6,77 t ha⁻¹, respectivamente. O desempenho da população RV-02 em relação aos dois híbridos utilizados como testemunhas, é satisfatório tendo em vista que, é esperado que uma população de polinização aberta tenha menos vigor que híbridos comerciais nunca expostos a nenhum grau de efeito de endogamia. As maiores produções médias de tratamentos foram 8,90 e 7,50 t ha⁻¹ e as menores 4,17 e 3,82 t ha⁻¹, respectivamente, para peso de espigas e peso de grãos. Para estas variáveis, Oliveira et al, (2015a) em ensaio de meios irmãos, também na região sudeste de Goiás, obtiveram, para peso médio de espigas, 7,21, 7,39 e 7,48 t ha⁻¹ nas famílias CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente, e para a variável peso médio de grãos 5,68, 5,83 e 5,83 t ha⁻¹, respectivamente. Outro experimento em que foi avaliado o potencial produtivo de sintéticos derivados de híbridos comerciais para extração de linhagens proposto por Lima et al. (2000) as médias de espigas despalhadas na geração S₀ foi de 8,73, 6,93 e 11,67 t ha⁻¹ para as populações três populações derivadas dos híbridos C333B, Z8392 e AG1051.

De acordo com Scapim et al. (1995), que desenvolveram uma escala de classificação para os coeficientes de variação experimental para a área de genética e melhoramento de milho, onde foi utilizada como base de dados, os resultados de 66 teses que abordaram este tema, classificaram como médio, coeficientes entre 4,5 a 9% para altura de plantas, 6,5 a 13% para altura de espigas, 8 a 20% para número de espigas, 10,5 a 22% para peso de espigas e 10 a 22% para peso de grãos. De acordo com o trabalho referenciado, o presente trabalho obteve precisão média para estes caracteres.

No Anexo 1, observa-se o teste de comparação de médias de Scott Knott ao nível de 5%, onde foi comparado os caracteres florescimento masculino, florescimento feminino, altura de plantas, altura de espigas, avaliação de doença foliar (AACPD) e peso de grãos. As médias foram ordenadas da família que obteve maior peso de grãos para a que obteve menor valor para este caráter. Vale ressaltar que a família 54 foi mais produtiva que a testemunha AG1051, também sendo

precoce, com altura de planta e altura de espiga adequado, tolerância à cercosporiose e bom rendimento. As famílias 21, 89, 136, 32, 12, 9, 160, 137, 123 e 171 obtiveram produtividade superior a do híbrido SHS5050 aliado a tolerância a cercosporiose. As famílias 16, 102, 173, 57, 149, 52 e 42 obtiveram boa produtividade, porém não foram tolerantes ao fungo *Cercospora zeae-maydis*. Demais famílias seguidas da letra (a), não diferiram estatisticamente das testemunhas para produtividade de grãos, porém as famílias que aliaram alta produtividade com resistência a cercosporiose são mais interessantes para a seleção.

4.1.3. Parâmetros genéticos

As estimativas dos parâmetros estatístico-genéticos foram feitas para todos os caracteres avaliados baseadas nas análises de variância dos experimentos 1, 2 e 3 agrupados. Os resultados dos componentes genéticos estão apresentados na Tabela 8.

Tabela 8. Estimativas da variância genotípica entre famílias MI (σ_G^2), da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade em sentido amplo com base em média de famílias (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para dez caracteres em 182 famílias de meios-irmãos da população RV-02. Jataí (GO), 2015

C a r a c t e r e s	Parâmetros Genéticos					
	σ	σ	σ	h	CVg %	θ
F M	1	2	5	7	1	0
	4	0	7	2	9	9
	3	0	1	2	8	1
F F	1	2	5	6	1	0
	2	1	1	4	8	7
	8	2	3	6	3	1
A	4	8	1	5	3	0
P	3	1	7	4	,	,

				5					
A	E	9	4	9	0	2	6	6	3
		2	4	9	4	4	0	0	0
		3	7	5	9	8	5	8	8
C	P	8	7	2	8	4	5	5	8
		0	4	0	5	3	7	0	0
		1	3	5	7	3	0	4	5
R	P	2	4	1	8	1	8	8	5
		9	2	7	0	6	4	1	2
		1	2	6	6	4	7	3	3
D	E	6	5	6	7	3	3	7	8
		5	5	1	9	4	2	0	0
		0	0	0	4	7	4	5	2
C	E	0	0	1	3	3	0	0	0
		2	7	8	9	6	2	4	2
		7	8	8	6	6	6	2	2
P	E	1	1	4	6	8	0	0	0
		0	7	0	0	8	8	7	1
		2	0	9	0	4	0	1	0
P	G	5	6	9	0	8	9	0	0
		0	5	9	6	4	9	7	0
		7	1	3	5	9	0	4	9
		8	2	2	9	9	9	0	
		1	2	7	1	4	9	0	
		8	1	4	4				

Caracteres – FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); CP: comprimento de pendão (cm); RP: número de ramificações do pendão; DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de espiga (g planta⁻¹); PG: peso de grãos (g planta⁻¹).

4.1.3.1. Florescimento masculino e feminino

Para as estimativas dos parâmetros genéticos da variância genotípica, da variância fenotípica e da variância aditiva, na população RV-02, obteve-se 1,43, 2,00 e 5,71 dias², respectivamente, para o caráter florescimento masculino, e 1,28, 2,12 e 5,13 para florescimento feminino (Tabela 8). Souza (2015), avaliando as mesmas estimativas genéticas para o caractere florescimento masculino, obteve variância genética aditiva entre 3,46 dias² a 8,38 dias². A herdabilidade aferida para esses

caracteres ficou em 71,22% no florescimento masculino e 60,46% no feminino. Em trabalho que estudou a influência das condições ambientais para o florescimento, Lima et al. (2008) encontraram valores de herdabilidade na ordem de 68,61% para a média de dias do florescimento masculino e feminino, valor próximo aos encontrados no presente trabalho.

O coeficiente de variação genético, que por sua vez, funciona como indicativo do percentual de variabilidade genética existente na média da população apresentou valores de 1,98 e 1,83 para florescimento masculino e feminino, respectivamente (Tabela 8). Souza (2015) trabalhando com três populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, avaliou o caráter florescimento masculino, relatando estimativas de 1,56, 1,47 e 2,34, respectivamente.

O índice de variação (CVg/CVe), é considerado uma informação adicional ao melhorista a respeito da seleção de progênies (VENCOVSKY, 1987). Foi sugerido por Vencovsky & Barriga (1992), que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para a seleção. Para os caracteres relacionados ao florescimento, verificou-se valores de 0,91 e de 0,71, respectivamente, para florescimento masculino e feminino (Tabela 8), indicando possibilidade de seleção de famílias mais precoces.

4.1.3.2. Altura de planta e altura de espiga

Para as variáveis altura de planta e altura de espiga, os valores da variância genotípica foram de 43,99 e 23,80 cm², respectivamente, para variabilidade fenotípica 81,46 e 47,74 cm² e por último, a variabilidade genética aditiva alcançou 175,96 e 95,20 cm² (Tabela 8). Rangel et al. (2011) ao avaliar estes mesmos caracteres obteve 138,14 e 91,49 cm² para a variabilidade genotípica e 167,11 e 108,20 cm² para a variabilidade fenotípica. Em populações derivadas de híbridos comerciais, é esperado menor variabilidade genética para caracteres como altura de plantas e altura de espigas, devido ao fato de que híbridos comerciais já passaram por processos de seleção para estes caracteres, sendo selecionadas as plantas com menos incidência de quebra e acamamento.

Em trabalho com sintéticos interpopulacionais de híbridos comerciais no município de Rio Verde Goiás, Carvalho (2004) estimou a herdabilidade em 59,30% para altura de planta e 62,01% para altura de espiga, valores pouco superiores aos

quantificados na população RV-02, com 54,00% e 49,85%, respectivamente (Tabela 8). O coeficiente de variação genético foi de 3,26% para altura de plantas e 4,48% para altura de espigas, e o autor referido anteriormente estimou este parâmetro em 4,04% e 6,95%, respectivamente. O índice de variação por sua vez foi estimado em 0,63 e 0,58. Oliveira (2013) encontrou valores estimados entre 0,69 e 1,00 para estes caracteres e Souza (2015) entre 0,66 a 0,78, sendo que estes dois trabalhos se tratam de ciclos de seleção diferentes da mesma população.

4.1.3.3. Comprimento de pendão e ramificação de pendão

O comprimento de pendão expressou variância genotípica de 1,29 cm², variância fenotípica de 3,42 cm² e variância genética aditiva de 5,17 cm², para o número de ramificações do pendão as variâncias foram de 1,65, 2,55 e 6,61 cm², respectivamente (Tabela 8). Valores para variância aditiva entre 2,51 a 9,22 cm² para comprimento de pendão e 5,91 a 21,03 para ramificação de pendão, foram encontradas no trabalho de Oliveira et al. (2015a) sendo assim, a população RV-02 possui variabilidade genética suficiente neste caráter para mais ciclos de seleção recorrente.

A estimativa da herdabilidade em sentido amplo para comprimento do pendão foi de 37,80%, o coeficiente de variação genético de 3,18% e o índice de variação 0,45. Em ensaios em que este caráter também foi avaliado pelos autores Andrade & Miranda Filho (2008), Souza (2015) e Oliveira (2015a) obtiveram herdabilidades de 72,70%, 49,84 a 75,14% e 15 a 45%, respectivamente (Tabela 8). Para o CVg%, os autores estimaram valores de 4,10%, de 2,58 a 4,74% e de 1,85 a 3,81% e para o índice de variação 0,815, 0,58 a 1,00 e 0,30 a 0,64, respectivamente, para os três trabalhos. Para número de ramificações do pendão, as estimativas de herdabilidade, CVg% e índice de variação foram de 64,79%, 12,33% e 0,78, respectivamente (Tabela 8). Andrade & Miranda Filho (2008) obtiveram 75,30%, 11,4% e 0,87, respectivamente para os três parâmetros. Souza (2015) em suas três populações estimou, respectivamente para os três parâmetros de 65,42 a 86,16%, 11,18 a 15,97% e 0,79 a 1,43, respectivamente. Isto indica que as estimativas obtidas no presente trabalho estão de acordo com os indicados na literatura, justificando o uso da população RV-02 em programas de melhoramento.

4.1.3.4. Diâmetro de espiga e comprimento de espiga

A variância genética, fenotípica e aditiva, foram, respectivamente, para diâmetro de espiga e comprimento de espiga 0,016 e 0,271 cm², 0,035 e 0,775 cm² e 0,062 e 1,083 cm² (Tabela 8). Em seu experimento no mesmo local na safra de 2013/2014, Souza (2015) obteve para estes mesmos caracteres, em três populações, variabilidade genética aditiva entre 0,044 a 0,082 cm² e 0,88 a 2,22 cm² respectivamente.

As estimativas de herdabilidade para estes caracteres foram de 44,98% e 34,96% respectivamente. Em trabalho com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos de quatro populações, Packer (1998) obteve valores de herdabilidade entre 43,54 a 79,84% e 28,81 a 68,48%, respectivamente.

Para o coeficiente de variação genético foi obtido os valores de 2,74 para diâmetro de espigas e 3,26% para comprimento de espigas e o índice de variação 0,52 e 0,42, respectivamente. Oliveira (2015a) encontrou para estas estimativas 1,73 a 2,67% para diâmetro de espigas e 2,31 a 3,51% para comprimento de espigas, e para o índice de variação de 0,39 a 0,61 e 0,31 a 0,67, respectivamente. Os resultados do presente trabalho encontram-se dentro dos valores das referências citadas, sendo a população RV-02, adequada para fins de exploração genética deste caractere.

4.1.3.5. Peso de espiga e peso de grãos

Para os caracteres peso de espigas e peso de grãos, foi estimado no presente trabalho, para variação genética, fenotípica e aditiva os valores de 102,50 e 78,18 (g planta⁻¹)², 170,65 e 132,21 (g planta⁻¹)² e 409,99 e 312,74 (g planta⁻¹)², respectivamente (Tabela 8). Oliveira et al. (2015b), avaliando três populações semi-exóticas de meios-irmãos, obteve variância genética aditiva de 389,7 a 509,9 (g planta⁻¹)² e 258,4 a 316,1 (g planta⁻¹)² para peso de espigas e peso de grãos, respectivamente. A população RV-02 possui variabilidade genética suficiente para mais ciclos de seleção recorrente, assim como ocorreu com a população citada na referência anterior, sendo a mesma, utilizada em seu segundo ciclo no trabalho de Souza (2015).

As estimativas de herdabilidade em sentido amplo foram, respectivamente, para peso de espigas e peso de grãos de 60,06% e 59,14%. Em experimento onde foram avaliadas três populações derivadas de híbridos simples para extração de linhagens, Lima et al. (2000), obtiveram estimativas de herdabilidade para o caráter produção de espigas despalhadas na ordem de 70,22, 40,21 e 55,43%,

As estimativas de CVg% para a população RV-02 foi quantificada em 8.84% para peso de espigas e 9,49% para peso de grãos, e os índices de variação em 0,71 e 0,70, respectivamente. Em experimento semelhante em dois locais onde foi avaliado o caráter peso de espigas, Gama et al. (2003) encontrou 7,19 e 3,69% de coeficiente de variação genético, e índice de variação de 0,27 e 0,16, valores baixos para essa estimativa, lembrando que valores favoráveis para seleção são aqueles iguais ou superiores a 1,00.

4.1.4. Avaliação de *Cercospora zeae-maydis*

A Figura 1 representa graficamente as médias das famílias de meios-irmãos, a média das 10 famílias de meios-irmãos mais suscetíveis e das 10 famílias de meios-irmãos mais tolerantes, da testemunha medianamente suscetível (Test 1 – SHS5050) e da testemunha tolerante (Test 2 – AG1051), para as três avaliações de cercosporiose, onde pode-se constatar a evolução da doença após o florescimento.

Pode-se notar que, na média da população RV-02 os resultados, ficaram próximos aos resultados da testemunha medianamente suscetível (SHS5050), porém, quando se verifica as 10 famílias com menor severidade da doença, nota-se que nas três avaliações a severidade foi próxima à testemunha considerada como tolerante (AG1051), o que indica possibilidade de sucesso no incremento desta característica na população RV-02 recombinada. Engelsing et al. (2011), em análise dialélica de vinte híbridos gerados a partir de 5 linhagens, quantificou a resistência a cercosporiose utilizando a mesma escala do presente trabalho, onde as médias das notas para a região de Chapadão do Céu (GO), ficaram compreendidas entre 3,25 a 4,42.

21

Figura 1. Médias das notas obtidas nas 182 famílias de meios-irmãos (MI) da população RV-02, média das 10 famílias mais tolerantes (10 tolerantes) e das 10 mais suscetíveis (10 suscetíveis), da testemunha medianamente

suscetível (Test 1) e da testemunha tolerante (Test 2) para *Cercospora zeae-maydis* em três épocas de avaliações após o florescimento do milho. Jataí (GO), 2015

No Anexo 2, observa-se na figura grande variação de níveis de tolerância e suscetibilidade a cercosporiose apesar da baixa severidade da doença (Figura 1). A representação em boxplot permite uma melhor visualização do comportamento de cada família e das testemunhas em função da AACPD, porém para melhor interpretação destes dados foi feita a análise de variância da AACPD e a mesma foi comparada utilizando o método de agrupamento de médias de Scott Knott.

4.1.4.1. Análise de variância

Na Tabela 9 observamos os quadrados médios para bloco, tratamento e resíduo, onde a comparação entre as médias entre tratamentos mostrou-se significativa ao nível de 1% de probabilidade.

Tabela 9. Quadrados médios da análise de variância da AACPD para *Cercospora zeae-maydis* nas famílias de MI da população RV-02. Jataí (GO), 2015

	Grau de Liberdade	Quadrados Médios
Bloco	2	17,589ns
Tratamento	183	49,217**
Resíduo	366	19,044

**, *, ns: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

4.1.4.3. Teste de Scott Knott

Na Tabela 10, os valores da AACPD foram comparados pelo método de agrupamento de médias de Scott Knott, onde pode-se notar que houve diferença significativa entre a testemunha medianamente suscetível (SHS5050) e a testemunha tolerante (AG1051). Sendo assim, as famílias classificadas com a mesma letra que o AG1051 são consideradas tolerantes a cercosporiose por não diferir significativamente da testemunha, e as que possuem a mesma classificação que o SHS5050 são consideradas medianamente suscetíveis ao fungo por não diferir significativamente da segunda testemunha, este resultado fica bem ilustrado no Anexo 2.

Pelo fato de nenhuma progênie ultrapassar a AACPD do híbrido tolerante AG1051, entende-se que a população estudada possui no máximo tolerância a cercosporiose, sendo baixa a probabilidade de haver algum genótipo resistente.

O autor Brito et al. (2007), utilizou do teste de comparação de médias de Scott Knott em seu trabalho, onde quantificou o efeito da cercosporiose em 12 híbridos comerciais de milho em duas épocas. Considerando-se a média das duas épocas de semeadura, os híbridos resistentes apresentaram redução média no rendimento de grãos entre 5% a 9%, para os híbridos intermediários tidos como moderadamente resistentes e moderadamente suscetíveis entre 6% a 20% e para os híbridos suscetíveis a redução variou entre 16% a 27%.

Conforme observado no Anexo 1, famílias classificadas como medianamente suscetíveis a cercosporiose não diferiram estatisticamente em produção de grãos de famílias classificadas como tolerantes, isso pode ter ocorrido devido a baixa severidade da doença, não causando redução significativa no rendimento de grãos.

Tabela 10. Médias da AACPD para a *Cercospora zeae-maydis*, para cada família de meios irmãos e da testemunha suscetível e resistente (AG1051 e SH5050) comparadas pelo teste de Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade, Jataí (GO), 2015

Família	AACPD	Família	AACPD	Família	AACPD	Família	AACPD
001	52,3a	081	81,0a	148	81,0a	057	105,0b
002	84,3a	082	78,3a	151	57,0a	060	102,3b
004	78,3a	085	81,0a	152	81,0a	061	138,3b
005	70,3a	086	59,3a	153	57,0a	062	105,0b
008	67,7a	088	92,3a	154	81,0a	066	97,7b
009	89,0a	089	73,7a	155	70,3a	069	113,7b
010	81,0a	090	51,7a	156	49,0a	073	105,0b
011	51,0a	091	73,0a	157	65,0a	075	113,7b
012	67,0a	092	57,0a	158	70,3a	076	138,3b
014	86,3a	093	89,7a	160	81,0a	078	105,0b
017	49,0a	096	62,0a	161	65,0a	083	209,0b
020	73,0a	097	46,7a	162	65,0a	084	106,3b
021	51,7a	099	65,0a	163	73,0a	087	129,7b
023	75,3a	100	81,0a	166	89,7a	094	113,7b
025	65,0a	101	49,0a	167	81,7a	095	113,7b
026	89,0a	103	65,7a	171	65,0a	098	161,0b
027	78,3a	104	62,3a	174	89,0a	102	97,7b
028	59,7a	105	70,3a	177	57,0a	109	113,7b
030	81,0a	106	75,3a	179	65,0a	114	142,3b
031	75,3a	107	89,0a	180	49,0a	115	106,3b
032	57,0a	108	81,7a	181	48,7a	117	137,0b
039	87,3a	110	70,3a	182	65,0a	118	122,3b
040	79,0a	111	75,7a	003	208,3b	124	138,3b
043	49,7a	112	95,0a	006	113,7b	128	97,7b
045	65,0a	113	95,0a	007	103,0b	130	105,0b
046	54,3a	116	57,0a	013	135,7b	134	106,3b

047	47,0a	119	46,3a	015	208,3b	139	105,7b
049	69,0a	120	65,7a	016	271,7b	140	169,7b
050	79,0a	121	57,0a	018	115,0b	142	121,0b
051	64,7a	122	65,0a	019	133,7b	143	239,0b
053	62,0a	123	89,0a	022	177,0b	144	185,7b
054	86,3a	125	65,0a	024	241,7b	149	105,0b
058	89,0a	126	36,0a	029	102,3b	150	169,7b
059	75,7a	127	46,3a	033	217,0b	159	106,3b
063	65,0a	129	89,7a	034	261,0b	164	97,7b
064	89,7a	131	89,0a	035	161,0b	165	98,7b
065	89,7a	132	75,3a	036	177,0b	168	129,0b
067	70,3a	133	73,0a	037	177,0b	169	161,0b
068	89,0a	135	57,0a	038	142,7b	170	138,3b
070	70,3a	136	90,0a	041	97,7b	172	147,0b
071	70,3a	137	73,7a	042	133,7b	173	152,3b
072	89,0a	138	65,0a	044	224,3b	175	161,0b
074	87,0a	141	78,3a	048	121,0b	176	138,3b
077	65,0a	145	66,0a	052	103,0b	178	161,0b
079	48,7a	146	89,0a	055	121,0b	SHS5050	105,0b
080	63,3a	147	62,3a	056	205,6b	AG1051	21,3a

Valores seguidos de mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade.

4.2. Campo das famílias endogâmicas (S_1)

4.2.1. Análise de variância

Com base nos resultados da análise de variância em dez caracteres avaliados em 80 famílias endogâmicas da população RV-02 (Tabela 11), verificou-se que todos os caracteres apresentaram diferença significativa a 1% de significância, o que indica variabilidade na população avaliada, permitindo discriminar materiais com diferentes níveis de depressão por endogamia. Nota-se ainda que, os coeficientes de variação variaram de 2,52% (florescimento masculino) a 18,30% (ramificação de pendão), que de acordo com Scapim (1995), a precisão experimental pode ser classificada como média.

Tabela 11. Quadrados médios da análise de variância para 80 famílias endogâmicas S_1 em relação a dez caracteres analisadas na população RV-02. Jataí (GO), 2015

Quad
rados
Médi
os
Car
acte

res

Caracteres – FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); CP: comprimento de pendão (cm); RP: número de ramificações do pendão; DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de espiga ($t\ ha^{-1}$); PG: peso de grãos ($t\ ha^{-1}$). **, *, ns: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

4.2.2. Comportamento médio dos caracteres

Para o caráter florescimento masculino e florescimento feminino (Tabela 12), as famílias endogâmicas levaram em média, 63,5 e 65,39 dias, respectivamente. A parcela mais precoce (v_i) atingiu o florescimento masculino em 59 dias e o feminino também em 59 dias. A mais tardia (v_s) teve florescimento masculino aos 73 dias e femininos aos 75 dias. Para o caráter florescimento masculino, Bernini et al. (2013), obteve médias de 58 a 66 dias em cinco populações F_2 obtidas a partir de híbridos comerciais.

Tabela 12. Médias da população (m_0) e médias extremas (m_s : média superior; m_i : média inferior) para dez caracteres nas famílias S1 da população RV-02. Jataí (GO), 2015

Popul ação S1 N=80
Carac teres

Caracteres – FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); CP: comprimento de pendão (cm); RP: número de ramificações do pendão; DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de espiga ($t\ ha^{-1}$); PG: peso de grãos ($t\ ha^{-1}$).

As famílias S₁ tiveram em média altura de planta de 178 cm e altura de espiga de 92 cm, sendo que a maior altura de planta foi 240 cm e a menor 94 cm. A família de maior altura de espigas apresentou 133 cm e a menor 40 cm, valores inferiores aos obtidos por Oliveira (2015a) em populações semi-exóticas, com altura de planta

entre 199,9 a 214,6 cm e altura de espiga de 110,2 a 120,7 cm. A respeito da comparação anterior, observa-se que a população derivada de híbridos comerciais é mais adaptada para estes caracteres que as populações semi-exóticas, a planta mais baixa possui tendência de menores perdas com plantas acamadas e quebradas, mantendo o estande de plantas uniformes e diminuindo perdas na ocasião da colheita, garantindo maior rendimento.

A análise de pendão indicou 30,64 cm de comprimento e 9,74 ramificações em média nas famílias S_1 na população RV-02, os maiores pendões mediram 40,75 cm com 20 ramificações e os menores 16,25 cm de comprimento com 3,75 ramificações. Packer (1998) realizou a análise de número de ramificações de pendão para quatro populações semi-exóticas S_1 , onde constatou médias entre 13,13 a 19,72 ramificações que, segundo o autor, é característico de famílias semi-exóticas obterem maiores valores para esta característica.

Para o caráter diâmetro de espiga, as famílias endogâmicas em média alcançaram 4,08 cm, atingindo o máximo de 6,50 cm e o mínimo de 3,25 cm. O caráter comprimento de espiga em média obteve 13,75 cm, com valor máximo de 19 cm e mínimo de 9,25 cm. Os mesmos parâmetros foram estimados por Packer (1998) e Oliveira (2015a), onde para diâmetro de espigas as médias atingiram entre 3,49 a 4,20 cm e 4,29 a 4,52 cm, respectivamente, e para o caráter comprimento de espiga as médias variaram de 13,52 a 14,97 cm e 15,7 a 16,5 cm, respectivamente. Os resultados próximos aos encontrados na literatura, mostram que a população RV-02, após recombinada em um segundo ciclo de seleção recorrente, tem potencial de ganhos para estes caracteres, devido a grande variação entre as parcelas com maiores espigas e as de menores espigas.

Peso de espigas e peso de grãos, em média obtiveram 4,12 e 3,27 t ha⁻¹, respectivamente, tendo o valor superior na ordem de 7,37 e 6,16 t ha⁻¹ e o valor inferior de 1,26 e 0,91 t ha⁻¹, respectivamente. Para o caráter peso de espigas Lima et al. (2000) trabalhando com famílias S_1 de três populações derivada de híbridos comerciais em condição de primeira safra verificou rendimento médio de 6,69, 5,719 e 7,252 t ha⁻¹. O trabalho de Garbuglio et al. (2009) e Oliveira (2015a) obteve resultados semelhantes aos de Lima et al. (2000), médias que foram superiores as aferidas nas famílias S_1 da população RV-02, porém após seleção e recombinação, espera-se que com a eliminação de parte da carga genética da população RV-02, a mesma sofra menor perda de vigor quando autofecundada.

4.2.3. Parâmetros genéticos

Alguns parâmetros genéticos também foram avaliados para as famílias endogâmicas, conforme Tabela 13. As estimativas de herdabilidade para os caracteres florescimento masculino e florescimento feminino foram de 80,08% e 79,27%, respectivamente, valores maiores que os das famílias de meios irmãos que foram de 71,14% e 60,34%, respectivamente.

Tabela 13. Estimativas de variância genotípica entre famílias (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 dez caracteres em 80 famílias S₁ da população RV-02. Jataí (GO), 2015

Caracteres
EFFAACRDCPP
253,11 79,99 78,52 74,72 1,10 0,99
87,59 78,67 77,87 79,27 80,08 79,27
20,74 116,03 54 84 1,05 1,62
0,67 1,24 0,67 1,24 0,67 1,24

Caracteres — FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); CP: comprimento de pendão (cm); RP: número de ramificações do pendão; DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de espiga (g planta⁻¹); PG: peso de grãos (g planta⁻¹).

O índice de variação, como foi mencionado anteriormente, quanto mais próximo ou superior a 1,00, indica maior possibilidade de sucesso com a seleção. Porém, essa estimativa vale apenas para as famílias de meios irmãos, não possui uma relação desse índice com famílias S₁, desse modo, foi considerado o mesmo valor de referência para meios-irmãos, conforme sugerido por Garbuglio et al. (2009).

Os caracteres altura de plantas e altura de espigas expressaram variância genotípica de 253,11 cm² e 79,99 cm² e herdabilidade de 78,52% e 74,72%, respectivamente, enquanto o índice de variação foi de 1,10 e 0,99. Estas estimativas para os mesmos caracteres em questão, foram avaliados no trabalho de Garbuglio et al. (2009) na avaliação de progênes S₁ de sete populações, alcançou resultados para altura de plantas entre 72,38 a 186,65 cm² de variação genética e de 67 a 82% de herdabilidade. Para altura de espigas, os mesmos autores, obtiveram variância genética entre 20,74 a 116,03 cm² e herdabilidade de 54 a 84%. Oliveira et al. (2015a) obtiveram entre 1,05 a 1,62 de índice de variação para altura de planta e 0,67 a 1,24 para altura de espiga.

Comprimento de pendão e ramificação de pendão apresentaram herdabilidade de 73,93% e 81,15%, respectivamente, e índice de variação de 0,97 e 1,20. Valores também mais elevados que os aferidos nas famílias de meios-irmãos com 39,23% e 64,82% de herdabilidade e 0,46 e 0,79 de índice de variação respectivamente.

A estimativa de herdabilidade para diâmetro de espiga e comprimento de espiga foi de 62,78% e 71,27%, respectivamente, valores que podem ser comparados com o trabalho de Packer (1998), com valores entre 58,58 a 79,84% para o caráter diâmetro de espiga e entre 36,42 a 74,41% para comprimento de espiga. Para o índice de variação, obteve-se valores de 0,75 e 0,909 para estas estimativas, respectivamente Oliveira et al. (2015a) também estimou este parâmetro para estes dois caracteres em três populações endogâmicas, e obteve resultados entre 0.621 a 1.114 para diâmetro de espiga e 0,993 a 1,65 para comprimento de espiga.

Peso de espigas e peso de grãos nas famílias S_1 da população RV-02, apresentou variação genética de 125,82 e 97,210 (g planta^{-1})², herdabilidade de 74,02% e 74,04% e índice de variação de 0,97 e 0,98, respectivamente. Semelhantes magnitudes para estas estimativas são relatadas nos seguintes trabalhos (OLIVEIRA et al. 2015a; PACKER, 1998; RAPOSO & RAMALHO, 2004; GARBUGLIO, 2009). A população RV-02, de acordo com a literatura, possui variabilidade genética suficiente para um segundo ciclo de seleção recorrente, que irá melhorar o desempenho da população devido a diminuição da carga genética e de genes deletérios.

4.3. Endogâmia

Na Tabela 14, estão apresentadas as médias das famílias endogâmicas S_1 e da população-base S_0 , as estimativas de depressão por endogamia, a contribuição dos homozigotos e a contribuição dos heterozigotos para dez caracteres avaliados.

Tabela 14. Estimativas da depressão por endogamia (DP) e da contribuição dos homozigotos ($\sum + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para média observada de dez caracteres avaliados em 80 famílias S_1 da população RV-02. Jataí (GO), 2015

Caractere
s

	FM	FF	AP	AE	CP	RP	DE	CE	PE	PG
S1	63,50	65,39	178,3 0	91,20	30,64	9,74	4,08	13,75	4,12	3,27
S0	60,63	62,42	202,2 0	107,8 0	35,42	11,47	4,35	15,77	6,28	5,15
DP	-4,74	-4,77	11,85	15,33	13,50	15,10	6,29	12,82	34,41	3
($\bar{y} + a^*$)	66,38	68,37	1,54	0,75	25,86	8,02	3,81	11,73	1,96	1,40
d*	-5,75	-5,95	0,48	0,33	9,56	3,46	0,55	4,05	4,32	3,75

Caracteres – FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); CP: comprimento de pendão (cm); RP: número de ramificações do pendão; DE: diâmetro de espiga (cm); CE: comprimento de espiga (cm); PE: peso de espiga ($t\ ha^{-1}$); PG: peso de grãos ($t\ ha^{-1}$).

As estimativas de depressão por endogamia para os caracteres peso de espiga e peso de grãos, foram mais altos que os aferidos para os demais caracteres, o que evidencia que os efeitos de dominância são de maior importância para estas características, em consonância com trabalho de Bernini et al. (2013). No mesmo trabalho da referência anterior, a autora e seus colaboradores quantificaram a endogamia para florescimento masculino com valores entre 1,5% e -3,2%, que no presente foi estimado em -4,74%, o que indica que a autofecundação atrasou o florescimento das famílias. Para altura de planta e altura de espiga, as magnitudes da referência mostraram depressão estimada entre 4,7 a 13% e 0,8 a 9,7%, que na RV-02 foram de 11,85% e 15,33% respectivamente. A depressão por endogamia para comprimento do pendão e número de ramificação do pendão foi de 13,50% e 15,10%, respectivamente. Farias Neto & Miranda Filho (2001), relataram que em populações selecionadas para menor tamanho de pendão, a depressão por endogamia foi maior, exceto para altura de planta. Peso de grãos e peso de espigas obteve 34,41 e 36,43% de endogamia, respectivamente, diversos autores relatam estas estimativas entre 18 a 59% (Oliveira et al. 2015a; Amorim & Souza, 2005; Garbuglio et al. 2009).

A informação da contribuição dos homozigotos é bastante útil, visto que possibilita avaliar o potencial da população, para a extração de linhagens, e tem sido frequentemente utilizada na cultura do milho (VIANA et al. 1982; NASS & MIRANDA FILHO, 1995). Para o caracteres peso de espigas e peso de grãos a contribuição dos homozigotos foi menor que dos heterozigotos, porém para todos os outros caracteres houve o inverso, os heterozigotos obtiveram mais participação que os homozigotos, sendo assim, a população é adequada para extração de linhagens para todos os caracteres avaliados, menos para peso de espigas e peso de grãos.

Em experimento semelhante, Lima et al. (2000), obtiveram para as estimativas da contribuição dos heterozigotos para o caráter peso de espigas, valores de 4,51 t ha⁻¹, 3,66 t ha⁻¹ e 3,57 t ha⁻¹, onde no presente trabalho foi aferido 4,32 t ha⁻¹ para o mesmo caráter e 3,75 t ha⁻¹ para o caráter peso de grãos.

5. Conclusões

Os resultados apresentados no presente trabalho permitem inferir que:

- A população RV-02 possui variabilidade genética suficiente para que seja efetuados mais ciclos de seleção recorrente.
- O rendimento de grãos verificado na população, foi considerado satisfatório, visto que a população está em processo inicial de melhoramento.
- A depressão por endogamia foi o esperado para este tipo de população, podendo diminuir após mais ciclos de seleção recorrente.
- As população RV-02 possui famílias de meios irmãos tolerantes ao fungo *Cercospora zeae-maydis*, que recombinadas, irão agregar essa característica a população.

6. Referências

AMORIM, L. Avaliação de Doenças. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. eds. **Manual de fitopatologia, princípios e conceitos**. 3.ed. São Paulo, Editora Agronômica Ceres. v.1, cap. 32, p. 647-671, 1995.

AMORIM, E.P.; SOUZA, J.C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais. **Bragantia**, Campinas, v.64, n.4, p.561-567, 2005.

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.

ARAÚJO, P. M.; PATERNIANI, E. Melhoramento de populações. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento Genético de Plantas**. Londrina: EDUEL, p.311-330. 1999.

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

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**. 6.ed. Viçosa, MG: UFV, 523p. 2013.

BRANDÃO, A.M. **Manejo da cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis* Tehon e Daniels) e da ferrugem comum no milho (*Puccinia sorghi* Schw) pelo uso da resistência genética, fungicidas e épocas de aplicação**. 169f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2002.

BRASIL, E.M.; CARVALHO, Y. Comportamento de híbridos de milho em relação a *Phaeosphaeria maydis* em diferentes épocas de plantio. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.33, n.12, p.1977-1981, dez. 1998.

BRITO, A.H. **Controle genético e químico de doenças foliares e grãos ardidos em milho**. Lavras: UFLA, 2010.88p. Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2010.

BRITO, A.H.; VON PINHO, R.G.; POZZA, E.A.; PEREIRA, J.L.A.R.; FARIA FILHO, E.M. Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia Brasileira**. 32:472-479. 2007.

BRITO, A.H.; VON PINHO, R.G.; SANTOS, A.O.; SANTOS, S. Reação de híbridos de milho e comparação de métodos para avaliação da Cercosporiose e Mancha Branca. **Tropical Plant Pathology**. 36 (1) January – February. 2011.

CAPELA, M.V.; CAPELA, J.M.V. "**Elaboração de gráficos box-plot em planilhas de cálculo.**" Congresso de matemática aplicada e computacional da região sudeste–CNMAC Sudeste. Vol. 1. 2011.

CÁRDENAS, F.E.N. **Valor genético de populações de milho adaptadas para a região sudoeste de Goiás**. Dissertação de Mestrado, ESAQLQ-USP, Piracicaba (SP), 169p. 2005.

CÁRDENAS, F.E.N; MIRANDA FILHO, J.B. Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Cercospora zeae-maydis* em milho (*Zea mays* L.). **II Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Resumos. 2003.

CÁRDENAS, F.E.N; MIRANDA FILHO, J.B. Síntese de populações visando resistência à cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis* Tehon & Daniels) em milho (*Zea mays* L.). 480. **Congresso Nacional de Genética** – Resumos. 2002.

CARVALHO, A.D.F. **Capacidade de combinação de progênies parcialmente endogâmicas obtidas de híbridos comerciais de milho**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

CARVALHO, A.D.F.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P. Capacidade de combinação de progênies parcialmente endogâmicas obtidas de híbridos comerciais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.3, p.429-437, 2004.

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

CHUPP, C. A monograph of the fungus genus *Cercospora*. New York NY. The Ronald Press. 1953.

COLOMBO, G.A.; VAZ-DE-MELO, A; TAUBINGER, M.; TAVARES, R.C; SILVA, R.R. Análise dialélica para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 1, p.65-71, 2014.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira**: grãos, quarto levantamento, janeiro 2015. Brasília, 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_11_16_15_18_26_safras_nov_2015.pdf>. Acesso em 21 nov. 2015.

COSTA, R.V.; CASELA, C.R.; COTA, L.V. **Cultivo do Milho – Doenças**. Embrapa Milho e Sorgo. Sistemas de produção, 2, ISSN 1679-012X Versão Eletrônica - 5ª edição, Set./2009. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_5_ed/doencas.htm>. Acesso em 11 abril. 2016.

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

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: **Ed. UFV**, v.2, 585p, 2003.

CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A.; SIMÃO, E. P. **478 Cultivares de Milho estão Disponíveis no Mercado de Sementes do Brasil para a Safra 2014/15**. (Documentos / Embrapa Milho e Sorgo, p. 35. ISSN1518-4277). Sete Lagoas, Novembro, 2014.

CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A.; BORGHI, E.; SIMÃO, E.P. **Como escolher**: conheça a lista completa com as 477 cultivares de milho disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2015/16. Cultivar Grandes Culturas, Pelotas, v. 16, n. 195, p. 34-53, ago. 2015.

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

CUNHA, J.P.A.R.; SILVA, L.L.; BOLLER, W.; RODRIGUES, J.F. Aplicação aérea e terrestre de fungicida para o controle de doenças do milho. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 3, p. 366-372, jul-set, 2010

DOEBLEY, J.; BACIGALUPO, A.; STEC, A. Inheritance of kernel weight in two maize – teosinte hybrid populations: implications for crop evolution. **Journal of Heredity, Oxford**, v. 85, p. 191-195, 1994.

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

ENGELSING, M.J.; ROZZETTO, D.S.; COIMBRA, J.L.M.; ZANIN, C.G.; GUIDOLIN, A.F. Capacidade de combinação em milho para resistência a *Cercospora zeae-maydis*. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 42, n. 1, p. 232-241, jan-mar, 2011.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Editora UFV, Imprensa. Universitária, Viçosa, MG. 279p. 1987.

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

FANTIN, G.M., BRUNELLI, K.R., RESENDE, I.C. & DUARTE, A.P. **A mancha de cercospora do milho**. Instituto Agronômico de Campinas. Boletim Técnico nº 192. 2001.

FARIA, M.V.; MENDES, M.C.; ROSSI, E.S.; POSSATTO JUNIOR, O.; RIZZARDI, D.A.; GRALAK, E.; SILVA, C.A.; FARIA, C.M.D.R. Análise dialélica da produtividade e do progresso da severidade de doenças foliares em híbridos de milho em duas densidades populacionais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, n. 1, p. 123-134, jan./fev. 2015.

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. **Science Agriculture**. 58: 119-123, 2001.

GARBUGLIO, D.D. **Variabilidade genética em progênies S₁ e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays* L.). 2007. 135p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 2007.**

GARBUGLIO, D.D.; ARAÚJO, P.M. Avaliação de híbridos intervartetais de milho por meio de cruzamento dialélico parcial, considerando quatro ambientes. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 27, n. 3, p. 379-392, jul./set. 2006.

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.

GARDNER C.O. Teoria de genética estadística aplicable as las medias de variedades, sus cruces y poblaciones afines. **Fitotecnica Latinoamericana**, Caracas, v.2, p.11-22, 1965.

GAMA, E.E.G.; SANTOS, M.X.; FERRÃO, R.G.; MEIRELES, W.F.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O. Potencial genético de um sintético de milho de grãos duros para formação de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p.615-619 jul-ago, 2003.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 15 ed. Piracicaba: Fealq, 451p. 2009.

HALLAUER, A.R. **Compendium of recurrent selection methods and their application**. Critical Reviews in Plant Sciences. 3:01-33, 1985.

HALLAUER, A.R. **Evolution of plant breeding**. Crop Breeding and Applied Biotechnology. 11: 197-206, 2011.

HALLAUER, A. R. Methods used in developing maize inbreed lines. *Maydica*, **Bergamo**, v. 35, n. 1, p. 1-16, 1990.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative Genetics in Maize Breeding. New York, NY: **Springer New York**, p. 477–529, 2010.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames : Iowa State University, 468p, 1988.

JULIATTI, F.C.; SOUZA, R.M. Efeitos de época de plantio na severidade de doenças foliares e produtividade de híbridos de milho. **Biosci.J.**, Uberlândia, v. 21, n. 1, p. 103-112, 2005.

LATTERELL, F.M.; ROSSI, A. Gray leaf of corn: a disease on the move. **Plant Disease**, Saint Paul, v.67, n.8, p. 842-847, 1983.

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

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

LIMA, J.L.; SOUZA, J.C.; MACHADO, J.C.; RAMALHO, M.A.P. CONTROLE GENÉTICO DA EXIGÊNCIA TÉRMICA PARA O INÍCIO DO FLORESCIMENTO EM MILHO. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.1, p.127-131, 2008.

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. p.629-647. 2001.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression rates of semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.18, p.585-592, 1995.

NASS, L.L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a Link between Genetic Resources and Maize Breeding. **Scientia Agricola**. v. 57, n. 3, p. 581-587, 2000.

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

OLIVEIRA, A.S. **Variabilidade genética e potencial produtivo em três populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.)**. 2013. 66p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal) – Universidade Federal de Goiás, *Regional* – Jataí, Jataí, 2013.

OLIVEIRA, A.S.; MIRANDA FILHO, J.B.; REIS, E.F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research** 14 (1): 1184-1199. 2015a.

OLIVEIRA, A.S.; REIS, E.F.; MIRANDA FILHO, J.B.; MENDES, U.C.; RODRIGUES, L.O. GENETIC VARIABILITY AND YIELD POTENTIAL OF THREE SEMIEXOTIC MAIZE (*Zea mays* L.) POPULATIONS. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1609-1617, Nov./Dec. 2015b.

PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O.; GOMES E GAMA, E.E.; SILVA, A.E.; CARVALHO, H.W.L.; VIEIRA JÚNIOR, P.A. Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. **Genetics and Molecular Biology**, v.25, p.441-448, 2002.

PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.)**. 100p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 1998.

PALOMINO, E.C.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F. Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 35(7), 1433-1439. 2000.

PATERNIANI, E; MIRANDA FILHO, J.B. **Melhoramento de populações**. In: Paterniani, E. (Ed.). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba, ESALQ, cap.6. p.202-246, 1978.

PATERNIANI, E; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: Paterniani, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargil, v.1, p.217-274, 1987.

PAUL, P.A.; MUNKVOLD, G.P. Influence of temperature and relative humidity on sporulation of *Cercospora zeae-maydis* and expansion of gray leaf spot lesion on maize leaves. **Plant Disease**- Saint Paul, v.89, n.6, p 624-630, 2005.

PINHO, R.G.; RAMALHO, M.A.P.; RESENDE, I.C.; SILVA, H.P.; POZAR, G. Reação de híbridos comerciais de milho às ferrugens polissora e tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 36:439-445. 2001.

PINTO, N.F.J.A.; ANGELIS, B.; HABE, M.H. Avaliação da eficiência de fungicidas no controle da cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis*) na cultura do milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.1, p.139-145, 2004.

PINTO, N.F.J.A; SANTOS, M.A.; WRUK, D.S.M. **Principais doenças da cultura do milho**. Informe Agropecuário, Belo Horizonte, v.27, n.233, p.82-94, jul./ago. 2006.

R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R foundation for statistic computing , Vienna, Austria, (2016).

RAHUL, K.; SINGH, I.S. Inheritance of resistance to banded leaf and sheath blight (*Rhizoctonia solani* f. sp. *Sasakii*) of maize. **Proceeding 8th Asian Regional Maize Works**. Bangkok, Thailand 5-8: 356-365. 2002.

RANGEL, R.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; CANDIDO, L.S. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 473-481, abr-jun, 2011.

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

RIVERA, M.M.M.; PARRA, J.R.; GONZÁLEZ, J.J.S.; DÍAZ, J.L.R.; LARIOS, L.C.; MUNGUÍA, S.M.; PEÑA, S.H.; BONAPARTE, M.C. Diversidad genética y heterosis

entre híbridos comerciais de maíz de Jalisco liberados em la década de 1990. **Revista Fitotecnia Mexicana**, v.28, p.115-126, 2005.

RODRIGUES, 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.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M.L.; SILVA, P.R.F.; ARGENTA, G. Bases morfofisiológicas para maior tolerância dos híbridos modernos de milho a altas densidades de plantas. **Bragantia**, v. 61, n. 2, p. 101-110, 2002.

SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; GALVÃO, J.C.C.; CASTRO, J.L.; PEREIRA, J. Reação de cultivares de milho à mancha de phaeosphaeria no estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.6, p.585-589, jun. 1997.

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, A; PINTO, R.J.B.; AMARAL JÚNIOR, 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, jan-fev, 2006.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, 30: 507-512, 1974.

SHANER, G.; FINNEY, R.E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in knox wheat. **Phytopathology** 70:1183-1186. 1977.

SILVA, H.P.; FANTIN, G.M.; RESENDE, I.C.; PINTO, N.F.J.A.; CARVALHO, R.V. **Manejo integrado de doenças na cultura do milho safrinha**. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE MILHO SAFRINHA, 6.; CONFERENCIA NACIONAL DE POS-COLHEITA SAG-MERCOSUL, 2.; SIMPOSIO EM ARMAZENAGEM DE GRAOS DO MERCOSUL, 2., 2001, Londrina. A cultura do milho safrinha: valorização da produção e conservação de grãos no Mercosul. Londrina: IAPAR, 2001. p. 113-144.

SILVEIRA, F.T.; JUNQUEIRA, B.G.; SILVA, P.C.; MORO, J.R. Comportamento de linhagens elites de milho para resistência aos enfezamentos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.5, p.431-442, 2006.

SOUZA, A.C. **Variabilidade genética em três populações de milho**. 2015. 59p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal) – Universidade Federal de Goiás, *Regional* – Jataí, Jataí, 2015.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **USDA. 2015**. Disponível em: <<http://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/latest.pdf>>. Acesso em: 18 dez. 2015.

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

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

VIANA, R.T.; GOMES E GAMA, E.E.; NASPOLINI FILHO, V.; MÔRO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.27, p.151-157, 1982.

VIEIRA, R. A.; TESSMANN, D. J.; SCAPIM, C. A.; HATA, F. T.; RODOVALHO, M. A.; BARRETO, R. R. Genetic resistance of new popcorn hybrids to foliar diseases. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 140-146, 2009.

Anexo

Anexo 1. Teste de Scott Knott para os seis principais caracteres de interesse para seleção em função das famílias de meios irmãos (MI), e testemunha resistente (AG1051) e testemunha suscetível (SHS5050) ordenadas da família mais produtiva para a menos produtiva. Jataí (GO), 2015

Caracteres					
FF	F	A	A	A	P
MI	F	P	F	D	G
03a5a2a7a8a7a					
57c0b2a1a2a7a					
64b3b2a1a2b7a					
18a3a1b0b7a					
08b8a2a1b5a6a					
78c8b2a1b1b6a					
03a3a2a1a7b6a					
58b8a1b1a9b6a					
09a6a2a1a9b6a					
08a3a2a1a9a6a					
88a3a2a1a9a6a					
05a8a2a1b9b6a					
05a3a2a1a3a6a					
06b8a2a1a7a6a					
09a8a2a1a8a6a					
08b8a2a1b8a6a					
09b6b2a0b7a6a					
78c6b2a1a8a6a					
76c3b2a1b8a6a					
31a3a1b1b7b6a					
05b6a2b1a9b6a					
08b8a2a1a7a6a					
08c6b2a1b8a6a					
08a3a2a1a2b6a					
08c8b2a1a4a6a					
06b3b2a1a9a6a					
08b6b2a1a7a5a					
78b6a2a1b3a5b					
08a8a1b1a2b5b					
76c8b2a1a7b5b					
76c3b2a1a9b5b					
76c6b1b1b8a5b					
08a3a2a1a8a5b					
18c8b1b1b9b5b					
06c6b1b1b8a5b					
05b6a2a1a3a5b					
08a3a2a1a8a5b					

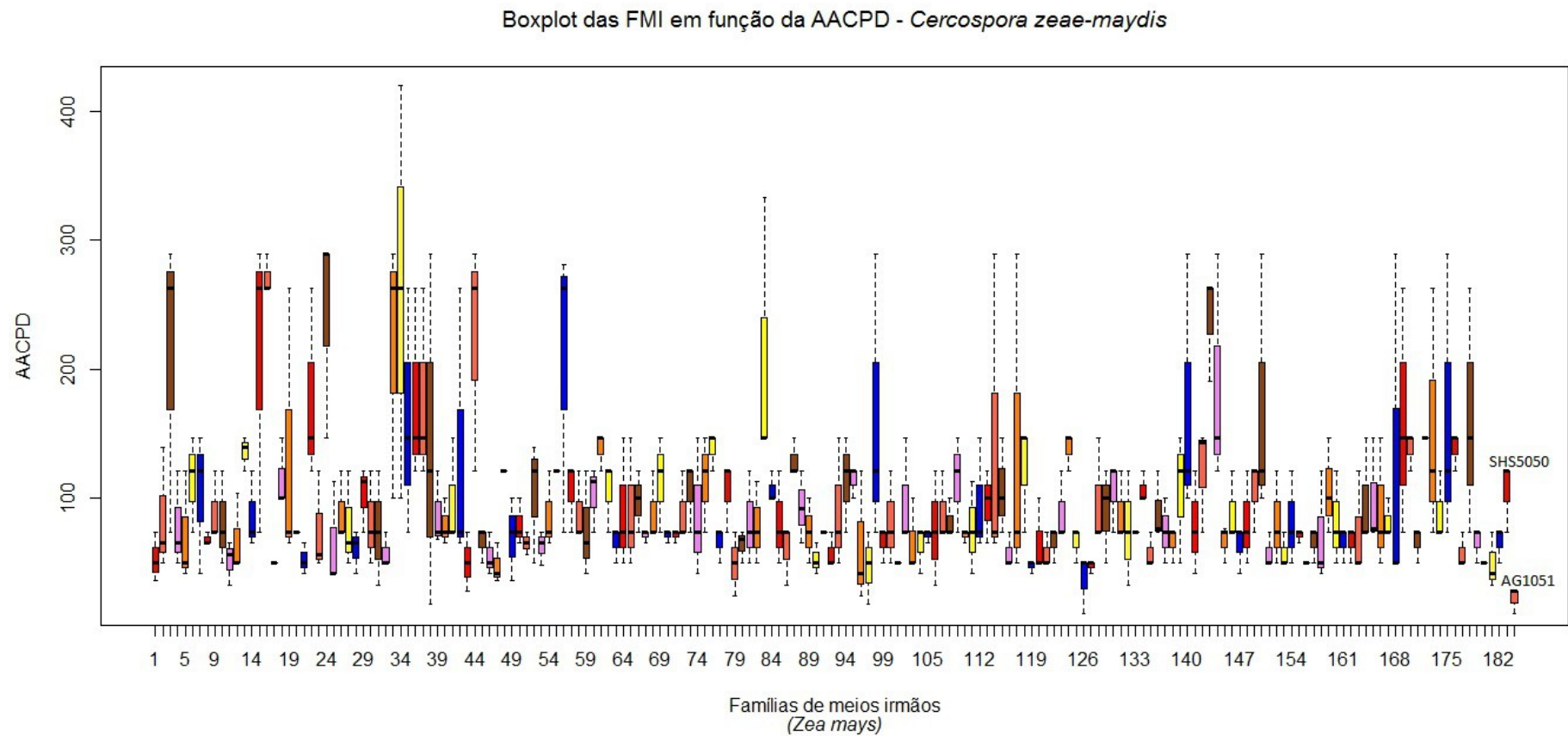
06c6b2a1a6a5b
 40 2 , , 9 ,
 15b6b1b0b4a5b
 09b6b2a1a8a5b
 48d6b2a1a4a5b
 03b4a2a1a8a5b
 98c9a2a1a9a5b
 08b8b2b1b9b5b
 98c6b2a1a8a5b
 44b6b1b1b8a5b
 09a6a2a1a2b5b
 08b8b2a1a4a5b
 48c6b2a1a7b5b
 09a6a1b1a4a5b
 09b6a2a1a9b5b
 69b6a2a1a9b5b
 09b6a2a1a2b5b
 09a9a1b1b9a5b
 03b8a1b1b8a5b
 08b6a2a1a5b5b
 49b6a2a1a2b5b
 09a3a2a1b3b5b
 03b8a2a1a3b5b
 78c6b2a1b7a5b
 46c6b2a1a8a5b
 09a6a2a1b5b5b
 03a9a1b1b7b5b
 97c8b1b1b1b5b
 54b6a2b1a9b5b
 09b6a2a1b1b5b
 08c6b2a1a1b5b
 03a6a2a1a9b5b
 78c8b2a1b8a5b
 03b6a2a1a5b5b
 98c6b1b0b1b5b
 19a6a2a1b8a5b
 08c8b2a1a2b5b
 58c6b1b1b8a5b
 06c6b1b1b7a5b
 06c6b2a1a9a5b
 03a3a2b1b9b5b
 08b8a2a1a2b5b
 08c6b2a1a4b5c
 96d6b2b0b8a5c
 13b8a2a1b6a5c
 68c6b2b1a5b5c
 52 2 , , 0 ,

05a6a2a1a1b5c
 28 0 , , 6 ,
 06b6a1b1a7a5c
 58c1b2a1a8a5c
 01c2b2a1a8a5c
 03a2a2a1a8a5c
 58c1b2b1b1b5c
 01c2a1b1b1b5c
 08b1b1b1b7a5c
 09b2a2a1a9a5c
 98c1b1b1b8a5c
 01c2b2a1a1b5c
 59b2b2a1b9a5c
 08c1b2a1b5a5c
 03a2a2a1a8a5c
 18a8a1b1a1a5c
 08c8b1b0b8a5c
 78c2b2b1b1b5c
 01c2b2a1a9b5c
 02c2b2b1b9b4c
 11c2b1b1a8a4c
 08d2b1b1b8a4c
 12a3a1b1b1b4c
 78c8b2a1a8a4c
 91c2b1b1b1b4c
 01b2a1b1b8a4c
 98c1b2a1a8a4c
 08b2a2a1b4a4c
 08c8a1b1b8a4c
 98c1b1b1b9b4c
 13b2a2a1a8a4c
 08c8b2a1b8a4c
 91c2b1b0b4a4c
 08c1b2a1b8a4c
 41e2b1b1b3a4c
 51c5b2b1a4a4c
 09b2a2a1b9b4c
 98b1a1b1b8a4c
 98b8b2b0b8a4c
 58c2b2b1b1a4c
 98c1b2a1a9b4c
 01c2b2a1a9b4c
 03a2a1b1a8a4c
 97b8a1b0b4a4c
 58c8b2a1b9b4c
 08b1b2a1a1b4c
 30 1 , , 7 ,

15b6b2a1a1b4c
 79 2 , , 4 ,
 06c6b1b1a8a4C
 74c6b1b1b9a4c
 74b3a1b0b5a4c
 18b8a1b1b5a4c
 08d8b2a1b5a4c
 06d4b1b1b9a4c
 06b3b2a1b5a4c
 08c3b1b1b7b4c
 74b3a1b0b9a4c
 09b3b2a1a9b4c
 48c6b1b1b7b4c
 06c4b1b1b9a4c
 74b3a2a1b8a4c
 58b8b1b0b8a4c
 09b3a2a1a1b4c
 08c8b2a1a1b4c
 03b3b2a1a2b4c
 79b3a1b1b9b4c
 68b8a1b1b9b4c
 78e3b2a1b6a4c
 74c6b1b0b5a4c
 06c6b1b1b5a4c
 08c3b1b1b9a4c
 68c6b1b0b9a4c
 74c3b2a1b6a4c
 03b3a2a1a5b4c
 09a9a1b0b8a4c
 08c8b1b1b9a4c
 06c3b2a1b6a4c
 94c6b1b1b5a4c
 14b3b2a1a5a4c
 08c3b1b1b8a4c
 86c3b1b1b1b4c
 06e3b2a1b7b4c
 93e4b2a1b8a4c
 04c4b1b1b8a4c
 54c4b1b0b7b4c
 09b3a2b1a2b4c
 08d8b2a1a4a4c
 03b3a1b1b8a4c
 78c8b2a1b7b4c
 03a3a1b0b8a4c
 78e9a2a1b7a4c
 06c8b2b1b5a4c
 90 1 , , 1 ,

16c6b2b1b5a4c
 50 2 , , 7 ,
 C
 16c6b1b1b8a4c
 91e8b1b0b4a4c
 34b6a1b0b6a4c
 98c8b2a1b4a4c
 13a5a1b0b9b4c
 48c8b1b1b7a4c
 06d8b2a1a9a4c
 73b5a1b0b5a4c
 48c1b1b1b8a3c
 91c8b1b1b8a3c
 06c8b1b1b5a3c

Caracteres – FM: florescimento masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); ADF: Avaliação de doença foliar (AACPD); PG: peso de grãos ($t\ ha^{-1}$). Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade.



Anexo 2. Representação gráfica em boxplot das 182 famílias de meios irmãos (MI) e da testemunha suscetível (SHS5050) e resistente (AG1051) em função da AACPD para as 3 avaliações da *Cercospora zeae-maydis* em Jataí (GO), 2015

