



VICTOR VINICIUS DA SILVA FREITAS

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES S_{0:1} DE MILHO DERIVADA
DE HÍBRIDOS COMERCIAIS**

LAVRAS-MG

2023

VICTOR VINICIUS DA SILVA FREITAS

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES S_{0:1} DE MILHO DERIVADA DE HÍBRIDOS
COMERCIAIS**

Monografia apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Agronomia, para obtenção do título de Bacharel em Agronomia.

Prof. Dr. João Candido de Souza

Orientador

MSc. Lorena Gabriela Coelho de Queiróz

Orientadora

LAVRAS – MG

2023

VICTOR VINICIUS DA SILVA FREITAS

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES S_{0:1} DE MILHO DERIVADA DE HÍBRIDOS
COMERCIAIS**

**SELECTION OF S_{0:1} CORN PROGENIES DERIVED FROM COMMERCIAL
HYBRIDS**

Monografia apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Agronomia, para obtenção do título de Bacharel em Agronomia.

APROVADO em 30 novembro de 2023

Dr. João Candido de Souza	UFLA
MSc. Lorena Gabriela Coelho de Queiróz	UFLA
MSc. Carlos Henrique Milagres Ribeiro	UFLA

Dr. João Candido de Souza

Orientador

MSc. Lorena Gabriela Coelho de Queiróz

Coordenadora

LAVRAS – MG

2023

*Dedico à Deus, que me deu oportunidade de realizar essa graduação e foi de onde
tirei forças todos os dias quando precisei.*

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, agradeço a Deus pela força, sabedoria e constante guia ao longo desta trajetória. Sua presença foi a luz que iluminou cada passo.

Aos meus queridos pais Luiz Marques e Maria Esmeraldina e a minha irmã Maria Luiza, minha gratidão é eterna. Seu amor incondicional, apoio inabalável e sacrifícios incansáveis foram alicerces essenciais para minha jornada acadêmica. Sem vocês, nada disso seria possível.

À Universidade Federal de Lavras, sou grato pela oportunidade de crescimento intelectual, pelos recursos oferecidos e pelo ambiente propício à aprendizagem. Cada experiência vivida contribuiu significativamente para meu desenvolvimento acadêmico e pessoal.

Ao meu orientador Dr. João Candido de Souza e coorientadora MSc. Lorena Gabriela Coelho de Queiroz, expressei minha profunda admiração e agradecimento. Sua orientação, paciência e expertise foram fundamentais para moldar este trabalho. Suas contribuições foram cruciais, e sou grato pela confiança depositada em mim.

Ao Grupo de Melhoramento em Milho, minha gratidão pela colaboração e troca de conhecimentos enriquecedores. A sinergia do grupo foi inspiradora e desempenhou um papel vital no aprimoramento deste estudo.

Aos amigos que compartilharam risos, desafios e momentos inesquecíveis, agradeço por tornarem essa jornada mais leve e enriquecedora. Suas amizades foram bálsamos em momentos difíceis e alegrias em momentos de triunfo.

A todos que, de alguma forma, compartilharam este percurso comigo, o meu muito obrigado. Que este trabalho contribua, assim como todos vocês contribuíram para minha jornada acadêmica.

Com estima,

Victor Vinicius da Silva Freitas

Muito obrigado!

RESUMO

O presente trabalho tem como objetivo, selecionar progênies promissoras de milho, através da estimação dos componentes de variância genética utilizando abordagens via modelos mistos. O experimento foi conduzido na estação experimental da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Foram avaliadas 500 progênies, extraídas de dez populações de milho do programa de melhoramento genético de milho da UFLA, sendo 50 progênies de cada população, e para efeito de comparação das médias foram utilizadas quatro testemunhas, linhagens parcialmente endogâmicas. O delineamento experimental foi de Alfa látice (12x42), constituído por duas repetições com parcelas de duas linhas, com 2 metros de comprimento, com espaçamento de 0,6 metros entre linhas e 0,25 metros entre plantas. Foi avaliado o caráter produtividade de espigas (PROD). As análises estatísticas, foram realizadas por meio do software R, para estimação dos parâmetros genéticos. Foi adotado procedimento BLUP para a predição dos valores genéticos, com uso das estimativas de variâncias obtidas via REML. Para seleção das progênies mais promissoras foi utilizado método de seleção direta. Análise de deviance pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) a 1% de significância, tendo demonstrado que o caráter produtividade de espigas (PROD) diferiu significativamente entre as progênies avaliadas. Foram estimados os seguintes parâmetros acurácia seletiva, variância genéticas, herdabilidade e ganho esperado com a seleção. Foi observada acurácia de magnitude moderada para o caráter, sendo que as estimativas dos componentes de variância comprovam a existência de variabilidade entre as progênies possibilitando a seleção de progênies superiores. A seleção direta, tendo-se selecionado 100 progênies das 500 progênies avaliadas. Foi observada nas progênies selecionadas uma média de 4994.2 kg/ha, representando um ganho de seleção de 474.5 kg/há, correspondente a 10,50 %. As progênies selecionadas são promissoras para dar continuidade ao programa de melhoramento genético de milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Seleção. Melhoramento de Plantas.

ABSTRACT

The aim of this work was to select promising maize progenies by estimating the components of genetic variance using mixed models. The experiment was conducted at the experimental station of the Federal University of Lavras (UFLA). A total of 500 progenies from ten maize populations from UFLA's maize breeding program were evaluated, with 50 progenies from each population and four witnesses, partially inbred lines, for comparison of means. The experimental design was Alpha Mesh (12x42), consisting of two replications with two-row plots, 2 meters long, with spacing of 0.6 meters between rows and 0.25 meters between plants. The cob yield character (PROD) was assessed. Statistical analyses were carried out using R software to estimate the genetic parameters. A BLUP procedure was used to predict the genetic values, using the variance estimates obtained via REML. To select the most promising progenies, the direct selection method was used. The analysis of variance using the likelihood ratio test (LRT) at a 1% significance level showed that the cob yield character (PROD) differed significantly between the progenies evaluated. The following parameters were estimated: selective accuracy, genetic variance, heritability and expected gain from selection. Moderate accuracy was observed for the character, and the estimates of the variance components prove the existence of variability between the progenies, making it possible to select superior progenies. Direct selection, 100 progenies were selected from the 500 progenies evaluated. An average yield of 4994.2 kg/ha was observed in the selected progenies, representing a selection gain of 474.5 kg/ha, corresponding to 10.50%. The selected progenies are promising for the continuation of the maize breeding program.

Keywords: *Zea mays* L. Selection. Plant breeding.

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	8
2.	REFERENCIAL TEÓRICO	11
2.1.	MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO	11
2.2.	AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO.....	13
2.3.	CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE INTERESSE	14
3.	OBJETIVOS.....	16
3.1.	GERAL.....	16
4.	MATERIAIS E MÉTODOS.....	16
4.1.	LOCALIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL	16
4.2.	O CARÁTER QUE FOI SUBMETIDO À AVALIAÇÃO FOI:	16
4.3.	ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	17
4.4.	ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS.....	18
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	19
5.1.	PARÂMETROS GENÉTICOS	19
5.1.1.	SELEÇÃO DIRETA E GANHO COM A SELEÇÃO	20
6.	CONCLUSÃO	23
	REFERÊNCIAS	24
	APENDICE.....	26

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais de maior importância mundial e no Brasil ocupa lugar de destaque juntamente com a soja (*Glycine max* L. Merrill) (COSTA, 2020), sendo o milho cultivada em muitas partes do mundo (BARROS & CALADO, 2024). O milho principal ingrediente energético destinado à nutrição animal, especialmente a de não ruminantes, assim como de aves e suínos, pois apresenta alta digestibilidade de seus nutrientes, seguido por ausência de fatores antinutricionais intrínsecos e de elevada produtividade de grãos. Por essa razão, cerca de 70 a 80% da produção deste cereal tem sido diretamente convertida em rações para produção de proteína de origem animal como carne, leite, ovos (ALVES, 2015).

Brasil apresenta-se como um dos principais países para produção de alimentos, pois tem se mantido entre os principais produtores e exportadores de grãos no *ranking* mundial, possuindo áreas que podem ainda serem exploradas e grandes possibilidades de aumento da produtividade (COSTA, 2020). A produção de milho no Brasil no ano agrícola 2021/2022 foi de 115,6 milhões de toneladas, maior em relação a produção do ano agrícola anterior de 2020/2021, com um aumento percentual de 24,8% na produção (CONAB, 2023). Segundo dados da CONAB (2023), indicam que a área e a produção total de milho tem vindo aumentar nos últimos dois anos, saindo de 21,5 para 22,2 milhões de hectares e de 113,1 para 131,8 milhões de toneladas nas safras 2021/22 e 2022/23, respectivamente. O estado de Minas Gerais cultiva atualmente cerca de 1,3 milhões de hectares de milho, com uma produção média de 6,1 t/ha.

Atualmente, com os avanços progressivos na área da genética, os programas de melhoramento dispõem de diversas ferramentas que podem servir de suporte ao melhoramento convencional (DE FREITAS, 2001), que tem culminado na obtenção do aumento da produção de populações milho. O melhoramento genético de populações de milho, além das demais implicações de ordem teórica e prática, pode ser considerado como um método que conduz progressivamente à obtenção de melhores linhagens para a produção de híbridos superiores (MIRANDA et al., 1978).

O sucesso de um programa de melhoramento genético de milho visando à obtenção de híbridos está ligado à identificação da população mais promissora para a extração de linhagens. Entre os procedimentos que auxiliam os melhoristas nessa escolha, destaca-se a estimativa de $m+a$, que corresponde à média de todas as linhagens na geração S_{∞} (LIMA et al, 2000). Recorrendo-se a estimativa de $m+a$, foram selecionadas dez populações, nomeadamente P1-2B810, P2-BM3066, P3-DKB310, P4-DK363, P5-K9555, P6-MG580, P7-MG652, P8-RB9077, P9-Sviptera, P10-SX7341BM, com

maiores estimativas de $m+a$, indicando maior frequência de alelos favoráveis para os caracteres avaliados.

Diante do exposto, objetivou-se avaliar 500 progênies $S_{0:1}$ de milho, a fim de selecionar as melhores progênies com base nas estimativas dos parâmetros genéticos.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO

O melhoramento genético de plantas e animais em geral, e o de populações de milho em especial, passou a contar com um número adicional de informações, com as contribuições na área da genética quantitativa dadas por Comstock e Robinson (POMMER et al., 1977). De acordo com Dudley & Moll (1969); Shull, (1908), os trabalhos relacionados a heterose e da endogamia, foram os primeiros a surgirem, o que possibilitando à utilização em maior escala e comercial, do método do milho híbrido (MIRANDA et al., 1977).

O melhoramento genético milho, em relação à produção teve e tem vindo a se observar um incremento tão grande que até hoje esse método é bastante empregado nas regiões onde o milho é importante, fazendo com que até no ano de 1945 não se cogitasse do melhoramento genético de populações. Com o decorrer do tempo observou-se que se tornava cada vez mais difícil a obtenção de linhagens superiores, que possibilitam a síntese de híbridos superiores (MIRANDA et al., 1977). Esta dificuldade foi chegando a tal ponto que a partir do ano de 1930, mesmo sendo empregados esforços ainda maiores na obtenção de linhagens melhores, os resultados não eram satisfatórios. Tendo-se chegado inclusive a pensar que a variabilidade genética do milho, estava esgotada e se havia chegado ao limite de produtividade. O problema era que, realmente, o material disponível para obtenção das linhagens tinha sido tão explorado que era praticamente impossível conseguir obter outras melhores (MIRANDA et al., 1977).

De acordo com Santos et al., (1988), no ano de 1972, iniciou-se um programa de melhoramento genético de milho em nível regional, com o objetivo de obter populações mais produtivas e adaptadas às diversas regiões ecológicas do Nordeste, com boas características agronômicas e que apresentassem grãos do tipo dentado e do tipo duro. Após dois e três ciclos de seleção massal para o Dentado Composto e Flint Composto, respectivamente, optou-se pela escolha do esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, uma vez que, além das facilidades de condução, resultados promissores foram mostrados por PATERNIANI (1967), WEBEL & LONNQUIST (1967), LONNQUIST (1964), PATERNIANI (1968) & ZINSLY (1969).

A partir deste momento, houve a necessidade de se obter novas fontes de linhagens para dar continuação aos programas de melhoramento genético, do milho híbrido.

Portanto, isso só seria possível com a utilização de populações melhoradas, onde a frequência de genes favoráveis ou desejáveis fosse mais elevada. Com o auxílio de novas técnicas experimentais e com o avanço no conhecimento da genética quantitativa, tornou-se possível o emprego de métodos simples de melhoramento que até então eram tidos como não eficientes para aumentar a produtividade, como por exemplo: o uso de seleção massal e a seleção espiga-por-fileira. Estes dois métodos, com algumas modificações, passaram a surtir efeitos desejados no aumento da produtividade de milho (MIRANDA et al., 1977).

Foi neste sentido em que, Gardner & Lonnquist *uplod* Miranda et al., (1977), relatam um ganho médio de 4% por ciclo, obtendo o total de 20% em cinco anos na variedade Hays Golden, utilizando o método da seleção massal estratificada. Lonnquist *uplod* Miranda et al., (1977), sugeriu algumas alterações no método espiga-por-fileira, em que modificado com melhor delineamento experimental e com controle parcial das genealogias. Portanto, Paterniani *uplod* Miranda et al., (1977), argumentando que a seleção é feita com base em progenies ou famílias de meios irmãos, em que cria que uma denominação mais precisa do esquema é "seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos". Tendo sido obtidos dois excelentes híbridos duplos no programa de milho híbrido do Instituto Agrônômico, o IAC Hmd 6999 B e o IAC Hmd 7974, onde a Seção de Milho e Cereais Diversos iniciou o programa de melhoramento genético de populações.

A partir do final da década de 2000, os programas de melhoramento genético de milho, utilizavam autofecundações sucessivas para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas (BORÉM, 2001). Em um programa de melhoramento genético visando à obtenção de progênies, as etapas envolvidas são: escolha de populações, obtenção de linhagens, avaliação da capacidade de combinação das mesmas, teste intensivo dos híbridos obtidos além de produção de sementes genéticas e comerciais (PATERNIANI & CAMPOS, 2005).

Atualmente, as fontes preferenciais para extração de novas linhagens têm sido formadas a partir de materiais-elite, como populações biparentais ou sintéticos de linhagens elite, dentro de cada grupo heterótico. As linhagens elite do programa de melhoramento genético são cruzadas entre si, em ciclos subsequentes, respeitando-se os grupos heteróticos (DE LIMA et.al., 2018 *uplod* HORTA, 2020). Neste processo são obtidas novas linhagens com caracteres superiores aos seus parentais, devido então o aumento da frequência de alelos favoráveis, a correção de defeitos em linhagens-elite e

ao maior nível de heterose quando cruzadas com linhagens do grupo heterótico complementar. Portanto, é necessário a inclusão de fontes de variabilidade genética externa ao núcleo de genótipos utilizado no processo de reciclagem, pois, a longo prazo, as linhagens recicladas tendem a se tornar geneticamente relacionadas, podendo então limitar o desenvolvimento de híbridos superiores (DE LIMA. et.al., 2018 *uplod* HORTA, 2020).

2.2. AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO

Desde o início dos trabalhos de pesquisa com o melhoramento genético de populações de milho, utilizando teste de progênies, sabe-se que a fase de avaliação de progênies é a de maior importância. É nesta fase que os indivíduos geneticamente superiores são selecionados, para dar origem a nova população ou o próximo ciclo de seleção (GODOI, 1991). Muitas modificações foram realizadas na metodologia de avaliação de progênies, principalmente no que diz respeito a precisão experimental. Estas modificações visam proporcionar ao melhorista maior segurança na discriminação e seleção correta dos genótipos superiores, pois muitos fatores interferem nesta avaliação (GODOI, 1991).

A importância da avaliação da descendência no melhoramento genético foi descoberta provavelmente por VILMORIM, por volta de 1840. De acordo com FALUBA, (2008), em 1964, LONNQUIST propôs o emprego da seleção espiga por fileira como uso de técnicas de estatística experimental, em que denominou o esquema de seleção espiga por fileira modificado. Trata-se da avaliação e seleção de progênies de meios-irmãos e depois, da seleção das melhores plantas dentro das progênies selecionadas. PATERNIANI (1967) sugeriu a denominação de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (FALUBA, 2008). Para a seleção entre progênies, tem sido utilizada uma intensidade de seleção de 10 a 5%, enquanto que para a seleção dentro de progênies, cerca de 5 a 10% das plantas superiores têm sido selecionadas (PATERNIANI & CAMPOS, 2005), atualmente vem sendo utilizada uma seleção de 10 a 20%.

A avaliação entre progênies tem o objetivo de selecionar a característica mais complexa e mais influenciada pelo ambiente. A seleção dentro de progênies assemelha-se a uma seleção massal estratificada em que se selecionam neste sentido as características de maior herdabilidade (DESTRO & MONTALVÁN, 1999). O método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos é um dos métodos de seleção

intrapopulacional mais utilizados no Brasil para o melhoramento de populações de milho, em virtude da facilidade de condução e eficiência em elevar a frequência dos alelos favoráveis, e possibilidade da estimação da variância genética aditiva (PATERNIANI & CAMPOS, 2005).

Entretanto, a avaliação de progênies e a confiabilidade dos dados experimentais num programa de melhoramento genético de plantas, tem sido um dos grandes desafios, principalmente para características de herança complexa ou controlados por muitos genes, como a produtividade de grãos (RUMIN & VENCOVSKY, 2001). Entretanto obtenção de genótipos superiores, baseia-se no caráter produção, fator esse que é o produto da influência mútua de fatores genéticos, fisiológicos e ambientais (TAVARES et al., 1999). Portanto, a eficiência da seleção se torna muito importante na obtenção de linhagens. Nesse caso, seleção direta para um caráter poderá levar a mudanças indesejáveis no outro. A seleção simultânea de caracteres, através de índice de seleção, tem se constituído numa boa alternativa para contornar esse problema. Os índices de seleção têm sido eficientes na identificação de famílias e ou progênies superiores em qualidade e produção, simultaneamente, constituindo-se numa ferramenta útil para se obter ganhos simultâneos em duas ou mais características. (VILARINHO et al, 2003).

2.3. CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE INTERESSE

Durante a condução de um programa de melhoramento genético, é rotineiro avaliar caracteres importantes para cultura, como objeto do programa. Em cada fase do programa de melhoramento genético de plantas, os caracteres são utilizados com o intuito de avaliar e ou selecionar genótipos promissores, que possuam genes de interesse ou que possuam um atributo favorável. O objetivo é reunir vários caracteres favoráveis em um só genótipo, que poderá torna-se uma nova cultivar (MARCHIORI, 2017).

Na cultura do milho, portanto, além dos caracteres agronômicos de interesse econômico como a produtividade, devem ser considerados caracteres relacionados à qualidade do produto final. Alguns dos principais caracteres morfológicos, associadas à produção e qualidade avaliadas na cultura do estão apresentados a seguir. A mensuração da altura média das plantas da parcela experimental determina o porte da planta e auxilia a seleção de plantas com menor suscetibilidade ao acamamento, pois plantas exageradamente altas tendem a ser mais suscetíveis ao acamamento ou mesmo quebraimento do colmo por ação de fatores climáticos como o vento (MARCHIORI,

2017). A altura da inserção média da espiga superior é um caráter importante para a cultura, pois a colheita mecanizada poderá ser facilitada com espigas uniformes localizadas em posições mais elevadas da planta. Entretanto, espigas muito altas podem provocar a quebra da planta devido ao peso exercido sobre o colmo (MARCHIORI, 2017).

Outra característica de grande importância é presença de espiga decumbente, que acontece quando as espigas se curvam para baixo depois da maturação fisiológica. Esta característica atrapalha a entrada de água de chuva dentro da espiga entre a maturação fisiológica e maturação de colheita, mantendo a qualidade do grão por mais tempo e possibilitando a permanência do produto por um período maior no campo (FONSECA, 2005).

Empalhamento da espiga é uma característica de grande importância, que ocorre quando as brácteas que a revestem cobrem completamente a extremidade da inflorescência feminina, impedindo que os grãos da ponta da espiga fiquem expostos às condições ambientais desfavoráveis, principalmente acúmulo de umidade. (GOMES et al., 2010)

Avaliar o número de plantas acamadas e quebradas em relação ao estande final é importante, pois mensura a suscetibilidade das mesmas em relação a fatores ambientais como pluviosidade, força e direção de ventos. Plantas que estão apenas acamadas têm chance de se recuperarem durante o ciclo. Porém, plantas que tiveram o colmo quebrado não se recuperam, contribuindo para reduzir a produtividade de um genótipo (MARCHIORI, 2017).

A produtividade pode ser definida como a quantidade de produção de grãos por unidade de área sendo o principal caráter de uma cultura tanto para o melhorista quanto para o produtor. Já a massa de mil grãos deve ser mensurada, pois sementes mais pesadas tendem a proporcionar maior rentabilidade ao produtor, caracterizando maior produtividade e lucro (MARCHIORI, 2017).

3. OBJETIVOS

3.1. GERAL

Avaliar 500 progênies S_{0:1} de milho, a fim de selecionar as melhores progênies com base nas estimativas dos parâmetros genéticos.

4. MATERIAIS E MÉTODOS

4.1. LOCALIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL

O experimento ocorreu no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA), situado no município de Lavras, Minas Gerais, a uma altitude de 918 metros, nas coordenadas 21°14'30" de latitude Sul e 45°00'10" de longitude Oeste, durante a safra de verão 2022/2023.

Neste período, foram avaliadas 500 progênies S_{0:1} provenientes de dez populações de híbridos comerciais (P1=K9555, P2=MG652, P3=SX7341BM, P4=RB9077, P5=2B810, P6=Sviptera, P7=BM3066, P8=DK363, P9=MG580, P10=DKB310). A geração S₀ de cada híbrido comercial foi autofecundada para gerar as progênies S_{0:1}, das quais foram selecionadas 50 progênies de cada população. Foram utilizadas quatro linhagens parcialmente endogâmicas como testemunha, provenientes do programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Lavras, foram utilizadas como testemunhas.

O experimento seguiu um delineamento de Alfa látice (12x42) com duas repetições. As parcelas consistiram de duas fileiras de 2 metros de comprimento, com um espaçamento de 0,6 metros entre as fileiras e 0,25 metros entre as plantas, totalizando 16 plantas por parcela.

4.2. O CARÁTER QUE FOI SUBMETIDO À AVALIAÇÃO FOI:

Produtividade de espigas (PROD), que correspondeu ao peso total de espiga com palha da parcela, em Kg/há. Corrigido conforme a equação:

$$PROD = [PG \text{ original } X]X \left[\frac{10}{\text{ÁREA ÚTIL}} \right] \quad (3.1)$$

Em que:

PROD: Peso de espigas corrigido para Kg/há.

PG original: Peso de espigas colhidas na parcela experimental (em Kg);

ÁREA ÚTIL = CL x E e L x NL;

CL: Comprimento da linha (metros);

E e L: Espaçamento entre linhas (metro);

NL: Número de linhas que correspondem à parcela útil.

Na fase de semeadura, foram aplicados 350 kg por hectare do fertilizante comercial NPK com a formulação 8-28-16. A adubação de cobertura foi efetuada 25 dias após a semeadura, utilizando 200 kg de ureia (contendo 45% de nitrogênio). Todos os outros procedimentos relacionados ao manejo foram executados conforme as diretrizes recomendadas para a cultura.

4.3. ANÁLISES ESTATÍSTICAS

As análises estatísticas foram conduzidas utilizando o software R (R CORE TEAM, 2019) e o pacote lme4 (BATES et al. 2014) para estimar os parâmetros e realizar previsões dos valores genéticos. O procedimento empregado no programa para prever os valores genéticos baseou-se no método BLUP, utilizando as estimativas de variância obtidas por meio da abordagem REML. O modelo genético-estatístico adotado para estimar os componentes de variância e fazer previsões dos valores genotípicos foi o seguinte:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \gamma_j + (\gamma\tau)_{jk} + \epsilon_{ijk}, \quad (3.2)$$

Em que:

Y_{ijk} - Valor observado de i th progénie no k th bloco da j th repetição ($i = 1, 2, \dots, p$; $j = 1, 2, \dots, r$; $k = 1, 2$); respectivamente;

α_i - Efeito aleatório das progênies,

γ_j - Efeito fixo do j th repetição completa;

$(\gamma\tau)_{jk}$ - Efeito aleatório do k th bloco incompleto dentro da j repetição, e

ϵ_{ijk} - Efeito aleatório do erro associado a y_{ijk} .

Foi conduzida uma análise de deviance (ANADEV) com o propósito de avaliar a significância dos componentes de variância. No contexto da aplicação de REML/BLUP, a obtenção de estimativas precisas dos componentes de variância é de extrema

importância, conforme destacado por Borges e Ferreira, et al. em 2010. Os componentes de variância obtidos foram submetidos ao teste da razão de verossimilhança (LRT), no qual a significância do modelo foi avaliada através de um teste Qui-Quadrado com um grau de liberdade a uma probabilidade de 1%, conforme proposto por RESENDE & DUARTE em 2007.

4.4. ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS

Foram estimados os componentes da variância pelo método da máxima verossimilhança residual (REML). Para a avaliação da precisão experimental, foi estimado a acurácia seletiva ($\hat{r}\hat{g}g$), que foi determinada pelo estimador proposto por Henderson em 1984:

$$\hat{r}\hat{g}g = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_g^2}\right)} \quad (3.3)$$

Em que:

$\hat{r}\hat{g}g$ - Acurácia seletiva;

PEV - Variância do erro de predição dos BL UP's;

σ_g^2 - Variância genotípica entre os tratamentos.

Também foi estimada a herdabilidade no sentido amplo:

$$h^2 = 1 - \frac{PPEV}{2\sigma^2} \quad (3.4)$$

Em que:

PEV - Variância do erro de predição dos BLUP's;

σ_g^2 - Variância genotípica entre os tratamentos.

O ganho genético com a seleção (GS) foi estimado para o caráter produtividade por meio da seleção direta que permite que seja escolhida a característica potencial para a seleção (CRUZ, 2001). As estimativas do ganho esperado com a seleção em porcentagem da média (GS%) foram obtidas pelo seguinte estimador:

$$GS\% = \frac{h^2 \times ds}{M_o} \quad (3.5)$$

h^2 - Herdabilidade do caráter;

M_o - Média original;

ds - Diferencial de seleção (Média dos genótipos selecionados - M_o)

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de *deviance*, por meio das estimativas dos componentes de variância associados as progênies, constatou-se diferenças significativas entre os tratamentos a 1% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança (LRT), para a produção de espigas (PROD), (Tabela 1).

Tabela 1. Análise de Deviance (ANADEV) com base no teste da razão de máxima verossimilhança (LRT) dos caracteres avaliados a 1% de significancia.

VAR	model	npar	logLik	AIC	LRT	Df	Pr(>Chisq)
PROD	Progenies	4	-7850.00	15700.00	11.80	1.00	0.00
PROD	Rep:Bloco	4	-7850.00	15700.00	6.33	1.00	0.01

Fonte: Do autor (2023).

5.1. PARÂMETROS GENÉTICOS

A acurácia seletiva é uma medida de avaliação da qualidade dos experimentos, em que se baseia na magnitude da variação residual, número de repetições e da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas aos caracteres avaliados (RESENDE & DUARTE, 2007). Onde valores acima de 0,90 são considerados muito altos, entre 0,70 e 0,90 são considerados altos, 0,50 e 0,70 são considerados de moderados e 0,00 e 0,50 são considerados baixos. O valor obtido no experimento é classificado como moderado, o caráter (PROD) obteve σ_g^2 significativa e a estimativa foi de 0,52% o que mostra moderada precisão experimental (Tabela 2). Esses resultados concordam com trabalho de Oliveira, (2016), onde obteve acurácia de magnitude moderada para o caráter (PROD).

Tabela 2. Parâmetros genéticos da produtividade das progênies de milho.

Parâmetros genéticos	PROD
Variância genética (σ_g^2)	367000.00
Variância fenotípica (σ_f^2)	2160000.00
Herdabilidade	0.17
Acurácia	0.52

Fonte: Do autor (2023).

A σ_g^2 foi significativa a 1% para o caráter PROD, indicando que as progênies apresentaram variabilidade genética e possíveis contribuições genéticas para o melhoramento, o que possibilita seleção e ganhos genéticos. Resultados semelhantes foram encontrados por Simões, (2021), onde obteve significativa a 1% para o caráter (PROD), evidenciando a existência de variabilidade genética entre as progênies.

Em relação a herdabilidade para o caráter avaliado, foi de 0,17 para a herdabilidade no sentido amplo e restrito, respectivamente, indicando representatividade do valor genético (COSTA, 2020). STANSFIELD (1974) *uplod* SILVEIRA et al., (2006) considera que os valores maiores que 0,5 representam alto coeficiente de herdabilidade, valores compreendidos entre 0,2 e 0,5 e menores que 0,2, representam coeficientes de herdabilidade médios e baixos, respectivamente. Neste sentido os valores observados neste estudo foram de magnitude baixa, isso pode ser explicado por ser um carácter quantitativo, que é muito influenciado pelo ambiente e, em geral, apresenta valores mais baixos de herdabilidade. De acordo com ALLARD, (1971), estes valores são devido ao controle genético da produtividade de grãos que é resultante da atuação de vários genes de efeito pequeno sobre o fenótipo e com uma pronúncia efeito ambiental.

5.1.1. SELEÇÃO DIRETA E GANHO COM A SELEÇÃO

A seleção direta foi realizada para o caractere (PROD), de acordo com Cruz, (2001), quando se pretende selecionar apenas um caráter, é recomendável o uso da seleção direta. Das 500 progênies avaliadas, foram selecionadas 100 progênies com médias elevadas para o caráter (PROD) (Figura 1).

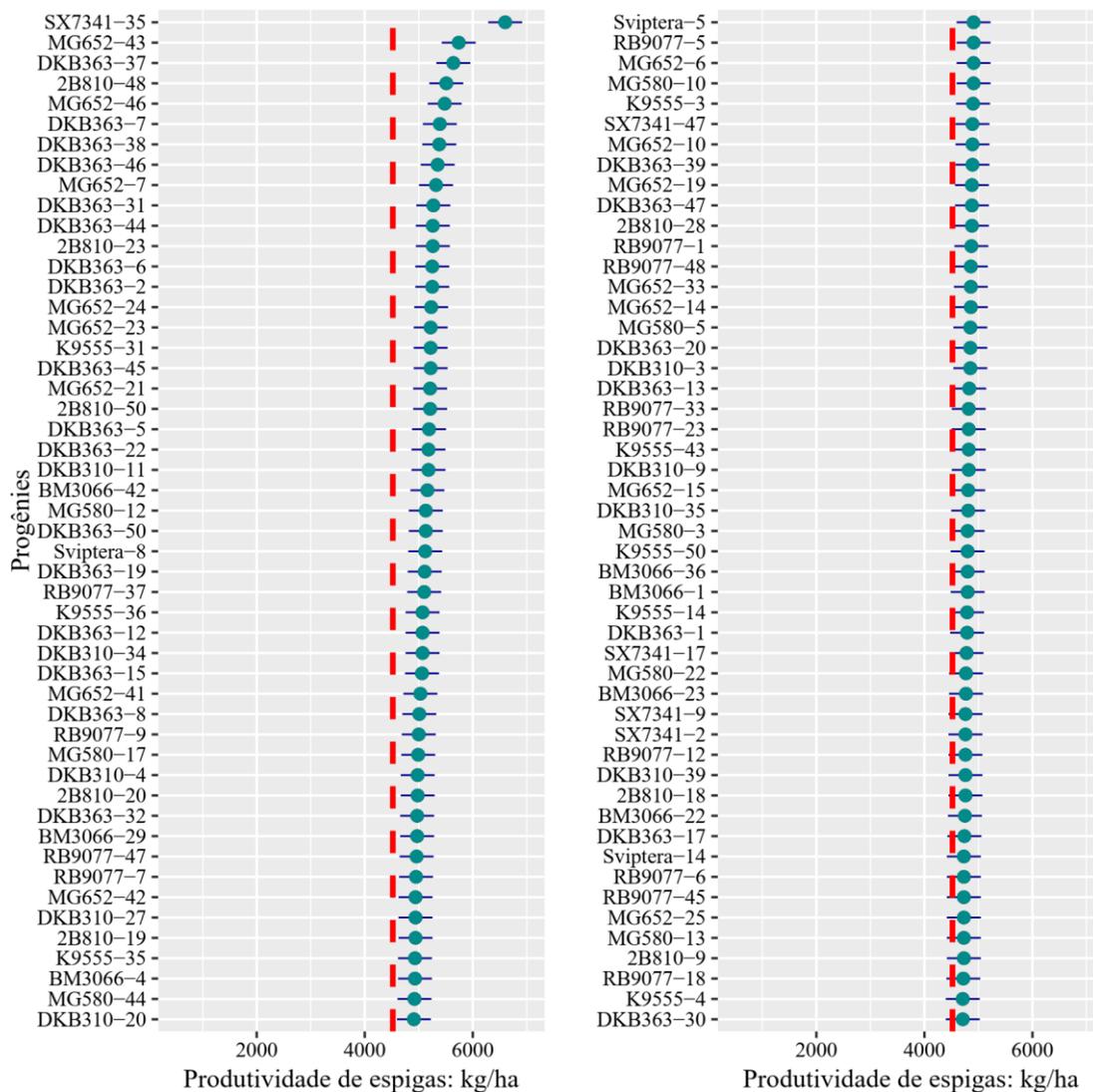


Figura 1. Média de produtividade de peso de espigas das 100 progênies selecionadas.

Os ganhos com a seleção foram calculados levando em consideração a seleção para o aumento da produção (PROD), o que permitiu a seleção de 100 progênies. A seleção direta proporcionou ganhos na produtividade de aproximadamente 10.50, (Tabela 3). Resultados similares, foram encontrados por Silva (2020), em que por meio da seleção direta para a PROD, em possibilito um ganho de 11,65%.

Tabela 3. Estimativas dos ganhos esperados com a seleção direta nas populações selecionadas com baseada nos valores Blups de seleção.

Parâmetros	Valores
MS	4994.2
MG	4519.7
DS	474.5
GS	474.5
GS (%)	10.50

MS - média dos selecionados, MG - média geral, DS - diferencial de seleção, GS -ganho de seleção e GS (%) - Ganho de seleção percentual.

Fonte: Do autor (2023)

6. CONCLUSÃO

As estimativas dos parâmetros genéticos demonstraram a existência de variabilidade genética entre as progênies avaliadas, o que permitiu a seleção de progênies superiores.

A seleção direta com base no caráter produtividade de peso de espigas permitiu ganhos expressivos.

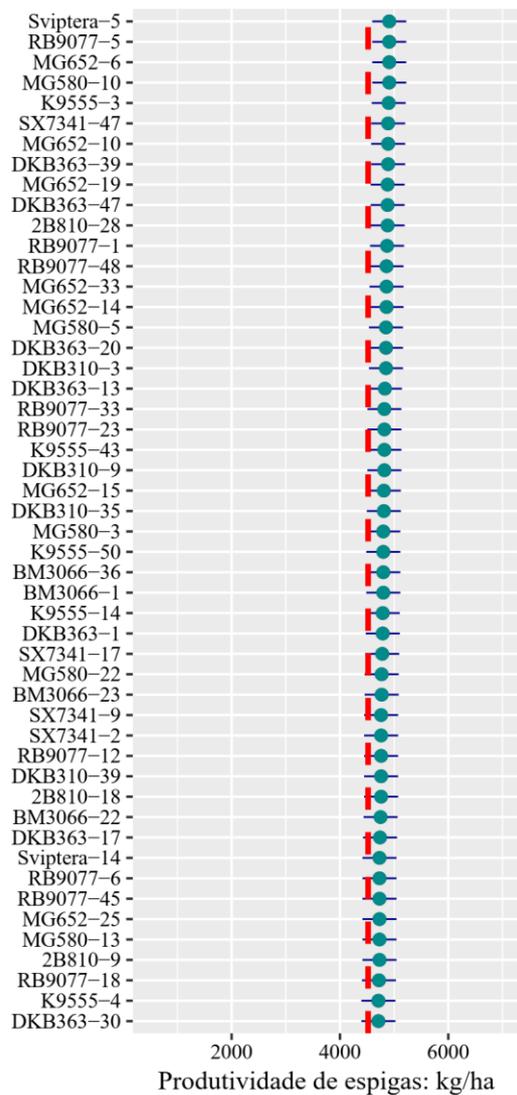
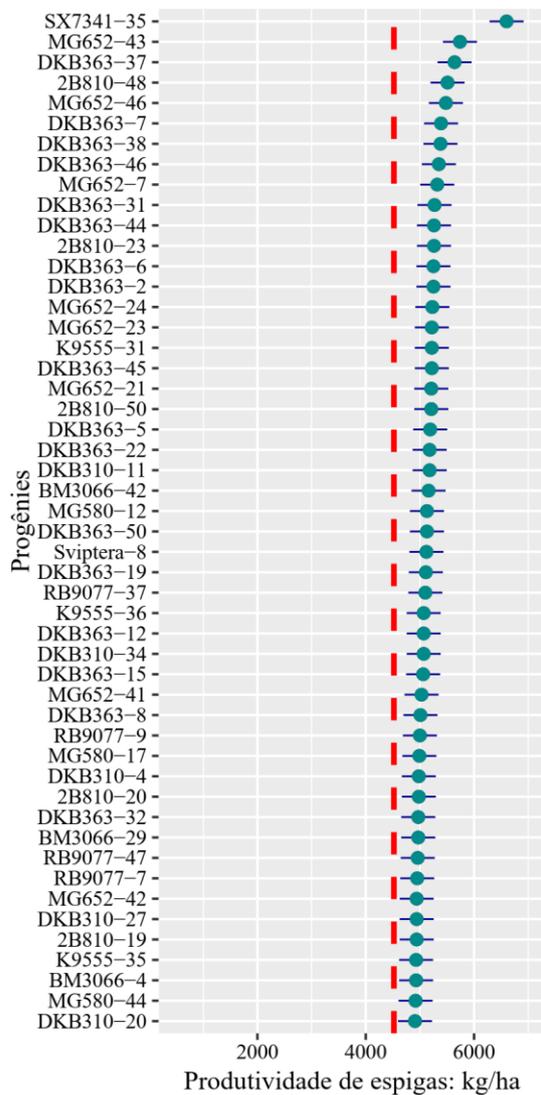
Foram selecionadas 100 progênies das 500 avaliadas, sendo assim as que revelaram ser promissoras para dar continuidade ao programa de melhoramento genético de milho.

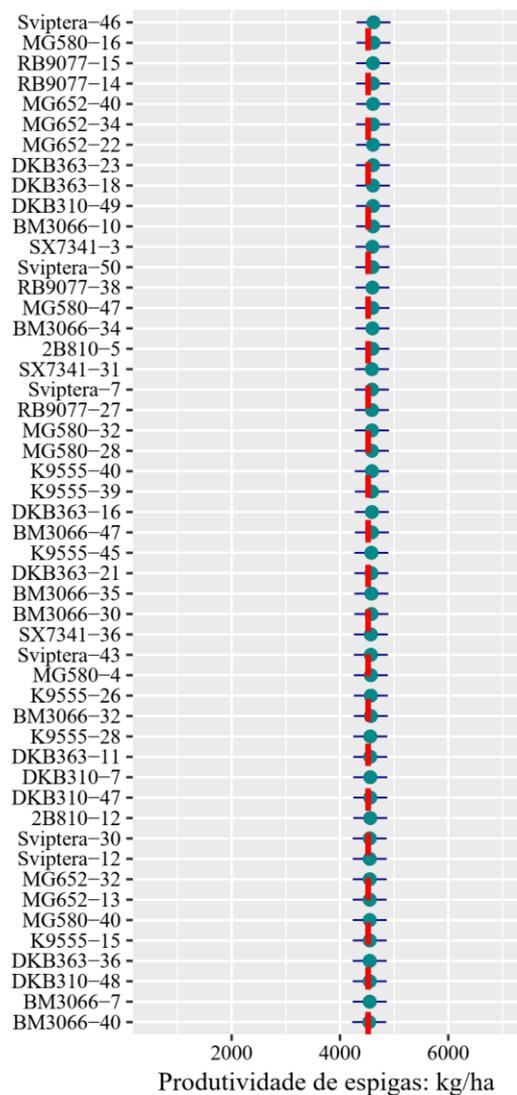
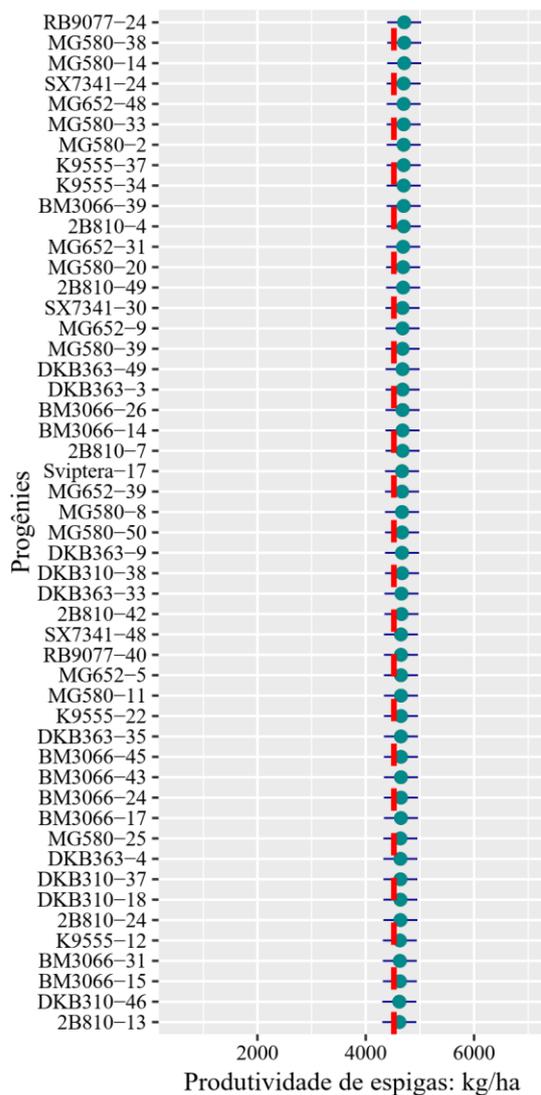
REFERÊNCIAS

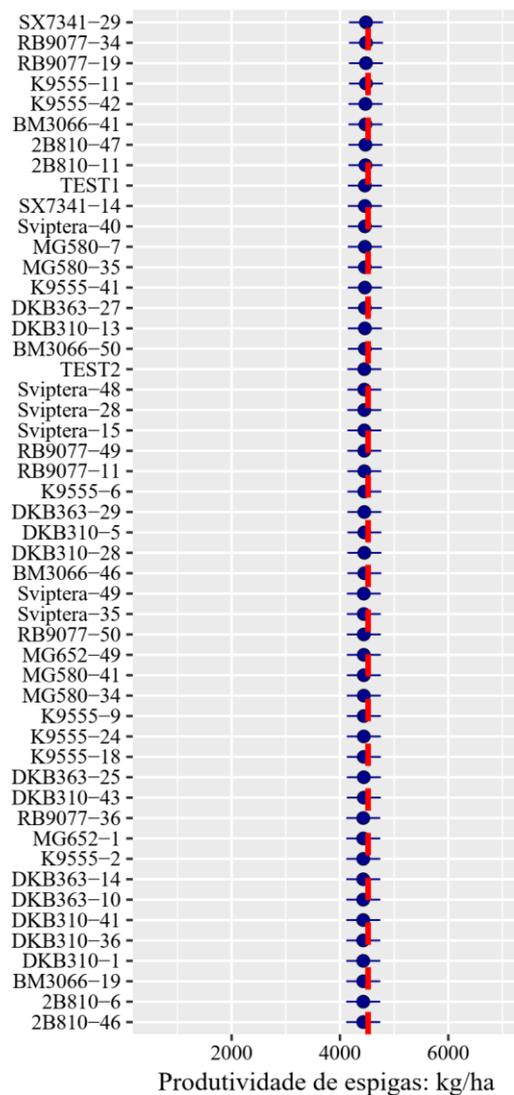
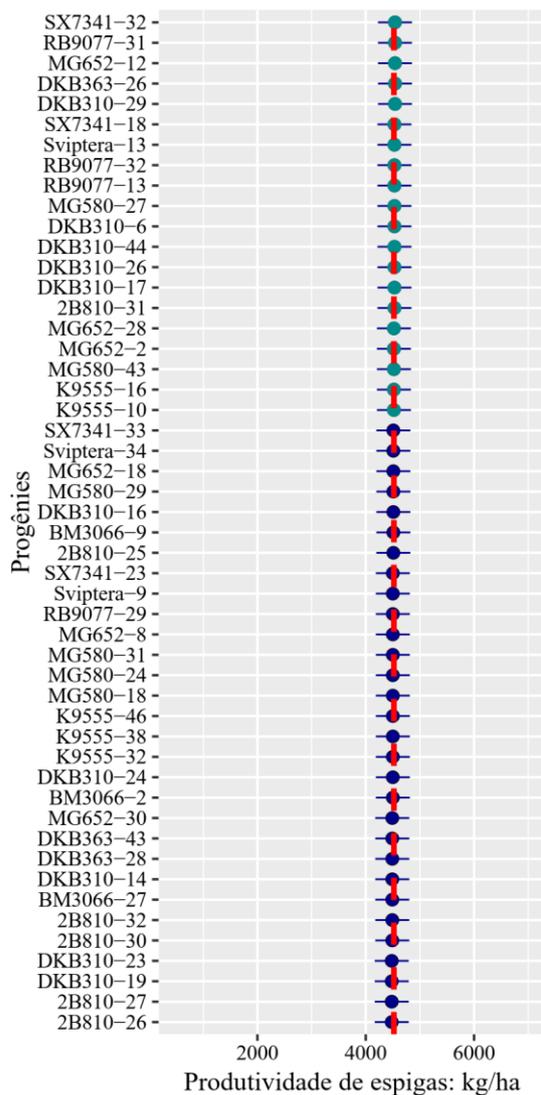
- ALLARD, R. W. Princípios do melhoramento genético de plantas. São Paulo: Edgard Lucher. p.381. 1971.
- ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A; BURIN, C; TOEBE, M; SILVA, L. P. da. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.45, n.5, p.884-891, 2015.
- BARROS, J. F. C. & CALADO, J. G. A cultura do milho. Texto de apoio para as Unidades Curriculares de Sistemas e Tecnologias Agropecuários, Tecnologia do Solo e das Culturas, Noções Básicas de Agricultura e Fundamentos de Agricultura Geral. p.1-52. 2014.
- BATES, D., M. MAECHLER, B. BOLKER, and S. WALKER. "lme4: Linear mixed-effects models using Eigen and S4. R package version 1.0-5. <http://CRAN.Rproject.org/package=lme4>." 2014.
- BORÉM, A. Melhoramento de plantas. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. p. 300. 2001.
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento de safra brasileira – grãos. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos> Acesso em: 20 de outubro, 2023.
- COSTA, M. L. Variabilidade genética e seleção recorrente em população de milho com potencial para milho verde.p.21-39. 2020.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, J.A.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª ed.Viçosa: Ed. UFV, v.1, 2004.p. 480.
- DE FREITAS, M. A. Capacidade de combinação de linhagens obtidas pelo método de dihaploidização na cultura do milho. p. 1-35, 2001.
- DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. Melhoramento genético de plantas. Londrina: UEL, 1999.
- DUDLEY, J. W. & MOLL, R. H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Science* **9**:257-262, 1969.
- FALUBA, J. de S. Genetic potential of the maize population UFV. Universidade Federal de Viçosa, June. p. 1-46. 2008.
- FONSECA, M. J. O. Sistemas de Produção Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas. 2005.
- GODOI, R. H. Z. D. Avaliação de progênies de milho (*Zea mays*). p. 1-41.1991
- GOMES, L. S. et al. Resistência ao acamamento de plantas e ao quebramento do colmo em milho tropical. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.45, n.2, p.140-145, 2010.
- HORTA, M. H. S. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de milho (*Zea mays*) na produção de sementes genéticas. p. 10-31. 2020
- LIMA, M. W. P.; DE SOUZA, E. A.; RAMALHO, M. A. P. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. *Bragantia*, Campinas, **59**(2). p. 154-158. 2000.

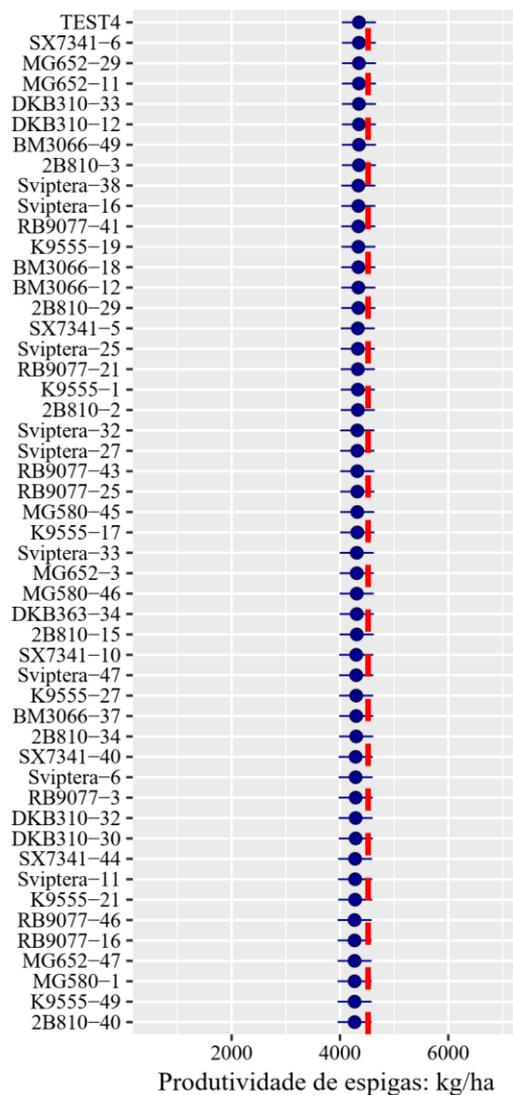
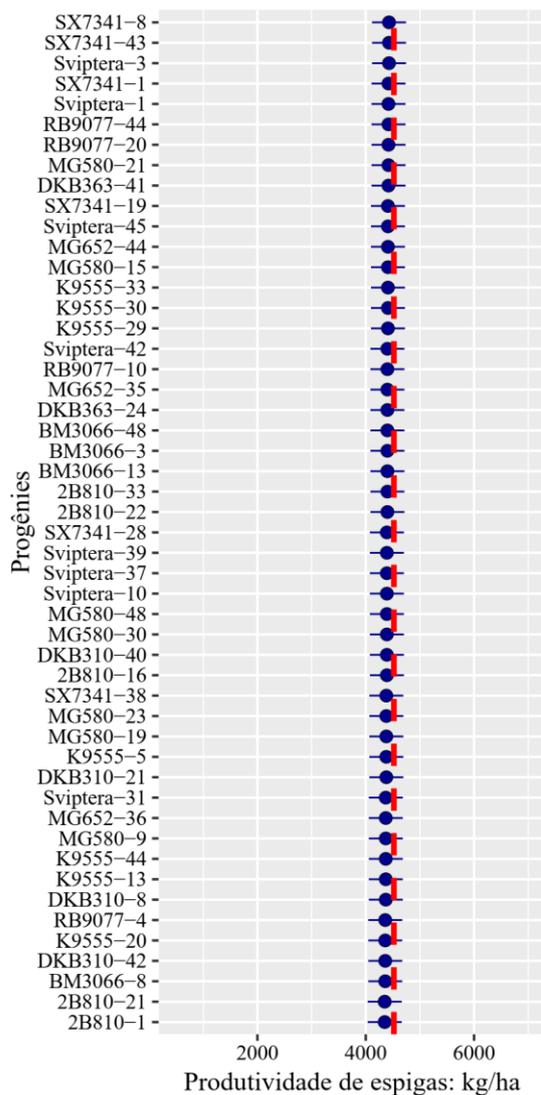
- MARCHIORI, R. Biometria aplicada à seleção de progênies parcialmente endogâmicas de milho pipoca. p. 1-58. 2017.
- MIRANDA, et al. Melhoramento genético da cultivar de milho IAC-1. Seção de Milho e Cereais Diversos, Instituto Agronômico. V.37. N. 8. p. 64-70. 1978.
- MIRANDA, L.T.D et al. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho iac-1. Seção de Milho e Cereais Diversos, Instituto Agronômico. V.36. N.18. p. 188-195. 1977.
- OLIVEIRA, B. M. D. Testadores para a seleção de linhages de milho-doce. Tese de doutorado. p 21-64. 2016.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de Espécies Cultivadas. 2 ed. Viçosa: UFV. p. 491-552. 2005.
- POMMER, et al. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho iac-1 opaco-2. Seção de Milho e Cereais Diversos, Instituto Agronômico. V36. N19. p. 197-205. 1977.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- RUMIN, G. C. R.; VENCOVSKY, R. Índice baseado em rflps para seleção de linhagens visando sintéticos de milho. *Scientia Agrícola*. v.58, n.2, p.303-311, abr./jun. 2001
- SANTOS, M. X. D.; GERALDI, I. O.; e JUNIOR, C. L. D. S. Avaliação de dois ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em duas populações de milho no Nordeste Brasileiro. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 23(5):519-523, maio 1988.
- SHULL, G. H. The composition of a field of maize. *Am. Breed. Assoc. Rept.* 4:296-301, 1908.
- SILVEIRA, G. D. da.; MAURO, A. O. Di.; CENTURION, M. A. P. da C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal (SP). *Científica*, Jaboticabal, v.34, n.1, p.92-98. 2006
- SIMÕES, E. L. Seleção de progênies endogâmicas de milho tropical com base no cruzamento com dois testadores de base genética estreita. p 10-29. 2021
- VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; SANTOS, J. F. D.; CÂMARA, T. M. M. Eficiência da seleção de progênies s1 e s2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. *Bragantia*, Campinas, v.62, n.1, p.9-17, 2003.

7. APENDICE









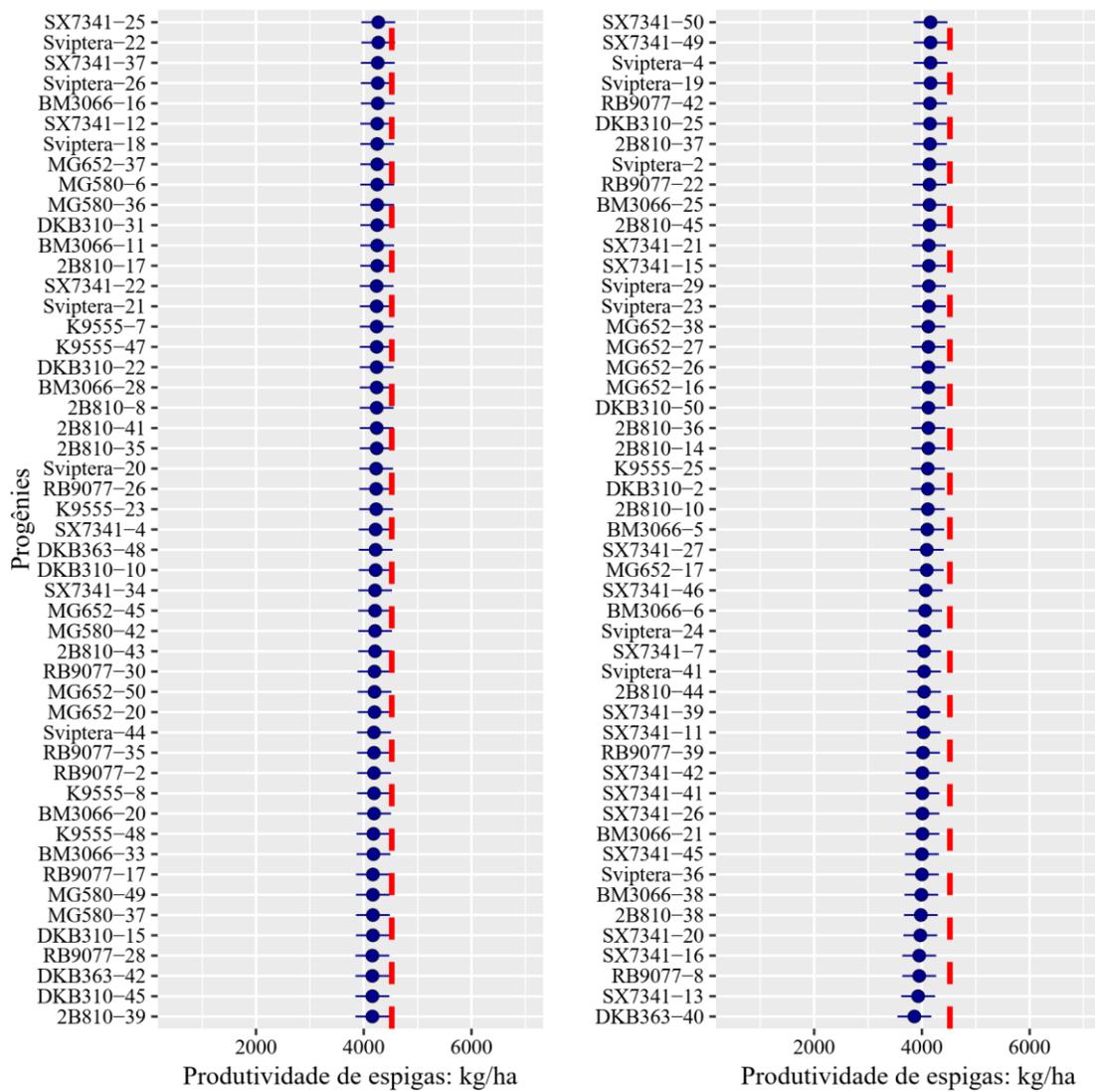


Figura 1: Ranqueamento a produtividade de espigas com palha de progênies de milho. A linha tracejada vermelha representa a média geral, as progênies com pontos de cor azul estão abaixo da média geral e as progênies com pontos de cor ciano estão acima da média geral.