

VINTE ANOS DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM  
MILHO: PROGRESSOS GENÉTICOS

**JOSÉ ARANTES FERREIRA JÚNIOR**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2019

VINTE ANOS DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM  
MILHO: PROGRESSOS GENÉTICOS

**JOSÉ ARANTES FERREIRA JÚNIOR**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutor em Genética e Melhoramento de  
Plantas.”

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2019

**FICHA CATALOGRÁFICA**

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

F383

Ferreira Junior, Jose Arantes.

VINTE ANOS DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO : PROGRESSOS GENÉTICOS / Jose Arantes Ferreira Junior. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

72 f.

Bibliografia: 46 - 57.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2019.

Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. Zea mays L. 2. rendimento de grãos. 3. progresso genético. 4. heterose. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

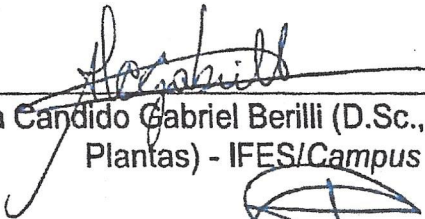
VINTE ANOS DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM  
MILHO: PROGRESSOS GENÉTICOS

**JOSÉ ARANTES FERREIRA JÚNIOR**

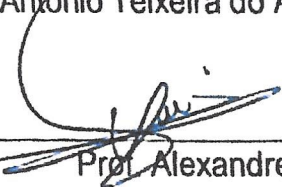
Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutor em Genética e Melhoramento de  
Plantas.

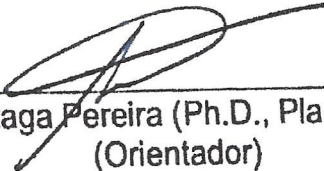
Aprovada em 22 de março de 2019.

Comissão Examinadora:

  
\_\_\_\_\_  
Prof.<sup>a</sup>. Ana Paula Candido Gabriel Berilli (D.Sc., Genética e Melhoramento de  
Plantas) - IFES/Campus Itapina

\_\_\_\_\_  
Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) - UENF  
(Orientador)

## DEDICATÓRIA

A Deus;

Aos meus pais, José Arantes Ferreira e Terezinha Maria Silva Ferreira;

Aos meus irmãos, Josistelma, Jorgetânia, Rosa (*in memorian*), Corina, Merialda,

João e Jayme;

Aos meus sobrinhos, Jéssica, Jhesse, Júlie, Guilherme, Marcos, Geovana,  
Eduarda, Lucas, Igor, Carol, Valentina, Isa Rosa, Camila, Maria Tereza, Bernardo

e Fernando;

Aos meus cunhados José Onilson, Wellington Carlos, Natalino e minha cunhada

Cassia Brotas.

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, pela vida e por me guiar nos seus caminhos.

Aos meus pais, José Arantes Ferreira e Terezinha Maria Silva Ferreira, por todo suporte e amor incondicional.

A toda minha família pelo incentivo e por se fazerem presentes em todos os momentos da minha vida. Em especial aos meus irmãos Josistelma, Jorgetânia, Rosa (*in memoria*), Corina, Merialda, João Thieres e Jaime, pelas palavras de encorajamento e por terem me dado força para superar todas as dificuldades.

Aos meus sobrinhos queridos Jéssica, Jhesse, Júlie, Guilherme, Marcos, Geovana, Eduarda, Lucas, Igor, Carol, Valentina, Isa Rosa, Camila, Maria Tereza, Bernardo e Fernando que são presentes de Deus nas nossas vidas.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e seu corpo docente por oferecerem o suporte necessário para formação de recursos humanos e crescimento profissional.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001

Ao meu orientador, professor Messias Gonzaga Pereira, pelo suporte, orientação, ensinamentos, amizade, conselhos e companheirismo de sempre.

Aos meus conselheiros, professor Alexandre Pio Viana e professora Helaine Christine Cancela Ramos, pela amizade, ensinamentos e supervisão durante todo o período de doutoramento.

Ao professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pelos ensinamentos e auxílio nas diversas etapas da pesquisa e formação.

A professora Ana Paula Candido Gabriel Berilli, pela disponibilidade de participar da banca de defesa da tese.

A todos os servidores da UENF pelo auxílio nas mais diversas necessidades diárias em especial, ao secretário do programa José Daniel pela presteza de sempre.

Ao Sr. Geraldo Carvalho pelos ensinamentos, companheirismo e parceria, aproveito para agradecer o suporte dos bolsistas: Luzimara, Valdinei, Durval e Estênio.

Ao Dr. Leandro Hespanhol e aos funcionários da estação Ilha Barra do Pomba: Noé, Marquinho, Júlio, Arnaldo, Benedito, Mauricio, José Luiz e Luciano pelo suporte, amizade e ensinamentos durante todos os momentos que compartilhamos.

Aos meus amigos Daniel Rohem e Elenise Rohem pelo acolhimento e por terem sido minha família durante os períodos que precisei permanecer em Itaocara.

À toda equipe do milho, Jocarla, Nayara, Gabriel, Flávia Nicácio, Vivane e Gabriela, pela parceria, amizade e empenho em todas as atividades realizadas.

As equipes do milho pipoca, fruteiras, LEAG e LFIT que me ajudaram em vários momentos da pesquisa.

Aos amigos: Karina, Amanda, Yure Pequeno, Derivaldo, Andre, Alan, Rozane, Marlene, Deyse, Tâmara, Gustavo, Fabão, Ismael Schwantes, Andréia Knod, Luana, Guilherme Pena, Fernanda Rossi, Ismael Schenoscheski, Adriano dos Santos, Railan, Yuri Kurosawa, Gabrielle, Juliana, Wallace, Weverton, Cássio, Janeo, Pedro, Fernando Higino, Fernando Ferreira, Jhean, Sharid, Rodrigo Moreira, Ediceli, Sandra, Moisés Ambrósio, Bruno, Natan, Carlos Misael, Gessica, Odimar, Flávia Alves, Caio, Beatriz, Nádia, Kaliane, Felipe, Ricardo, Júlio Vettorazzi, Renato Santa Catarina, Marcela Boechat, Fernanda; Rafael Cabral; Júlio Cesar, Paulo Ricardo, Paulo Moreira, Diego Couto.

A conclusão desta etapa foi possível em razão do envolvimento de muitas pessoas, e portanto agradeço a todos que contribuíram de alguma forma, O MEU MUITO OBRIGADO!



## SUMÁRIO

|  |      |
|--|------|
| RESUMO .....   | viii |
| ABSTRACT .....                                       | x    |
| 1. INTRODUÇÃO .....                                  | 1    |
| 2. OBJETIVOS .....                                   | 3    |
| 3. REVISÃO DE LITERATURA .....                       | 4    |
| 3.1. Aspectos gerais da cultura do milho .....       | 4    |
| 3.2. Importância socioeconômica do milho .....       | 6    |
| 3.3. Melhoramento genético da cultura do milho ..... | 8    |
| 3.4. Seleção Recorrente .....                        | 11   |
| 3.5. Progresso genético na cultura no milho .....    | 15   |
| 3.6. Médias e variâncias .....                       | 17   |
| 4. MATERIAL E MÉTODOS .....                          | 18   |
| 4.1. Material vegetal.....                           | 18   |
| 4.2. Ensaio de avaliação .....                       | 21   |
| 4.3. Características avaliadas .....                 | 22   |
| 4.3. Análises estatísticas.....                      | 22   |
| 4.4.1 Heterose relativa.....                         | 23   |
| 4.4.2 Heterobeltiose .....                           | 24   |
| 4.4.3 Componentes de variância .....                 | 24   |
| 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....                       | 25   |
| 5.1. Análise de variância.....                       | 25   |

|  |    |
|--|----|
| 5.2 Médias (grupo I).....                              | 27 |
| 5.2.1 Progresso genético.....                          | 27 |
| 1.2.2 Heterose e Heterobeltiose .....                  | 33 |
| 1.3 Médias e componentes de variância (Grupo II) ..... | 36 |
| 6 CONCLUSÕES .....                                     | 45 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....                        | 46 |

## RESUMO

FERREIRA JÚNIOR, José Arantes; DSc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março de 2019; Vinte anos de seleção recorrente recíproca em milho: progressos genéticos. Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira; Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana; Prof<sup>a</sup> Helaine Christine Cancela Ramos.

Há um pouco mais de duas décadas, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro mantém um programa de Seleção Recorrente Recíproca de Famílias de Irmãos Completos (SRRFIC) em milho. Durante este período, foram obtidos resultados satisfatórios com a condução deste programa, o que propiciou a recomendação de genótipos melhorados para as condições regionais do Norte e Noroeste fluminense. O presente estudo objetivou mensurar o progresso genético e estudar possíveis alterações nas médias e nos componentes de variância ocorridas nas populações CIMMYT e Piranão, ao longo de dez ciclos de SRRFIC em milho. Para tanto, utilizaram-se dois grupos de tratamentos, sendo o primeiro composto por trinta genótipos, constituído por dez populações Piranão, dez populações CIMMYT e dez híbridos interpopulacionais entre elas. O segundo grupo foi composto de duzentos e cinquenta tratamentos, sendo cento e vinte e cinco progênies de meios-irmãos de origem Piranão, representantes de cinco ciclos (7<sup>o</sup>, 9<sup>o</sup>, 11<sup>o</sup>, 13<sup>o</sup> e 15<sup>o</sup>) e as demais de origem CIMMYT, da mesma forma representando os ciclos mencionados. Os ensaios de avaliação englobaram quatro ambientes, constituídos pelos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara nas safras 2016/17 e 2017/18, em delineamento do tipo alfa-lattice 14x20 com quatro

repetições. Os caracteres avaliados foram: Rendimento de Grãos, Prolificidade e Peso de Espigas com Palha, as observações obtidas foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, resultando nas médias ajustadas. As diferentes populações ao longo dos dez ciclos foram caracterizadas quanto ao progresso genético realizado (grupo I) e componentes de variância (grupo II). No tocante ao rendimento de grãos, verificou-se progresso genético significativo para as populações Piranão *per se* e nos híbridos interpopulacionais em que se obteve 146 kg.ha<sup>-1</sup>.ciclo<sup>-1</sup> e 173kg.ha<sup>-1</sup>.ciclo<sup>-1</sup>, respectivamente. Adicionalmente, apurou-se que os valores de heterose não aumentaram no decorrer dos ciclos, apresentando valores médios de 50%. E por fim, verificou-se que o componente de variância para efeito de genótipos se mantiveram em patamares satisfatórios mesmo dez ciclos de SRRFIC.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; rendimento de grãos; progresso genético; heterose.

## **ABSTRACT**

FERREIRA JÚNIOR, José Arantes; DSc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March 2019; Twenty years of recurrent reciprocal selection in maize: genetic progress. Adviser: Messias Gonzaga Pereira; Comitee Members: Prof. Alexandre Pio Viana; Prof. Helaine Christine Cancela Ramos.

For more than two decades, the State University of North Fluminense Darcy Ribeiro, has maintained a full-sib reciprocal recurrent selection program (SRRFIC) in corn. During this period, satisfactory results were obtained with the conduction of this program, which led to the recommendation of improved genotypes for the regional conditions of the North and the Northeast of the Rio de Janeiro State. The present study aimed to measure genetic progress and to study possible changes in the means and components of variance occurring in the CIMMYT and Piranão populations over ten cycles of SRRFIC. For this, two treatment groups were used, the first one consisting of thirty genotypes, distributed in ten Piranão populations, ten CIMMYT populations and ten interpopulational hybrids among them. The second group consisted of two hundred and fifty treatments, one hundred and twenty-five progenies of half-sib of Piranão origin, representatives of five cycles (7th, 9th, 11th, 13th and 15th) and the others of CIMMYT origin, representing the mentioned cycles. The evaluation trials included four environments, constituted by the city of Campos dos Goytacazes and Itaocara in the 2016/17 and 2017/18 harvest seasons, in a 14x20 alpha-lattice type design with four replications. The evaluated traits were: Grain Yield, Prolificity and Ear Weight. The obtained data

were submitted to the individual and joint analysis of variance, resulting in the adjusted means. The different populations during the ten cycles were characterized as regards the genetic progress made (group I) and components of variance (group II). Regarding grain yield, significant genetic progress was observed for the Piranã populations *per se* and for interpopulational hybrids, in which 146 kg.ha<sup>-1</sup>.cycle<sup>-1</sup> and 173 kg.ha<sup>-1</sup> cycle<sup>-1</sup>, respectively, were obtained. In addition, it was found that heterosis values did not increase over the course of cycles, with mean values of 50%. Finally, it was verified that the components of variance for genotype effect remained at satisfactory levels even after ten cycles of SRRFIC.

**Keywords:** *Zea mays* L.; grain yield; genetic progress; heteroses

## 1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) ocupa posição de destaque no cenário mundial, pois além de ser o cereal mais cultivado no mundo, é um dos ingredientes básicos da alimentação de diversos povos. Este produto é empregado de forma intensiva na fabricação de ração destinados principalmente para aves e suínos. Adicionalmente, é muito utilizado na indústria e, atualmente constitui matéria prima indispensável em diversas cadeias de produtos industrializados, com destaque para a produção de etanol (Moro e Fristsche Neto, 2015).

Em função de sua importância econômica, o milho é cultivado em todos os continentes, compreendendo as zonas climáticas temperadas e tropicais. A nível de Brasil, este cereal é cultivado em praticamente todo território distribuídos em duas safras. A partir do ano 2008/2009 o volume produzido na safrinha superou o da safra de verão, em que os agricultores das principais regiões produtoras começaram a adotar a sucessão soja/milho (safra/safrinha), fato este que contribuiu sobremaneira no incremento da produção nacional (Conab, 2019).

Ainda que a cadeia produtiva do milho tenha passado por avanços tecnológicos significativos, nos últimos anos, a produtividade média nacional é considerada baixa em relação ao potencial biológico da cultura. No entanto, é inegável os acréscimos de rendimento experimentado nas últimas quatro décadas pelo setor, em razão da melhoria nas condições de cultivo e ao progresso genético, fruto dos trabalhos liderados pelos programas de melhoramento.

Portanto, os esforços destes programas têm sido direcionados de modo a atender as demandas dos agricultores de cada região, principalmente visando alcançar novos patamares de produtividade, o que inspira a adoção de estratégias que permitam a maximização dos ganhos genéticos, sem contudo comprometer a variabilidade genética das populações (Hallauer et al., 2010).

Dentre as ferramentas disponíveis no âmbito do melhoramento genético populacional, destaca-se a Seleção Recorrente Recíproca (SRR), proposta inicialmente por Comstock; Robinson e Harvey (1949). Conforme descrito por Souza Junior et al., (1993) neste esquema, genótipos de duas populações são avaliados em cruzamentos e os que apresentarem melhores desempenhos são recombinados entre si. Este procedimento permite melhorar simultaneamente as populações *per se* e o híbrido interpopulacional.

Com este enfoque, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) mantém, nas últimas duas décadas, um programa de Seleção Recorrente Recíproca de Famílias de Irmãos Completos (SRRFIC) em milho. Este programa cumpre papel primordial, pois é o único programa de melhoramento genético de milho comum do estado do Rio de Janeiro, e ao longo deste período apresentou resultados satisfatórios (Tardin et al., 2007; Cunha et al., 2012; Berilli et al., 2013).

Como consequência deste programa foi obtida a cultivar UENF 506-11, que recentemente foi objeto de uma nova parceria entre a UENF e a empresa Rio Norte sementes. A referida empresa iniciou suas atividades em novembro de 2018, tendo já comercializado 900 kg de sementes da cultivar. Estima-se que cerca de 18 hectares já foram cultivados com este híbrido na safra 2018/19 e para a próxima safra, a empresa pretende comercializar 2.500 kg de sementes.

Dada a importância desta estratégia de melhoramento a longo prazo é de grande valia o monitoramento da variabilidade nas populações de trabalho e do ganho genético que se obtém a cada ciclo de seleção. Entretanto, a nível de Brasil, há uma lacuna, visto que os resultados disponíveis na literatura contemplam apenas um ou poucos ciclos de seleção, o que inspira a realização de estudos de longo prazo, principalmente no que tange ao progresso genético e dinâmica dos componentes de variâncias ao longo dos diferentes ciclos de seleção.



## 2. OBJETIVOS

O presente estudo teve como objetivo geral analisar as mudanças ocorridas nas populações Piranão e CIMMYT ao longo de dez ciclos de SRRFIC em milho. Os objetivos específicos foram: (i) Avaliar o progresso genético realizado ao longo de dez ciclos de seleção recorrente; (ii) Verificar a dinâmica dos componentes de variâncias de um programa conduzido a longo prazo (iii) e verificar a ocorrência de heterose e sua magnitude.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. Aspectos gerais da cultura do milho

Acredita-se que o milho originou-se entre 7000 e 10000 anos atrás nas terras altas no sul do México e Guatemala, sendo uma das poucas espécies vegetais originadas no ocidente (Hallauer e Carena, 2009; Paterniani, 1990; Flint-Garcia, 2017).

Este cereal é essencialmente americano, e somente neste continente pode ser encontrado o seu parente silvestre mais próximos, o teosinto (*Zea mays* ssp. *parviglumis*). Existem muitas teorias acerca da origem do milho, no entanto a de maior aceitação, sustenta o teosinto como sendo seu provável ancestral (Goodman e Smith, 1987; Paterniani e Campos, 2005; Kistler et al., 2018).

As plantas desta espécie se caracterizam por serem anuais, robustas, monoicas, alógamas e diploides com 20 cromossomos (Paterniani e Campos, 1999). O milho é reconhecidamente eficiente no aproveitamento da radiação solar incidente e conversão em fotoassimilados, com respostas crescentes ao aumento da intensidade luminosa, por apresentar metabolismo C<sub>4</sub>. Deste modo, este vegetal apresenta potencial em atingir elevados rendimentos de grãos (Fancelli, 2015).

Dentre as espécies cultivadas, esta foi uma das pioneiras a ser levada aos laboratórios, se tornando uma planta modelo no estudo do grupo de plantas alógamas em função de características como: estrutura genética, número de cromossomos, manejo e realização de polinizações manuais, permitindo a

obtenção de diferentes tipos de progênies e estimulando seu interesse para os estudos na área de genética de plantas (Paterniani, 1993; Nass e Paterniani, 2000).

Wallace et al. (2014) citam que a partir do século XX, o milho esteve na vanguarda dos estudos em genética e trouxe valiosas contribuições para a ciência, tais como: vigor híbrido, endogamia, translocação cromossômica, herança citoplasmática, transposons e herança epigenética.

Nas últimas sete décadas, o cultivo do milho no Brasil experimentou grandes modificações no seu sistema produtivo, e passou de uma produção local de baixa escala para um sistema empresarial cada vez mais tecnificado em algumas regiões produtoras (Galvão et al., 2014).

Até a primeira metade do século XX esta cultura se caracterizava pela utilização de variedades crioulas ou sintéticas, baixas populações de plantas e cultivos consorciados, razões das baixas produtividades. Nas décadas de 50 e 60, ocorreram modificações nos sistemas de cultivos, tais como: introdução de híbridos duplos, uso de adubos e corretivos, cultivo solteiro e emprego de mecanização, contribuindo sobremaneira para o sistema produtivo do milho e, facilitando a vida dos agricultores (Mundstock, 2004; Sangoi, 2010).

Já nas décadas seguintes as lavouras foram impactadas por mudanças drásticas na forma de produzir com o início do plantio direto na palha, rotação de culturas e desenvolvimento de herbicidas mais eficientes. Além disso, passou a se utilizar híbridos simples e triplos, materiais de ciclos mais curtos, lavouras mais adensadas e maior uso de adubos nitrogenados em cobertura, melhorando as condições de cultivo o que alavancou a produção nacional (Sangoi, 2010)

Já nos anos iniciais do século XXI, os estudos evoluíram e várias tecnologias foram implementadas visando melhorar o sistema de cultivo e conseqüentemente o rendimento de grãos. Pode se citar: utilização de cultivares de alto potencial genético e eventos transgênicos, espaçamento reduzido associado a maior densidade de semeadura, melhoria na qualidade de sementes, adoção do manejo integrado de pragas, doenças e plantas infestantes e alterações substanciais no manejo de solo e adubação (Pereira Filho, 2015).

Apesar do potencial de rendimento desta cultura e dos avanços experimentados pelo setor, o cultivo do milho no país se estende desde lavouras altamente tecnificadas, instaladas em ambientes muito favoráveis, e outras em estabelecimentos com alta restrição ao desenvolvimento da cultura. Em geral, estes

últimos são predominantemente de pequenas propriedades, com baixa utilização de tecnologia e insumos, resultando em baixo rendimento de grãos.

### **3.2. Importância socioeconômica do milho**

O milho é um produto de grande importância econômica, de modo que alterações em sua cadeia produtiva interferem de forma direta em outros setores importantes do agronegócio e da indústria. Os grãos deste cereal se destacam por serem os mais produzidos e consumidos no mundo, sendo que na safra 2017/18 superou a casa de 1,33 bilhões de toneladas. Deste total, mais de 64% foram supridos pelos EUA, China e Brasil. Nesta mesma safra a demanda foi de 1.66 bilhões de toneladas, revelando estoque mundial de 193 milhões de toneladas, volume extremamente baixo em relação a necessidade de consumo (Fiesp, 2018).

Na referida safra, os EUA colheram 34 milhões de hectares e 384.8 milhões de toneladas de grãos, conferindo 11% de acréscimo em relação à safra 2015/16 e a China na safra 2016/17 entregou um montante de 219 milhões de toneladas. Estes dois países além de serem os maiores produtores, são também, os maiores consumidores, o que atualmente potencializa as oportunidades de exportação do produto brasileiro em razão das oportunidades de mercado neste setor (Fiesp, 2018).

Atualmente, o Brasil é o 3º no ranking, sendo que nos últimos trinta anos, a produção nacional de milho apresentou um salto considerável, passando de 21 milhões para 83 milhões de toneladas na safra 2017/18. Este incremento se deu principalmente pelo aumento no rendimento da cultura, uma vez que a área que em 1980/81 de 12 milhões, requereu pouco mais de 16.6 milhões de hectares na safra 2017/18 (Conab, 2019).

Nota-se que o volume produzido pelo país é significativamente inferior ao alcançado pelos dois principais produtores. No entanto existe um grande potencial de aumento do volume produzido, pois existem 23 milhões de hectares de áreas que cultivam soja na primeira safra que podem potencialmente serem destinadas ao cultivo do milho em segunda safra, o que poderia em pouco tempo triplicar o volume de produção desta commodity no país (Conab, 2019).

Em termos de exportação, o EUA é o principal exportador com 58.2 milhões de toneladas, seguido pelo Brasil e Argentina com 31.6 e 26 milhões de toneladas,

respectivamente. Os três países juntos, são responsáveis por mais de 72% do volume exportado, de um total de 159 milhões toneladas (Fiesp, 2018) .

Diferentemente do mercado de soja, não há um importador em grande escala para os grãos desta cultura, pois os grandes consumidores mundiais também são os maiores produtores. Os principais embarques do milho brasileiro em 2016 tiveram como destino o Irã, Vietnam e o Japão. Com intuito de aumentar a participação brasileira neste mercado, as empresas exportadoras que operam no país têm vislumbrado explorar o mercado Mexicano que tradicionalmente compra este produto dos EUA (Imea, 2015).

O milho é um produto de ampla utilização, sendo possível enumerar seu emprego em diversos segmentos da economia. Recentemente, esforços têm sido feito para viabilizar a sua utilização na produção de etanol. O uso deste cereal no segmento de biocombustíveis, sinaliza como alternativa de mercado e processamento, em regiões de maior concentração da produção e que não dispõe de um sistema logístico eficiente, como é o caso do estado do Mato Grosso.

Outro ponto forte desta exploração reside na possibilidade de aproveitar na entressafra, os parques industriais das usinas de cana-de-açúcar, pois estas instalações são demandadas apenas de seis a sete meses durante o ano. E portanto, na entressafra do produto principal as mesmas podem ser direcionadas a exploração de etanol de milho. Além do etanol, a atividade permite a exploração de óleos e farelos (DDG e DDGS) que são comercializados e utilizados principalmente na fabricação de ração animal. Permitindo agregação de valor e maior rentabilidade em toda cadeia (Milanez et al., 2014).

O maior percentual do milho produzido no país é direcionado para fabricação de ração principalmente para aves e suínos, que demandam de 70 a 80% da produção nacional (Favro et al., 2015). Na alimentação humana, este cereal pode ser utilizado na produção de alimentos básicos como fubás, farinhas, canjicas e óleos, ou seja, pode ser consumido *in natura* na forma de receitas caseiras como: espigas assadas e/ou cozidas, pamonhas, curau, pães, bolos, broas, cuscuz, polentas, angus, sopas e farofas, dentre outras. Adicionalmente, este produto é muito requerido na indústria alimentícia, como matéria prima para fabricação de aditivos, tais como: corantes caramelo, maltodextrinas e amidos alimentícios (Sologuren, 2015).

A partir do exposto, é possível afirmar que existe espaço para aumentar a produção e produtividade brasileira de milho. E portanto, o melhoramento genético cumpre um papel estratégico, pois a partir do potencial estabelecido geneticamente, as plantas de uma lavoura podem aproveitar os avanços tecnológicos proporcionados pela melhoria das condições de cultivo, sendo então o desenvolvimento de genótipos condição indispensável.

### **3.3. Melhoramento genético da cultura do milho**

No tocante ao melhoramento genético do milho, existem várias estratégias a serem adotadas pelos programas de melhoramento, a depender dos objetivos almejados. Tais estratégias podem visar a obtenção de populações, linhagens e híbridos.

Tratando especificamente da cultura do milho é importante destacar quatro fatos ocorridos ao longo da história que ajudarão a entender os avanços no campo do melhoramento genético. São eles: (i) utilização de variedades de polinização aberta nos EUA, (ii) adoção de híbridos de milho a partir de 1935, (iii) surgimento de métodos de melhoramento via seleção recorrente e (iv) advento das plantas geneticamente modificadas (Bernini et al. 2013).

Até o início do século XIX, os agricultores norte-americanos utilizavam variedades de polinização aberta em milho. Neste primeiro momento os avanços genéticos eram pequenos, pois baseava-se em métodos de melhoramento pouco elaborados, como o método de seleção massal que eram imprimidos pelos próprios agricultores nas suas variedades. E portanto, aproximadamente durante 70 anos (1865-1835) não se verificou evolução no rendimento de grãos em lavouras de milho nos EUA (Hallauer e Carena, 2009).

No entanto, a partir dos trabalhos realizados independentemente por Shull (1908, 1909) e East (1908, 1909) foi sugerido a utilização de híbridos de milho de linhagens endogâmicas e portanto, estabeleceu a base teórica da ocorrência de endogamia e heterose (troyer, 2006). Esta descoberta é considerada uma das grandes contribuições científicas já fornecidas para a humanidade, desde o surgimento da agricultura (Paterniani, 2001).

Os dois fenômenos citados, são considerados opostos, porém complementares. A heterose ou vigor híbrido, pode ser definido como o

desempenho superior do híbrido em relação ao valor médio dos genitores. A base genética do referido fenômeno, ainda não foi totalmente elucidada, sendo este um dos grandes desafios para os geneticistas (Vencovsky et al., 2012).

Apesar da total comprovação de que as cultivares híbridas apresentavam rendimentos superiores às variedades de polinização aberta a partir dos trabalhos mencionados, os híbridos simples se tornaram inviáveis naquele momento, uma vez que as populações utilizadas como fonte de linhagem, apresentavam alta depressão endogâmica quando autofecundadas, resultando em linhagens com baixa produção de sementes, o que onerava substancialmente o custo de produção para obtenção de híbridos simples (Moro, 2018).

Em meados da década de 30, a superioridade dos híbridos duplos convenceram os agricultores a utilizarem estas cultivares que, em 1950 já ocupava 100% do cinturão do milho norte-americano. A partir de 1960, os híbridos simples foram ganhando preferência e atualmente quase a totalidade da área de milho norte-americana e de outras regiões do globo prevalecem a utilização deste tipo de material (Troyer, 2006; Moro e Frischie Neto, 2015).

Na cultura do milho, a exploração de cultivares híbridas têm sido predominantemente o carro chefe dos programas de melhoramento de empresas públicas e privadas. O desenvolvimento desta tecnologia, viabilizou a indústria de sementes, que hoje é responsável por movimentar, somente no Brasil 10 bilhões de reais, sendo que deste total 37% refere-se ao mercado de semente de milho (Abrasem, 2015).

No Brasil, os primeiros trabalhos com variedades híbridas de milho iniciaram no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e na Universidade Federal de Viçosa (UFV). O programa da UFV foi iniciado em 1937 pelos professores Gladstone de Almeida Orunond e Antônio Secundino de São José Araújo. Os professores citados tomaram ciência do milho híbrido nos EUA e iniciaram um programa para o desenvolvimento desta tecnologia, os mesmos obtiveram linhagens das variedades cateto e linhagens de milho dentado, originando o primeiro híbrido de milho nacional (Bahia Filho et al. 2000). A partir deste marco, várias instituições no Brasil passaram a se dedicar a obtenção de cultivares híbridas de milho nas mais diversas regiões do país (Paterniani, 1993, Galvão et al., 2014).

De acordo com a ABRASEM (2015), consta no Registro Nacional de Cultivares aproximadamente 2700 híbridos de milho registrados. No entanto muitos

destes, são considerados obsoletos, ou não estão sendo produzidos pelas empresas detentoras, pois neste segmento existe grande rotatividade no desenvolvimento e recomendação de novos materiais a cada safra.

De acordo com levantamentos realizados na safra 2015/16 foram disponibilizadas 478 cultivares de milho e destes, 320 eram formados por genótipos de constituição genética diferentes e cerca de 158 apresentavam apenas variações nos eventos transgênicos introduzidos. Das 320 cultivares, quase 90% são de híbridos, sendo 59,06% de híbridos simples, 18,75% de híbridos triplos e 11,25% de híbridos duplos (Cruz et al., 2014). Segundo Fristche-Neto e Moro (2015), nos próximos anos cerca de 95% do mercado brasileiro de sementes de milho tende a ser de híbridos simples e conterá pelo menos um evento transgênico.

Em termos de biotecnologia, a partir da safra 2012/13 mais de 80% da área total de milho considerando as duas safras, utilizou-se sementes que continha pelo menos um evento inserido (Celeres, 2018). Até o presente momento foram aprovados pela CTNBio quarenta e quatro eventos transgênicos para a cultura. Destes, vinte e sete de tolerância a herbicidas e resistência a insetos, sete de resistência a insetos, sete de tolerância a herbicidas, um para estresse a seca, um para aumento de termo estabilidade de amilase e um com finalidade de restauração de fertilidade (CTNBio, 2018).

Futuramente, no segmento da biotecnologia em milho, deverá aumentar a procura por cultivares com mais de dois eventos combinados (*stackeados*), principalmente que confirmam resistência múltipla as pragas e tolerância a diferentes ingredientes ativos de herbicidas, *stay green* pronunciado e resistência a doenças principalmente de colmo. A maior demanda do setor reside na identificação e disponibilização de eventos transgênicos relacionados a fatores de transcrição de proteínas reguladoras ligadas a características fisiológicas complexas, capazes de impulsionar o rendimento de grãos a novos patamares de produtividade (Leibman et al., 2014; Fristche-Neto e Moro, 2015).

Além dos aspectos já citados, os programas de melhoramento genético de milho no Brasil deverão também considerar caracteres como precocidade e tolerância a *stress* abiótico, uma vez que serão requeridos genótipos adequados a serem empregados em lavouras de segunda safra e expansão do cultivo em regiões que possuem condições adversas para o desenvolvimento da cultura. É importante destacar que os diversos programas de melhoramento ainda deverão



se preocupar com adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, e posicionamento dos mesmos quanto à época ideal de semeadura e população plantas, específica para cada cultivar (Moro, 2018).

No processo de seleção de genótipos superiores é comum alterações no tocante a variabilidade genética das populações, principalmente se não forem tomadas medidas que evitem um estreitamento da base genética das mesmas, pois os ganhos são dependentes da existência de variabilidade genética. Portanto, deve-se priorizar métodos e procedimentos que preservem o conjunto gênico ao longo do processo seletivo. Vários estudos indicam que os métodos de seleção recorrente proporcionam ganhos genéticos progressivos, sem, contudo, ocorrer o estreitamento da variabilidade genética ao longo dos diversos ciclos de seleção (Souza Junior, 2018).

### **3.4. Seleção Recorrente**

A seleção recorrente é um processo cíclico, em que as populações candidatas são submetidas a repetidos ciclos de seleção e a frequência de alelos favoráveis, aumenta gradativamente, mantendo a variabilidade genética do material original (Hallauer et al., 2010). Estes esquemas de seleção podem ser classificados em intrapopulacional, quando visa o melhoramento de uma população e interpopulacionais, quando considera duas populações no processo de seleção e seu principal objetivo é explorar a heterose resultante do cruzamento entre genótipos oriundos das mesmas, também conhecida como Seleção Recorrente Recíproca (SRR).

Dentro de cada uma das categorias de SR mencionadas, existem diferenças e, estão relacionadas aos tipos de progênies utilizadas nas unidades de avaliação e recombinação, tamanho efetivo da população, pressão de seleção, dentre outros (Rodrigues e Hallauer, 1988; Souza Junior, 2018).

A SRR foi proposta inicialmente por Comstock et al. (1949) e objetiva melhorar geneticamente duas populações simultaneamente e os híbridos entre elas. Portanto, esta estratégia viabiliza explorar os efeitos aditivos dos genes e os desvios de dominância. É relevante acrescentar que este método é muito eficiente na adaptação de germoplasma, o que permitiu a utilização de materiais temperados nos trópicos (Hallauer e Miranda Filho, 1987).

O procedimento proposto originalmente, preconiza a utilização de duas populações (1 e 2). A cada ciclo, os melhores genótipos de 1, que apresentarem o melhor desempenho, em cruzamento com 2 e os melhores genótipos de 2 que se destacarem em cruzamento com 1, são recombinados entre si, obtendo-se populações melhoradas 1 e 2 e gerando o híbrido interpopulacional entre elas (Paterniani e Miranda Filho, 1978; Souza Junior, 2018).

A seleção recorrente recíproca na sua proposição original teve pouca aceitação, fato justificado pelas dificuldades de natureza prática apresentada pela metodologia, tais como: quantidade de trabalho envolvido, reduzido número de testadores, falta de representatividade dos testadores (amostragem), dificuldades no momento de recombinação dos  $S_1$  selecionados e grande intervalo entre os ciclos (Paterniani, 1993).

Diante destes fatores, várias modificações foram propostas, e na sua grande maioria sugeridas por pesquisadores brasileiros, são elas: Famílias de meios-irmãos maternos interpopulacionais e recombinação de progênies de meios-irmãos (Paterniani, 1967); progênies de irmãos completos interpopulacionais e recombinação de famílias  $S_1$  (Hallauer e Eberhart, 1970); Linhagem elite como testador (Russell e Eberhart, 1975); testcross de meios-irmãos na avaliação e de meios-irmãos para recombinação (Paterniani e Vencovsky, 1977); Uso de plantas prolíficas para obtenção de meios-irmãos (Paterniani e Vencovsky, 1978); meios-irmãos obtidos alternadamente de plantas  $S_0$  e  $S_1$  (SOUZA JUNIOR, 1987); dentre outros.

O método proposto por Hallauer e Eberhart (1970) baseia-se no uso de famílias de irmãos completos e plantas prolíficas, que consiste em cruzar plantas  $S_0$  aos pares (plantas da população  $A_0$  com plantas da população  $B_0$ , autofecundando simultaneamente as mesmas plantas, para obtenção das progênies  $S_1$ ). Usualmente procede a autofecundação da segunda espiga de cada uma das plantas. A primeira espiga é polinizada com pólen de plantas da população recíproca. As sementes da primeira espiga correspondem às progênies de irmãos completos ( $A_0 \times B_0$ ) e serão avaliadas em ensaios de competição e as  $S_1$  são reservadas em câmaras frias para serem utilizadas a posteriori. Com base nos ensaios de avaliação, são identificados os cruzamentos mais promissores. Em seguida, as progênies  $S_1$  de cada população correspondentes aos melhores

cruzamentos são recombinadas em lotes isolados, produzindo assim a população melhorada A<sub>1</sub> e A<sub>2</sub> (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

Os poucos programas que utilizam esta estratégia no Brasil foram implementados por universidades, conforme os trabalhos relatados por Raposo et al. (2004); Santos et al. (2007); Tardin et al. (2007); Reis et al. (2009); Souza Junior et al. (2010); Berilli et al. (2011); Cunha et al. (2012); Doná et al. (2012); Berilli et al. (2013); Reis et al. (2013); Vettorazzi, (2014); Alves et al. (2015). Os relatos citados comprovam a eficiência do mesmo no acúmulo gradativo de alelos favoráveis ao longo dos ciclos e conseqüentemente resultando em progressos genéticos significativos.

### **3.5 Programa de melhoramento genético de milho da UENF**

Em meados da década de 70 a Universidade Federal de Viçosa iniciou um programa de seleção recorrente recíproca utilizando as populações CIMMYT e Piranão. Nesta instituição, as populações citadas foram trabalhadas em um programa e compreendeu cinco ciclos (1<sup>o</sup> ao 5<sup>o</sup> ciclos) (Ribeiro Junior, et al. 2000).

As populações mencionadas que correspondia ao quinto ciclo foram transferidas em 1996 para Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro, instante em que se iniciou o presente programa de melhoramento. Para tanto foi implementada a estratégia SRR conforme proposto por Hallauer e Miranda Filho (1987), com algumas modificações. Nas condições regionais do norte e noroeste fluminense, foram realizados dez ciclos de SRRFIC e, como são requeridos em média dois anos para finalização de cada ciclo, no ano de 2015 completaram-se vinte anos de atividades. Durante este período foram obtidas vinte populações *per se*, sendo dez de cada população e dez híbridos interpopulacionais. Dos híbridos obtidos, o UENF 506-6 e UENF 506-11 foram registrados e disponibilizados aos agricultores, fato este de grande relevância regional, pois este é o único programa de melhoramento genético de milho comum em atividade no estado do Rio de Janeiro.

As populações utilizadas são de grupos heteróticos distintos sendo a população CIMMYT do tipo *flint* e a Piranão do tipo *dent*. Ambas, são portadoras de um gene braquítico, que confere características adequadas as duas regiões de abrangência do programa, em que as plantas apresentam porte baixo e colmos

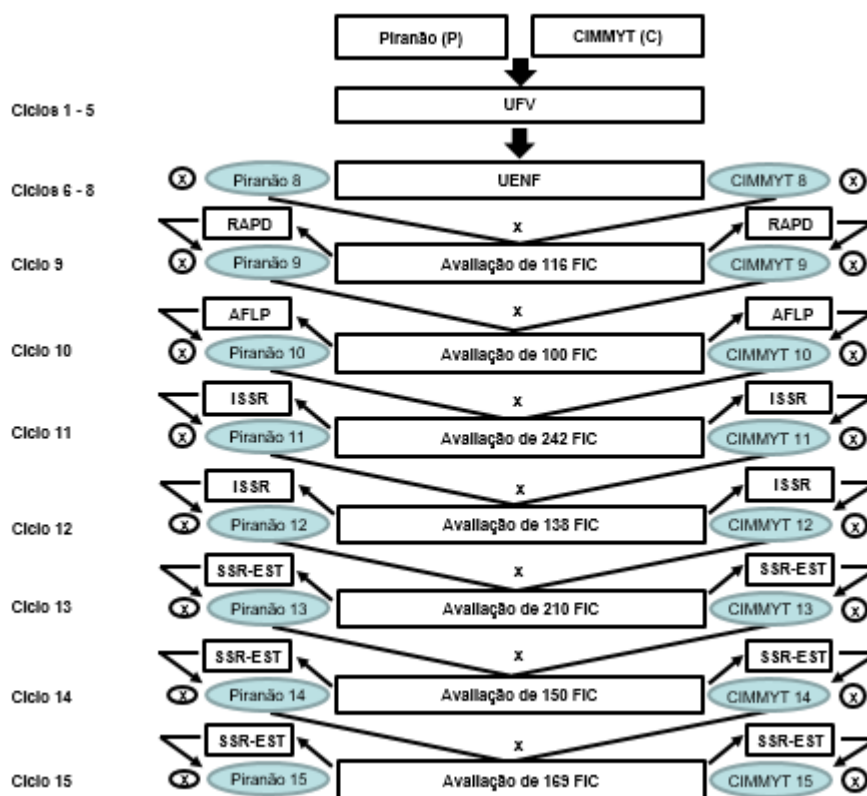
grossos e sistema radicular mais profundo conferindo maior tolerância ao acamamento e quebramento e maior tolerância a seca, sendo estes grandes limitadores ao avanço do cultivo do milho na região (Vilarinho et al., 2008).

Os três primeiros ciclos (6<sup>o</sup>, 7<sup>o</sup> e 8<sup>o</sup>) foram realizados de forma clássica, a partir do 9<sup>o</sup> ciclo, foi implementada uma etapa adicional, por meio da genotipagem via marcadores de DNA, procedimento este, realizado antes da recombinação das progênes selecionadas (Vettorazzi, 2014).

A utilização de marcadores, adiciona vários benefícios no curso do processo seletivo, pois permite a eliminação de contaminantes, monitoramento da variabilidade genética e recombinação dos indivíduos mais divergentes na terceira etapa da SRR (Cunha, 2010).

Diferentes estratégias foram utilizadas ao longo da implementação dos ciclos, a saber: RAPD no 9<sup>o</sup> ciclo (Tardin et al., 2007), AFLP no 10<sup>o</sup> ciclo (Berilli et al., 2011), ISSR nos 11<sup>o</sup> e 12<sup>o</sup> ciclos (Berilli et al., 2013; Cunha et al., 2012) e EST-SSR nos 13<sup>o</sup> e 14<sup>o</sup> e 15<sup>o</sup> ciclos (Galvão et al., 2015; Vettorazzi, 2014; Vettorazzi, 2015).

Em geral, este programa de melhoramento vem mantendo a variabilidade e aferindo progressos genéticos significativos para as diversas características, em especial para o rendimento de grãos. Com exceção, do nono ciclo, onde obteve baixa estimativa (4,68%) (Tardin et al., 2007). Já no 8<sup>o</sup>, 10<sup>o</sup>, 11<sup>o</sup>, 12<sup>o</sup>, 13<sup>o</sup>, 14<sup>o</sup> e 15<sup>o</sup> foram relatados ganhos de 14,58%; 18,80%; 14,10%; 10,4%; 11,89%, 9,10% e 12,1%, respectivamente (figura 1).



**Figura 1.** Fluxograma do programa de seleção recorrente recíproca de milho conduzido ao longo de vinte anos nas condições regionais do norte e noroeste fluminense.

Os ganhos mencionados foram preditos a partir do desempenho das progênes de irmãos completos analisadas em cada ciclo. No entanto, estimativas do ganho realizado ou real, só é possível mediante avaliação dos materiais melhorados por ciclo, em um mesmo ano agrícola e de preferência em vários ambientes, fatores indispensáveis para o monitoramento dos avanços proporcionados pelo método.

### 3.5. Progresso genético na cultura no milho

O progresso genético refere-se às alterações observadas em determinada característica na geração seguinte em relação à anterior (Farias et al., 2007). Tais alterações poderão ser de magnitudes e sentidos variados a depender do método de melhoramento e critérios de seleção utilizados, resultando em maior ou menor ganho genético para o caráter em questão (Uate, 2016).

O progresso genético permite inferir sobre a eficiência dos procedimentos adotados e constitui conjuntamente com as variâncias os principais balizadores

para tomada de decisão acerca da continuidade ou não de um programa ou a necessidade de mudanças nos procedimentos ora adotados (Cargnin, 2007).

É comum relatos na literatura do progresso genético na cultura do milho em diversas partes do mundo e no Brasil, conforme pode-se constatar a seguir. Duvick (2005) resumindo resultados do ganho genético para a cultura do milho em diversas partes do mundo, relatou ganhos de 169 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (União Europeia), 109 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (EUA), 103 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (China), 69 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (Canadá), 61 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (Mundo), 48 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (América do Sul), 42 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (Oeste Europeu), 20 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (Sul da Ásia) e 8 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (Sudeste da África) no período de 1961 a 2002.

No Brasil, diversos trabalhos versam acerca do incremento na produtividade da cultura, todavia, a maioria refere-se as estimativas auferidas de séries históricas ou obtidos de ensaios de VCU. Um dos trabalhos pioneiros foi realizado por Vencovsky et al. (1986) que identificou ganho genético no período de 1964 a 1984 variando de 72 a 109 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> para o caractere peso de espigas, correspondendo a 1,3 e 2% de incremento para os híbridos comerciais e populações, respectivamente. Storck et al. (2005), avaliaram o efeito da substituição de cultivares em ensaios de competição e relataram ganho genético médio anual para peso de espigas sem palha de 175 kg.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>, no período de 1998 a 2002.

Os progressos genéticos na cultura do milho via seleção recorrente recíproca foram sumarizados por Hallauer e Carena (2009), que relataram ganho direto médio de 4,8% por ciclo, e valores entre 0,8% e 7,5% por ciclo, compilando resultados de vinte programas. Os autores salientam ainda que os programas mais longevos apresentaram resultados mais consistentes e superiores em relação aos demais, confirmando a importância da seleção recorrente a longo prazo.

Atualmente no Brasil existem poucos relatos a respeito do progresso genético para a cultura do milho adotando-se a seleção recorrente. Moreira et al. (2016), relatam a aplicação da seleção recorrente intrapopulacional e seus respectivos ganhos de 17.11, 10.19, 6.11, 0.93, 4.00 e 2.25 para os ciclos C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub> e C<sub>6</sub>, para produtividade de grãos em milho-pipoca. Ainda, de acordo com estes autores, ganhos mais modestos são esperados nos ciclos mais avançados de seleção, em virtude da menor complementação alélica para as características de interesse.

Reis et al., (2009), ao analisarem o incremento de rendimento ao longo de três ciclos, obtiveram um ganho genético para o caractere espiga despalhadas de  $465 \text{ kg.ha}^{-1} \text{ ciclo}^{-1}$ , resultando em 5.2% de incremento por ciclo. Santos et al. (2005) reportaram que o método SRRFIC foi eficiente atendendo as expectativas, proporcionando incrementos significativos tanto no rendimento de grãos quanto na prolificidade, bem como na redução da altura de plantas e espigas. Nestas duas características, verificou-se 4.07% e 2.62% de ganho por ciclo, respectivamente, trabalhando com as populações IG-1 e IG-2 submetidas a três ciclos de SRR.

### **3.6. Médias e variâncias**

As médias e as variâncias são parâmetros que permitem inferir a respeito de uma determinada população e constitui em informações fundamentais na determinação da eficiência de um método de melhoramento ou até mesmo de uma estratégia de seleção utilizada (Raposo e Ramalho, 2004).

A principal premissa da utilização dos métodos de seleção recorrente recíproca, consiste em aumentar de forma progressiva e contínua a média de um caráter sob seleção, sem contudo reduzir drasticamente as variâncias, o que dará maior longevidade aos programas de melhoramento.

Reis (2009) cita que as médias e as variâncias apresentam importância sobretudo em populações de ciclos avançados de seleção, no sentido de monitorar os progressos genéticos, bem como a variabilidade genética ao longo dos diferentes ciclos.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

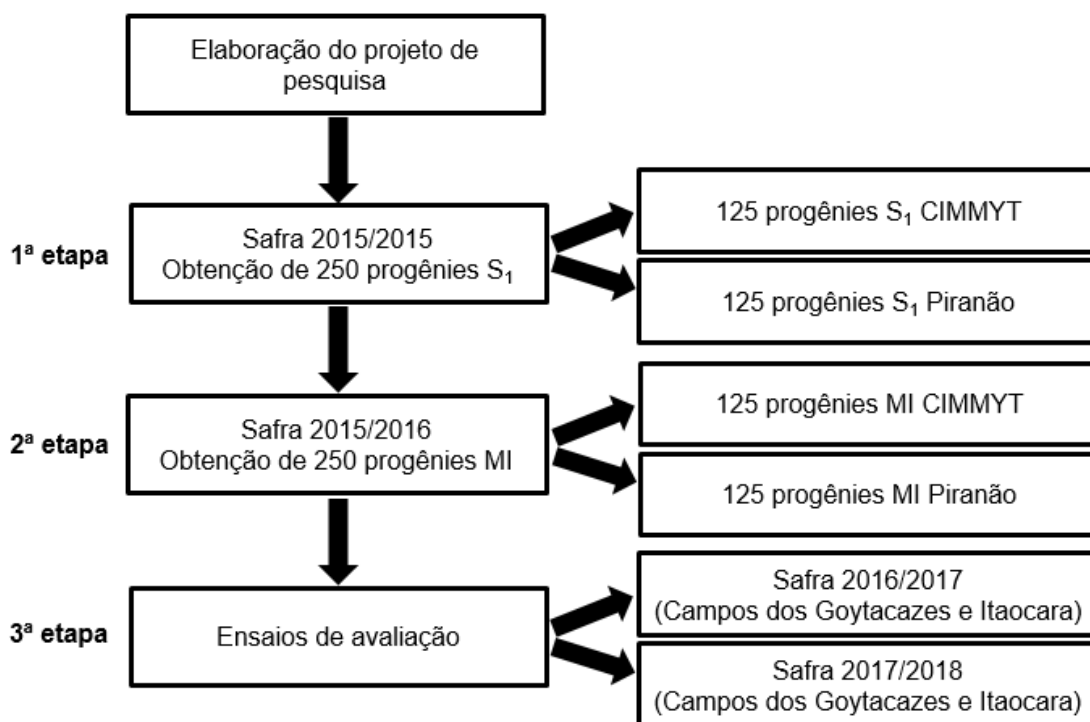
### 4.1. Material vegetal

O material vegetal utilizado neste estudo é de propriedade do Programa de melhoramento de milho da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Como parte das atividades, conduziu-se, um programa de seleção recorrente recíproca (SRR) de famílias de irmãos completos em milho, conforme preconizado por Hallauer e Ebehart (1970) com algumas modificações.

Ao longo da pesquisa trabalhou-se com dois grupos de genótipos, sendo o grupo I direcionado ao estudo do progresso genético e o segundo (grupo II), empregado no estudo dos componentes de variância. O primeiro foi composto por dez populações *per se* Piranão, dez populações *per se* CIMMYT e dez híbridos interpopulacionais oriundos dos cruzamentos das populações supracitadas entre elas, correspondente aos materiais originados do 6<sup>o</sup> ao 15<sup>o</sup> ciclos, totalizando trinta tratamentos.

O segundo grupo foi constituído de 250 progênies de meios-irmãos (MI), sendo metade de origem Piranão e o restante de origem CIMMYT, correspondentes aos ciclos 7<sup>o</sup>, 9<sup>o</sup>, 11<sup>o</sup>, 13<sup>o</sup> e 15<sup>o</sup> que foram escolhidos de forma aleatória, e representam os dez ciclos e constituírem as amostras sendo representados cada ciclo com 25 progênies para cada origem (Piranão ou CIMMYT). A obtenção das progênies de meios-irmãos (MI) foram realizadas em duas etapas, a saber (figura 2):





**Figura 2.** Fluxograma das etapas de obtenção e avaliação dos tratamentos considerados no presente estudo.

### Obtenção de progênies S<sub>1</sub>

As progênies S<sub>1</sub> foram obtidas segundo metodologia descrita e proposta por Miranda Filho e Viégas (1987), a partir das populações CIMMYT e Piranão proveniente do 7°, 9°, 11°, 13° e 15° ciclos de SRR, sendo estes escolhidos de forma a representar os 10 ciclos realizados. As autofecundações de obtenção das progênies foram realizadas no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, na safra 2015/16.

As populações mencionadas foram semeadas em linhas de 5 metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1 metro (m) e entre covas de 0,20 m totalizando 25 covas por linha. Transcorrido 30 dias após a semeadura foi efetuado o desbaste nas linhas, deixando duas plantas por cova.

As plantas foram autofecundadas, para obtenção das progênies S<sub>1</sub>, conforme procedimento descrito a seguir. As linhas foram percorridas diariamente e as espigas cobertas com sacolas plásticas antes de iniciar a liberação dos estilos-estigmas. Uma vez identificado os pendões aptos para polinização os mesmos

foram cobertos com saco de papel *Kraft* e utilizados no procedimento do dia seguinte. Por fim, o pólen presente dentro do saco de papel de cada planta protegida foi utilizado para polinizar a primeira espiga da mesma planta da qual o pólen foi coletado. Todas as progênies foram colhidas separadamente e levadas ao secador. Após este procedimento, cada progênie foi debulhada manualmente e foram tomados todos os cuidados com intuito de evitar contaminação mecânica.

Após esse processo, foram obtidas 25 progênies  $S_1$  dos ciclos 7º, 9º, 11º, 13º e 15º totalizando 125 progênies  $S_1$  de cada origem (Piranão e CIMMYT) perfazendo um total de 250 famílias. O material vegetal obtido nesta etapa foi empregado na obtenção das progênies de meios-irmãos.

### **Obtenção de progênies de meios-irmãos**

A segunda etapa foi realizada na safra de inverno 2016/16 na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba no município de Itaocara - RJ, região Noroeste Fluminense. As progênies de meios-irmãos foram obtidas em campo de despendoamento utilizando duas linhagens ( $S_7$ ) do referido programa de melhoramento como testadores, sendo elas: L2-1 Piranão e L23-1 CIMMYT. Assim, a linhagem L2-1 Piranão foi utilizada como testadora para as progênies  $S_1$  CIMMYT e a linhagem L23-1 CIMMYT, das progênies  $S_1$  obtidas da população Piranão. Desta forma, nesta etapa foram obtidas 25 progênies de meios-irmãos para cada ciclo (7º, 9º, 11º, 13º e 15º), para as duas populações, totalizando 250 progênies de meios-irmãos. As linhagens testadoras foram escolhidas, pois apresentaram maior vigor, uniformidade, boa produção de pólen e florescimento compatível com as populações utilizadas.

Os dois campos de despendoamento foram instalados próximos, respeitando um período de 30 dias, imprimindo assim isolamento no tempo. O primeiro campo recebeu as progênies  $S_1$  Piranão, sendo intercaladas duas linhas da linhagem L 23-CIMMYT que constituiu o testador para este grupo de famílias. A instalação do segundo campo foi realizada similarmente ao já relatado para o primeiro, sendo que as linhas de fêmeas foram constituídas das progênies  $S_1$  CIMMYT e as linhas polinizadoras pela linhagem L2-Piranão.

Os testadores e as progênies  $S_1$  foram semeados manualmente em linhas de 10 metros de comprimento, com espaçamento de 1,0 metro entre linhas e 0.20

m entre covas, totalizando 50 plantas. A partir do florescimento as linhas de fêmeas (progênies S<sub>1</sub>) foram despendoadas manualmente para garantir que apenas o pólen das linhagens testadoras fosse doador de pólen para as progênies da população recíproca. Portanto, nesta etapa foram obtidos 25 progênies de meios-irmãos para cada ciclo, para as duas populações perfazendo um total de 250 progênies de meios-irmãos.

#### 4.2. Ensaio de avaliação

Os ensaios de avaliação foram implementados nas safras de verão dos anos agrícolas 2016/17 e 2017/18 na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes - RJ e na Estação Experimental Ilha Barra do Pomba em Itaocara - RJ, constituindo-se assim em 4 ambientes de avaliação.

Os experimentos realizados em Campos dos Goytacazes foram instalados em uma área situada a 11 m de altitude com as seguintes coordenadas: 21° 45' 15" latitude e 41° 19' 28" de longitude. Enquanto que em Itaocara, a área destinada a condução dos ensaios foi situada a 21° 39' 12" de latitude e 42° 04' 36" W de longitude e 60 metros de altitude.

Os referidos ensaios receberam 280 tratamentos, sendo 250 progênies de meios-irmãos (grupo II), 10 populações CIMMITY e 10 populações Piranão (do 6º ao 15º ciclos), bem como 10 híbridos interpopulacionais obtidos do cruzamento entre as populações *per se* de cada ciclo (CIMMYT 6º x Piranão 6º até CIMMYT 15º x Piranão 15º) (grupo I).

Os ensaios foram instalados em delineamento do tipo alfa-látice (blocos incompletos tipo *resolvable*) configuração 14x20, sendo  $v=280$  tratamentos;  $k=14$  parcelas e  $n=20$  blocos com quatro repetições, totalizando 4480 unidades experimentais.

As parcelas foram constituídas de uma fileira de 3 m de comprimento e espaçamento de 0,90 m entre fileiras e 0,20 entre covas. Foram semeadas 3 sementes por cova e aos 21 dias após emergência, foi efetuado o desbaste, deixando uma planta por cova, resultando em uma população final de 55.555 plantas por hectare. No decorrer do desenvolvimento das plantas, os tratamentos culturais foram realizados de acordo com a necessidade e estágio fenológico da cultura (Fornasieri Filho, 2007).

### 4.3. Características avaliadas

- a) Prolificidade (PROLI): obtido por meio da divisão do número de espigas pelo stand de cada unidade experimental;
- b) Peso de Espigas com Palha (PEPLA): obtido por meio da pesagem de todas as espigas das parcelas com palha;
- c) Rendimento de grãos (REND): resultante da pesagem dos grãos de cada parcela após a debulha, o valor obtido foi extrapolado para  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$  e os pesos corrigidos (PC) a 13% de umidade, conforme segue:

$$PC = PP * \left[ \frac{(100-U)}{87} \right],$$

Em que:

PC = peso corrigido, em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ;

PP = peso da parcela, em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ;

U = umidade da parcela, em %.

### 4.3 Análises estatísticas

As observações coletadas para as referidas características foram submetidas inicialmente a análise de variância individual, e após testadas a homogeneidade das variâncias conforme preconizados por Pimentel Gomes (2009), realizou-se análise conjunta considerando os quatro ambientes para os caracteres PEPLA e REND e dois ambientes (Ambiente 1 e Ambiente 3) para o caractere PROLI, conforme modelo estatístico a seguir:

$$Y_{jkl} = \mu + b_j/r + a_k + g_l + ag_{kl} + e_{jkl}$$

$\mu$  é a média geral;

$b_j/r$  é o efeito fixo do bloco j na repetição i;

$a_k$  é o efeito fixo do k-ésimo ambiente;

$g_l$  é o efeito aleatório de genótipo l ~ NID (0,  $\sigma^2g$ );

$Ag_{kl}$  é o efeito da interação genótipo l no ambiente k ~ NID (0,  $\sigma^2ga$ ); e

$e_{ijk}$  = erro experimental ~ NID (0,  $\sigma^2$ ).

Na análise conjunta, foram considerados o efeito de ambiente como fixo, uma vez que os ambientes de avaliação não representam a totalidade das condições edafoclimáticas do norte e noroeste fluminense. Já os efeitos de genótipos foram tomados como aleatórios pois os ciclos foram amostrados ao longo de 20 anos de condução do programa.

Os resultados obtidos foram submetidos a análise de variância conjunta para os quatro ambientes através do procedimento PROC MIXED do SAS versão 9.3 (SAS INSTITUTE, 2011) e adotando o método tipo III, o que resultou nas “least square means” ou médias ajustadas. Esta análise é a mais pertinente para experimentos delineados em alfa-látice pois permite a recuperação de informação interbloco, considerada mais adequada segundo Ramalho et al. (2012).

Na estimação do progresso genético, as médias foram submetidas a regressão linear simples onde considerou-se os ciclos de seleção como variável independente ( $x = 6, 7, \dots, 15$ ) e os caracteres PROLI, PEPLA e REND como variável dependente. A partir dos coeficientes ( $b_1$  e  $b_0$ ) resultantes, calculou-se o progresso genético para as características mencionadas a partir da equação abaixo:

$$\Delta G (\%) = \left( \frac{b_1}{b_0} \right) x 100$$

Em que:

$\Delta G$ : Ganho genético;

$b_1$ : é a estimativa do coeficiente de regressão linear;

$b_0$ : corresponde ao intercepto.

Por meio das médias ajustadas considerando os quatro ambientes foi calculado os parâmetros heterose padrão ou média, bem como a heterobeltiose, ao longo dos dez ciclos de seleção, conforme expressão apresentada por Falconer (1987):

#### 4.4.1 Heterose relativa

$$H_{MP}(\%) = \left( \frac{\overline{HI} - \overline{MP}}{\overline{MP}} \right) x 100$$

Em que:

$H_{mp}$  = heterose relativa;

HI = média do híbrido interpopulacional;

MP = média dos pais.

#### 4.4.2 Heterobeltiose

$$H_{PS} = \left( \frac{\overline{HI} - \overline{PS}}{\overline{PS}} \right) \times 100$$

Em que:

$H_{ps}$  = heterobeltiose relativa;

HI = média do híbrido interpopulacional;

PS = população superior.

#### 4.4.3 Componentes de variância

Foram obtidos componentes de variância para os efeitos de progênies nos diversos ciclos via Asreml por meio da plataforma R, conforme modelo descrito abaixo:

$$y_{ijklm} = \mu + \frac{blo_m}{rep_l} + rep_l + ciclo_k + pop_j + pop_j \times ciclo_k + prog_i + erro_{ijklm}$$

$\mu$  é a média geral;

$rep_l$  é o efeito fixo de repetição l;

$ciclo_k$  é o efeito fixo do ciclo k;

$pop_j$  é o efeito fixo de população;

$pop_j \times ciclo_k$  é o efeito fixo da interação pop ciclo;

$blo_m/rep_l$  efeito aleatório de blocos incompletos dentro de repetição  $\sim$  NID (0,  $\sigma^2 b/r$ )

;

$prog_i$  efeito aleatório das progênie i, com variâncias heterogêneas entre os  $\sim$  NID (0,  $\sigma^2 p$ ); e

erro: efeito aleatório do erro  $\sim$  NID (0,  $\sigma^2$ ).

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Análise de variância

Na Tabela 1 estão expressas as estimativas e significâncias dos quadrados médios da análise conjunta, bem como as médias, coeficientes de variância e eficiência do látice para os caracteres PROLI, PEPLA e REND.

É importante destacar a assertiva utilização do delineamento alfa-látice e das médias ajustadas, conforme atestados pela eficiência do mesmos verificados para os caracteres PROLI (106%), PEPLA (145%) e REND (140%). A utilização destes delineamentos classificado como blocos incompletos têm recebido atenção especial em programas de melhoramento de plantas, pois os mesmos permitem a avaliação de elevado número de tratamentos, preservando a precisão experimental (Ramalho et al., 2012).

Constata-se bom controle das condições experimentais refletidos nos coeficientes de variação que situaram entre 14,34 a 21,60% (Tabela 1). Estes valores encontram-se próximos aos que estão sendo praticados nos ensaios para a cultura do milho e inferiores ao relatados por Cunha et al. (2012), Galvão et al. (2015), uma vez que, por se tratar de caracteres quantitativos, naturalmente são muito influenciados pelas condições ambientais.

**Tabela 1.** Análise de variância conjunta global para as características PROLI (AMB1 e AMB3), PEPLA e REND (AMB1, AMB2, AMB3 e AMB4) avaliadas em duzentos e oitenta genótipos. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

| F,V                             | PROLI      |              |                    | PEPLA      |              |              | REND       |              |              |
|---------------------------------|------------|--------------|--------------------|------------|--------------|--------------|------------|--------------|--------------|
|                                 | G,L        | QM           | F                  | G,L        | QM           | F            | G,L        | QM           | F            |
| Amb                             | 1          | 19,5782      | 359,67**           | 3          | 79164647     | 95,60**      | 3          | 276695996    | 48,59**      |
| Gen(ajustado)                   | 278        | 0,1153       | 2,93**             | 279        | 1222062      | 6,00**       | 279        | 7935962      | 6,13**       |
| Gen*Amb                         | 278        | 0,0469       | 1,19 <sup>NS</sup> | 836        | 338402       | 1,66**       | 836        | 2205946      | 1,70**       |
| Bloco/Rep (ajustado)            | 154        | 0,0511       | 1,3 <sup>NS</sup>  | 312        | 686771       | 3,37**       | 312        | 4699056      | 3,63**       |
| Resíduo                         | 1456       | 0,0393       |                    | 2890       | 203847       |              | 2890       | 1295299      |              |
| <b>Média</b>                    |            | 1,25         |                    |            | 2500         |              |            | 5990         |              |
| <b>CV(%)</b>                    |            | 15,86        |                    |            | 18,06        |              |            | 19,00        |              |
| <b>Eficiência do látice (%)</b> |            | 106          |                    |            | 145          |              |            | 140          |              |
|                                 | <b>QMr</b> | <b>média</b> | <b>CV(%)</b>       | <b>QMr</b> | <b>média</b> | <b>CV(%)</b> | <b>QMr</b> | <b>média</b> | <b>CV(%)</b> |
| AMB1                            | 0,0467     | 1,35         | 16,03              | 139685     | 2245         | 16,65        | 1031464    | 5663         | 17,94        |
| AMB2                            | -          | -            | -                  | 221344     | 2350         | 20,02        | 1451273    | 5675         | 21,23        |
| AMB3                            | 0,0314     | 1,15         | 15,37              | 190497     | 2833         | 15,41        | 1106874    | 6673         | 15,76        |
| AMB4                            | -          | -            | -                  | 327781     | 2584         | 22,15        | 1677183    | 5965         | 21,71        |
| <b>&gt;QMr/&lt;QMr</b>          |            | 1,5          |                    |            | 2,1          |              |            | 1,6          |              |

<sup>NS</sup>: não-significativo; \*\*: significativo ao nível 1 % de probabilidade, pelo teste F. PROLI: prolificidade; PEPLA: peso de espigas com palha; REND: rendimento de grãos, G.L: Graus de Liberdade, QM: Quadrado Médio, F: Teste F, Amb: Ambiente, Gen: Genótipo, Rep: Repetição, CV: Coeficiente de Variação, AMB 1: Campos dos Goytacazes (safra 2016/17), AMB 2: Itaocara (safra 2016/17), AMB 3: Campos dos Goytacazes (safra 2017/18), AMB 4: Itaocara (safra 2017/18)



Como é possível observar, o município de Campos dos Goytacazes oferece ligeira vantagem em relação as condições ambientais para condução de ensaios de milho, constatados pelos coeficientes de variação quando comparados com os ambientes de Itaocara (safra 2016/17 e 2017/18). Fato este, corroborado pela constatação *in loco* de incidência de períodos prolongados de alta temperatura e pluviosidade, o que têm dificultado a condução dos ensaios naquela localidade. No entanto, esta condição de superioridade não foi observado em todos os ciclos conduzidos no âmbito deste programa conforme relatos de outros autores.

## **5.2 Médias (grupo I)**

### **5.2.1 Progresso genético**

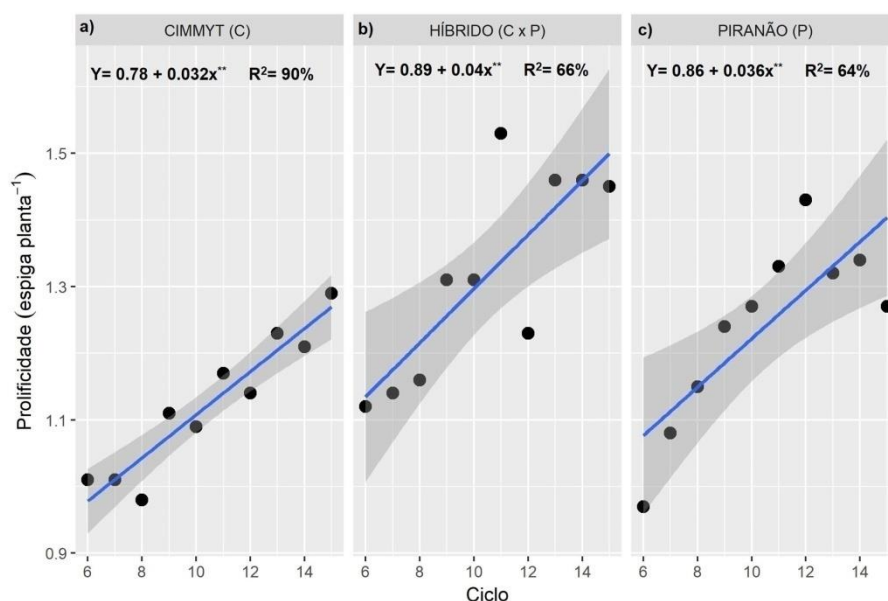
Na Tabela 2 são apresentadas as médias ajustadas que contemplam quatro ambientes e dez ciclos de seleção recorrente recíproca para os caracteres PROLI, PEPLA e REND. Vale ressaltar que em programas de seleção recorrente recíproca obtém-se ganhos indiretos a partir da evolução das características nas populações *per se* e ganhos diretos medidos diretamente no desempenho do híbrido interpopulacional obtidos a cada ciclo de seleção (Moll et al., 1994; Hallauer e Carena, 2009).

As médias para o caractere PROLI variaram de 1,03 a 1,39 (figura 3a) e 1,13 a 1,57 (figura 3b) e 1,04 a 1,75 (figura 3c), correspondente as populações CIMMYT, híbridos interpopulacionais e populações Piranão, respectivamente. As médias apresentadas para os dez ciclos de seleção referentes aos híbridos interpopulacionais foram superiores aos valores obtidos para as duas populações *per se*. É possível atestar por meio do coeficiente angular que houve incremento médio de 0,036, 0,032 e 0,040, espiga por planta, valores significativos pelo teste t em 1% de probabilidade (Tabela 2).

**Tabela 2.** Médias ajustadas para prolificidade (PROLI), Peso de Espigas com Palha (PEPLA) e Rendimento de grãos (REND) em milho, obtidas nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara nas Safras 2016/17 e 2017/18.

| Genótipos        | Ciclos de seleção                |      |      |      |      |      |      |      |      |      |       | Coeficientes de Regressão |                    |                |
|------------------|----------------------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|-------|---------------------------|--------------------|----------------|
|                  | CL6                              | CL7  | CL8  | CL9  | CL10 | CL11 | CL12 | CL13 | CL14 | CL15 | Média | b <sub>0</sub>            | b <sub>1</sub>     | R <sup>2</sup> |
|                  | PROLI (esp.plant <sup>-1</sup> ) |      |      |      |      |      |      |      |      |      |       |                           |                    |                |
| Piranão          | 0,97                             | 1,08 | 1,15 | 1,24 | 1,27 | 1,33 | 1,43 | 1,32 | 1,34 | 1,27 | 1,24  | 0,86                      | 0,036**            | 64             |
| CIMMYT           | 1,01                             | 1,01 | 0,98 | 1,11 | 1,09 | 1,17 | 1,14 | 1,23 | 1,21 | 1,29 | 1,12  | 0,78                      | 0,032**            | 90             |
| Piranão x CIMMYT | 1,12                             | 1,14 | 1,16 | 1,31 | 1,31 | 1,53 | 1,23 | 1,46 | 1,46 | 1,45 | 1,32  | 0,89                      | 0,040**            | 66             |
|                  | PEPLA (g.parcela <sup>-1</sup> ) |      |      |      |      |      |      |      |      |      |       |                           |                    |                |
| Piranão          | 1851                             | 1607 | 1869 | 1765 | 2019 | 2173 | 2284 | 2126 | 2159 | 2192 | 2073  | 1372                      | 60,2**             | 68             |
| CIMMYT           | 1710                             | 1609 | 1859 | 1944 | 1597 | 1603 | 1352 | 1687 | 1916 | 1881 | 1698  | 1645                      | 6,73 <sup>NS</sup> | 1              |
| Piranão x CIMMYT | 2477                             | 2425 | 2687 | 2177 | 2483 | 3160 | 2693 | 2847 | 2972 | 2929 | 2690  | 1986                      | 66,5*              | 45             |
|                  | REND (Kg.ha <sup>-1</sup> )      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |       |                           |                    |                |
| Piranão          | 4241                             | 3728 | 4334 | 4173 | 4403 | 4816 | 5280 | 4878 | 5031 | 5191 | 4609  | 3072                      | 146,3**            | 77             |
| CIMMYT           | 3743                             | 3424 | 4210 | 4435 | 3833 | 3589 | 3116 | 3997 | 4546 | 4253 | 3915  | 3454                      | 44,0 <sup>NS</sup> | 8              |
| Piranão x CIMMYT | 5944                             | 5588 | 6308 | 5086 | 5875 | 7683 | 6738 | 6904 | 6947 | 6958 | 6523  | 4590                      | 173,0*             | 44             |
|                  | Heterose (%)                     |      |      |      |      |      |      |      |      |      |       |                           |                    |                |
| H <sub>PM</sub>  | 48,9                             | 47,1 | 47,7 | 19,0 | 42,7 | 82,9 | 60,5 | 51,5 | 45,1 | 47,4 |       |                           |                    |                |
| H <sub>PS</sub>  | 40,2                             | 49,9 | 45,5 | 21,9 | 33,4 | 59,5 | 27,6 | 41,5 | 38,1 | 34,0 |       |                           |                    |                |

<sup>NS</sup>: não-significativo; \*\*: significativo ao nível 1 % de probabilidade, pelo teste F. PROLI: prolificidade; PEPLA: peso de espigas; REND: rendimento de grãos; b<sub>0</sub>: intercepto; b<sub>1</sub>: coeficiente angular; R<sup>2</sup>: coeficiente de determinação. H<sub>PM</sub>: heterose pai médio; H<sub>PS</sub>: heterose pai superior.



**Figura 3** – Regressão linear para as populações CIMMYT (a), híbrido interpopulacional (b) e Piranão (c) entre a variável dependente prolificidade (y) e a variável independente (x) número de ciclos. Campos dos Goytacazes (safra 2016/17 - 2017/18).

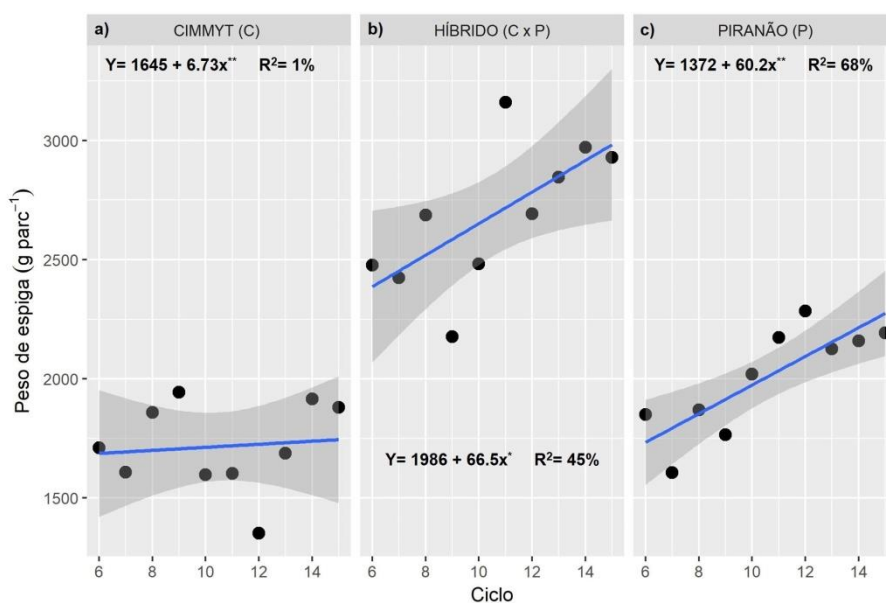
Os resultados supracitados correspondem 4,19, 4,10 e 4,49% de ganho por ciclo de seleção em relação ao intercepto ( $b_0$ ), aferidos para as populações Piranão, CIMMYT e híbridos interpopulacionais, respectivamente. Os incrementos mencionados são significativamente superiores aos relatados por Reis et al. (2009) que obtiveram 0,7% e inferior ao preconizado por Souza Júnior e Pinto (2000) que foi de 11,8% de incremento por ciclo.

Diversos autores relatam a existência de correlação entre os caracteres PROLI e REND para cultura do milho, indicando que o aumento no primeiro, em geral, incide em incremento no segundo (Paterniani e Miranda Filho, 1987; Lima Neto e Souza Junior, 2009; Camara et al., 2007; Candido e Andrade, 2008; Baretta et al., 2016). No entanto, é importante enfatizar que outros atributos de espigas também são correlacionados positivamente com o rendimento, tais como: peso e comprimento, este segundo componente, em condições adequadas de polinização e fertilização resultam em maior número de grãos por espiga e, conseqüentemente, maior rendimento de grãos.

Adicionalmente, destaca-se que a prolificidade é condição essencial para execução da SRRFIC e está relacionada a outros atributos, como estabilidade produtiva dos genótipos e maior tolerância a estresse hídrico. Portanto, este

caractere se revela de grande importância, pois, a ocorrência de curtos períodos de veranicos é muito comum nas regiões tropicais e em cultivos de 2ª safra (safrinha), onde a disponibilidade hídrica é fator restritivo quando comparado com a 1ª safra (safra de verão) (Souza Júnior et al., 2010).

Observa-se que o padrão de resposta para o caractere PEPLA (Figura 4) é similar ao obtido para rendimento de grãos, uma vez que estas características são fortemente correlacionadas (Lopes et al., 2007). A partir desta constatação, grande parte dos resultados gerados em programas de seleção recorrente no Brasil são apresentados via peso de espigas, conforme exposição em Alves et al. (2015); Reis et al. (2009); Raposo e Ramalho (2004). Lançando mão desta estratégia, usufrui de economia de tempo e recursos, sendo possível eliminar etapas de trilha, limpeza, pesagem dos grãos, avaliação de umidade, permitindo assim, maior eficiência do programa e diminuição de potenciais erros no processo de obtenção de dados.



**Figura 4** – Equação de regressão linear para as populações CIMMYT (a), híbrido interpopulacional (b) e Piranão (c) entre a variável dependente peso de espiga (y) e a variável independente (x) número de ciclos. Campos dos Goytacazes e Itaocara (safra 2016/17 - 2017/18).

O caractere rendimento de grãos é o mais importante para a cultura do milho e, portanto, figura como objetivo principal dos programas de melhoramento, tanto de instituições públicas como da iniciativa privada (Lima Neto e Souza Junior, 2000; Hallauer et al., 2010).

Constatou-se que a média para REND nos híbridos interpopulacionais (Piranão Cn x CIMMYT Cn) foram 28% e 38% superiores aos desempenhos obtidos pelas duas populações *per se* Piranão e CIMMYT, respectivamente (Tabela 2). Vale destacar que a média do híbrido interpopulacional ao longo dos ciclos é superior à brasileira praticada nas últimas safras (CONAB, 2019). O rendimento médio nacional é baixo, frente aos bons resultados obtidos em lavouras tecnificadas. Fato este, justificado principalmente pelas diferenças nos sistemas de cultivo e níveis tecnológicos adotados, pois os avanços nesta cadeia produtiva não estão ocorrendo de maneira uniforme para todas as regiões (Duarte e Kappes, 2015).

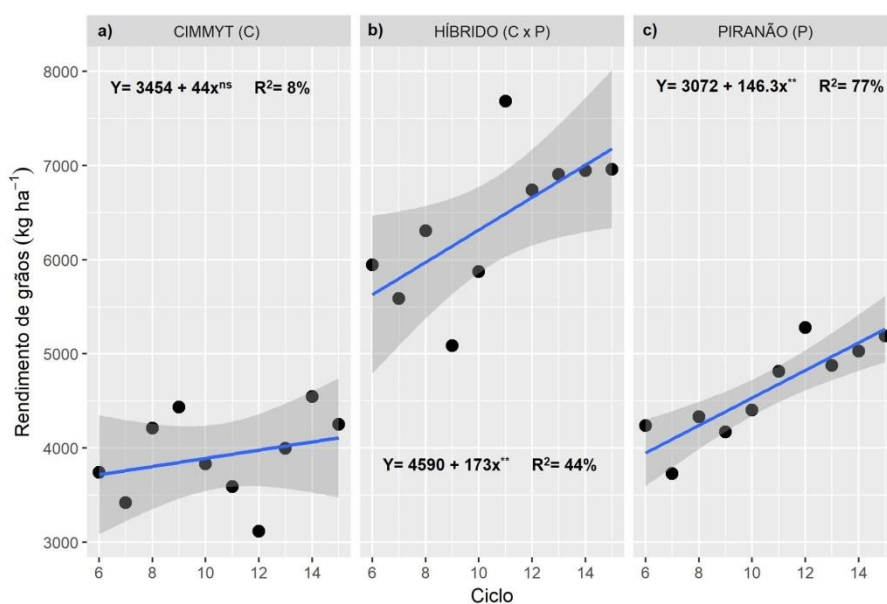
Constata-se que as populações CIMMYT (figura 5a) apresentaram desempenho inferior aos demais grupos de genótipos e instabilidade produtiva ao longo dos ciclos. Diversos autores relatam que em se tratando de seleção recorrente recíproca, é comum obter-se ganho diminuto ou até mesmo inexistente em uma das populações (Keeratinijakal e Lamkey, 1993; Raposo e Ramalho, 2004; Hallauer Carena, 2009; Reis et al., 2013).

Para estas populações, via regressão, verificou-se acréscimo de  $44 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ciclo}^{-1}$  de seleção e  $22 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ , cujos valores não são significativos pelo teste *t* a 1% de probabilidade (figura 5). A partir das estimativas, computou-se 0.41% de ganho global ao longo dos dez ciclos de seleção, revelando-se extremamente baixo.

Reis et al. (2013) alertam que o baixo rendimento em uma das populações pode inviabilizar a utilização da mesma em programa de obtenção de híbridos de linhagens, dado que o desempenho das linhagens estão altamente relacionados a performace da população parental. Os autores ainda salientam que o baixo desempenho pode inviabilizar a implementação da SRR em função da dificuldade de obtenção de plantas prolíficas, fato não verificado para esta população, pois, mesmo com baixo desempenho para REND respondeu ao caractere PROLI.

É possível afirmar que este conjunto de dados não apresentou bom ajustamento ( $R^2$ ) a regressão, pois, apenas 8% da variação foi explicada pela variável independente, que no presente estudo corresponde aos ciclos de seleção (Figura 3), fato observado também por Keeratinijakal e Lamkey (1993). Ematné et al. (2018) apontaram resultados semelhantes, em que não se obtiveram ganhos para o caractere rendimento de grãos em quatro ciclos de seleção recorrente intrapopulacional em milho-pipoca e baixo ajuste da  $R^2$  da equação de regressão.

Quanto as populações Piranão, constatou-se incremento de 146 kg.ha<sup>-1</sup>.ciclo<sup>-1</sup> e 72 Kg.ha<sup>-1</sup>.ano, sendo significativos pelo teste de t a 1% de probabilidade, revelando progresso genético satisfatório. Em relação ao intercepto, observou 4,75% de aumento de ganho realizado (figura 5c). Estes resultados são comparáveis aos encontrados por Ribeiro et al. (2016) que ao longo de sete ciclos de seleção recorrente na população UNB-2, obtiveram 3,74% de incremento no rendimento de grãos por ciclo de seleção.



**Figura 5** – Equação de regressão linear para as populações CIMMYT (a), híbrido interpopulacional (b) e Piranão (c) entre a variável dependente rendimento de grãos (y) e a variável independente (x) número de ciclos. Campos dos Goytacazes e Itaocara (safra 2016/17 - 2017/18).

O híbrido interpopulacional refere-se ao cruzamento de duas populações melhoradas, após a finalização de cada ciclo de SRR. A média de rendimento de grãos ao longo dos ciclos que situaram entre 5944 kg.ha<sup>-1</sup> (C<sub>6</sub>) a 7686 kg.ha<sup>-1</sup> (C<sub>11</sub>) (Figura 5b), em que o décimo primeiro apresentou o melhor desempenho com retração nos ciclos subsequentes. O C<sub>11</sub>, originou o híbrido UENF 506-11 que foi registrado no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) e disponibilizado aos agricultores do estado do Rio de Janeiro.

Este tipo de híbrido contempla vários aspectos desejáveis e grande potencial de utilização em pequenas propriedades, pois apresenta bom desempenho produtivo e baixo custo de aquisição de semente. Portanto, constitui

em insumo adequado para lavouras situadas em regiões reconhecidamente marginais para produção de milho, viabilizando incremento no rendimento e melhor rentabilidade dos agricultores (REIS et al., 2009).

Os ganhos diretos nos híbridos interpopulacionais foram de  $171 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ciclo}^{-1}$  perfazendo um ganho anual acima de  $85 \text{ Kg} \cdot \text{ha}^{-1}$  por ano. O mesmo representa 3,37% de progresso genético por ciclo de seleção em relação a bo (4590) (figura 5b). O progresso apresentado é superior ao observado a nível de Brasil que nos últimos quarenta anos resultou em  $38 \text{ Kg} \cdot \text{ha}^{-1}$  de progresso genético por ano, considerando que o mesmo seja de aproximadamente 50% do incremento total aferido (CONAB, 2019; Duvick, 2005).

O referido progresso genético, ocorreu pelo incremento no caractere PROLI, pois não observou crescimento nos demais componentes do rendimento, tais como, peso de cem sementes e peso médio de espigas (informações não demonstradas). Resultado justificado, pois ao longo do período de condução do programa, priorizou o REND e deu reduzida atenção ao primeiro componente e nenhuma ao segundo na composição do índice de seleção, que foi a estratégia utilizada ao longo do processo.

Keeratinijakal e Lamkey (1993) reportaram aumento de 6,95% por ciclo de seleção no rendimento de grãos dos híbridos interpopulacionais originários das populações BSSS e BSBC<sub>1</sub> após 11 ciclos de SRR. Do mesmo modo, Russell et al. (1992) obtiveram 4,9% no híbrido interpopulacional, oriundo do cruzamento entre as populações BS21 (R) x BS22 (R) ao longo de três ciclos de seleção. Raposo et al. (2004) e Reis (2013) apontaram 5,7 e 4,53%, respectivamente de incremento no rendimento de grãos após três ciclos de SRR em populações originadas de híbridos simples.

### **1.2.2 Heterose e Heterobeltiose**

A heterose é um parâmetro relativo e indica a superioridade do híbrido em relação ao desempenho médio dos pais. Um aspecto a ser destacado e altamente desejável, situa-se principalmente no fato da seleção recorrente recíproca captar os efeitos heteróticos por meio do cruzamento entre indivíduos oriundos de duas populações (Souza Junior, 2011).

A partir dos resultados obtidos com o presente estudo, verificaram-se valores de heterose em relação à média dos pais, entre 19% (CL9) e 82,9% (CL11) para o caractere rendimento de grãos ao longo dos dez ciclos de seleção (Figura 6a). Em geral, observou-se heterose média próxima a 50%, valor muito próximo ao inferido em outros trabalhos (Parra et al., 2010; Doná et al., 2012).

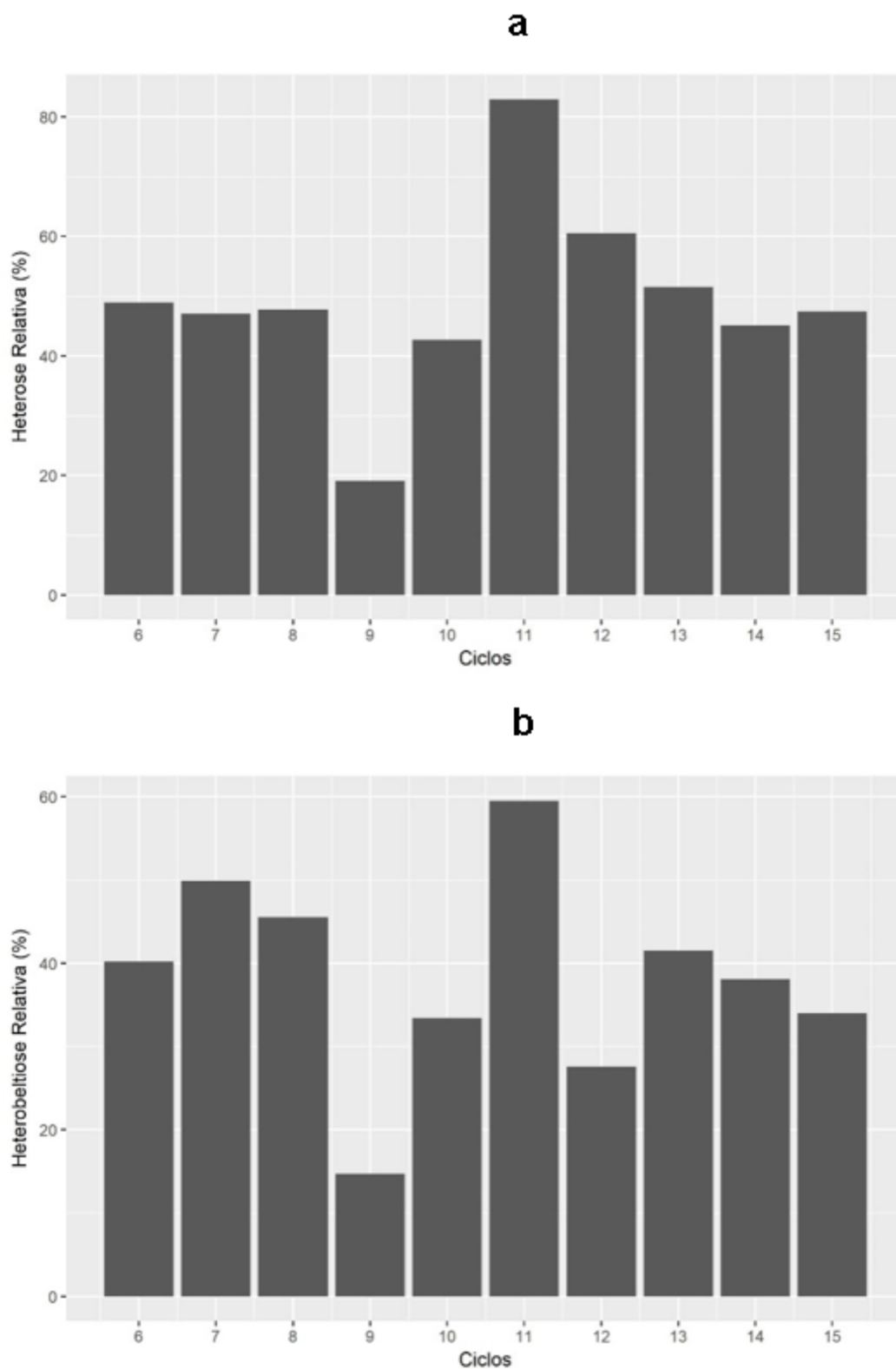
A fixação dos valores de heterose ao longo dos ciclos demonstra que os ganhos genéticos nos híbridos interpopulacionais foram proporcionados exclusivamente pelo incremento de rendimento nas populações *per se*, no presente caso alavancados pelas populações Piranão, denotando que os efeitos aditivos dos genes foram de grande importância para expressão da característica no presente estudo.

Contudo, com o avanço dos ciclos de SRR, esperava-se incremento gradual neste quesito, uma vez que os vários ciclos de recombinação efetuados dentro de cada população, resultaria em maior distanciamento genético entre as duas populações, conseqüentemente capturando os efeitos não aditivos dos genes, sendo esta uma das condições para a ocorrência da heterose (Falconer e Mackay, 1996; Hallauer et al., 2010). No entanto, existem relatos de redução da heterose com avanço da SRR (Gevers, 1974; Hallauer, 1977).

Por se tratar de híbridos interpopulacionais, os resultados ora apresentados são considerados de alta magnitude e superiores aos encontrados por outros autores, conforme relatado por Faria et al. (2008), que verificaram 28% de heterose entre híbridos  $S_0 \times S_0$  em SRR no cultivo do milho pipoca. Hallauer e Miranda Filho (1981) obtiveram heterose média de 19,5% a partir de 1394 cruzamentos intervarietais em milho.

Em geral, a magnitude da heterose em híbridos interpopulacionais são inferiores aos obtidos pelos híbridos de linhagens endogâmicas. Porquanto, em cruzamentos entre populações de base genética ampla ou panmíticas, a maioria dos locos apresentam frequências alélicas intermediárias (Bernini, 2011). No entanto, este fato não diminui a importância deste parâmetro no melhoramento de populações, já que a exploração de híbridos interpopulacionais é de grande valia para nichos de mercado e adicionalmente, as populações apresentam potencial para extração de linhagens endogâmicas e síntese de híbridos (Garcia, 2009).





**Figura 6** – Heterose (a) e heterobeltiose (b) para REND manifestada no híbrido interpopulacional (HI) ao longo de dez ciclos de seleção recorrente recíproca. Campos dos Goytacazes e Itaocara (safra 2016/17 - 2017/18).

A heterobeltiose refere-se ao fenômeno no qual o desempenho do híbrido  $F_1$  é superior a performace do melhor pai. Este parâmetro tem especial importância pois o lançamento de novos genótipos somente é justificado se o desempenho do híbrido for superior ao pai de melhor desempenho. Ao longo dos ciclos de seleção, obtiveram-se valores situados entre 14,7 (CL9) a 59,5 % (CL11) (Figura 6b). Em média a heterobeltiose situou em torno de 40% ao longo dos ciclos de seleção recorrente, valor significativamente superior ao relatado por Arias e Souza Junior (1998), Paterniani et al. (2011) e Ferreira et al. (2009).

Sendo que os ciclos 11, 7 e 8 apresentaram os melhores desempenhos neste quesito. Percebe-se que no caso do ciclo 11 e 8 este comportamento foi impulsionado pelo excelente desempenho alcançado pelo HI em relação ao pai superior. Por outro lado, no sétimo houve baixo desempenho do Piranão 7, o que foi determinante para expressão deste comportamento.

Estas informações são relevantes, pois, teoricamente os ciclos que apresentaram melhores desempenhos no que concerne a heterose e heterobeltiose, e alinhado aos mais avançados de SRRFIC têm potencial para serem empregados na obtenção de linhagens com potencial para síntese de híbridos, fato este mencionado por Souza Junior (2018).

### **1.3 Médias e componentes de variância (Grupo II)**

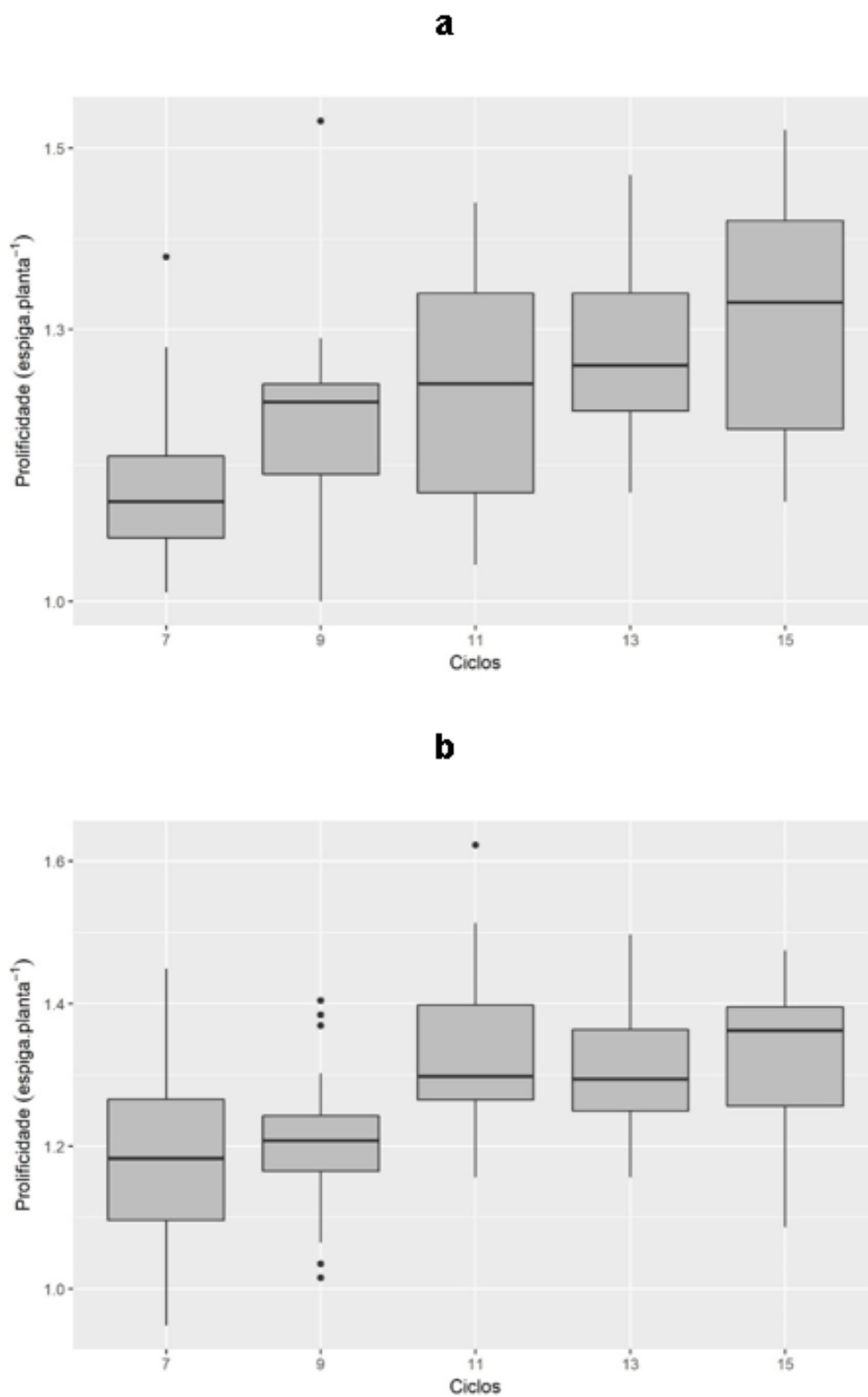
Na Tabela 3 estão sumarizados os valores de PROLI e REND para cento e vinte e cinco progênies de MI Piranão e cento e vinte e cinco progênies de MI CIMMYT, representando cinco ciclos de SRRFIC em milho. Verificou-se incremento global de 0,04 e 0,026 espigas por planta, respectivamente, ao longo dos ciclos analisados. As médias passaram de 1,13 (CL7) para 1,33 (CL15) e no caso dos MI Piranão variaram de 1,2 (CL7) a 1,33 (CL15). As médias observadas nos diferentes ciclos, para os dois grupos de progênies foram superiores aos encontrados por Reis et al. (2009); Candido et al. (2011) e Candido et al. (2008). Estes resultados demonstram que a SSRFIC é eficiente no aprimoramento deste caractere nas populações *per se* e nos híbridos interpopulacionais, quando considerado no processo de seleção.

**Tabela 3.** Prolificidade e rendimento de grãos de cento e vinte e cinco progênies MI Piranão e cento e vinte e cinco progênies MI CIMMYT representantes de cinco ciclos de um programa de SRRFIC. Campos dos Goytacazes e Itaocara (safra 2016/17 - 2017/18).

|  | MI Piranão |      |      |      |      | MI CIMMYT |      |      |      |      |
|--|------------|------|------|------|------|-----------|------|------|------|------|
|  | CL7        | CL9  | CL11 | CL13 | CL15 | CL7       | CL9  | CL11 | CL13 | CL15 |
| <b>PROLI (esp.planta<sup>-1</sup>)</b> |            |      |      |      |      |           |      |      |      |      |
| <b>Mínimo</b>                          | 1.01       | 1.00 | 1.04 | 1.12 | 1.11 | 0.95      | 1.02 | 1.16 | 1.16 | 1.09 |
| <b>Máximo</b>                          | 1.38       | 1.53 | 1.44 | 1.47 | 1.52 | 1.45      | 1.40 | 1.62 | 1.50 | 1.47 |
| <b>Média</b>                           | 1.13       | 1.20 | 1.23 | 1.27 | 1.33 | 1.20      | 1.21 | 1.33 | 1.30 | 1.33 |
| <b>REND (kg.ha<sup>-1</sup>)</b>       |            |      |      |      |      |           |      |      |      |      |
| <b>Mínimo</b>                          | 4987       | 5026 | 5283 | 5570 | 5536 | 4413      | 5204 | 5169 | 5526 | 4820 |
| <b>Máximo</b>                          | 6746       | 6437 | 6797 | 7241 | 7361 | 6588      | 7032 | 7067 | 7020 | 7008 |
| <b>Média</b>                           | 5734       | 5757 | 6467 | 6409 | 6422 | 5466      | 5981 | 6235 | 6471 | 6207 |

Via *Boxplot* (Figura 7a) é possível perceber que as maiores variações no caractere PROLI foram observadas nas populações Piranão 9 e Piranão 15, que apresentaram as maiores amplitudes de valores em torno da mediana, denotando maior variabilidade. Destaca-se o último ciclo, que além da variabilidade já mencionada, apresentou média alta, com grande potencial de seleção e ganho genético para a característica em questão em ciclos subsequentes.

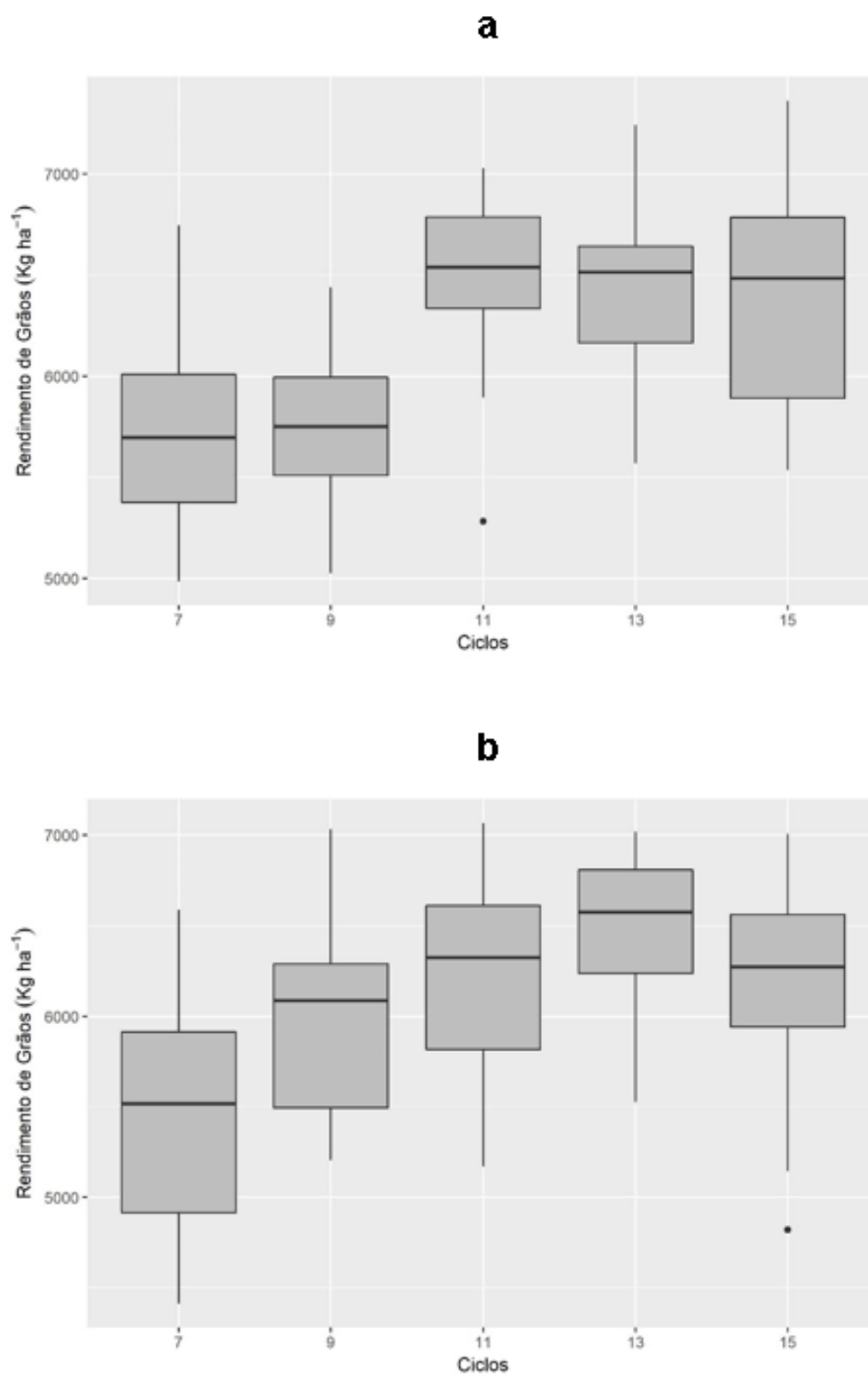
Constata-se que os MI CIMMYT (figura 7b) apresentaram comportamento aquém dos MI Piranão, corroborando com o mencionado anteriormente, em que as populações CIMMYT *per se* apresentaram desempenho médio inferior as populações Piranão *per se* e aos híbridos interpopulacionais analisados.



**Figura 7** – *Boxplot* para o caractere prolificidade de cento e vinte e cinco progênies de meios-irmãos Piranão **(a)** e CIMMYT **(b)** a partir de cinco ciclos de SRRFIC. Campos dos Goytacazes (safra 2016/17 - 2017/18).

Em relação ao caractere REND, nota-se que tanto os MI CIMMYT quanto os MI Piranão apresentaram respostas semelhantes ao longo dos ciclos analisados, diferentemente do observado nas populações *per se*, em que as populações Piranão apresentaram ganhos satisfatórios e nas CIMMYT's, ganhos irrisórios. Isso indica boa capacidade de combinação entre as  $S_{1s}$  de cada ciclo para cada uma das populações com as respectivas linhagens testadas, principalmente a partir do 11º ciclo.

Pela análise gráfica (Figura 8a) constata-se que os MI Piranão apresentaram pequena amplitude de variação para rendimento de grãos dentro de cada ciclo, exceto para o 15º, que apresentaram maior variabilidade, visto que a maior concentração dos dados ficaram situados entre o primeiro quartil e a mediana. Já em relação aos MI CIMMYT (Figura 8b), o primeiro ciclo apresentou maior extensão de valores, compreendendo entre o primeiro e terceiro quartil, demonstrando maior variabilidade a partir dos resultados apurados .



**Figura 8** – *Boxplot* para o caractere rendimento de grãos de cento e vinte e cinco progênies de meios-irmãos Piranão **(a)** e CIMMYT**(b)** a partir de cinco ciclos de SRRFIC. Campos dos Goytacazes e Itaocara (safra 2016/17 - 2017/18).

Na Tabela 5 são elencados os componentes de variância obtidos para o caractere REND em cinco ciclos de SRRFIC para quatro ambientes. É perceptível a elevada influência dos fatores ambientais, representados pelo erro e bloco/repetição, sobre o componente total. Considerando os MI CIMMYT, verificam-se os valores de 54% (AMB1), 46% (AMB2), 42% (AMB3) e 34% (AMB4) em relação a variação total. Para os MI Piranão, os valores relativos foram: 71% (AMB1), 36% (AMB2), 57% (AMB3) e 50% (AMB4), demonstrando assim que os fatores aleatórios apresentaram maior importância para este grupo, exceto no AMB2, em comparação com o primeiro (MI CIMMYT).

A variabilidade das populações ao longo dos ciclos pode ser caracterizada a partir do componente de variância de genótipos. No AMB 1, as populações CIMMYT apresentaram decréscimo no componente de genótipos que passou de 37 % (CIMMYT 7) para 5% (CIMMYT 11), e aumentou em seguida até atingir 28% (CIMMYT 15<sup>o</sup>) em relação ao total observado para os MI CIMMYT.

Por conseguinte, observa esta mesma tendência para o AMB2, ambos conduzidos na safra 2016/17. Nos demais, nota-se incremento nos componentes genéticos com o avanço dos ciclos de SRRFIC, com exceção dos MI CIMMYT 13 e MI CIMMYT 15 no AMB3 e 15<sup>o</sup> ciclo no ambiente 4 que apresentaram retração.

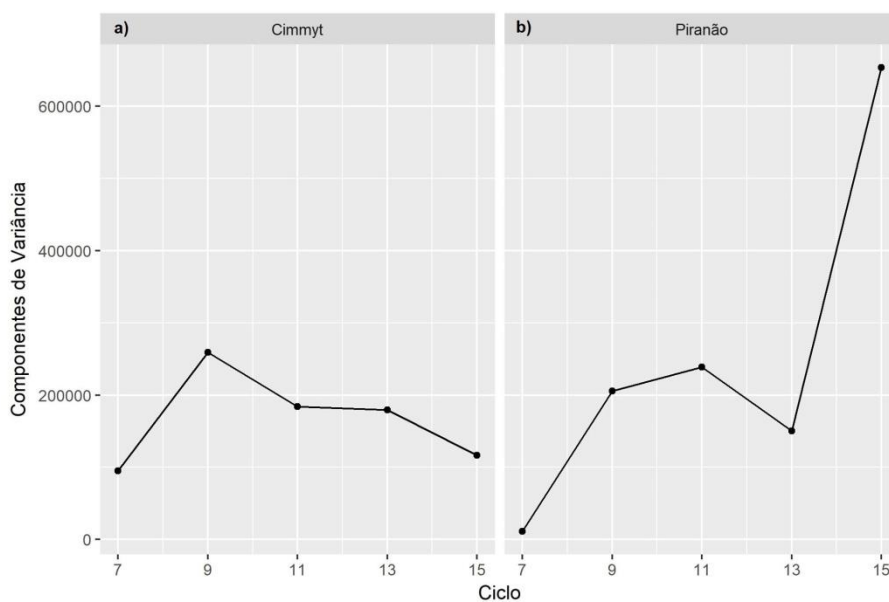
No tocante às populações Piranão, observou-se menor nível de variabilidade em especial nos AMB1 e AMB 4, com exceção no ambiente 4 das populações Piranão 7 e Piranão 15, cujos valores foram superiores e significativos a 1% de probabilidade. A inconsistência dos componentes de variância nos diferentes ambientes pode ser exemplificada pelo comportamento do Piranão 15, onde o mesmo apresentou alta magnitude do componente de tratamento no AMB 3 e AMB 4 e reduzidos nos demais ambientes. A Figura 9, retrata a dinâmica do componente de variância genético ao longo dos ciclos de SRRFIC nas populações CIMMYT e Piranão para os quatro ambientes, conjuntamente. Nas populações CIMMYT (Figura 9a) observa-se manutenção dos valores ao longo dos ciclos e queda no 15<sup>o</sup> ciclo, atingindo o patamar inferido inicialmente (CIMMYT 7). A seleção recorrente permite obtenção de ganhos genéticos e, concomitantemente, favorece a manutenção da variabilidade e exploração de populações nos programas de melhoramento a longo prazo.

**Tabela 5.** Componentes de variância a partir de cento e vinte e cinco progênies MI Piranão e cento e vinte e cinco progênies MI CIMMYT correspondendo a cinco ciclos de SRRFIC em milho. Campos dos Goytacazes e Itaocara (safra 2016/17 - 2017/18).

|                       | AMB1       |          |         | AMB2       |          |         | AMB3       |     |         | AMB4       |     |         |
|-----------------------|------------|----------|---------|------------|----------|---------|------------|-----|---------|------------|-----|---------|
| CIMMYT                |            |          |         |            |          |         |            |     |         |            |     |         |
| Ciclos                | Componente | (%)      | p-valor | Componente | (%)      | p-valor | Componente | (%) | p-valor | Componente | (%) | p-valor |
| 7                     | 431479     | 37       | **      | 720205     | 38       | **      | 363373     | 17  | **      | 389491     | 11  | **      |
| 9                     | 49817      | 4        | ns      | 413501     | 22       | **      | 217632     | 34  | **      | 614234     | 17  | **      |
| 11                    | 58067      | 5        | ns      | 143886     | 8        | ns      | 925347     | 43  | **      | 927406     | 26  | **      |
| 13                    | 305342     | 26       | **      | 330827     | 18       | *       | 33561      | 2   | ns      | 359293     | 10  | **      |
| 15                    | 330432     | 28       | **      | 268967     | 14       | ns      | 633398     | 29  | **      | 1230166    | 35  | **      |
| <b>Total (ciclos)</b> | 1175137    | 46       |         | 1877386    | 54       |         | 2173312    | 58  |         | 3520590    | 66  |         |
| <b>Bloco</b>          | 367268     | 14       |         | 161233     | 5        |         | 564445     | 15  |         | 152829     | 3   |         |
| <b>Erro</b>           | 1033126    | 40       |         | 1442469    | 41       |         | 1026339    | 27  |         | 1672657    | 31  |         |
| <b>Total</b>          | 2575530    |          |         | 3481089    |          |         | 3764096    |     |         | 5346077    |     |         |
| Piranão               |            |          |         |            |          |         |            |     |         |            |     |         |
| Ciclos                | Componente | (%)      | p-valor | Componente | (%)      | p-valor | Componente | (%) | p-valor | Componente | (%) | p-valor |
| 7                     | 150532     | 27       | ns      | 0.15       | 0.000005 | ns      | 224819     | 19  | **      | 365952     | 20  | **      |
| 9                     | 42581      | 8        | ns      | 480572     | 17       | **      | 110072     | 9   | ns      | 222386     | 12  | ns      |
| 11                    | 179876     | 32       | ns      | 1208389    | 43       | **      | 282686     | 23  | **      | 124141     | 7   | ns      |
| 13                    | 0.4007     | 0.000071 | ns      | 483189     | 17       | **      | 15199      | 1   | ns      | 119280     | 7   | ns      |
| 15                    | 190961     | 34       | ns      | 663664     | 23       | **      | 573234     | 48  | **      | 989365     | 54  | **      |
| <b>Total (ciclos)</b> | 563951     | 29       |         | 2835815    | 64       |         | 1206010    | 43  |         | 1821125    | 50  |         |
| <b>Bloco</b>          | 367268     | 19       |         | 161233     | 4        |         | 564445     | 20  |         | 152829     | 4   |         |
| <b>Erro</b>           | 1033126    | 53       |         | 1442469    | 32       |         | 1026339    | 37  |         | 1672657    | 46  |         |
| <b>Total</b>          | 1964345    |          |         | 4439517    |          |         | 2796794    |     |         | 3646611    |     |         |

ns: não-significativo; \*\* e \*: significativo ao nível 1 e 5% de probabilidade. AMB 1: Campos dos Goytacazes (safra 2016/17), AMB 2: Itaocara (safra 2016/17), AMB 3: Campos dos Goytacazes (safra 2017/18), AMB 4: Itaocara (safra 2017/18)





**Figura 9** - Dinâmica dos componentes de variância para as populações CIMMYT (a) e Piranão (b) ao longo de dez ciclos de SSRFIC em milho a partir de quatro ambientes. Campos dos Goytacazes e Itaocara (safra 2016/17 - 2017/18).

Para as populações CIMMYT (Figura 9b), verifica-se crescimento de 2.7 vezes no nono ciclo em relação ao sétimo, conforme revelado na avaliação das progênes. Este crescimento pode ser atribuído a introdução dos marcadores moleculares no programa de SRRFIC da UENF a partir do nono ciclo. Gabriel (2009) relata que as informações moleculares auxiliam na escolha dos indivíduos com maior distância genética a serem recombinados, contribuindo, assim, para a manutenção da variabilidade genética ao longo dos ciclos de seleção. No décimo terceiro ciclo, observou-se, desempenho superior das progênes MI CIMMYT em relação ao outro grupo, situação divergente da identificada pela análise molecular realizada por Galvão (2014), que relatou maior riqueza alélica nas progênes S<sub>1</sub> Piranão.

Considerando os MI Piranão, verifica-se incremento crescente nos componentes até o 11º ciclo e salto considerável posteriormente no Piranão 15. Ao longo dos ciclos verificou-se significância a 1% de probabilidade para o 9º, 11º e 15º ciclos, que propiciaram os maiores incrementos no componente genético, denotando elevada variabilidade.

De forma geral, ao longo dos dez ciclos procedidos não verificou redução significativa da variabilidade genética nas populações CIMMYT e Piranão que se traduzisse em preocupação. Diferentemente do que foi apurado por Dona (2006)

que verificou a exaustão da variabilidade genética nas populações sintéticas sinduro e sindentado para os caracteres peso de espigas e prolificidade no primeiro ciclo de seleção recorrente intra e interpopulacional, inviabilizando o melhoramento das populações citadas.

E, por fim, é importante salientar o valor da inserção da análise molecular e seu impacto em programas de SRR, contribuindo sobremaneira para a manutenção dos níveis de variabilidade genética ao longo dos ciclos.

## 6 CONCLUSÕES

A SRRFIC é eficiente em proporcionar ganhos genéticos para os caracteres PROLI, PEPLA e REND em programas de longa duração.

O Componente de variância de efeito de tratamento ao longo dos ciclos de seleção para as populações CIMMYT e Piranão foram mantidas em patamares satisfatórios.

A heterose média percentual manteve-se com valores próximos a 50% e portanto, os ganhos verificados nos híbridos interpopulacionais ocorreram principalmente pelo incremento na população Piranão *per se*.

Os marcadores moleculares concorreram para a manutenção da variabilidade genética ao longo dos ciclos de seleção.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alves, N.B., Pádua, J. M. V., Dias, K. O. G., Diniz, R. P., Guedes, M. L., Cardoso, G. A., Souza, J. C. (2015) Evaluation of progenies from the fifth reciprocal recurrent selection cycle in maize. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, 14 (3):8236-8243.
- Arias, C.A.A., Souza Júnior, C.L. (1998) Variância genética e componentes de covariância relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional em milho ( *Zea mays* L.) *Genetics and Molecular Research*, São Paulo, 21 (4): 1-8.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE SEMENTES (2015) Anuário 2015. Londrina: Abrasem, 2015. 110p.
- Bahia Filho, A., Paterniani, E., Cordeiro, C.M.T., Garcia, J.C., Magalhaes, J.R., Nass, L.L., Santos, M.X., Andrade, R.V., Parentoni, S., Abadie, T. (2000) O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: Udry, C.V, Duarte, W. Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos. Brasília, Paralelo 15: p.11-41.
- BARETTA, D., Nardino, M., Carvalho, I.R., Oliveira, A.C., Souza, V.Q., Maia, L.C. (2016) Desempenho de genótipos de milho do Rio Grande do Sul utilizando modelos mistos. *Científica*, Jaboticabal, 44 (3):403-411.

- Berilli, A.P.C.G., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Cunha, K. S. (2011) Use of molecular markers in reciprocal recurrent selection of maize increases heterosis effects. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto 10:2589-2596.
- Berilli, A.P.C.G., Pereira, M.G., Tindade, R.S., Costa, F.R. (2013) Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. *Acta Scientiarum*, 35:435-441.
- BERNINI, C. S. (2011) Avaliação agronômica e heterose de híbridos de populações F<sub>2</sub> de milho, visando nova alternativa para o estado de são paulo. . Tese (Doutorado em Agricultura Tropical e Subtropical) Instituto Agronômico, Campinas 74p.
- Bernini, C.S., Paterniani, M.E.A.G.Z., Duarte, A.P., Gallo, P.B., Souza Guimarães, P., Rovaris, S.R.S. (2013) Depressão endogâmica e heterose de híbridos de populações F<sub>2</sub> de milho no estado de São Paulo. *Bragantia*, 72(3): p.217-223.
- Borem, A., Giudice, M.P. (2012) Cultivares transgênicos. In: Galvão, J.C.C. Miranda, G.V. Tecnologias de produção de milho. Viçosa: Editora UFV, p.85-108.
- Câmara, T. M. M., Bento, D. A. V., Alves, G. F., Santos, M. F., Moreira, J. U. V. (2007) Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. *Bragantia*, Campinas, 66(4):595-603.
- Candido, L.S., Andrade, J.A.C. (2008) Breeding potential of maize composite Isanão VF1 in Breeding potential of maize composite Isanão VF1 in Breeding potential of maize composite Isanão VF1 in small spacing in the second growing season. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, 8:56-64.
- Candido, L.S., Andrade, J.A.C., Garcia, Q.F., Gonçalves, L.S.A., Amaral Júnior, A.T. (2011) Seleção de progênies de meios-irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. *Ciência Rural*, 41(6): p.947-953.

- Cargnin, A. (2007) Progresso genético em trinta anos de melhoramento do trigo em Minas Gerais. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 61p.
- CÉLERES (2013) – Your agribusiness intelligence. Informativo Biotecnologia. IB 13.01. Edição eletrônica. Disponível em: <http://www.celeres.com.br>. (acesso em 15 de agosto 2018).
- COMPANHIA NACIONAL DO ABASTECIMENTO (2019). **Series históricas**. Disponível em: [http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&t=2&Pagina\\_objcmscontedos=3#A\\_objcmsconteudos](http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&t=2&Pagina_objcmscontedos=3#A_objcmsconteudos). Acesso em: 02 jan. 2019.
- Comstock, R.E., Robinson H.F., Harvey, P.H. A. (1949) Breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, 41:360-367.
- Cruz, J.C., Pereira Filho, I.A., Simão, E.P. (2014) 478 cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2014/15. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 35p.
- CTNBio (2018). Aprovações Comerciais. Disponível em: <http://ctnbio.mcti.gov.br/liberacao-comercial>. 2012. Acesso em: 19 set 2018.
- Cunha, K. C. (2010) Marcadores moleculares aplicados a Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L.), Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 73p.
- Cunha, K.S., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Berilli, A.P.C.G. (2012) Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, 11(3):3398-3408.
- Dona, A.A. (2006) Ganhos preditos e realizados em duas populações de milho após seleção recorrente intra e interpopulacional. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) Viçosa-MG, Universidade Federal de Viçosa, 52p.

- Doná, A.A., Miranda, G.V., Lima, R.O., Chaves, L.G., Gama, E.E.G. (2012) Genetic Parameters and Predictive Genetic Gain in Maize with Modified Recurrent Selection Method. *Chilean Journal of Agricultural*, 72(1) :33-39.
- Duarte, A.P., Kappes, C. (2015) Evolução dos sistemas de cultivo de milho no Brasil. *Informações Agronômicas*, Piracicaba, 152:15-18.
- Duvick, D.N. (2005) The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). *Advances in Agronomy*. 86:83-145.
- East E. (1909) The distinction between development and heredity in inbreeding. *Am. Nat.*, 43: 173–181.
- East, E.M. (1908) Inbreeding in corn. Connecticut Agricultural Experimental Station Report, p.419-428.
- Ematné, H.J., Nunes, J.A.R., Souza, J.C., Munõz, P.R. (2018) Genetic progress in popcorn recurrent selection by a multivariate mixed-model approach. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 42 (2):159-167.
- Falconer, D.S. (1987) Introdução à genética quantitativa, Trad. SILVA, M.A., SILVA, J.C. Viçosa: Imprensa Universitária, 279p.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics. 4.ed. Edinburgh : Longman Group Limited, 464p.
- Fancelli, A.L. (2015) Cultivo racional e sustentável requer maior conhecimento sobre a planta do milho. *Visão Agrícola*, (13):20-23.
- Faria, A.P., Fonseca Junior, N.S., Destro, D., Faria, R.T. (2007) Ganho genético na cultura da soja. *Semina: Ciências Agrárias*, 28(1): p.71 - 78.
- Faria, V.R., Viana, J.M.S., Sobreira, F.M., Silva, A.C. (2008) Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 43(12):1749-1755.
- Favro, J., Caldarelli, C.E., Camara, M.R.G. (2015) Modelo de Análise da Oferta de Exportação de Milho Brasileira: 2001 a 2012. *Revista de Economia e Sociologia Rural*, Brasília, 53 (3):455-476.

- Federação das Indústrias do Estado de São Paulo (FIESP) (2018) Safra Mundial de Milho 2017/18 - 12º Levantamento do USDA. Disponível em: <<http://www.fiesp.com.br/indices-pesquisas-e-publicacoes/safra-mundial-de-milho-2/>>. Acesso em: 15 jun 2018.
- Ferreira, E.A., Paterniani, M.E.A.G.Z., Duarte, A.P., Gallo, P.B., Sawazaki, E., Azevedo Filho, J.A., Guimarães, P.S. (2009) Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S3 de milho em três locais do Estado de São Paulo. *Bragantia*, 68(2): p.319-327.
- Fornasieri Filho, D. (2007) Manual da cultura do milho. Jaboticabal: Funep, 576p.
- Gabriel, A.P.C. (2009) Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores moleculares: avanço de gerações e avaliação do progresso genético. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 103p.
- Galvao, J.C.C., Miranda, G.V., Trogello, E., Fritsche-Neto, R. (2014) Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. *Revista Ceres*, 61:819-828.
- Galvão, K.S.C. (2014) Seleção recorrente recíproca em milho (*Zea mays* L.): avaliações fenotípicas e moleculares. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 85p.
- Galvão, K.S.C., Ramos, H.C.C., Santos, P.H.A.D., Entringer, G.C., Vettorazzi, J.C.F., Pereira, M.G. (2015) Functional molecular markers (EST-SSR) in the full-sib reciprocal recurrent selection program of maize (*Zea mays* L.). *Genetics and Molecular Research*, 14:7344-7355.
- Garcia, F. Q. (2009) Potencial das populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 para seleção recorrente recíproca. Tese (Doutorado em Agronomia) Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira 89p.



- Gevers, H.O. (1974) Reciprocal reeurrent selection in maize under two systems ai parent selection. In: GENETIC CONGRESS, 5., South Africa. Proeeedings... si., s.ed.,.
- Goodman, M.M., Smith, J.S.C. (1987) Botânica. In: Parteniani, E., Viegas, G.P. (eds.) Melhoramento e produtividade de milho. Campinas: Fundação Cargil, p.41-78.
- Hallauer, A.R. Four cicles of reciprocal full-sib selection. (1977) Ames: Iowa State Univ., p.11-13.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J. (2009) Maize breeding. In Carena M.J (ed.) Handbook of plant breeding: cereals. New York: Springer, p.3-98.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (2010) Quantitative Genetics in Maize Breeding. New York: Springer. 663 p.
- Hallauer, A.R., Eberhart, S.A. (1970) Reciprocal full-sib selection. *Crop Science*, 10:315-316.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. (1981) Quantitative genetics in maize breeding. si., Ames: Iowa State Univ. Press, 168p.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. (1987) Quantitative genetics in maize breeding.
- INSTITUTO MATO-GROSSENSE DE ECONOMIA AGROPECUÁRIA (IMEA). (2015) Entendendo o Mercado do Milho. Disponível em: <[http://www.imea.com.br/upload/pdf/arquivos/Paper\\_jornalistas\\_Milho\\_AO.pdf](http://www.imea.com.br/upload/pdf/arquivos/Paper_jornalistas_Milho_AO.pdf)>. Acesso em: 15 ago 2018.
- Keeratinijakal, V., Lamkey, K.R. (1993) Responses to reciprocal recurrent selection in BSS and BCSB1 maize populations. *Crop Science*, 33: p.73-73.
- Kistler, L. Maezumi, S.Y., Souza, J.G., Przelomska, N.A.S., Costa, F.M., Smith, O., Loiselle, H., Ramos-Madriral, J., Wales, N., RIBEIRO, E. R., Morrison, R.R., Grimaldo, C., Prous, A.P., Arriaza, B., Gilbert, M.T.P., Freitas, F.O., Allaby. R.G. (2018) Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America. *Science*, 362:1309 - 1313.

- Leibman, M., Shryock, J.J., Clements, M.J., Hall, M.A., Loida, P.J., McClerren, A.L., McKiness, Z.P., Phillips, J.R., Rice, E.A., Stark, S.B. (2014) Comparative analysis of maize (*Zea mays*) crop performance: natural variation, incremental *Plant Biotechnology Journal*, 12:941-950.
- Lima Neto, F.P., Souza Júnior, C.L. (2009) Number of recombinations and genetic properties of a maize population undergoing recurrent selection. *Scientia Agrícola*, Piracicaba, 66(1):52-58.
- Lopes, S.J., Lucio, A.D., Stork, I., Damo, H.P., Brum, B., Santos, V.J. (2007) Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. *Ciência Rural*, Santa Maria, 37(6):1536-1542.
- Milanez, A.Y., Nyco, D., Valente, M.S., Xavier, C.E.O., KULAY, L.A., Donke, C.G., Matsuura, M.I.S.F., Ramos, N.P., Morandi, M.A.B., Bonomi, A., Capitani, D.H.D., Chagas, M.F., Cavalett, O., Gouveia, V.L.R.A. (2014) Produção de etanol pela integração do milho-safrinha às usinas de cana-de-açúcar: avaliação ambiental, econômica e sugestões de política. *Revista do BNDES*, Rio de Janeiro, 41:147-207.
- Miranda Filho, J.B., Viégas, G.P. (1987) Milho híbrido. In: Parteniani, E.; Viégas, G.P. (Eds.). Melhoramento e produção de milho. Campinas: Fundação Cargill, p.275-340.
- Moll, R.H.A., Jackson, W., Mikkelsen, R.L. (1994) Recurrent Selection for Maize Grain Yield: Dry Matter and Nitrogen Accumulation and Partitioning Changes. *Crop Science*, Madison, 34:874-881.
- Moro, G.V. (2018) Histórico do melhoramento genético do milho. In: LIMA, Rodrigo Oliveira de; BORÉM, Aluisio. Melhoramento de milho. Viçosa: Editora UFV, 2018. p.9-19.
- Môro, G.V., Fritsche-Neto, R. (2015) Importância e usos do milho no Brasil. In: Borém, A., Galvão, J. C. C., Pimentel, M. A. Milho do plantio à colheita. Viçosa: Editora UFV, p.9-24.

- Mundstock, C. M. (2004) A evolução da genética e da tecnologia de cultivo de milho no Rio Grande do Sul. Porto Alegre: UFRGS - Faculdade de Agronomia - Departamento de Plantas de Lavoura, 34 p.
- Nass, L.L., Paterniani, E. (2000) Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. *Scientia Agricola*, Piracicaba, 57 (3):581-587.
- Parra, J.R., Rivera, M.M.M., González, J.J.S., Larios, L.L.C., Márques, M.R., Díaz, R.J.L. (2010) Heterosis and combining ability among maize narrow-base populations. *Maydica*, 55:75- 83.
- Paterniani, E. (1967) Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays*, L.). *Crop Science*, 7: 212-216.
- Paterniani, E. (1990) Maize breeding in the tropics. *Plant Science*, 9:125-154.
- Paterniani, E. (1993) Métodos tradicionais de melhoramento de milho. In: Bull, L.T., Cantarella, H. Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade. Piracicaba: Potafós, p.23-42.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B. (1978) Melhoramento de populações. In: Paterniani, E. (Ed.). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba: ESALQ. cap.6, p.202-246.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B. (1987) Melhoramento de populações. In: Paterniani, E., viegas, G.P. (Eds.). *Melhoramento e produção de milho*. Campinas: Fundação Cargill, v.1. p.217-264.
- Paterniani, E., Vencovsky, R. (1977) Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcross of half-sib families. *Maydica*, 22:141-152.
- Paterniani, E., Vencovsky, R. (1978) Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, 23: p.209-219.
- Paterniani, E.; Campos, M.S. (1999) Melhoramento do milho. In: Borem, A. *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. Vicosa: UFV, 1999. p.429-485.

- Paterniani, E.; Campos, M.S. (2005) Melhoramento do milho. In: Borém, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, p.491-552.
- Paterniani, M.E.A.G.Z. (2001) Use of heterosis in maize breeding: history, methods and perspectives. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, 1(2):159-178.
- Pereira Filho, I. A. (Ed.). (2015) Cultivo do milho. 9. ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. (Embrapa Milho e Sorgo. Sistema de produção, 1). Disponível em: . Acesso em: 20 abr. 2018.
- Pimentel-Gomes, F. (2009) Curso de estatística experimental. 15. ed., Piracicaba: Fealq, 451p.
- Ramalho, M.A.P., Ferreira, D. F., Oliveira, A.C. (2012) Experimentação em genética e melhoramento de plantas. 3. Ed. Lavras: UFLA, 328 p.
- Raposo, F.V., Ramalho, M.A.P., Ribeiro, P.H.E. (2004) Alterations in heterosis of maize populations derived from single-cross hybrids after a reciprocal recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4:74-80.
- Reis, M.C., Guedes, F.L., Abreu, G.B., Souza, J.C. (2013) Reciprocal recurrent selection in maize enhances heterosis and ears yield. *Euphytica*, Wageningen, 191:217-222.
- Reis, M.C., Souza, J.C., Ramalho, M.A.P., Guedes, F.L., Santos, P.H.A.D. (2009) Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 44 (12): 1667-1672.
- Ribeiro Junior, J.I., Cruz, C.D., Scapim, C.A., Pacheco, C.A.P. (2000) Metodologia para avaliar os ganhos por seleção recorrente recíproca em populações de milho. *Ceres*, Viçosa, 47 (274):591-602.
- Ribeiro, R.M., Amaral Júnior, A.T., Pena, G.F., Vivas, M., Kurosawa, R.F.N., Goncalves, L.S.A. (2016) Effect of recurrent selection on the variability of the UENF-14 popcorn population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:123-131.

- Rodriguez, O.A., Hallauer, A.R. (1991) Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. *Crop Science*, Madison, 31:43-47.
- Rodriguez, O.A., Hallauer, A.R. (1988) Effects of recurrent selection in corn populations. *Crop Science*, 28:276-280.
- Russell, W., Blackburn, D.J., Lamkey, K.R. (1992) Evaluation of a modified reciprocal recurrent selection procedure for maize improvement. *Maydica*, 37:61-67.
- Russell, W.A., Eberhart, S.A. (1975) Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and testcross selection programs. *Crop Science*, 15:1-4.
- Sangoi, L. (2010) Evolução, Genética e Morfo-Fisiológica de Cultivares de Milho, Eficiência Nutricional e Interações com o Ambiente. In: 18º CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO. **Anais de Palestras**. Goiania: Embrapa. p.1 - 8.
- Santos, M.F., Câmara, T. M.M., Moro, G.V., Costa, E.F.N., Souza Júnior, C.L. (2007) Responses to selection and changes in combining ability after three cycles of a modified reciprocal recurrent selection in maize. *Euphytica*, 157:185-194.
- Santos, M.F., Moro, G.V., Aguiar, A.M., Souza Junior, C.L. (2005) Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. *Genetics and Molecular Biology*, 28(4): p.781-788.
- SAS INSTITUTE INC (2011). SAS/STAT software 9.3. SAS Institute Inc. Cary, NC, USA.
- Shull, G.H. (1908) The composition of maize. *Journal of Heredity*, 4:296-301.
- Shull, G.H. (1909) A purity line method of corn breeding. *Journal of Heredity*, 5:51-59.
- Sologuren, L. (2015) Demanda mundial cresce e Brasil tem espaço para expandir produção. *Visão agrícola*. Universidade de São Paulo, SP, ano 9, jul./dez. p.8-11.

- Souza Júnior, C. L. (1987) Reciprocal recurrent selection with half-sib progênies obtained alternately from non-inbred (S<sub>0</sub>) and inbred (S<sub>1</sub>) plants in maize. *Maydica*, 22:19-31.
- Souza Junior, C. L., Barrios, S.C.L.B., Moro, G.V. (2010) Performance of maize single-crosses developed from populations improved by a modified reciprocal recurrent selection. *Scientia agricola*, 67(2):p.198-205
- Souza Junior, C.L. (2011) Cultivar development of allogamous crops. *Crop Breeding And Applied Biotechnology*, Viçosa, 8-15.
- Souza Junior, C.L. (2018) Seleção recorrente. In: Lima, R.O., Borém, A. Melhoramento de milho. Viçosa: Editora UFV, p.73-101.
- Souza Júnior, C.L., Pinto, R.M.C. (2000) Responses to a short-term reciprocal recurrent selection procedure in maize. *Maydica*, 45: p.21-28.
- Storck, L., Bisognin, D.A., Cargnelutti Filho, A. (2005) Ganho genético decorrente da substituição anual de cultivares de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 40(9): p.881-886.
- Tardin, F.D.; Pereira, M.G.; Gabriel, A.P.C.; Amaral Júnior, A.T.; Souza Filho, G.A. (2007). Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. *Crop Breeding And Applied Biotechnology*, 7: 225-233.
- Troyer, F. A. (2006). Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. *Crop Science*, 46:528-544.
- Uate, J.V. (2016) Progresso genético e adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho avaliadas em ensaios de valor de cultivo e uso. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, 77p.
- Vencovsky, R., Morais, A.R., Garcia, J.C., Teixeira, N.M. (1986) Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., Belo Horizonte. **Anais**. Sete Lagoas: p.300-307.

- Vencovsky, R., Ramalho, M.A.P., Toledo, F. H.R.B. (2012) Contribution and perspectives of quantitative genetics to plant breeding in Brazil. *Crop Breeding And Applied Biotechnology*, Viçosa , 12: 7-14.
- Vettorazzi, J.C.F. (2014) Obtenção e avaliação de híbridos e linhagens de milho comum via seleção recorrente recíproca entre famílias de irmãos completos. Monografia (Agronomia) Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes 43p.
- Vettorazzi, J.C.F. (2015) Seleção recorrente recíproca em milho (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores SSR-EST's associados à produtividade. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 90p.
- Vilarinho, A. A.; Viana, J. M. S.; Vilarinho, L.B.O. (2008) Potencial para melhoramento de populações de milho normal e braquítico obtidas por seleção recorrente recíproca. *Revista Ceres*, 55(3):p.147-152.
- Wallace, J.G., Larsson, S.J., E. Buckler, E.S. (2014) Entering the second century of maize quantitative genetics. *Heredity* 112:30–38.

**ANEXO**



**Tabela 6.** Análise de variância individual para as características PROLI (AMB1 e AMB3), PEPLA e REND (AMB1, AMB2, AMB3 e AMB4) avaliadas em duzentos e oitenta genótipos. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

| <b>Proli</b>     |      |      |                    |      |    |   |      |       |                    |      |    |   |
|------------------|------|------|--------------------|------|----|---|------|-------|--------------------|------|----|---|
|                  | AMB1 |      |                    | AMB2 |    |   | AMB3 |       |                    | AMB4 |    |   |
| <b>F.V</b>       | G.L  | QM   | F                  | G.L  | QM | F | G.L  | QM    | F                  | G.L  | QM | F |
| <b>Bloco/rep</b> | 76   | 0,09 | 1,88 <sup>ns</sup> | -    | -  | - | 75   | 0,036 | 1,14 <sup>ns</sup> | -    | -  | - |
| <b>Gen</b>       | 279  | 0,09 | 2,04 <sup>ns</sup> | -    | -  | - | 278  | 0,047 | 2,38 <sup>ns</sup> | -    | -  | - |
| <b>Resíduo</b>   | 752  | 0,47 |                    | -    | -  | - | 703  | 0,031 |                    | -    | -  | - |

| <b>PEPLA</b>     |      |        |                    |      |        |                    |      |         |                    |      |        |                    |
|------------------|------|--------|--------------------|------|--------|--------------------|------|---------|--------------------|------|--------|--------------------|
|                  | AMB1 |        |                    | AMB2 |        |                    | AMB3 |         |                    | AMB4 |        |                    |
| <b>F.V</b>       | G.L  | QM     | F                  | G.L  | QM     | F                  | G.L  | QM      | F                  | G.L  | QM     | F                  |
| <b>Bloco/rep</b> | 76   | 656473 | 4,70 <sup>**</sup> | 76   | 435553 | 1,97 <sup>**</sup> | 70   | 1096839 | 5,76 <sup>**</sup> | 76   | 435651 | 1,33 <sup>ns</sup> |
| <b>Gen</b>       | 279  | 337109 | 2,41 <sup>**</sup> | 279  | 534693 | 2,42 <sup>**</sup> | 279  | 559588  | 2,94 <sup>**</sup> | 279  | 877505 | 2,68 <sup>**</sup> |
| <b>Resíduo</b>   | 751  | 139685 |                    | 720  | 221344 |                    | 612  | 190497  |                    | 723  | 327781 |                    |

| <b>REND</b>      |      |         |                    |      |         |                    |      |         |                    |      |         |                    |
|------------------|------|---------|--------------------|------|---------|--------------------|------|---------|--------------------|------|---------|--------------------|
|                  | AMB1 |         |                    | AMB2 |         |                    | AMB3 |         |                    | AMB4 |         |                    |
| <b>F.V</b>       | G.L  | QM      | F                  | G.L  | QM      | F                  | G.L  | QM      | F                  | G.L  | QM      | F                  |
| <b>Bloco/rep</b> | 76   | 4934782 | 4,78 <sup>**</sup> | 76   | 3053081 | 2,10 <sup>**</sup> | 70   | 6885965 | 6,22 <sup>**</sup> | 76   | 3017088 | 1,80 <sup>**</sup> |
| <b>Gen</b>       | 279  | 2543863 | 2,47 <sup>**</sup> | 279  | 3729109 | 2,57 <sup>**</sup> | 278  | 3217137 | 2,91 <sup>**</sup> | 279  | 5399237 | 3,22 <sup>**</sup> |
| <b>Resíduo</b>   | 751  | 1031464 |                    | 720  | 1451273 |                    | 611  | 1106874 |                    | 723  | 1677183 |                    |

<sup>ns</sup>: não-significativo; <sup>\*\*</sup>: significativo ao nível 1 % de probabilidade, pelo teste F. PROLI: prolificidade; PEPLA: peso de espigas com palha; REND: rendimento de grãos, G.L: Graus de Liberdade, QM: Quadrado Médio, F: Teste F, Gen: Genótipo, Rep: Repetição, AMB 1: Campos dos Goytacazes (safra 2016/17), AMB 2: Itaocara (safra 2016/17), AMB 3: Campos dos Goytacazes (safra 2017/18), AMB 4: Itaocara (safra 2017/18)