

JOYCE DE SOUZA FALUBA

POTENCIAL GENÉTICO DA POPULAÇÃO DE MILHO UFV 7

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento, para obtenção do título
de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2008

JOYCE DE SOUZA FALUBA

POTENCIAL GENÉTICO DA POPULAÇÃO DE MILHO UFV 7

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 11 de junho de 2008.

Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Co-orientador)

Maria José B.S. Granate Sá e M.
Marques

Lauro José Moreira Guimarães

Tânia Cristina de Oliveira Gondim

Glauco Vieira Miranda
(Orientador)

“Nada te perturbe
Nada te assuste
Tudo Passa/ Deus não muda
A paciência tudo alcança
Quem a Deus tem
Nada lhe falta/ Só Deus basta”
(Santa Tereza de Jesus)

Aos meus queridos pais.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, a Deus, pelas graças concedidas em minha vida.

Aos meus pais, Nélio Miguel Faluba (*in memoriam*) e Vera Lucia de Souza Faluba, pelos ensinamentos, carinho, confiança e apoio. Aos meus irmãos Nélio, Luis, Isabela, Bruna e toda minha querida família.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

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

Ao professor Glauco Vieira Miranda, pelos seis anos de orientação e amizade, sobretudo pela confiança e apoio.

Ao professor João Carlos Cardoso Galvão, pelas orientações científicas e apoio.

Ao professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pela atenção e sugestões para o aprimoramento deste trabalho.

Aos pesquisadores Lauro José Moreira Guimarães, Maria José B.S. Granate Sá e M. Marques, Tânia Cristina de Oliveira Gondim, pela contribuição e gentileza na participação da banca de defesa de tese.

A Lucimar Oliveira Rodrigues pelas valiosas revisões e correções.

Aos amigos e companheiros do grupo de pesquisa Programa Milho José Roberto, Aurélio, Leandro, Anastácia, Julien, Guta, Fernando, Marcelo, Ciro, Willian, Rodrigo, Rodrigo Coimbra, Priscila e Thiago, pela amizade e aprendizado compartilhado.

Às amigas Daniela, Alessandra, Érika, Kelly, Mariana, Isabela, Sandra e Winnie, pelo incentivo e carinho.

Enfim, a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

JOYCE DE SOUZA FALUBA, filha de Nélio Miguel Faluba e Vera Lucia de Souza Faluba, nasceu em 13 de outubro de 1982, na cidade de Ribeirão das Neves, Estado de Minas Gerais.

Em março de 2001, ingressou no curso de Agronomia, pela Universidade Federal de Viçosa, MG, concluindo-o em maio de 2006.

Em maio de 2006, ingressou no Programa de Pós-Graduação, em nível de mestrado, na Universidade Federal de Viçosa, MG, submetendo-se a defesa de tese em junho de 2008.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Panorama geral da cultura	3
2.2. Estimativas de parâmetros genéticos	4
2.3. Seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos	6
2.4. Interação genótipos x ambientes.....	7
2.5. Herdabilidade	9
2.6. Correlação entre características.....	11
2.7. Predição de ganhos	13
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	16
3.1. Locais de condução dos experimentos	16
3.2. Método de melhoramento.....	16
3.3. População utilizada	17
3.4. Etapas do experimento.....	17
3.4.1. Obtenção de progênies de meios-irmãos	17
3.4.2. Avaliação e seleção das melhores progênies.....	17
3.5. Correção dos dados	19
3.6. Análises estatísticas	19
3.6.1. Análise de variância individual.....	20

3.6.2. Análise de variância conjunta	22
3.6.3. Análise de covariação.....	24
3.7. Estimativas de parâmetros genéticos.....	25
3.8. Ganhos esperados por seleção.....	29
3.8.1. Seleção em um ambiente (j') e resposta no ambiente j	29
3.8.2. Seleção direta e indireta	30
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1. Análises estatísticas	32
4.2. Estimativas de parâmetros genéticos.....	37
4.3. Correlações entre características	43
4.4. Predição de ganhos	46
5. CONCLUSÕES.....	53
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	54

RESUMO

FALUBA, Joyce de Souza, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Junho de 2008. **Potencial genético da população de milho UFV 7**. Orientador: Glauco Vieira Miranda. Co-orientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro e João Carlos Cardoso Galvão.

Com o objetivo de avaliar o potencial genético da população de milho UFV 7, experimentos foram conduzidos na Estação Experimental de Coimbra, na Central de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro (CEPET) em Capinópolis e no *Campus* da UFV em Florestal, pertencentes à UFV e localizados no Estado de Minas Gerais. Os experimentos foram divididos em duas etapas: obtenção de progênies; e avaliação e seleção entre progênies. Para a avaliação das progênies, o delineamento experimental utilizado foi o látice simples 10x10. Foram obtidas estimativas de parâmetros genéticos, de correlações e predição de ganhos com seleção. A estratégia de seleção utilizada foi seleção direta para produtividade, para adaptação específica em Capinópolis e Coimbra. A população UFV 7 apresentou alta produtividade (9.112 kg ha^{-1}) em Coimbra, média produtividade (6.510 kg ha^{-1}) em Capinópolis e baixa produtividade (4.572 kg ha^{-1}) em Florestal. Em todos os locais, observou-se existência de variabilidade genética para todas as características, entre eles a produtividade. A produtividade correlacionou-se positivamente com a altura de planta e altura de espiga, em Capinópolis, com a prolificidade, em Coimbra e altura de planta, altura de espiga e prolificidade, em Florestal. Foi realizada intensidade de seleção de 20% entre as progênies.

Estima-se que a seleção direta para produtividade proporcionará ganho de 1.400 kg ha⁻¹, em Capinópolis e 1.566 kg ha⁻¹, em Coimbra, para produtividade. Pode-se concluir que a população de milho UFV 7 tem elevado potencial genético a ser explorado em programas de melhoramento para extração de linhagens, em Capinópolis e Coimbra. Além disto, apresenta ótima adaptação agrônômica a Coimbra, podendo ser utilizada tanto para novos ciclos de seleção, como também para uso imediato, nesta região.

ABSTRACT

FALUBA, Joyce de Souza, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, June, 2008.
Genetic potential of the maize population UFV 7. Adviser: Glauco Vieira Miranda. Co-advisers: Pedro Crescêncio Souza Carneiro and João Carlos Cardoso Galvão.

Aiming to evaluate genetic potential of UFV 7 maize population three assays were accomplished at the Experimental Station of Coimbra, at Central de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro (CEPET) in Capinópolis and at Campus of UFV in Florestal, all belonging to UFV and located in the State of Minas Gerais. The assays were divided into two stages: obtaintion of progenies; and evaluation and selection among progenies. For evaluation of progenies, a simple lattice 10 x 10 experimental design was used. Estimates of genetic parameters, correlation and prediction of gains with selection were obtained. Direct selection for grain weight was used as selection strategy for specific adaptation in Capinópolis and Coimbra. UFV 7 population presented high productivity (9.112 kg ha^{-1}) in Coimbra, average productivity (6.510 kg ha^{-1}) in Capinópolis and low productivity (4.572 kg ha^{-1}) in Florestal. In all environments the existence of genetic variability was observed for all characters. Grain weight characters was positively correlated with characters plant height and ear height, in Capinópolis, prolificacy, in Coimbra, and plant height, ear height and prolificacy, in Florestal. Intensity of selection of 20% was accomplished among the progenies. It is estimated that the selection for grain weight, will provide a gain of 1.400 kg ha^{-1} , in Capinópolis and 1.566 kg ha^{-1} , in

Coimbra, for grain weight. It may be conclude that maize population UFV 7 has potential to be used in maize improvement programs for developing inbred lines in Capinópolis and Coimbra. It presents great agronomic adaptation in Coimbra, could be used for new selection cycles, as well as for immediate use, in this area.

1. INTRODUÇÃO

Apesar de destaque na produção nacional de milho, Minas Gerais apresenta contrastes relevantes quanto à produtividade desta cultura. Condições edafoclimáticas diversas e disparidades sociais podem ser responsáveis pela grande variação em produtividade de uma região para outra. Assim, os programas de melhoramento devem buscar atender as particularidades dos ambientes e agricultores, visando obter materiais genéticos adaptados e produtivos.

Populações melhoradas podem ser utilizadas diretamente para a produção ou em programas de melhoramento (Hallauer e Miranda, 1981). Naquelas com maior frequência de genes favoráveis é maior a probabilidade de extração de linhagens superiores para a obtenção de híbridos. O outro aspecto seria sua utilização direta por produtores que não empregam alta tecnologia. Considerando-se a sua utilização direta, a seleção de variedades adaptadas e portadoras de atributos agrônômicos desejáveis reveste-se de grande importância para regiões onde a maioria dos produtores de milho tem capital limitado e não podem investir em tecnologias de produção. Deste modo, tem-se a importância de programas de melhoramento que visam obter cultivares adequados para o desenvolvimento regional, no qual possibilite melhoras substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, predominantes nessa região.

Em espécies de polinização aberta, como o milho, um dos procedimentos mais utilizados durante a seleção recorrente, pela sua facilidade de condução entre outros fatores, é a avaliação de progênies de meios-irmãos (Falconer, 1987). Cruz e Carneiro (2006) demonstram que em ensaios envolvendo progênies de meios-irmãos a variabilidade manifestada entre as progênies é de natureza aditiva e sua variância genotípica é um quarto da variância aditiva. Em qualquer seleção recorrente intrapopulacional apenas a parte aditiva da variação genética total é que participa neste tipo de seleção, se ignoramos os efeitos epistáticos (Vencovsky, 1987).

Este trabalho tem como objetivo avaliar o desempenho agronômico, estimar os componentes de variância genética e ambiental e prever os ganhos genéticos com um ciclo de seleção de progênies de meios-irmãos da população de milho UFV 7.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Panorama geral da cultura

O milho apresenta relevante papel socioeconômico no Brasil e no mundo, além de ser indispensável matéria-prima constituinte de diversificados complexos agroindustrial (Fancelli e Dourado Neto, 2000). No Brasil, a safra de milho em 2007/08 ganhou incrementos de 5,8% na produção (38,4 milhões de toneladas) e 2,0% na área plantada (9,7 milhões de hectares) em relação à safra 2006/07. O aumento em produção e área plantada é justificado pelos bons preços do produto face ao crescimento da demanda interna e das exportações (CONAB, 2008).

Considerando-se a participação relativa dos estados brasileiros na produção de 2007, Minas Gerais assume a terceira posição com 11,77% da participação. O estado obteve aumento de 4.203 kg ha⁻¹ para 4.619 kg ha⁻¹ na produtividade comparada ao ano de 2006, estando acima da média nacional de 3.738 kg ha⁻¹. No entanto, apesar dos avanços da cultura do milho tanto no país quanto no estado de Minas Gerais verifica-se uma distribuição irregular entre as regiões produtoras mineiras, com produtividades variando de 1.817 kg ha⁻¹ no Norte de Minas até 6.033 kg ha⁻¹ no Alto Paranaíba (IGBE, 2007).

A grande variação na produtividade mineira de milho pode ser associada tanto a características edafoclimáticas específicas de cada região como

também aos diferentes níveis tecnológicos adotados pelos produtores. Ferreira Junior *et al.* (2004) caracterizaram grupos distintos de microrregiões homogêneas quanto ao grau de modernização agropecuária no Estado de Minas Gerais. Os autores identificaram 10 grupos distintos e seus resultados revelaram diferenças significativas entre esses grupos, evidenciando uma enorme heterogeneidade dentro do estado.

Porém, essa heterogeneidade de tecnologia adotada para os diferentes sistemas produtivos não é verificada ao analisarmos os cultivares lançados e comercializados no país. Na verdade, o que encontramos é uma predominância cada vez maior de cultivares híbridos que, apesar de enorme potencial genético, pode não ser a opção mais adequada para as condições de manejo e lavoura de produtores mais descapitalizados. Já as variedades melhoradas e adaptadas visam atender as necessidades destes agricultores, comprovando sua importância atual para o desenvolvimento regional.

2.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Populações melhoradas podem ser utilizadas diretamente para a produção ou em programas de melhoramento. As propriedades genéticas inerentes às populações podem ser avaliadas usando delineamentos genéticos. Os parâmetros de fundamental importância destas populações são a média, a variância genética aditiva e as correlações genéticas aditivas (Hallauer e Miranda, 1981).

A partir das estimativas dos parâmetros genéticos é possível obter informações sobre a natureza da ação gênica envolvida na herança das características, além de serem fornecidas as bases para a avaliação dos programas de melhoramento genético de uma população (Comstock e Robinson, 1948).

Dentre os principais parâmetros genéticos têm-se os componentes de variância que, por intermédio dos delineamentos experimentais, permitem estimar a variância genotípica a partir de dados fenotípicos observados. Conhecidas as estimativas da variância ambiental e genotípica, o geneticista

poderá gerar informações de grande utilidade para a predição de ganhos e para alterações na estrutura e na potencialidade das populações em relação às diferentes características avaliadas (Cruz *et al.*, 2004).

Em 1918, Fisher foi quem primeiro procurou fazer uma partição da variação genotípica em suas partes componentes. O autor reconheceu três componentes: uma parte aditiva, uma componente de dominância e uma parte epistática (Vencovsky e Barriga, 1992). Dentre esses componentes, a fração herdável, que se refere aos alelos transmitidos dos genitores às suas progênes, é relativa à variância aditiva. Pois, o indivíduo não tem a habilidade de repassar a seus descendentes o seu genótipo e sim seus alelos (Cruz e Carneiro, 2006).

Para exemplificar a importância da variância aditiva, Vencovsky (1987) acrescenta que ao considerarmos as características avaliadas no campo, o fenótipo das plantas realmente não vem a ser o essencial para a seleção. O que importa mesmo é o valor genético da progênie. Assim, o que determina o sucesso de uma seleção entre genitores é a correlação ou covariância entre os valores genotípicos destes e os de sua progênie.

Em espécies de polinização aberta, como o milho, um dos procedimentos mais utilizados durante a seleção recorrente, pela sua facilidade de condução entre outros fatores, é a avaliação de progênes de meios-irmãos. O valor genotípico médio de um grupo de meios-irmãos é, por definição, metade do valor genético do pai comum. A covariância entre é a variância das médias dos grupos de meios-irmãos, e é, portanto, a variância da metade dos valores genéticos dos pais, isto é, um quarto da variância aditiva (Falconer, 1987).

Algumas propriedades que tornam a estimativa da variância aditiva indispensável para qualquer programa de melhoramento genético foram apresentadas por Cruz e Carneiro, em 2006. A mais importante é que a variância aditiva é um dos fatores determinantes do ganho a ser obtido pela seleção. Assim, a estimativa da variância aditiva constituirá indicativo da possibilidade de predição do referido ganho.

A variância aditiva tem sido utilizada como uma das principais ferramentas dos melhorista, seja pelo seu valor per se, seja para obtenção de outros parâmetros genéticos que possibilitam ampliar os conhecimentos sobre

as características sob seleção e auxiliar na escolha de métodos de melhoramento mais eficazes (Cruz e Carneiro, 2006).

2.3. Seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos

Os métodos de melhoramento compreendem as diversas alternativas de cruzamento e seleção entre progênes ou indivíduos dentro e entre populações, podem ser divididos em dois grupos: intrapopulacionais e interpopulacionais.

Em 1964, Lonquist sugeriu o emprego da seleção espiga por fileira com o uso de técnicas de estatística experimental, no qual denominou o esquema de “seleção espiga por fileira modificado”. Trata-se da avaliação e seleção de progênes de meios-irmãos e depois, da seleção das melhores plantas dentro das progênes selecionadas. Paterniani (1967) propôs a denominação de “Seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos” (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

O método utilizado por Paterniani (1967) consistiu em avaliar, em ensaios de produção, as progênes de meios-irmãos. Os resultados dos ensaios permitem identificar as melhores progênes. Com as sementes remanescentes, planta-se um lote isolado de recombinação para produzir as progênes de meios-irmãos a serem avaliadas no ciclo seguinte. Para a seleção entre progênes, tem sido utilizada uma intensidade de seleção de 10 a 5%, enquanto para a seleção dentro de progênes, cerca de 5 a 10% das plantas superiores têm sido selecionadas (Paterniani e Campos, 2005).

A avaliação entre progênes tem o objetivo de selecionar a característica mais complexa e mais influenciada pelo ambiente. A seleção dentro de progênes assemelha-se a uma seleção massal estratificada e, portanto, selecionam-se as características de maior herdabilidade (Destro e Montalván, 1999).

O método de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos é um dos métodos de seleção intrapopulacional mais utilizados no Brasil para o melhoramento de populações de milho, em virtude da facilidade de condução e eficiência em elevar a frequência dos alelos favoráveis, bem como por

possibilita estimar a variância genética aditiva (Paterniani & Campos, 2005). Segundo Destro e Montalván (1999) a avaliação realizada com diversas repetições e locais permite estimar a variância da interação, variância genética aditiva, herdabilidade e ganho de seleção esperado, o que permite obter inferências sobre o potencial da população para fins de melhoramento.

2.4. Interação genótipos x ambientes

As condições edafoclimáticas, associadas a práticas culturais, à ocorrência de patógenos e outras variáveis que afetam o desenvolvimento das plantas são, coletivamente, denominadas ambiente. Em outras palavras, o ambiente é constituído de todos os fatores que afetam o desenvolvimento das plantas que não são de origem genética (Borém e Miranda, 2005).

O valor fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é o resultado da ação do efeito genotípico sob influência do meio ao qual é submetido. No entanto, ao avaliar o mesmo genótipo em vários ambientes, identifica-se, freqüentemente, um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico, que é denominado interação entre genótipos e os ambientes. Essa interação modifica o comportamento dos genótipos diante das variações ambientais (Cruz e Carneiro, 2006).

De acordo com Hallauer e Miranda (1981), se a interação genótipos x ambientes é de grande magnitude e as progênies são avaliadas em uma série de ambientes a estimativa da variância aditiva tende a ser menor do que a obtida em um ambiente. Por outro lado, a avaliação em vários ambientes apresenta a vantagem de diminuir o efeito genótipos x ambientes na variância fenotípica entre as médias das progênies, possibilitando um maior sucesso com a seleção, por permitir menores discrepâncias entre respostas esperadas e observadas.

Segundo Cruz *et al.* (2004), a partição do quadrado médio da interação genótipos x ambientes foi proposta por Robertson (1959), e posteriormente uma nova decomposição foi sugerida por Cruz e Castoldi (1991). O quadrado

médio da interação pode ser dividido em duas partes: uma simples e outra complexa. A parte simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes. A parte complexa é dada pela falta de correlação entre fenótipo, genótipo e os desvios do ambiente. Quando há predominância da parte complexa da interação, o trabalho do melhorista fica dificultado.

As causas da interação têm sido atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada genótipo cultivado. Como os genótipos se desenvolvem em sistemas dinâmicos, em que ocorrem constantes mudanças, desde a semeadura até a maturação, há geralmente um comportamento diferenciado destes em termos de respostas a variações ambientais (Cruz *et al.*, 2004).

Várias pesquisas (Arriel *et al.*, 1993; Pacheco *et al.*, 1998; Carvalho *et al.*, 2000a, 2000b, 2003a, 2003b; Cardoso *et al.*, 2003; Carvalho e Souza, 2007; Souza *et al.*, 2008) evidenciam a importância de se realizar a seleção em mais de um local para aumentar a eficiência do processo seletivo e permitir a obtenção de estimativas de outros componentes de variância sem a influência da interação genótipos x ambientes.

As estimativas da variância da interação genótipos x ambientes encontradas por Pacheco *et al.* (1998) e Carvalho *et al.* (2000a) superaram as respectivas estimativas da variância genotípica entre as progênies de meios-irmãos avaliadas pelos autores, com base na média dos locais. Além disto, as estimativas das variâncias genéticas entre progênies para peso de espigas, na média de dois locais, foram inferiores às encontradas nos locais em separado, o que se explica pelo fato de as estimativas por local serem superestimadas pela não consideração do componente da interação genótipos x ambientes. Arriel *et al.* (1993) observaram um componente da interação que correspondia a 76% da variância genotípica entre as progênies.

Dezessete ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos da população de milho BR 5011 Sertanejo foram avaliados por Carvalho *et al.* (2003b). Os autores verificaram redução nas estimativas de variância do peso de espigas, quando a seleção foi realizada na média de dois ou três locais, devido ao isolamento da influência de interação progênies x ambientes.

Carvalho e Souza (2007) descreveram efeito similar durante os treze ciclos de seleção da variedade BR 5028 São Francisco.

Uma população de milho branco no seu primeiro ciclo de seleção entre e dentro de progênies, em três locais, foi avaliada por Souza *et al.* (2008). Foi obtida interação genótipos x ambientes significativa para as características altura de planta, intervalo entre florescimento masculino e feminino e também para produtividade.

Pela importância da interação cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e seu aproveitamento (Cruz *et al.*, 2004).

Alguns autores (Aguilar, 1986; Carvalho *et al.*, 1994 e Pacheco *et al.*, 1998) discutem sobre os procedimentos adotados pelo melhorista na presença da interação. Se o objetivo do programa for adaptação específica, a seleção deverá ser feita para cada ambiente. Se o objetivo for adaptabilidade ampla do material, a seleção deverá ser baseada na média dos ambientes, a menos que os ambientes sejam tão discrepantes que venham a forçar o melhorista a ficar com a primeira opção, ou realizar a seleção para grupos de ambientes homogêneos.

2.5. Herdabilidade

A herdabilidade estimada a partir dos componentes de variância é de grande importância no melhoramento de plantas e expressa porcentagem da variância fenotípica que é devida às variações proporcionadas por fatores de natureza genética. Como o sucesso de um programa de melhoramento depende da existência de variabilidade genética na população, esse coeficiente indica a magnitude relativa da variabilidade genética disponível a ser explorada pela técnica seletiva. Outro significado, também de grande importância, é que a herdabilidade expressa a confiabilidade do valor fenotípico em predizer o valor genético (Cruz e Carneiro, 2006).

A herdabilidade é uma propriedade não somente de uma característica, mas também da população e das circunstâncias de ambiente às quais os indivíduos estão sujeitos. O valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância, uma alteração em qualquer um deles afetará o valor da herdabilidade (Falconer, 1987).

Apesar do coeficiente de herdabilidade ser inerente a uma população, ao ambiente, a característica avaliada, entre outros fatores experimentais é possível verificar grande variação das estimativas encontradas na literatura. Foram analisados trabalhos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos de milho comum no Brasil, para as características produtividade e peso de espigas. Considerando-se a herdabilidade no sentido restrito, com base na média de progênies, houve uma variação de 51,2 a 83%, em avaliações com base em um local, e variações de 2,56% a 80,8%, em avaliações com base em dois ou três locais (Arriel *et al.*, 1993; Bonomo *et al.*, 2000b, Carvalho *et al.*, 2000a, 2000b, 2000c, 2003a, 2003b; Cardoso *et al.*, 2003; Carvalho e Souza, 2007; Carvalho *et al.*, 2007).

Valores baixos de herdabilidade, normalmente, estão associados a avaliações em apenas um ambiente, estresses ambientais sofridos pelas progênies durante a avaliação em campo experimental ou a baixa variabilidade genética manifestada.

Uma população crioula de milho branco foi avaliada em três locais por Souza *et al.* (2008). Os mesmos depararam com herdabilidades baixas para características de importância, como a produtividade, na avaliação realizada em Barbacena. Os autores consideraram que as herdabilidades para as características avaliadas foram inferiores às encontrados na literatura e atribuíram esses valores como indicativos da baixa variabilidade genética disponível na população para este local, proporcionando ganhos pequenos com a seleção ao utilizar a estratégia de progênies de meios-irmãos. A mesma população avaliada em Coimbra e em Campos dos Goytacazes apresentou herdabilidades para produtividade de 68,83% e 57,9%, respectivamente, sendo consideradas adequadas para aumentar a produtividade a partir da seleção.

2.6. Correlação entre características

A correlação é importante no melhoramento de plantas porque mede o grau de associação linear, genético ou não genético, entre duas características. Se existe associação genética a seleção em uma característica irá causar mudanças em outras características, denominada resposta correlacionada. A causa da correlação pode ser genética e ambiental. As causas genéticas podem ser atribuídas ao pleiotropismo ou ao desequilíbrio da ligação genética (Hallauer e Miranda, 1981).

A seleção de uma porcentagem das progênes ou indivíduos em populações de milho, que geralmente baseia-se na produtividade de grãos, pode ocasionar alterações em outras características, dependendo da forma de associação genética entre essas características. Deste modo, torna-se conveniente aprimorar o material não apenas para características isoladas, mas para um conjunto de características simultaneamente (Vencovsky, 1987; Vencovsky e Barriga, 1992).

Adicionalmente, o conhecimento da associação entre características se torna de grande importância quando a seleção de uma das características apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade ou problemas de medição (Cruz *et al.*, 2004).

Para progênes de meios-irmãos pode ser demonstrado que a covariância entre médias genotípicas da mesma progênie, em relação a duas características, corresponde a um quarto da covariância entre valores genéticos aditivos de mesmo indivíduo na população base. Portanto, a correlação entre médias genotípicas da mesma progênie de meios-irmãos é a correlação entre valores genéticos aditivos do mesmo indivíduo na população base de referência, ou seja, é a correlação genética aditiva na população base (Viana, 1996). Essa é mais utilizada em espécies de polinização cruzada como o milho. Os efeitos genéticos aditivos das características podem ser alterados pela seleção. A seleção para uma característica irá provocar mudança na média e no efeito aditivo dos genes. Se outra característica está correlacionada aditivamente com a primeira, a seleção irá provocar mudança indireta na média da segunda característica (Hallauer e Miranda, 1981).

O ambiente é uma causa de correlação, pelo qual duas características são influenciadas pelas mesmas diferenças de condições de ambiente. A correlação resultante de causas de ambiente é o efeito total de todos os fatores variáveis não genéticos, sendo que alguns têm correlação positiva e outros negativa (Falconer, 1987).

As correlações genéticas e de ambiente podem ser diferentes em magnitude e em sinal. A diferença de sinal entre as duas correlações mostra que as causas da variação genética e de ambiente afetam as características por meio de diferentes mecanismos fisiológicos (Falconer, 1987). Correlações ambientais negativas indicam que o ambiente favorece uma característica em detrimento da outra e valores positivos indicam que as duas características são beneficiadas ou prejudicadas pelas mesmas causas de variações ambientais. Os sinais do coeficiente de correlação fenotípica e genotípica podem ser diferentes, sendo o fato, em geral, atribuído a erros de amostragem (Cruz *et al*, 2004).

Dois ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no milho Dentado Composto foram avaliados por González *et al.* (1994). No ciclo I da seleção, grande parte da correlação genética apresentava sinais diferentes da correlação fenotípica e de ambiente, que por sua vez tiveram coincidência de sinais e semelhanças em magnitudes, como ocorrido nas associações entre produtividade e altura de planta e produtividade e prolificidade. No ciclo II, na grande maioria dos casos, os coeficientes de correlação genética e fenotípica apresentaram o mesmo sinal e a correlação genética foi superior à fenotípica, sendo ambas maiores que a correlação ambiental, como verificado com as características produtividade e altura de planta, e produtividade e prolificidade.

A associação entre as principais características do milho na população Palha Roxa foi avaliada por Bonomo *et al.* (2000a). Esses autores encontraram correlações genéticas positivas para altura da planta e altura de espiga e entre produtividade e prolificidade. A população Palha Roxa apresentou o mesmo sinal de correlação fenotípica e genotípica em todas as combinações entre as características estudadas. As correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas, evidenciando maior contribuição dos fatores genéticos em relação aos de ambientes nas associações entre características. Nesta mesma população, foram verificadas correlações ambientais de baixas magnitudes

para a maioria das características avaliadas. As correlações de ambiente foram altas entre altura de plantas e altura de espigas, prolificidade e altura de espigas, prolificidade e peso de espigas, prolificidade e produtividade, e peso de espigas e produtividade.

Os componentes de variação e outros parâmetros genéticos em progênes de meios-irmãos no composto de milho ESAM-1 foram avaliados por Silva *et al.* (2001). Houve correlação fenotípica significativa e positiva entre produtividade e altura de planta, produtividade e altura de espiga e produtividade e peso de 100 grãos.

2.7. Predição de ganhos

A estimativa do progresso da seleção tem sido uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas. Uma de suas aplicações avalia se uma determinada população é adequada para o melhoramento em determinado ambiente ou em um conjunto de ambientes. Outra importante aplicação é a comparação dos diferentes métodos de melhoramento (Hallauer e Miranda, 1981).

Nos processos de seleção recorrente são estabelecidas unidades (ou materiais genotípicos) de teste, provenientes de uma população-base e unidades melhoradas, resultantes da recombinação de unidades aparentadas com as unidades de teste. O ganho de seleção pode ser estimado por princípios de regressão linear. No entanto, há outras maneiras para obtenção das estimativas de ganhos, por meio de vários esquemas seletivos. O método proposto por Vencovsky (1987) baseia-se em diagrama de trilha envolvendo “passagens” entre unidade de teste e unidades melhoradas. O método proposto por Eberhart (1970) baseia-se apenas no conhecimento da natureza genética existente entre as unidades de teste e o controle parental adotado pelo esquema seletivo (Cruz *et al.*, 2004).

O progresso por seleção está diretamente relacionado ao diferencial de seleção, isto é, à diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Quando se deseja progresso em curto prazo, uma maior

pressão de seleção pode ser empregada. Entretanto, uma redução drástica da variabilidade genética é esperada em curto prazo, reduzindo assim as possibilidades de seleção a prazo médio e longo. Além disso, altas pressões de seleção em populações pequenas podem resultar em problemas relacionados à endogamia que pode levar à redução da média de características importantes (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

Após oito ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho IAC-1, Miranda *et al.* (1977) observaram um progresso genético médio de 1,9% por ciclo, comparado com um progresso genético esperado de 8,8% por ciclo, para a produtividade de grãos.

O ganho genético na população de milho Palha Roxa foi estudado por Bonomo *et al.* (2000b) sob quatro intensidades de seleção (6,12, 10,20, 14,28, e 20,41%), correspondente as populações P_I, P_{II}, P_{III} e P_{IV}. Os ganhos percentuais preditos para produtividade de grãos nas populações P_I, P_{II}, P_{III} e P_{IV} foram 23,05, 20,37, 18,58 e 16,58 %, respectivamente, enquanto que os ganhos realizados foram de 12,24, 8,86, 8,85 e 10,80%, respectivamente.

Para obter um cultivar de milho mais produtivo e melhor adaptado as condições edafoclimáticas do Nordeste brasileiro um trabalho foi conduzido por Carvalho *et al.* (2000a) com a população BR 5033. Esta população foi submetida a intensidades de seleção de 10% entre progênies e 10% dentro de progênies durante cinco ciclos. O ganho médio esperado por ciclo foi de 29,68% enquanto que o ganho/ciclo/ano obtido foi de 4,45%, para o peso de espigas.

Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies foram conduzidos por Carvalho *et al.* (2000c) com a população CMS-453. Os ganhos estimados da população foram de 14,93% no ciclo original, 6,47% no ciclo I e 15,42% no ciclo II, obtendo na média dos três ciclos 11,62% de ganho estimado, para o peso de espigas. Ao realizar também três ciclos de seleção com a população CMS-52 a média do ganho estimado foi de 12,30%, para o peso de espigas (Carvalho *et al.*, 2000b).

O ciclo I de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foi avaliado por Cardoso *et al.* (2003), que obtiveram ganhos estimados de 5,63% com a variedade sintética CMS 47 e de 0,72% com a variedade BR 5039, ambos para o peso de espigas.

Após três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos com a população CPATC-3, Carvalho *et al.* (2003a) apresentaram estimativas de ganhos de seleção de 10,85% para o ciclo original, 20,16% no ciclo I e 9,86% no ciclo II, com ganho estimado de 13,62% por ciclo/ano, para o peso de espigas. Para a população CPATC-4, a média de ganho estimado após três ciclos de seleção foi de 16,43%, para o peso de espigas (Carvalho *et al.*, 2007).

A variedade BR 5028 São Francisco, submetida a treze ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, apresentou um ganho/ciclo/ano de 4,03%, entre os ciclos VI e XV, para o peso de espigas (Carvalho *et al.*, 2003b). A variedade BR 5011 Sertanejo apresentou um ganho/ciclo/ano entre os ciclos 4 e 17 de 2,56%, para o peso de espigas (Carvalho e Souza, 2007).

A população crioula de milho branco avaliada por Souza *et al.* (2008) em diferentes ambientes apresentou variabilidade genética e ganhos preditos correspondentes a 42,29%, em Campos dos Goytacazes e 82,31%, em Coimbra, para produtividade.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Locais de condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental de Coimbra, na Central de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro (CEPET) em Capinópolis e no *Campus* da UFV em Florestal, antiga CEDAF - Central de Ensino e Desenvolvimento Agrário de Florestal, todas pertencentes à UFV e localizadas no Estado de Minas Gerais.

As coordenadas geográficas dos locais de condução do experimento são as seguintes: Coimbra localiza-se à latitude 20°51'24" sul e à longitude 42°48'10" oeste, estando à altitude de 720 metros; Capinópolis localiza-se à latitude 18°40'55" sul e à longitude 49°34'11" oeste, estando a 564 metros de altitude; Florestal localiza-se à latitude 19°53'22" sul e à longitude 44°25'57" oeste, estando a 776 metros de altitude.

3.2. Método de melhoramento

Foi utilizado o método de melhoramento intrapopulacional de seleção entre progênies de meios-irmãos.

3.3. População utilizada

Foi utilizada a população de milho UFV 7 originada a partir de cruzamentos entre híbridos produtivos e comerciais na Zona da Mata de Minas Gerais, com grãos tipo duro e alaranjados. Essa população foi obtida após três ciclos de acasalamento ao acaso em campos isolados.

3.4. Etapas do experimento

Os experimentos foram divididos em duas etapas:

- Obtenção de progênies de meios-irmãos; e
- Avaliação e seleção das melhores progênies de meios-irmãos.

3.4.1 Obtenção das progênies de meios-irmãos

Foram selecionadas 100 espigas da população base. O critério de seleção das espigas foi o empalhamento adequado, tipo de grão, ausência de pragas e doenças e um maior tamanho das mesmas. As espigas foram debulhadas separadamente, identificadas e armazenadas de modo individualizado em câmara fria pertencente ao Programa Milho[®] da UFV. Cada espiga constituiu uma progênie de meios-irmãos.

3.4.2 Avaliação e seleção das melhores progênies

Para a avaliação e seleção entre progênies, foram instalados experimentos em Coimbra, Capinópolis e Florestal em novembro de 2006.

Uma quantidade suficiente de sementes de todas as progênies de meios-irmãos foi guardada para posterior recombinação das progênies selecionadas.

O delineamento experimental utilizado foi o látice 10X10 com duas repetições. A parcela experimental foi constituída por uma fileira de 3,0 m de comprimento, com espaçamento de 0,9 m entre fileiras e de 0,20 m entre plantas, semeando-se duas sementes por cova, sendo que aos 21 dias após a emergência foi realizado o desbaste, deixando-se somente uma planta por cova, o que correspondeu a uma população de 55.555 plantas por hectare.

Na adubação de plantio foram utilizados 450 kg ha⁻¹ de N-P-K, formulação 8-28-16 em Coimbra, e 300 kg ha⁻¹ de 8-28-16 em Capinópolis e Florestal. A adubação de cobertura foi realizada com a aplicação de 120 kg de N ha⁻¹, parcelada nos estádios fenológicos de 4 e 8 folhas completamente desenvolvida, em todos os locais.

Os tratos culturais foram realizados quando necessário de acordo com Galvão e Miranda (2004).

As seguintes características foram avaliadas:

- Dias para florescimento masculino: número de dias após a emergência das plântulas até a abertura das anteras em 50% das plantas;

- Dias para florescimento feminino: número de dias após a emergência das plântulas até a presença de cabelo em 50% das plantas;

- Altura de planta: medida, em metros, após o pendoamento, do nível do solo à base do limbo da folha bandeira, em cinco plantas competitivas por parcela;

- Altura de espiga: medida, em metros, após o pendoamento, do nível do solo à base da espiga superior no colmo, nas mesmas cinco plantas avaliadas para altura, por parcela;

- Proporção de Plantas Acamadas: obtida pela relação entre o número de plantas acamadas na parcela e o estande final. Foram consideradas plantas acamadas, aquelas que apresentaram ângulo de inclinação superior a 45 graus, em relação à vertical, na ocasião da colheita;

- Proporção de Plantas Quebradas: obtida pela relação entre o número de plantas quebradas na parcela e o estande final. Foram consideradas plantas quebradas aquelas que apresentaram o colmo quebrado, abaixo da espiga superior, em cada parcela, por ocasião da colheita;

- Estande Final: número de plantas na parcela, na ocasião da colheita;
- Número de espigas: número de espigas colhidas em cada parcela;
- Prolificidade: obtida, dividindo-se o número de espigas da parcela pelo estande final;
- Produtividade: peso de grãos em kg parcela⁻¹;
- Umidade de Grãos: obtida a partir de uma amostra de 100g de grãos de cada parcela.

3.5 Correção dos dados

Os dados obtidos de peso de grãos por parcela foram corrigidos para umidade de 13,0%, para posterior análise estatística. Para tanto, foi utilizada a seguinte expressão:

$$P\% = \frac{Pc(1-U)}{(1-0,13)},$$

em que:

P% é o peso corrigido para 13,0% de umidade;

Pc é o peso de grãos (por parcela);

U é a umidade dos grãos expressa em decimais; e

(1 - 0,13) expressa o teor de matéria seca, quando a umidade é 13,0%.

3.6 Análises estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa GENES (Cruz, 2006). Foram realizadas as análises para as características produtividade, altura de plantas e de espigas e prolificidade.

3.6.1 Análise de variância individual

A análise do látice como blocos casualizados completos, utilizando as médias ajustadas dos tratamentos da análise com recuperação da informação interblocos, e tendo como quadrado médio do resíduo a variância efetiva média desta mesma análise com recuperação da informação interblocos (Tabela 1) foi realizada de acordo com metodologia descrita por Silva *et al.* (1999) que se basearam em procedimentos de Federer (1955), Cochran e Cox (1957), Suwantaradon (1974), Vianna e Silva (1978) e Pimentel-Gomes (1990), entre outros.

Todos os efeitos foram pressupostos como sendo aleatórios. Portanto, considera-se que as progênes de meios-irmãos avaliadas compõem uma amostra da população base, sendo possível estimação de parâmetros referentes a esta população, e que cada ambiente é representativo do local de estudo. O seguinte modelo estatístico para análise de variância foi adotado:

$$y_{il(j)} = \mu + t_i + r_j + (b/r)_{l(j)} + e_{il(j)},$$

em que:

$y_{il(j)}$ = observação do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, v=k^2$), no bloco l ($l=1, 2, \dots, k$) da repetição j ($j=1, 2, \dots, r$);

μ = constante comum a todas as observações;

t_i = efeito da progênie de meios-irmãos i ;

r_j = efeito da repetição j ;

$(b/r)_{l(j)}$ = efeito do bloco l , dentro da repetição j ; e

$e_{il(j)}$ = erro aleatório associado a observação $y_{il(j)}$

As seguintes pressuposições estão associadas ao modelo estatístico:

a) $t_i \sim \text{NID}(0, \sigma_G^2)$;

b) $r_j \sim \text{NID}(0, \sigma_r^2)$;

c) $(b/r)_{l(j)} \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;

- d) $e_{il(j)} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ e
 e) $t_i, r_j, (b/r)_{l(j)},$ e $e_{il(j)},$ são independentes.

O teste de interesse na análise de variância foi o da hipótese:

$$H_0: \sigma_G^2 = 0 \text{ vs}$$

$$H_1: \sigma_G^2 > 0.$$

A estatística apropriada para o teste em questão foi:

$$F = \frac{\text{QMT}_{(aj)}}{\text{QMR}},$$

a qual, sob $H_0,$ tem distribuição F, com (k^2-1) e $(k-1)(rk-k-1)$ graus de liberdade.

Tabela 1 - Esquema da análise de variância individual e esperanças dos quadrados médios da análise do látice como blocos casualizados completos, utilizando as médias ajustadas dos tratamentos e a variância efetiva do látice

FV	GL	QM	E(QM)
Repetições	$(r-1)$		
Progênes (aj.)	(k^2-1)	$\text{QMT}_{(aj)}$	$\sigma^2 + r\sigma_G^2$
Resíduo	$(k-1)(rk-k-1)$	QMR	σ^2

FONTE: Silva *et al.* (1999).

Neste caso, o QMR é a variância efetiva média, da análise do látice com recuperação da informação interblocos, que foi dada por:

$$\text{QMR} = V_r \left(1 + \left[\frac{r}{(r-1)(k+1)} \cdot \frac{(V_b - V_r)}{V_b} \right] \right),$$

em que:

r é o número de repetições;

k é o número de tratamentos em cada bloco;

V_b é o quadrado médio de blocos/repetições (ajustado), obtido na análise intrablocos; e

V_r é o quadrado médio do resíduo intrablocos.

3.6.2 Análise de variância conjunta

Foi realizada a análise de variância conjunta do látice como blocos casualizados completos de acordo com metodologia descrita por Regazzi *et al.* (1999), na qual utiliza-se as médias ajustadas dos tratamentos da análise do látice com recuperação da informação interblocos, e tem-se como quadrado médio do resíduo, a média dos resíduos (variância efetiva média), das análises individuais, desta mesma análise do látice com recuperação da informação interblocos.

Foram consideradas para análise conjunta as características em que a relação entre os quadrados médios dos resíduos entre locais não foram superior a quatro vezes (Tabela 2).

O seguinte modelo estatístico para análise conjunta de variância foi adotado:

$$y_{ij(p)} = \mu + t_i + a_p + (r/a)_{j(p)} + (ta)_{ip} + e_{ij(p)},$$

em que:

$y_{ij(p)}$ = observação do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, v=k^2$), na repetição j ($j=1, 2, \dots, r$), no local p ($p=1, 2, \dots, s$);

μ = constante inerente a todas as observações;

t_i = efeito da progênie de meios-irmãos i ;

a_p = efeito do local p ;

$(r/a)_{j(p)}$ = efeito da repetição j dentro do local p ;

$(ta)_{ip}$ = efeito da interação entre a progênie i e o local p ; e

$e_{ij(p)}$ = erro aleatório associado a observação $y_{ij(p)}$.

As seguintes pressuposições estão associadas ao modelo estatístico:

- a) $t_i \sim \text{NID}(0, \sigma_G^2)$;
- b) $a_p \sim \text{NID}(0, \sigma_E^2)$;
- c) $(r/a)_{j(p)} \sim \text{NID}(0, \sigma_r^2)$;
- d) $(ta)_{ip} \sim \text{NID}(0, \sigma_{GE}^2)$;
- e) $e_{ij(p)} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ e
- f) $t_i, a_p, (r/a)_{j(p)}, (ta)_{ip}$ e $e_{ij(p)}$, são independentes.

Para testar a existência de variância genética a hipótese apropriada é:

$$H_0: \sigma_G^2 = 0 \text{ vs}$$

$$H_1: \sigma_G^2 > 0.$$

A estatística apropriada para o teste em questão foi:

$$F = \frac{\text{QMT}_{(aj)}}{\text{QMTA}},$$

a qual, sob H_0 , tem distribuição F, com (k^2-1) e $(k^2-1)(s-1)$ graus de liberdade.

Para testar a hipótese de existência de variância devido à interação entre genótipos e ambientes, tem-se:

$$H_0: \sigma_{GE}^2 = 0 \text{ vs}$$

$$H_1: \sigma_{GE}^2 > 0.$$

A estatística apropriada foi:

$$F = \frac{\text{QMTA}}{\text{QMR}},$$

a qual, sob H_0 , tem distribuição F, com $(k^2-1)(s-1)$ e $s(k-1)(rk-k-1)$ graus de liberdade.

Tabela 2 - Esquema da análise de variância conjunta e esperanças dos quadrados médios da análise do látice como blocos casualizados completos, utilizando as médias ajustadas dos tratamentos e a variância efetiva média da análise em látice

FV	GL	QM	E(QM)
Repetições/Ambientes	$s(r-1)$		
Ambiente (A)	$s-1$		
Progênies (aj.)	k^2-1	$QMT_{(aj)}$	$\sigma^2 + r\sigma_{GE}^2 + ar\sigma_G^2$
Progênies X Ambientes	$(k^2-1)(s-1)$	$QMTA$	$\sigma^2 + r\sigma_{GE}^2$
Resíduo Médio	$s(k-1)(rk-k-1)$	QMR	σ^2

FONTE: Regazzi *et al.* (1999).

O quadrado médio do resíduo da análise conjunta (QMR) é a média aritmética ponderada dos quadrados médios dos resíduos das análises individuais. Neste trabalho, os resíduos das análises individuais para cada local p ($p = 1, 2, \dots, s$) tem o mesmo número de graus de liberdade, deste modo tem-se que:

$$QMR = \frac{\sum_{p=1}^s QMR_p}{s},$$

em que:

QMR_p é a variância efetiva média, da análise do látice com recuperação da informação interblocos para o local p ; e

s é o número de locais.

3.6.3 Análise de covariação

A estimação dos produtos médios, em relação às características X e Y, (PM_{xy}), foi realizada utilizando-se análise de variância individual para cada uma

das características e análise de variância para a soma dos valores de X e Y. Os produtos médios foram estimados a partir da seguinte equação:

$$PM_{xy} = \frac{QM_{x+y} - QM_x - QM_y}{2},$$

em que:

QM_{x+y} é o quadrado médio da análise da soma das características X e Y;

QM_x é o quadrado médio da análise da característica X; e

QM_y é o quadrado médio da análise da característica Y.

Os componentes de covariância foram estimados a partir das esperanças de produtos médios das fontes de variação (Tabela 3), sendo estas obtidas de maneira semelhante à estimação das esperanças de quadrados médios.

Tabela 3 - Esquema da análise de covariação com as esperanças matemáticas dos produtos médios

FV	GL	PM	E(PM)
Blocos	r-1		
Tratamentos	g-1	PMT_{xy}	$\sigma_{xy} + r\sigma_{gxy}$
Resíduo	$(r-1)(g-1)$	PMR_{xy}	σ_{xy}

FONTE: Cruz *et al.* (2004).

3.7. Estimativas de parâmetros genéticos

De posse das esperanças de quadrados médios, apresentadas na Tabela 1, é possível estimar os componentes de variância da análise individual. Foram utilizados os seguintes estimadores (Silva *et al.*, 1999):

$\hat{\sigma}_G^2$, estimador da variância genotípica entre progênies (σ_G^2), em nível de médias dos tratamentos;

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{QMT_{(aj)} - QMR}{r};$$

$\hat{\sigma}^2$, estimador da variância ambiental (σ^2), em nível de médias dos tratamentos;

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{QMR}{r};$$

$\hat{\sigma}_F^2$, estimador da variância fenotípica entre progênes (σ_F^2), em nível de médias dos tratamentos;

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QMT_{(aj)}}{r}.$$

A partir das esperanças de quadrados médios, apresentadas na Tabela 2, é possível estimar os componentes de variância da análise conjunta. Foram utilizados os seguintes estimadores (Regazzi *et al.*, 1999):

$\hat{\sigma}_G^2$, estimador da variância genotípica entre progênes (σ_G^2), em nível de médias dos tratamentos;

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{QMT_{(aj)} - QMTA}{ar};$$

$\hat{\sigma}^2$, estimador da variância ambiental (σ^2);

$$\hat{\sigma}^2 = QMR;$$

$\hat{\sigma}_{G \times E}^2$, estimador da variância da interação genótipos x ambientes entre progênes ($\sigma_{G \times E}^2$), em nível de médias dos tratamentos;

$$\hat{\sigma}_{G \times E}^2 = \frac{QMTA - QMR}{r}$$

$\hat{\sigma}_F^2$, estimador da variância fenotípica entre progênes (σ_F^2), em nível de médias dos tratamentos; e

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QMT_{(aj)}}{ar}.$$

A variância genética aditiva (σ_A^2) foi estimada a partir da seguinte relação (Falconer, 1987):

$$\sigma_G^2 = \frac{1}{4}\sigma_A^2,$$

portanto,

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_G^2.$$

Os coeficientes de variação genética (CV_G) e experimental (CV) e o índice de variação (θ) foram obtidos de acordo com Vencovsky (1987).

Os seus estimadores são:

$$CV_G \% = \frac{\hat{\sigma}_G \cdot 100}{\bar{X}};$$

$$CV \% = \frac{\hat{\sigma} \cdot 100}{\bar{X}}; \text{ e}$$

$$\hat{\theta} = \frac{CV_G \%}{CV \%},$$

sendo \bar{X} a estimativa da média da característica em estudo.

O estimador da herdabilidade, em sentido restrito, em nível de média de progênie de meios-irmãos foi:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2}.$$

De acordo com as esperanças dos produtos médios da análise de covariação (Tabela 3), foi possível estimar a covariância genética entre as características X e Y (σ_{gxy}),

$$\hat{\sigma}_{gxy} = \left(\frac{PMT_{xy} - PMR_{xy}}{r} \right).$$

De posse do valor da estimativa da covariância genética entre duas características, foi estimado o coeficiente de correlação genética (r_{gxy}),

$$r_{gxy} = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2}},$$

em que:

r_{gxy} é o estimador do coeficiente de correlação genética entre as características X e Y;

$\hat{\sigma}_{gxy}$ é o estimador da covariância genética entre as características X e Y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2$ é o estimador da variância genética da característica X; e

$\hat{\sigma}_{gy}^2$ é o estimador da variância genética da característica Y.

Os estimadores das variâncias genéticas das características X e Y foram obtidos pelas seguintes fórmulas:

$$\hat{\sigma}_{gx}^2 = \left(\frac{QMT_x - QMR_x}{r} \right);$$

$$\hat{\sigma}_{gy}^2 = \left(\frac{QMT_y - QMR_y}{r} \right).$$

Segundo Viana (1996), a covariância entre médias genéticas da mesma progênie de meios-irmãos, em relação a duas características, equivale a um quarto da covariância entre valores genéticos aditivos do mesmo indivíduo na população base. Portanto, o estimador da correlação entre médias

genotípicas da mesma progênie de meios-irmãos (r_{gxy}) é o estimador da correlação entre valores genéticos aditivos do mesmo indivíduo, na população de referência, ou seja, o estimador da correlação genética aditiva na população base.

Os estimadores dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F) e de ambiente (r_a) foram:

$$r_F = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x \cdot QMT_y}},$$

$$r_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x \cdot QMR_y}}.$$

3.8. Ganhos esperados por seleção

3.8.1. Seleção em um ambiente (j') e resposta no ambiente j

Se os genótipos são avaliados em um conjunto de ambientes, pode-se estimar a resposta indireta da seleção ($GS_{jj'}$) em um ambiente quando esta é praticada em outro qualquer do conjunto (Cruz e Carneiro, 2006). O ganho de seleção foi dado por:

$$GS_{jj'} = DS_{j'} r_g h_{j'} \frac{\hat{\sigma}_{Gj}}{\hat{\sigma}_{Fj'}},$$

Em que:

j' é o ambiente em que a seleção é praticada;

j é o ambiente para o qual se avalia a resposta indireta;

$DS_{j'}$ é o diferencial de seleção praticado no ambiente j' ;

r_g é a correlação genética entre as médias dos genótipos nos ambientes j e j' ;

$h_{j'}$ é a raiz quadrada da herdabilidade no ambiente j' ;

$\hat{\sigma}_{Gj}$ é o desvio padrão genético estimado no j-ésimo ambiente; e

$\hat{\sigma}_{Fj'}$ é o desvio padrão fenotípico estimado no j'-ésimo ambiente.

A correlação genética entre uma característica avaliada em dois ambientes distintos, considerando a medida da eficiência da resposta indireta uma função da magnitude da interação entre genótipos e ambientes, foi estimada por meio de:

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{G(jj')}}{\hat{\sigma}_{G(jj')}^2 + \hat{\sigma}_{G \times E(jj')}^2} \cdot$$

Em que $\hat{\sigma}_{G(jj')}$ e $\hat{\sigma}_{G \times E(jj')}$ são os estimadores dos componentes de variância genética e da interação genótipos x ambientes, obtidos pela análise conjunta envolvendo os ambientes j e j'.

3.8.2. Seleção direta e indireta

A possibilidade de prever ganhos é considerada uma das maiores contribuições da genética quantitativa para o melhoramento. O estudo da natureza e magnitude das relações existentes entre características fornece subsídios para se saber como o melhoramento de uma característica pode causar alterações em outras e, com isso, possibilita obter resultados por meio de seleção direta e indireta para as características de interesse.

A predição de ganho foi realizada de acordo com a seguinte expressão (Eberhart, 1970):

$$GS = DS.p.h^2 = DS.p.\frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_F^2},$$

em que:

GS é o ganho genético por seleção;

p é o controle parental: neste trabalho, a unidade de seleção é igual à unidade de recombinação, sendo recombinações apenas os indivíduos selecionados, portanto, $p=1$;

DS é o diferencial de seleção, obtido da seguinte forma:

$$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_o,$$

sendo:

\bar{X}_s é a média dos indivíduos selecionados; e

\bar{X}_o é a média da população.

O ganho de seleção indireto, ou seja, o ganho em relação a característica Y, quando a seleção é praticada sobre a característica X, foi estimado pela seguinte expressão:

$$GS_{y(x)} = DS_{y(x)} \cdot h_y^2 \cdot p,$$

em que:

$GS_{y(x)}$ é o ganho em relação a característica Y, pela seleção direta na característica X;

h_y^2 é a herdabilidade da característica Y;

$DS_{y(x)}$ é o diferencial de seleção indireto, dado por:

$$DS_{y(x)} = \bar{X}_{sy} - \bar{X}_{oy},$$

em que:

\bar{X}_{sy} é a média da característica Y nos indivíduos selecionados, quando a seleção é praticada na característica X; e

\bar{X}_{oy} é a média da população para a característica Y.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises estatísticas

Federer (1955) e Miranda Filho (1987) sugerem a análise de variância a partir do látice somente se a sua eficiência for superior a 110%. Para as características produtividade, altura de planta e de espiga a eficiência do látice foi superior a 110%, indicando que o delineamento foi adequado para se obter melhor controle local, sendo possível isolar o efeito da variação de blocos dentro de repetição. Porém, para a característica prolificidade a eficiência do látice foi considerada baixa. No entanto, preferiu-se realizar todas as análises conjuntas a partir da média dos tratamentos ajustados e da variância efetiva média do látice, por uma questão de padronização. Segundo Marquês Júnior *et al.* (1999), as análises dos dados devem ser processadas em látice independentemente da magnitude da eficiência por sempre apresentar alguma vantagem à seleção. Assim, o emprego do látice em relação aos blocos casualizados funciona como garantia ao melhorista de uma possível heterogeneidade do solo que pode ou não ocorrer.

As análises conjuntas foram realizadas após a verificação da homogeneidade de variância residual entre os locais. A relação entre maior e menor quadrado médio do resíduo entre os locais não excedeu ao valor de 1,7, sendo bem inferior a relação máxima recomendada de 7:1 (Pimentel-Gomes, 1990).

O resumo da análise conjunta para os ambientes Capinópolis, Coimbra e Florestal, para as características produtividade (PRO), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF) é apresentado na Tabela 4.

Tabela 4 - Resumo da análise de variância conjunta para as características produtividade (PRO, kg ha⁻¹), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e prolificidade (PRF), para as 100 progênes de meios-irmãos da população de milho UFV 7, em Capinópolis, Coimbra e Florestal (ambientes)

FV	GL	Quadrados Médios			
		PRO	AP	AE	PRF
Progênes (aj.)	99	6.128.247,5876**	305,5533**	181,8893**	0,0566**
Ambientes	2	1.037.920.796,2550**	217.996,3717**	78.522,3150**	4,8491**
Progênes x ambientes	198	3.245.226,9263**	249,3593**	138,2226**	0,0332 ^{ns}
Resíduo médio	243	1.161.113,1091	112,9379	72,3192	0,0291
Média		6.731,58	188,12	97,07	1,03
CV (%)		16,01	5,65	8,76	16,59
Eficiência do látice		116,44	110,54	112,37	96,98

** significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

^{ns} não-significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.

As características PRO, AP e AE apresentaram interação genótipos x ambientes significativas a 1% de probabilidade, pelo teste F, porém para a PRF as diferenças não foram significativas (Tabela 4). Atribui-se às três localidades apresentarem condições edafoclimáticas contrastantes e as progênes variabilidade genética, o que favorece a interação genótipos x ambientes. Para PRF, as médias das progênes foram influenciadas pelos efeitos genéticos e ambientais, na qual não houve a interação entre estes.

Para a característica de maior importância econômica, a produtividade, foi possível caracterizar a interação complexa, na qual as progênes apresentaram comportamento diferenciado com a variação de ambientes, podendo a melhor progênie em um ambiente apresentar fraco desempenho em outro. O par de ambientes que proporcionou a maior estimativa de interação complexa foi Florestal e Coimbra, com 76,68%, e correlação ambiental de 0,25. Entre Capinópolis e Coimbra, 76,47% do quadrado médio da interação foi devido a uma interação complexa, com correlação entre ambientes de 0,28. O quadrado médio da interação entre Capinópolis e Florestal foi 61% devido à interação complexa, o mais baixo entre os pares de ambientes, com uma correlação entre os dois ambientes de 0,42.

Um componente da variância genótipos x ambientes com 98,64% devido a interação complexa foi encontrado por Pacheco *et al.* (1998). O par de ambientes estudados por esses autores apresentou um coeficiente de correlação genética de 0,49, para o peso de espigas, no ciclo I de seleção entre progênes de meios-irmãos de milho.

A interação genótipos x ambientes significativa e influenciada, principalmente, pela parte complexa da interação sugere a seleção específica para cada um dos locais avaliados, com o intento de maximizar os ganhos para cada ambiente, e selecionar populações com maior adaptação específica através do desenvolvimento de um programa de melhoramento para cada local. Deste modo, será analisado a seguir o desempenho da população para cada um dos locais.

O resumo das análises de variâncias individuais para Capinópolis é apresentado na Tabela 5, para Coimbra na Tabela 6 e para Florestal na Tabela 7, referente às características produtividade (PRO), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF).

Tabela 5 - Resumo das análises de variâncias individuais para as características produtividade (PRO, kg ha⁻¹), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e prolificidade (PRF) para as 100 progênes de meios-irmãos da população de milho UFV 7 em Capinópolis

FV	GL	Quadrados Médios			
		PRO	AP	AE	PRF
Repetições	1	799.859,5200	3.723,8450	426,3200	0,0025
Blocos/repetições (aj.)	18	1.961.932,4144	246,6394	162,7867	0,0399
Progênes (aj.)	99	4.890.042,9306*	261,1635**	150,6978**	0,0347 ^{ns}
Resíduo médio	81	1.300.575,9038	124,5602	87,6141	0,0322
Média		6.510,32	193,08	97,67	1,00
CV (%)		17,52	5,78	9,58	18,00
Eficiência do Látice		103,99	110,50	108,69	101,16

* significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.

** significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

^{ns} não-significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.

Tabela 6 - Resumo das análises de variâncias individuais para as características produtividade (PRO, kg ha⁻¹), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e prolificidade (PRF) para as 100 progênies de meios-irmãos da população de milho UFV 7 em Coimbra

FV	GL	Quadrados Médios			
		PRO	AP	AE	PRF
Repetições	1	809.246,4200	184,3200	3,9200	0,0221
Blocos/repetições (aj.)	18	2.152.214,7478	139,5700	169,2256	0,0242
Progênies (aj.)	99	4.823.775,2712**	261,3534**	184,3704**	0,0436*
Resíduo médio	81	1.278.102,6500	105,9661	84,5924	0,0306
Média		9.112,20	218,38	116,57	1,20
CV (%)		12,41	4,71	7,89	14,60
Eficiência do Látice		106,23	101,84	110,81	96,22

* significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.

** significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Tabela 7 - Resumo das análises de variâncias individuais para as características produtividade (PRO, kg ha⁻¹), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e prolificidade (PRF) para as 100 progênies de meios-irmãos da população de milho UFV 7 em Florestal

FV	GL	Quadrados Médios			
		PRO	AP	AE	PRF
Repetições	1	121.376,6450	228,9800	29,6450	0,0050
Blocos/repetições (aj.)	18	3.847.833,2450	273,2689	122,2006	0,0138
Progênies (aj.)	99	2.904.883,2384**	281,7550**	123,2663**	0,0420*
Resíduo médio	81	904.660,7737	108,2875	44,7510	0,0247
Média		4.572,21	152,91	76,96	0,89
CV (%)		20,80	6,81	8,69	17,62
Eficiência do Látice		148,82	119,11	122,54	91,98

** significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Para as características AP em Capinópolis, AE em Coimbra, e PRO, AP e AE em Florestal, a eficiência do látice foi superior a 110%. Porém, para PRO, AE e PRF em Capinópolis, PRO, AP e PRF em Coimbra, e PRF em Florestal, a eficiência do látice foi considerada baixa.

Foram verificadas diferenças significativas ao nível de 1 e 5% de probabilidade, pelo teste F, entre médias de progênies, para cada um dos locais, para PRO, AP e AE. Confirma-se a existência de variabilidade genética entre as progênies, fator essencial para que o processo seletivo seja eficiente. Em Capinópolis, a PRF não apresentou diferença significativa, pelo teste F, entre progênies, o que indica que a seleção para essa característica não trará ganhos.

A partir das análises individuais foi possível também constatar a precisão relativa de cada experimento. As baixas magnitudes dos coeficientes de variação (CV) conferem aos experimentos boa precisão nos três locais. De acordo com a classificação de Scapim *et al.* (1995), o experimento apresenta precisão média para PRO, AP, AE e PRF, em Capinópolis, Coimbra e Florestal. Os menores CV's foram obtidos em Coimbra, sendo assim, o local que proporcionou uma maior precisão experimental.

As maiores médias entre as progênies para PRO e PRF foram observadas em Coimbra, com 9.112 kg ha⁻¹ e 1,20, respectivamente (Tabela 6). Em Florestal, as médias foram bem inferiores, com 4.572 kg ha⁻¹ e 0,89, para PRO e PRF, respectivamente (Tabela 7). Em Capinópolis, verificou-se uma situação intermediária aos demais locais, com médias de 6.510 kg ha⁻¹ para PRO e 1,00 para PRF (Tabela 5).

Com base nos resultados para produtividade, constata-se o alto potencial genético e superioridade no desempenho das progênies em Coimbra, comparado aos demais locais, evidenciando a boa adaptação da população neste ambiente, mesmo estando em seu primeiro ciclo de seleção. Vale ainda acrescentar que a variabilidade entre as progênies poderá possibilitar aumentos nas médias de produtividade da população melhorada para os próximos ciclos de seleção tanto em Coimbra, quanto em Capinópolis e Florestal.

A população base, para formação das progênies de meios-irmãos, foi inicialmente formada em Coimbra, justificando sua maior adaptação a este ambiente em relação aos demais locais.

Média de 5.062 kg ha⁻¹ foi obtida para população de milho crioulo Palha Roxa (Bonomo *et al.*, 2000b). Carvalho *et al.* (2003b) obtiveram, para a população BR 5028, média de 5.104 kg ha⁻¹. Em ambos os casos, considerou-se a produtividade e também as médias estimadas no primeiro ciclo de seleção.

As características AP e AE, em Capinópolis e Coimbra, apresentaram médias próximas às recomendadas para um nível adequado na cultura do milho, em torno de 2,00 – 2,20 m para altura de planta e 1,00 – 1,20 m para altura de espiga (Tabelas 5 e 6). No entanto, em Florestal as médias para essas características foram inferiores ao nível adequado, o que sugere que o

local apresentou condições menos favoráveis ao desenvolvimento das plantas ou de maior estresse, o que foi também refletido em seu desempenho para produtividade. Apesar das médias para AP e AE em Florestal serem inferiores às dos outros locais, a presença de diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F, possibilita um aumento de médias para que sejam alcançados os níveis adequados durante os próximos ciclos de seleção.

4.2. Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas dos parâmetros genéticos, com base na análise conjunta dos ambientes Capinópolis, Coimbra e Florestal, para as características produtividade (PRO), altura de plantas (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF) são apresentadas na Tabela 8.

Tabela 8 - Estimativas dos componentes das variâncias genotípica ($\hat{\sigma}_G^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_{G \times E}^2$), ambiental ($\hat{\sigma}^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) entre progênes de meios-irmãos, coeficientes de variação genética (CV_G) e experimental (CV), relação CV_G/CV , herdabilidade restrita, com base na média de progênie (h^2), para produtividade, altura de planta, altura de espiga e prolificidade entre as 100 progênes de meios-irmãos da população de milho UFV 7 em Capinópolis, Coimbra e Florestal

	Produtividade (kg ha ⁻¹)	Altura de planta (cm)	Altura de espiga (cm)	Prolificidade
Média	6.731,58	188,12	97,07	1,03
$\hat{\sigma}_G^2$	480.503	9	7	0,0039
$\hat{\sigma}_A^2$	1.922.014	37	29	0,0156
$\hat{\sigma}_{G \times E}^2$	1.042.057	68	33	0,0021
$\hat{\sigma}^2$	1.161.113	113	72	0,0291
$\hat{\sigma}_F^2$	1.021.375	51	30	0,0094
CV_G (%)	10,30	1,63	2,78	6,07
CV (%)	16,01	5,65	8,76	16,59
CV_G/CV	0,64	0,29	0,32	0,37
h^2 (%)	47,04	18,39	24,01	41,49

Uma alta magnitude do componente da interação vem sendo observada e destacada por diversos autores (Pacheco *et al.*, 1998; Carvalho *et al.*, 2000b e c; 2003a e 2007; e Cardoso *et al.*, 2003). A avaliação de ensaios de progênies de milho em vários ambientes, no ciclo zero de seleção, para diversas populações revelam estimativas da variância da interação com magnitudes entre 137.500 (kg ha⁻¹)² e 647.500 (kg ha⁻¹)². Deste modo, verifica-se que a estimativa da interação obtida neste trabalho supera as demais citadas por outros autores, em situações semelhantes às deste trabalho.

Foi encontrada por Pacheco *et al.* (1998) uma estimativa da variância da interação, com base na média de dois locais, que correspondia a 45,5% e 57,6% da variância entre progênies em Ijaci e Sete Lagoas, respectivamente, para o peso de espigas. No presente trabalho, a estimativa da variância da interação correspondeu a 72,2 e 70,9% da estimativa da variância genotípica em Capinópolis e Coimbra, respectivamente, para PRO. Para esta característica, o componente da interação chegou a ser superior a estimativa de variância genotípica observada em Florestal.

A estimativa da variância genotípica, com base na média dos três locais, foi de alta magnitude, porém 46,1% inferior a estimativa do componente de variância da interação (Tabela 8). As estimativas da variância genotípica obtidas em diversas pesquisas no Brasil (Pacheco *et al.*, 1998; Carvalho *et al.*, 2000b e c; 2003a e 2007; e Cardoso *et al.*, 2003), para condições semelhantes às deste trabalho, variam entre 103.700 (kg ha⁻¹)² a 248.750 (kg ha⁻¹)², inferiores às encontradas neste trabalho.

A estimativa da variância aditiva constitui indicativo da possibilidade de ganho. Na Tabela 8, as magnitudes da variância aditiva, com base nos três locais, para a produtividade indicam a possibilidade de ganho a ser obtido com a seleção para esta característica.

Estimativas do coeficiente de variação genética (CV_G) permitem ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento. A mais alta porcentagem foi observada para PRO, seguida pela PRF. As características AP e AE obtiveram as menores porcentagens. Desta forma, há indicativo de maior sucesso visando a seleção com base em PRO e PRF (Tabela 8).

A estimativa do CV_G para PRO, com base nos três locais, foi 10,30%. A baixa magnitude desta estimativa é semelhante à obtida na literatura para outras populações. No entanto, nos demais trabalhos publicados para milho comum a característica mencionada é o peso de espigas. Assim, para peso de espigas, Arriel *et al.* (1993), Carvalho *et al.* (2003a, 2000b, 2000c, 2007) e Cardoso *et al.* (2003) encontraram estimativas de CV_G um pouco menores de 10%. Todas as comparações foram realizadas apenas com o primeiro ciclo de seleção de cada população e estimativas provenientes de análises com base em mais de um local.

A baixa relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental (CV_G/CV) mostra uma situação desfavorável de seleção para todas as características (Tabela 8). Segundo Vencovsky (1987), uma situação muito favorável verifica-se quando a relação CV_G/CV vale 1,0 ou mais. Neste trabalho, a maior relação CV_G/CV foi 0,64 para PRO, e a menor 0,29, para AP. Valores semelhantes a estes foram obtidos em diversos trabalhos durante os vários ciclos de seleção de populações de milho, e na grande maioria destes trabalhos obteve-se sucesso com a seleção (Carvalho *et al.* 2000a e b, 2003a, 2007; Cardoso *et al.* 2003). Além disso, estimativas da relação CV_G/CV com base na média de dois ou mais locais, normalmente, apresentam-se inferiores às estimativas com base em apenas um local, no qual é mais comum encontrar valores bem próximos ou superiores a 1.

As populações de milho avaliadas por Carvalho *et al.* (2000a e 2000b) apresentaram estimativas da relação CV_G/CV próximas de 0,8, ambas superiores às obtidas para produtividade pela população UFV 7. Entretanto, as populações avaliadas por Carvalho *et al.* (2003a e 2007), e Cardoso *et al.* (2003) apresentaram a relação CV_G/CV inferior às aqui apresentadas para produtividade pela população UFV 7, com estimativas de 0,53, 0,52 e 0,45, respectivamente.

A maior herdabilidade restrita, com base na média de progênies, foi encontrada para PRO, com 47%, seguido pela PRF, com 41%, indicando maior variabilidade genética disponível a ser explorada pela seleção, comparada à AP e AE. No entanto, estas herdabilidades são consideradas de baixa magnitude comparada aquelas com base apenas em um local, mas são condizentes com avaliações em mais de um local, em que, normalmente, não

há superestimativa das variâncias. Herdabilidades restritas, com base na média de plantas, que varia de 14 a 50% são comuns em outras populações de milho no Brasil, se for considerado apenas o primeiro ciclo de seleção e avaliações em mais de um local. Carvalho *et al.* (2000c) obtiveram herdabilidade de 52%, enquanto Carvalho *et al.* (2003a) obtiveram herdabilidade de 14%.

No caso em que se deseja maximizar os ganhos para uma série de ambientes, o apropriado é estimar este ganho utilizando-se o componente de variância genética da análise conjunta (Cruz *et al.*, 2004). No entanto, neste estudo pretende-se selecionar progênies que venham a formar populações com adaptações específicas aos locais avaliados. Assim, será realizada uma análise dos parâmetros genéticos obtidos a partir das estimativas de cada ambiente.

As estimativas dos parâmetros genéticos, com base nas análises individuais, para as características produtividade (PRO), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF) são apresentadas na Tabela 9, Tabela 10 e Tabela 11 para os experimentos realizados em Capinópolis, Coimbra e Florestal, respectivamente.

Tabela 9 - Estimativas dos componentes das variâncias genotípica ($\hat{\sigma}_G^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), ambiental ($\hat{\sigma}^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) entre progênies de meios-irmãos, coeficientes de variação genética (CV_G) e experimental (CV), relação CV_G/CV , herdabilidade restrita, com base na média de progênie (h^2), para produtividade, altura de planta e de espiga e prolificidade entre as 100 progênies de meios-irmãos da população de milho UFV 7 em Capinópolis

	Produtividade (kg ha ⁻¹)	Altura de planta (cm)	Altura de espiga (cm)	Prolificidade
Média	6.510,32	193,08	97,67	1,00
$\hat{\sigma}_G^2$	1.794.734	68	32	0,0026
$\hat{\sigma}_A^2$	7.178.934	273	126	0,0104
$\hat{\sigma}^2$	650.288	62	44	0,0161
$\hat{\sigma}_F^2$	2.445.021	131	75	0,0187
CV_G (%)	20,58	4,28	5,75	5,11
CV(%)	17,52	5,78	9,58	18,00
CV_G/CV	1,17	0,74	0,60	0,28
h^2 (%)	73,40	52,31	41,86	13,87

Tabela 10 - Estimativas dos componentes das variâncias genotípica ($\hat{\sigma}_G^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), ambiental ($\hat{\sigma}^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) entre progênes de meios-irmãos, coeficientes de variação genética (CV_G) e experimental (CV), relação CV_G/CV , herdabilidade restrita, com base na média de progênie (h^2), para as características produtividade, altura de planta, altura de espiga e prolificidade entre as 100 progênes de meios-irmãos da população de milho UFV 7 em Coimbra

	Produtividade (kg ha ⁻¹)	Altura de planta (cm)	Altura de espiga (cm)	Prolificidade
Média	9.112,20	218,38	116,57	1,20
$\hat{\sigma}_G^2$	1.772.836	78	50	0,0065
$\hat{\sigma}_A^2$	7.091.345	311	200	0,0260
$\hat{\sigma}^2$	639.052	53	42	0,0153
$\hat{\sigma}_F^2$	2.411.888	131	92	0,0218
CV_G (%)	14,61	4,04	6,06	6,73
CV(%)	12,41	4,71	7,89	14,60
CV_G/CV	1,18	0,86	0,77	0,46
h^2 (%)	73,50	59,45	54,12	29,82

Tabela 11 - Estimativas dos componentes das variâncias genotípica ($\hat{\sigma}_G^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), ambiental ($\hat{\sigma}^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) entre progênes de meios-irmãos, coeficientes de variação genética (CV_G) e experimental (CV), relação CV_G/CV , herdabilidade restrita, com base na média de progênie (h^2), para as características produtividade, altura de planta, altura de espiga e prolificidade entre as 100 progênes de meios-irmãos da população de milho UFV 7 em Florestal

	Produtividade (kg ha ⁻¹)	Altura de planta (cm)	Altura de espiga (cm)	Prolificidade
Média	4.572,21	152,91	76,96	0,89
$\hat{\sigma}_G^2$	1.000.111	87	39	0,0087
$\hat{\sigma}_A^2$	4.000.445	347	157	0,0348
$\hat{\sigma}^2$	452.331	54	22	0,0124
$\hat{\sigma}_F^2$	1.452.442	141	62	0,021
CV_G (%)	21,87	6,09	8,14	10,44
CV(%)	20,80	6,81	8,69	17,62
CV_G/CV	1,05	0,90	0,94	0,59
h^2 (%)	68,86	61,57	63,70	41,24

A variância genética aditiva apresentada pela população de milho UFV 7 é de alta magnitude e constitui indicativo da possibilidade de ganho em todos os locais (Tabelas 9, 10 e 11). Porém, as estimativas da variância genética aditiva em Capinópolis e Coimbra apresentaram valores muito próximos e superaram a estimativa obtida em Florestal.

A produtividade foi a característica que proporcionou maiores estimativas do coeficiente de variação genético (CV_G), em todos os locais. Em Florestal, observou-se a maior estimativa do CV_G , 21,87%. Em Coimbra, verificou-se a menor. Carvalho *et al.* (2000a e 2003b), e Carvalho e Souza (2007) obtiveram CV_G de 17,7%, 7,9% e 14,5%, respectivamente, para o peso de espigas. Souza *et al.* (2008) obtiveram CV_G de 2,1% em Barbacena, 31,4% em Campos dos Goytacases e 48,2% em Coimbra para a população crioula de milho branco.

Para a relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental (CV_G/CV) o destaque é novamente para produtividade. Essa característica obteve estimativa acima de 1,0, para todos os locais, podendo-se considerar a situação muito favorável para a seleção, em cada local. Em Capinópolis e Coimbra, as estimativas se aproximaram de 1,2, enquanto em Florestal a estimativa foi um pouco superior a 1,0. A relação CV_G/CV obtida por Carvalho *et al.* (2000a) foi 1,4 e portanto superior às obtidas neste trabalho. Porém, Carvalho *et al.* (2003b) e Carvalho e Souza (2007) obtiveram relações inferiores à deste trabalho, de 0,7 e 0,9, respectivamente, para a característica peso de espigas.

Para cada um dos locais, as maiores estimativas de herdabilidade restrita, com base na média de progênie, foram obtidas para PRO, indicando maior variabilidade genética disponível a ser explorada pela seleção desta característica. Dentre os locais, Coimbra e Capinópolis proporcionaram as maiores estimativas de herdabilidade de 73,5% e 73,4%, respectivamente. Em Florestal, a estimativa da herdabilidade foi um pouco menor, 68,8%, indicando que se deve esperar menor ganho com a seleção neste local. Estas herdabilidades consideradas altas para PRO, associadas com a variabilidade genética da população indicam eficiência da seleção para essa característica, o que proporcionará ganhos satisfatórios, em cada um dos locais.

As estimativas menores de herdabilidade foram obtidas para a característica PRF, em cada um dos locais avaliados. Em Capinópolis, a herdabilidade obtida, 14%, foi inferior a todas as demais. A capacidade de uma planta produzir mais de uma espiga por colmo é um importante componente da produtividade. No entanto, esse não parece ser um dos melhores critérios para seleção de progênies da população UFV 7, em nenhum dos locais avaliados, pois sua baixa estimativa de herdabilidade indica que a seleção direta, com base nesta característica, não tende a ser eficiente. Além disso, a característica PRF não apresentou variabilidade genética entre as médias das progênies, em Capinópolis.

Na literatura, em situações semelhantes à deste estudo, foram encontrados apenas herdabilidades para o peso de espigas. As herdabilidades, ao nível restrito de médias de progênies, observada por Carvalho *et al.* (2000a) foi um pouco superior à encontrada neste trabalho, 81%. Porém, Carvalho *et al.* (2003b) e Carvalho e Souza (2007) obtiveram estimativas inferiores à deste trabalho, com 56% e 64% de herdabilidade, respectivamente.

Maiores estimativas da relação CV_G/CV e herdabilidade para a produtividade, além de alta variância genética aditiva, indicam ser essa a característica alvo para seleção direta, pois proporcionaria estimativas mais precisas de ganho na população, em todos os locais avaliados. Entretanto, é importante também conhecer a relação entre as demais características de importância agrônômica, já que se espera ao final do processo seletivo obter uma população com padrões comerciais adequados.

4.3. Correlação entre características

As estimativas dos coeficientes de correlação entre médias genotípicas de mesma progênie (r_g), coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e coeficientes de correlação ambiental (r_a), para Capinópolis, Coimbra e Florestal são apresentadas na Tabela 12.

Tabela 12 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (F), correlação genética aditiva (G) e correlação ambiental (A) entre as características produtividade (kg ha⁻¹), altura de planta (cm), altura de espiga (cm) e prolificidade (PRF) para as 100 progênies de meios-irmãos da população de milho UFV 7, em Capinópolis, Coimbra e Florestal

Capinópolis		Altura de planta	Altura de espiga	Prolificidade
Produtividade	F	0,6260**	0,5960**	0,2849**
	G	0,9176 ⁺⁺	0,9408 ⁺⁺	ns
	A	ns	ns	ns
Altura de planta	F		0,8328**	ns
	G		1,0364 ⁺⁺	ns
	A		0,6389 ⁺⁺	ns
Altura de espiga	F			ns
	G			ns
	A			ns
Coimbra		Altura de planta	Altura de espiga	Prolificidade
Produtividade	F	ns	ns	0,4332**
	G	ns	ns	0,5989 ⁺
	A	ns	ns	0,3282 ⁺⁺
Altura de planta	F		0,8057**	ns
	G		0,9164 ⁺⁺	ns
	A		0,6740 ⁺⁺	ns
Altura de espiga	F			ns
	G			ns
	A			ns
Florestal		Altura de planta	Altura de espiga	Prolificidade
Produtividade	F	0,6042**	0,5753**	0,6378**
	G	0,7122 ⁺⁺	0,6633 ⁺⁺	0,9142 ⁺⁺
	A	0,4428 ⁺⁺	0,4392 ⁺⁺	0,3321 ⁺
Altura de planta	F		0,8707**	0,3516**
	G		0,9435 ⁺⁺	ns
	A		0,7655 ⁺⁺	0,3924 ⁺⁺
Altura de espiga	F			0,3313**
	G			ns
	A			0,3801 ⁺⁺

**,* Significativo a 1 e 5%, pelo teste t, respectivamente.

⁺⁺, ⁺ Significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 5000 simulações.

^{ns} não-significativo a 5% de probabilidade, pelo teste t ou método de bootstrap.

As correlações não significativas a 5% de probabilidade, pelo teste t ou método de bootstrap, não foram apresentadas, e são consideradas zero.

Em Capinópolis, o coeficiente de correlação genética aditiva entre PRO e AP, PRO e AE, AP e AE foram positivos e de elevada magnitude, ou seja,

grande parte dos genes, envolvidos na determinação de uma das características destas associações, também está envolvida na determinação da outra característica. Assim, espera-se que a seleção com base em PRO seja eficiente em alterar a média de AP e AE. Pois, além da correlação entre valores genéticos aditivos entre essas características se mostrar elevada, a herdabilidade para PRO também é elevada, evidenciando eficiência de seleção direta para essa característica, assim como eficiência da seleção indireta para AP e AE. A característica PRF não apresentou diferença significativa a 5% de probabilidade, pelo teste F, neste local (Tabela 5), sendo assim, não é apropriado o estudo de sua correlação.

Em Coimbra, as correlações genéticas aditivas entre PRO e PRF, AP e AE foram positivas, sendo que, a associação entre AP e AE foi de alta magnitude, assim como ocorreu em Capinópolis. Desse modo, verifica-se uma situação favorável ao aumento do rendimento da população, pela seleção direta para PRO, sem provocar alterações na AP e AE, já que em Coimbra as médias destas características apresentam-se em nível ótimo. A associação entre PRO e PRF foi de média magnitude, portanto, ao selecionar para PRO, considerando sua alta herdabilidade, é de se esperar um pequeno aumento em relação ao número de espigas por planta.

Em Florestal, as correlações genética aditiva entre PRO e AP, e PRO e AE foram positivas e de média magnitude, desse modo, a seleção direta para PRO, característica de maior herdabilidade, proporcionaria ganhos indiretos para AP e AE, sendo este um resultado bastante satisfatório, afinal a população apresenta níveis inferiores para estas características, neste local.

A correlação entre PRO e PRF era esperada, pois, se o ambiente é favorável, um maior número de espigas por planta proporcionaria maior rendimento de grãos. A maior magnitude da correlação genética aditiva entre PRO e PRF foi observada em Florestal, sendo assim, espera-se um aumento na média destas duas características com a seleção direta para PRO.

Correlação genética aditiva positiva e de alta magnitude entre AP e AE foram obtidas em todos os locais e era esperado, além disso, estão em concordância com resultados obtidos por Bonomo *et al.* (2000a) e Silva *et al.* (2001).

A correlação fenotípica é determinada tanto por fatores genéticos como por fatores ambientais. No presente trabalho, dispomos de estimativas de correlações genéticas aditivas. Portanto, o estudo de correlações fenotípicas mostra-se de importância secundária. Na Tabela 12, são observados elevados valores de correlações fenotípicas e ambientais entre AP e AE, em todos os locais. Assim, as características em questão são influenciadas pelas mesmas condições ambientais. Para as demais características, os valores de correlações fenotípicas e ambientais foram de baixa magnitude, indicando que essas características não foram grandemente influenciadas pelas mesmas condições ambientais.

Para todos os locais, pode-se observar que os coeficientes de correlação genética aditiva, fenotípica e ambiental apresentaram o mesmo sinal, e a correlação genética aditiva foi superior à fenotípica, sendo ambas maiores que a correlação ambiental, quando estas foram significativas. Esta situação pode ser verificada nas associações entre: AP e AE, em Capinópolis; PRO e PRF, e AP e AE, em Coimbra; e PRO e AP, PRO e AE, PRO e PRF, e AP e AE, em Florestal.

4.4. Predição de ganhos

Na Tabela 13 são apresentadas as estimativas dos ganhos por seleção direta e indireta (GS), considerando os pares de ambientes, para seleção da característica produtividade (PRO).

Tabela 13 - Estimativas da média, da correlação genética entre pares de ambientes (r_G), dos ganhos por seleção direta, em cada ambiente, ou indireta, considerando pares de ambientes (GS) e suas porcentagens (GS %) por seleção para produtividade (PRO, kg ha^{-1}) para as 100 progênies de meios-irmãos da população de milho UFV 7

Seleção	Média	Ganho	r_G	GS	GS (%)
Coimbra	9.112	Coimbra	1	1.566	17,19
		Capinópolis	0,28	396	4,35
		Florestal	0,25	353	3,88
Capinópolis	6.510	Capinópolis	1	1.400	21,50
		Coimbra	0,28	449	6,90
		Florestal	0,42	597	9,18
Florestal	4.572	Florestal	1	1.062	23,23
		Coimbra	0,25	294	6,43
		Capinópolis	0,42	439	9,60

Como pode ser observado, na Tabela 13, fica evidente que os maiores ganhos para PRO são esperados quando a seleção é realizada com base nas estimativas do próprio local. Mesmo em Capinópolis e Florestal, que apresentam média correlação ambiental, verifica-se que os ganhos indiretos são reduzidos, em relação aos ganhos diretos, se a seleção das progênies é realizada com base em desempenho de outro ambiente.

Devido à interação genótipos x ambientes, causada pelas diferentes condições edafoclimáticas entre os locais, verificou-se variação entre os ganhos diretos e indiretos estimados entre os pares de ambientes. Sendo assim, será considerada a seleção específica para cada um dos locais. Além disso, de acordo com o interesse do programa de melhoramento do grupo de pesquisa Programa Milho UFV, inicialmente considera-se mais apropriado capitalizar os esforços para desenvolver uma população adaptada apenas para Capinópolis e outra para Coimbra, deixando Florestal associada a Capinópolis, pois a seleção nesse local é que proporciona maiores ganhos indiretos para Florestal. Deste modo, a seleção da população UFV 7 será realizada apenas com base nos dados apresentados em Capinópolis e Coimbra, visando obter duas versões da variedade UFV 7 com adaptabilidade específica a essas regiões.

A intensidade de seleção entre progênes foi de 20%, ou seja, 20 progênes foram selecionadas em cada local. Deste modo, espera-se evitar a redução drástica da variabilidade genética em curto prazo, aumentando as possibilidades de seleção a prazo médio e longo.

Em Capinópolis e Coimbra, a predição de ganhos foi estimada com base na seleção direta para produtividade, pois essa é a característica de maior importância agrônômica e apresentou as mais elevadas herdabilidades. Além disso, a elevada variância genética aditiva e relação CV_G/CV superior a 1 indicam maiores possibilidades de sucesso com a seleção para esta característica (Tabela 9 e 10).

As estimativas dos ganhos por seleção (GS) direta para produtividade (PRO), e indireta para altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF), obtidos em Capinópolis e Coimbra são apresentadas na Tabela 14.

Tabela 14 - Estimativas das médias populacionais (\bar{X}_o), das médias das progênes selecionadas (\bar{X}_s), da média do ciclo I de seleção (C_1), das herdabilidades (h^2), dos diferenciais de seleção (DS), dos ganhos absolutos (GS) e em porcentagens (GS, %) por seleção direta para produtividade (PRO) e ganhos de seleção indiretos para a altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF), para as 100 progênes de meios-irmãos da população de milho UFV 7, em Capinópolis e Coimbra

	\bar{X}_o	\bar{X}_s	C_1	h^2 (%)	DS	GS	GS (%)
Capinópolis							
PRO (kg ha ⁻¹)	6.510	8.417	7.910	73,4	1.907	1.400	21,5
AP (cm)	193	203	198	52,3	10	5	2,7
AE (cm)	98	105	101	41,9	7	3	3,2
PRF	1,00	1,05	1,01	13,9	0,06	0,01	0,8
Coimbra							
PRO (kg ha ⁻¹)	9.112	11.243	10.678	73,5	2.131	1.566	17,2
AP (cm)	218	219	218	59,5	0	0	0
AE (cm)	117	116	116	54,1	-0,9	-0,5	-0,4
PRF	1,20	1,28	1,22	29,8	0,08	0,02	2,0

Em Capinópolis, observa-se uma estimativa de elevado ganho direto para PRO (1.400 kg ha⁻¹), comprovando a alta variabilidade genética dessa população para esta característica. Os ganhos indiretos para PRF não chegam

a 1%, o que era esperado, já que as progênies não manifestaram variabilidade genética para esta característica. No entanto, foi possível obter ganhos médios para AP e AE, indicando que no próximo ciclo as médias para essas características podem elevar-se.

Em Coimbra, a estimativa do ganho direto para PRO também foi elevado (1.566 kg ha^{-1}), comprovando mais uma vez, a alta variabilidade genética da população UFV 7. O ganho indireto para PRF foi de apenas 2%, devido a baixa herdabilidade dessa característica. As estimativas dos ganhos indiretos para AP e AE foram muito próximas de zero, o que era esperado pela falta de correlação entre o PRO e essas características. É importante ressaltar que as médias para AP e AE, em Coimbra já são consideradas satisfatórias, sendo assim, a ausência de ganhos é um resultado vantajoso.

As estimativas de ganhos para produtividade, para a população de milho UFV 7 em Capinópolis e Coimbra, foram superiores aos ganhos preditos encontrados por Bonomo *et al.* (2000b), 942 kg ha^{-1} para produtividade de grãos, por Carvalho *et al.* (2003b), 665 kg ha^{-1} para peso de espigas, e por Carvalho e Souza (2007), 1.380 kg ha^{-1} para peso de espigas, evidenciando mais uma vez o potencial genético da população UFV 7. Porém, Carvalho *et al.* (2000a) obtiveram estimativas de ganhos, 2.005 kg ha^{-1} para peso de espigas, superiores as obtidas no presente trabalho.

As estimativas dos ganhos por seleção indireta (GS) para produtividade (PRO), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF), obtidos em Florestal, com base na seleção direta para PRO em Capinópolis são apresentadas na Tabela 15.

Tabela 15 - Estimativas das médias populacionais (\bar{X}_o), das médias das progênes selecionadas (\bar{X}_s), da média do ciclo I de seleção (C_1), das herdabilidades (h^2), dos diferenciais de seleção (DS), dos ganhos absolutos (GS) e em porcentagens (GS, %) por seleção indireta para produtividade (PRO), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e prolificidade (PRF), para as 100 progênes de meios-irmãos da população de milho UFV 7, em Florestal, com base na seleção direta para produtividade (PRO) em Capinópolis

	\bar{X}_o	\bar{X}_s	C_1	h^2 (%)	DS	GS	GS (%)
PRO (kg ha ⁻¹)	4.572	5.183	4.993	68,9	611	421	9,2
AP (cm)	153	162	159	61,6	9	6	3,9
AE (cm)	77	83	81	63,7	6	4	5,2
PRF	0,89	0,90	0,89	41,2	0,01	0	0

Em Florestal, o ganho indireto predito foi de 421 kg ha⁻¹ para PRO. A baixa estimativa de ganho neste local, comparada aos demais, justifica-se por uma seleção não específica a Florestal. As estimativas de ganho obtidas para AP e AE, 6 cm e 4 cm, respectivamente, são desejáveis para o aumento da média da população para estas características. A estimativa de ganho para PRF é zero, pois mesmo havendo variabilidade genética na população para todas as características, a seleção indireta para PRO em Capinópolis não favoreceu o ganho indireto para prolificidade, em Florestal.

Nas Tabelas 16 e 17 são apresentadas as médias das progênes selecionadas com base na característica produtividade, em Capinópolis e em Coimbra, respectivamente. Dentre as 20 progênes selecionadas em cada local, houve coincidência de apenas 6, evidenciando a importância da seleção específica dentro de cada ambiente, se estes forem contrastantes, visando maximizar os ganhos da população.

Tabela 16 - Médias das progênes selecionadas da população de milho UFV 7 com base na produtividade para as características: produtividade, altura de planta, altura de espiga e prolificidade em Capinópolis

Progênes	Produtividade (kg ha ⁻¹)	Altura de planta (cm)	Altura de espiga (cm)	Prolificidade
66	10.568	215	126	1,2
79	9.397	195	96	0,9
*84	8.928	211	108	1,0
87	8.779	202	106	1,3
89	8.583	193	95	1,1
*32	8.561	217	113	1,1
30	8.535	191	109	1,1
70	8.438	202	110	1,0
78	8.414	209	105	1,1
71	8.321	205	114	1,0
45	8.245	192	84	1,4
*15	8.196	187	96	0,9
*7	8.135	222	110	1,0
*72	8.005	201	104	1,1
42	7.995	181	98	0,9
92	7.981	206	93	0,9
10	7.852	202	109	1,1
*4	7.843	205	105	1,1
28	7.786	213	105	1,0
63	7.785	214	115	1,0

* Progênes selecionadas comuns aos ambientes Capinópolis e Coimbra.

Tabela 17 - Médias das progênes selecionadas da população de milho UFV 7 com base na produtividade para as características: produtividade, altura de planta, altura de espiga e prolificidade em Coimbra

Progênes	Produtividade (kg ha ⁻¹)	Altura de planta (cm)	Altura de espiga (cm)	Prolificidade
*72	13.585	222	114	1,2
76	12.513	210	109	1,4
58	12.124	216	112	1,2
25	11.869	217	109	1,6
*32	11.868	216	120	1,3
52	11.828	221	122	1,4
54	11.628	222	125	1,2
46	11.078	209	100	1,4
*15	11.066	205	104	1,3
86	11.047	210	112	1,2
*7	10.967	218	114	1,4
34	10.906	217	122	1,4
65	10.868	215	110	1,5
22	10.711	228	120	1,1
18	10.582	220	119	1,1
*84	10.576	233	117	1,2
80	10.510	223	120	1,3
56	10.426	230	121	1,3
14	10.365	221	114	1,3
*4	10.340	215	129	1,1

* Progênes selecionadas comuns aos ambientes Capinópolis e Coimbra.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente estudo a respeito das estimativas dos parâmetros genéticos e da predição de ganhos da população UFV 7, em Coimbra, Capinópolis e Florestal, permitiram concluir que:

A população UFV 7 apresenta potencial genético a ser explorado em programas de melhoramento para extração de linhagens, tanto em Capinópolis quanto em Coimbra.

A população UFV 7 apresenta ótima adaptação agrônômica a Coimbra, podendo ser utilizada tanto para uso imediato, como também para novos ciclos de seleção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, P.A. **Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente**. Lavras: ESAL, 1986. 69p. Dissertação de mestrado.
- ARRIEL, E.F.; PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P. Avaliação de famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.28, n.7, p.849-854, 1993.
- BONOMO, P.; SAMPAIO, N.F.S.; VIANA, J.M.S. Correlação entre caracteres na população de milho palha roxa. **Revista Ceres**, 47 (271): 263-271, 2000a.
- BONOMO, P.; SAMPAIO, N.F.S.; VIANA, J.M.S. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da população de milho Palha Roxa. **Revista Ceres**, 47 (272): 383-392, 2000b.
- BORÉM, A., MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, MG: UFV, 4º. Ed, 2005. 525p.
- CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X. Melhoramento genético das cultivares de milho CMS 47 e BR 5039 (São Vicente) na região meio-norte do Brasil. **Rev. Bras. de Milho e Sorgo**, v.2, n.3, p.88-96, 2003.
- CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho BR-5028 – São Francisco, no Nordeste brasileiro. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.29, n.11, p.1727-1733, 1994.

- CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X.; LEAL, M.L.S.; CARVALHO, P.C.L. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033-Asa Branca no Nordeste Brasileiro. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.35, n.7, p.1417-1425, 2000a.
- CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; GUIMARAES, P.E.O.; SANTOS, M.X.; CARVALHO, P.C.L. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS-52. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.35, n.8, p. 1621-1628, 2000b.
- CARVALHO, H.W.L.; GUIMARÃES, P.E.O.; LEAL, M.L.S.; CARVALHO, P.C.L.; SANTOS, M.X. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no Nordeste brasileiro. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.35, n.8, p.1577-1584, 2000c.
- CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.38, n.1, p.73-78, 2003a.
- CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X.; LEAL, M.L.S.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos da variedade BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.38, n.8, p.929-935, 2003b.
- CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X.; LEAL, M.L.S.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-4 no Nordeste brasileiro. **Rev. Cient. Rural**, v.12, n.1, p.42-48, 2007.
- CARVALHO, H.W.L.; SOUZA, E.M. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.42, n.6, p.803-809, 2007.
- COCHRAN, W.G.; COX, G.M. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Wiley and Sons, 1957. 611p.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. **The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance**. *Biometrics*, Raleigh, 4(4): 254-66, Dec. 1948.
- CONAB. Acompanhamento da safra brasileira: grãos: quinto levantamento, fevereiro 2008 / Companhia Nacional de Abastecimento. – Brasília: Conab, 2007. Disponível em: <www.conab.gov.br>. Acesso em: 27 Fev 2008
- CRUZ, C.D. **Programa GENES**: estatística experimental e matrizes. Viçosa: Editora UFV, 2006. 285 p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES**: biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382 p.

- CRUZ, C.D; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 2. 2ª ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.
- CRUZ, C.D; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 1. 3ª ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.
- CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p.422-430, 1991.
- DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: Ed. UEL, 1999.
- EBERHART, S.A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **Afri. Soils**, Bangui, v.15, p.669-672, 1970.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279p.
- FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360p.
- FEDERER, W.T. **Experimental design**. New York: MacMillan, Company. 1955. 544 p.
- FERREIRA JUNIOR, S.; BAPTISTA, A.J.M.S.; LIMA, J.E. A modernização agropecuária nas microrregiões do Estado de Minas Gerais. **Rev. Econ. Sociol. Rural**, Brasília, v. 42, n. 1, 2004.
- FISHER, D.S. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Trans. Roy. Soc.**, Edinburgh, n.52, p.399-433, 1918.
- GALVÃO, J.C.C., MIRANDA, G.V. **Tecnologias de produção de milho**. Viçosa, MG: UFV. 2004. 366p.
- GONZÁLES, P.A.; LEMOS, M.A.; RAMALHO NETO, C.E.; REIS O.V.; TABOSA, J.N.; TAVARES FILHO, J.J. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.29, n.3, p.419-425, 1994.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468 p.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento sistemático da produção agrícola. Disponível em: < <http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 27 Fev 2008

- LONQUIST, J.H. **A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population.** Crop Sci. v.2, p. 227-228, 1964.
- MARQUÊS JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M, A. P.; FERREIRA, D.F. Emprego do látice no melhoramento do feijoeiro. **Ciência e Agrotecnologia.** Lavras, v. 23, n. 3, p. 753-759, 1999.
- MIRANDA FILHO, J.B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil.** 2.ed. Piracicaba : ESALQ/Campinas : Fundação Cargill, 1987. p.620-650.
- MIRANDA, L.T.; MIRANDA, L.E.C.; POMMER, C.V.; E. SAWAZAKI. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho IAC-1. **Bragantia,** Campinas, v.36, n.18, p.187-196, 1977.
- PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P.; MAGNAVACA R. Interação genótipos x ambientes na avaliação de progênies de meios-irmãos de milho. **Pesq. Agropec. Bras.,** Brasília, v.33, n.4, p. 433-439, 1998.
- PATERNIANI, E. Selections among and within half-sib families in a Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science,** v.7, p.212-217, 1967.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de Populações, In: Paterniani, E & Viegas, G.P (eds). **Melhoramento e Produção de Milho.** Fundação Cargill, p.217-274, 1987.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do milho.** In: Borém A. (Ed.) Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 2005.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental.** 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 450 p.
- REGAZZI, A.J.; SILVA, H.D.; VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância: ii. Análise conjunta. **Pesq. Agropec. Bras.,** Brasília, v. 34, n. 11, p. 1987-1997, nov. 1999.
- ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations.** **Biometrical genetics.** New York: Pergamon Press, 1959. 186p.
- SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesq. Agropec. Bras.,** Brasília, v.30, p.683-686, 1995.
- SILVA, H.D.; REGAZZI, A.J.; CRUZ, C.D.; VIANA, J.M.S. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. i. Análises individuais. **Pesq. Agropec. Bras.,** Brasília, v. 34, n. 10, p. 1811-1822, out. 1999.

- SOUZA, A.R.R.; MIRANDA, G.V.; PEREIRA, M.G.; SOUZA, L.V. Predição de ganho genético em população crioula de milho-branco. **Ciência Rural**. 2008 (no prelo)
- SUWANTARADON, K. **Simultaneous selection for several agronomic characters in the BSSS2 maize population by means of selection indices**. Ames: Iowa State University, 1974. 159p. Ph.D. Thesis.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., VIEGAS, G.P. (Eds). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. v.1, p.135-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992, 496p.
- VIANA, J.M.S. Correlações entre médias genotípicas de mesma família. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 21, 1996, Londrina. **Anais...**Londrina: IAPAR/ABS, 1996. p.60.
- VIANNA, R.T.; SILVA, J.C. Comparação de três métodos estatísticos de análise de experimentos em "Látice" em milho (*Zea mays* L.). **Experientiae**, v.24, n.2, p. 21-41, 1978.