

**LETÍCIA PRADA DE MIRANDA**

**POTENCIAL GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE MILHO TROPICAIS,  
MISTAS E TEMPERADAS AVALIADAS EM AMBIENTES TROPICAIS**

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

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2022**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

M672p  
2022

Miranda, Letícia Prada de, 1998-  
Potencial genético de populações de milho tropicais, mistas  
e temperadas avaliadas em ambientes tropicais / Letícia Prada de  
Miranda. – Viçosa, MG, 2022.

1 dissertação eletrônica (54 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Agronomia, 2022.

Referências bibliográficas: f. 37-43.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.700>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Zea mays*. 2. Milho - Melhoramento genético. 3. Milho -  
Seleção. 4. Germoplasma vegetal - Recursos. I. Lima, Rodrigo  
Oliveira de, 1982-. II. Universidade Federal de Viçosa.  
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em  
Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.15

Bibliotecário(a) responsável: Bruna Silva CRB-6/2552

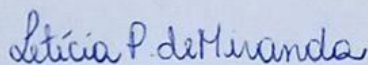
LETÍCIA PRADA DE MIRANDA

POTENCIAL GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE MILHO TROPICAIS,  
MISTAS E TEMPERADAS AVALIADAS EM AMBIENTES TROPICAIS

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

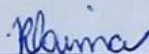
APROVADA: 26 de agosto de 2022.

Assentimento:



---

Letícia Prada de Miranda  
Autora



---

Rodrigo Oliveira de Lima  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Deus, pelo dom da vida e pela força que me guia.

Aos meus pais, Fernanda e Rafael, por estarem sempre ao meu lado. Por todo apoio, amor, ensinamentos e companheirismo.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Departamento de Agronomia, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig), e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudos.

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

Aos professores da Universidade Federal de Viçosa, em especial ao meu orientador Prof. Rodrigo Oliveira de Lima, pela orientação, confiança, paciência e ensinamentos.

Aos professores Kaio Olimpio das Graças Dias e Flaviane de Oliveira Ribeiro, e a Dra. Lisandra Magna Moura pela participação na banca de defesa de dissertação.

Aos meus colegas do Programa Milho - UFV, pelos ensinamentos, amizade, apoio e ajuda na execução do projeto, pois sem eles não seria possível a condução dos experimentos.

Aos funcionários do Campo Experimental de Coimbra, Horta Nova e do Vale da Agronomia, por toda dedicação e suporte na condução dos experimentos.

Aos meus amigos e colegas de estudos por todo companheirismo e apoio.

A todos que de forma direta ou indireta contribuíram para a realização desse trabalho e meu crescimento profissional, muito obrigada!

## **BIOGRAFIA**

Letícia Prada de Miranda, filha de Rafael Ulysses de Miranda e Fernanda Francisco Prada de Miranda, nasceu em Limeira – SP, em 02 de julho de 1998.

Em 2016, ingressou na Universidade Federal de Lavras (UFLA), onde se graduou em Agronomia, obtendo título em janeiro de 2021.

Em março de 2021, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa em agosto de 2022.

## RESUMO

MIRANDA, Letícia Prada de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2022. **Potencial genético de populações de milho tropicais, mistas e temperadas avaliadas em ambientes tropicais.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

As populações de milho possuem grande importância para o melhoramento genético, como fonte de alelos e variabilidade genética. Dessa forma, a introdução e adaptação de germoplasma exótico é uma estratégia para aumentar a base genética do programa. O objetivo deste estudo foi avaliar o potencial genético de populações de milho tropicais, mistas e temperadas em ambientes tropicais de cultivo. Para isso, 15 populações de milho tropicais, mistas e temperadas foram avaliadas *per se* e com base em progênies em dois locais de Minas Gerais. Na avaliação *per se*, utilizou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições e na avaliação de progênies, o delineamento experimental de blocos incompletos (alfa látice), com duas repetições. Na avaliação de populações *per se* cada parcela foi constituída por duas linhas de 5m, e na avaliação de progênies, por uma linha de 4m, espaçadas em 0,80m. Os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias) , altura de planta (AP, cm), espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>). Os dados da avaliação *per se* foram submetidos a análise de variância e as médias das populações comparadas pelo teste de Fisher. Em relação as progênies, usou-se modelos mistos implementado no pacote do R “lme4” para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos de cada progênie. Foi predito o ganho genético pela seleção das 20 melhores progênies através da seleção truncada para PG e seleção simultânea para FF e PG. A seleção foi realizada com base na média dos dois ambientes e com base no valor individual de cada ambiente. Houve efeito de populações ( $P < 0,01$ ) no experimento *per se*. As populações tropicais apresentaram desempenho superior às populações mistas, seguidas pelas populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados e temperadas. Nos experimentos de progênies, observou-se efeito de progênies ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres em todas as populações. A interação progênies por ambientes (GxA) foi não significativa para todos os caracteres na maioria dos experimentos. Os ganhos preditos pela seleção truncada para PG foram de alta

magnitude para o caractere em seleção para todos os experimentos. Enquanto, os ganhos preditos pelo índice, foram altos para PG e equilibrados para os demais caracteres. Conclui-se que as populações apresentam variabilidade genética e que a seleção pelo índice é a melhor estratégia para reduzir ciclo e aumentar PG. Além disso, as populações FS8A(S) e FS8B(S) apresentam potencial para melhoramento *per se*, enquanto as populações tropicais adaptadas ao ambiente temperado e as temperadas devem ser avaliadas em cruzamentos.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Seleção recorrente. Introdução de germoplasma.

## ABSTRACT

MIRANDA, Leticia Prada de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2022. **Genetic potential of tropical, mixed, and temperate maize populations evaluated in tropical environments.** Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

Maize populations are of great importance for genetic breeding, as a source of genes and genetic variability. The introduction and adaptation of exotic germplasm is a strategy to broaden the genetic base of the program. This study aimed to evaluate the genetic potential of tropical, mixed, and temperate maize populations in tropical environments. For this, 15 tropical, mixed, and temperate populations were evaluated *per se* and in progenies across two locals in Minas Gerais. The progenies trials were laid out in an alpha-lattice incomplete design, with two replications, and the populations *per se* trial was laid out as a randomized blocks design, with three replications. In the progeny's trials, each plot was a single 4m row, and in the *per se* trial two 5m rows, with rows spaced at 0,80m apart. The evaluated traits were days to pollen (DTP) and to silking (DTS), plant height (PH, cm), ear height (EH, cm), and grain yield (GY, kg ha<sup>-1</sup>). *Per se* trial data were submitted to analysis of variance and then, to Fishers least significant difference test. For the progeny's trials, a mixed model approach, in the R package "lme4", was used to estimate variance components and the genetic values for each progeny. Genetic gains of the 20 progenies for recombination were predicted based on GY *per se* and multiple traits for DTS and GY. The selection was performed based on the two locals average and based on the individual value of each local. There was a population effect ( $P < 0,01$ ) in the *per se* trial. Tropical populations performed better than mixed populations, followed by tropical populations adapted to temperate environments and temperate. Variance components due to progenies were significant ( $P < 0,01$ ) based on the likelihood ratio test for all traits at each local and across locals. Variance components due to progenies x locals interaction were not significant for all traits in almost all trials. The predicted gains based on GY *per se* were high for the selected traits in all trials. Meanwhile, the predicted gains by the selection index were high for GY and balanced for the other traits. We concluded that there is genetic variability in the evaluated maize populations and that the selection based on index values is the best breeding

strategy to improve the populations for increased yield and reduced cycle. Furthermore, FS8A(S) and FS8B(S) populations have potential for improvement *per se* while tropical populations adapted to temperate environments and temperate populations should be evaluated in crosses.

Keywords: *Zea mays* L. Recurrent selection. Germplasm introduction.

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Características das 15 populações de milho tropical e temperado usadas neste estudo..... 44
- Tabela 2.** Resumo da análise de variância para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) mensuradas em 15 populações de milho avaliadas em locais de Minas Gerais. Safra 2021/22. .. 45
- Tabela 3.** Estimativas das médias para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) das 15 populações avaliadas nos dois locais e na média de locais na safra 2021/22 ..... 46
- Tabela 4.** Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) mensurados em progênies derivadas de 15 populações de milho..... 47
- Tabela 5.** Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) mensurados em progênies derivadas de 15 populações de milho com base na média de locais (análise conjunta). Safra 2021/2022..... 50
- Tabela 6.** Predição de ganho genético (%) para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) para as 15 populações com base na seleção truncada para PG ..... 53
- Tabela 7.** Predição de ganho genético (%) para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) para as 15 populações com base na seleção simultânea para FF e PG obtido com emprego do índice FAI-BLUP..... 54

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Estimativas de correlações entre vetores de valores genéticos dos caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha <sup>-1</sup> ) avaliados nas progênies das 15 populações com base em média de locais.....	52
---	----

## SUMÁRIO

1. Introdução .....	12
2. Revisão de Literatura .....	13
2.1 A cultura do milho .....	13
2.2 Introdução de germoplasma de milho .....	14
2.2.1 Germoplasma tropical .....	15
2.2.2 Germoplasma temperado .....	16
2.3 Seleção recorrente .....	17
3. Objetivos .....	18
3.1 Objetivo geral .....	18
3.2 Objetivos específicos .....	18
4. Material e métodos .....	19
4.1 Material Genético .....	19
4.1.1 Populações adaptadas a ambientes tropicais .....	19
4.1.2 Populações adaptadas a ambientes temperados .....	20
4.3 Caracteres avaliados .....	23
4.4 Análises estatísticas .....	23
5. Resultados .....	27
5.1 Populações <i>per se</i> .....	27
5.2 Avaliação de progênies .....	28
5.3 Correlações entre caracteres .....	30
5.4 Ganhos genéticos .....	30
6. Discussão .....	31
7. Conclusão .....	36
8. Referências bibliográficas .....	37

## 1. Introdução

O milho (*Zea mays* L.) tem posição de destaque entre os cereais mais cultivados no mundo devido a sua ampla diversidade de manejo, cultivo e uso (PATERNIANI, 1995). Os maiores produtores de milho são Estados Unidos, China e Brasil, os quais, na safra 2020/21, produziram 358,4; 260,7 e 86,0 milhões de toneladas de grãos, respectivamente (USDA, 2021). A estimativa de produção brasileira de milho para a safra 2021/22 é de 112,3 milhões de toneladas, com um aumento de 29% em relação à safra 2020/21 (CONAB, 2022). Na agricultura brasileira, a cultura do milho apresenta grande destaque em seu uso para alimentação animal, etanol e indústria, na produção de xarope, dextrose, cosméticos e bebidas (CONAB, 2022; PAES, 2006).

Em milho, os cultivares são divididos em dois grupos: híbridos e variedades de polinização aberta (VPA). Os híbridos são genótipos obtidos através do cruzamento de linhagens geneticamente contrastantes, e exploram a heterose ou vigor híbrido. Eles apresentam base genética estreita e são muito responsivos ao uso de insumos. As VPA's são populações obtidas a partir do acasalamento ao acaso de um grupo de indivíduos selecionados (BORÉM et al., 2013). Elas são heterogêneas e, assim, apresentam base genética ampla e muita variabilidade genética (SOUZA, 2018). Devido ao acasalamento ao acaso, as frequências alélicas das VPA's se mantêm constantes ao longo das gerações conforme o equilíbrio de Hardy-Weinberg (BORÉM et al., 2013). Essa característica permite ao produtor, a partir de uma boa amostragem, retirar da própria lavoura sementes para a próxima safra. As VPA's são utilizadas principalmente pela agricultura orgânica, condições de estresse e cultivos de baixa tecnologia.

Além da recomendação de VPA's, as populações têm grande importância como fonte de germoplasma (HALLAUER E CARENA, 2014) e variabilidade (YONG et al., 2013a). A variabilidade genética é essencial para um programa de melhoramento. As populações de milho tendem a apresentar muita variabilidade genética, mas apenas parte da variabilidade vêm sendo explorada pelos programas de melhoramento (HALLAUER et al., 2010; PRASANNA, 2012).

O melhoramento de VPA's no Brasil é feito principalmente por instituições públicas, como a Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência

Técnica e Extensão Rural (Incaper), Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR) e Coordenadoria de Assistência Técnica Integral (CATI) (BORÉM et al., 2013). Portanto, os ganhos genéticos do futuro, frente as mudanças climáticas, e para condições de estresse, dependem do sucesso no estudo da variabilidade genética pela iniciativa pública (SMITH, 2007; CARENA et al., 2009).

A introdução de germoplasma exótico é uma estratégia eficiente para aumentar a variabilidade genética e vem sendo amplamente utilizada por melhoristas de milho em várias partes do mundo (WEN et al., 2012; YONG et al., 2013a; YONG et al., 2013b). O germoplasma exótico é aquele oriundo de outros países ou regiões com características diferentes do local de introdução, ou seja, apresentam genes diferentes e de importância ao germoplasma local (NASS et al., 2001).

Um dos principais métodos de melhoramento de populações é a seleção recorrente. Nessa estratégia, são realizados sucessivos ciclos de obtenção, avaliação, seleção e recombinação, com o intuito de aumentar a média da população sem reduzir a variabilidade genética da mesma (RAMALHO, 1996; GERALDI, 2005).

Nesse contexto, a introdução e adaptação do germoplasma exótico é de extrema importância para o melhoramento, pois contribui com estudos genéticos e fonte de germoplasma. O Programa Milho®, programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa, tem avaliado e melhorado populações de milho para serem usadas como cultivares e, principalmente, como fonte de alelos para o desenvolvimento de linhagens. Com isso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial genético de populações de base genética ampla de milho tropical e temperado em ambientes tropicais de cultivo.

## **2. Revisão de Literatura**

### **2.1 A cultura do milho**

O milho (*Zea mays L.*) pertence à família *Poaceae* e sua origem ocorreu a partir da domesticação do teosinto (*Zea mays* spp. *Parviglumis* e *Zea mays* spp. *mexicana*), há cerca de nove mil anos (MATSUOKA et al., 2002; VAN HEERWAARDEN et al., 2011). O teosinto apresenta características de planta e espigas bem diferentes do milho (FLINT GARCIA, 2013). A domesticação do milho teve início no México e migrou para as Américas Central e do Sul (KISTLER et al., 2018). Na atualidade, devido a dispersão e forma de domesticação do milho seu cultivo é possível entre as latitudes 58° N a 40°S (PATERNIANI, 1995).

A importância do cultivo do milho se deve, principalmente, às suas altas qualidades nutricionais do grão e da planta, para a alimentação humana e animal (MÔRO e FRISTCHE-NETO, 2015). O milho também é utilizado na fabricação de diversos produtos na indústria, como xarope, dextrose, cosméticos e bebidas (PAES, 2006). Além disso, a produção de etanol a partir do milho, é cada vez mais relevante no cenário nacional (CONAB, 2021; ECKERT et al., 2018).

O Brasil ocupou o terceiro lugar dentre os maiores produtores de milho na safra 2020/21, com produção de 86 milhões de toneladas de grãos. Os maiores produtores foram os Estados Unidos com 358,4 milhões de toneladas, seguido da China com 260,7 milhões de toneladas (USDA, 2021). A estimativa de produção brasileira de milho para a safra 2021/22 é de 112,3 milhões de toneladas, o que representa um aumento de 29% em relação à safra 2020/21 (CONAB, 2022). No Brasil, a cultura é produzida em todos os estados e durante três safras distintas: primeira safra ou safra verão, segunda safra ou safrinha e terceira safra (CONAB, 2022). Dessa forma, o milho é produzido em todo território nacional e durante todo o ano. Devido as diferentes safras e ambientes de cultivo do milho no território brasileiro, o germoplasma cultivado é bastante diverso. Assim, o melhoramento de milho no Brasil tem diversos objetivos de acordo com a safra de cultivo e ambiente.

## **2.2 Introdução de germoplasma de milho**

O germoplasma do milho apresenta ampla variabilidade genética que está presente nas raças mais antigas de milho, populações de base genética ampla cultivada pelos agricultores e germoplasma de milho utilizado atualmente nos programas de melhoramento. No entanto, mesmo com ampla variabilidade presente no germoplasma de milho mundial, apenas parte deste germoplasma é explorado pelos melhoristas nos programas de melhoramento (YONG et al., 2013b). Assim, a introdução de germoplasma é uma estratégia que permite aumentar a variabilidade genética disponível em um programa de melhoramento e, ainda, introduzir novos genes para caracteres de interesse agrônomico (GOODMAN, 2005; ZHANG, 2002; GLOVER et al., 2005). É essencial que o melhorista integre a fase de pré-melhoramento e adaptação de germoplasma ao desenvolvimento de novas cultivares (CARENA et al., 2010; HALLAUER et al., 2010). Um germoplasma é considerado exótico quando é oriundo de países ou regiões diferentes daquelas onde será introduzido (NASS et al., 2001). A importância da introdução desses genótipos ocorre pela necessidade de incorporar genes de características de interesse à cultura. O

germoplasma de milho pode ser classificado em tropical, subtropical e temperado, sendo que a diferença entre eles é a latitude e as condições ambientais onde é cultivado, por exemplo o fotoperíodo (PALIWAL et al., 2000).

A introdução de germoplasma tropical em ambientes temperados é bastante utilizada por melhoristas desses locais. Os programas de melhoramento de milho da Iowa State University e North Dakota têm como um dos objetivos principais a introdução e adaptação de germoplasma exótico para desenvolver populações para melhoramento e uso em materiais comerciais. Hallauer e Carena (2014) avaliaram o desempenho de populações que foram introduzidas e adaptadas por esses programas em relação a populações locais. Observou-se que eles tiveram sucesso no melhoramento de populações exóticas. Essas apresentaram bom desempenho em relação às populações locais e contribuíram para o aumento da base genética dos programas de melhoramento.

### **2.2.1 Germoplasma tropical**

No Brasil, o principal germoplasma de milho utilizado em programas de melhoramento é o germoplasma tropical. Esse é caracterizado por apresentar boa resistência a pragas e doenças, qualidade de grãos, tolerância à seca e às condições de baixa disponibilidade de nitrogênio (HOLLEY E GOODMAN, 1988). Entretanto, o germoplasma tropical apresenta problemas como excesso de crescimento vegetativo, sensibilidade ao fotoperíodo, maior altura de planta e de espiga, acamamento, alta umidade de grãos na colheita, baixo índice de colheita e menor rendimento de grãos em relação ao germoplasma temperado (EDMEADES et al., 2017; MUSUNDIRE et al., 2019). Dessa forma, a introdução de germoplasma temperado pode melhorar algumas deficiências que existem no germoplasma de milho tropical.

No Brasil, após o período de utilização de germoplasma local, houve um grande avanço com a introdução de germoplasma exótico, principalmente Tuxpeño e raças relacionadas do México e América Central. Esses tiveram importante contribuição para a obtenção de híbridos semidentados de alta produção (MIRANDA FILHO e VIÉGAS, 1987). Os trabalhos sobre germoplasma exótico basicamente se concentraram em estudos sobre os efeitos da introgressão genética e sobre o potencial das populações para fins de melhoramento.

### 2.2.2 Germoplasma temperado

O germoplasma temperado é uma fonte de genes favoráveis para precocidade, redução de altura de plantas e rendimento de grãos (HALLAUER, 2009). Musundire et al. (2021) avaliaram os ganhos genéticos para produtividade de grãos e caracteres relacionados com a introdução de germoplasma temperado em condições tropicais na África do Sul. Linhagens de germoplasma temperado foram cruzadas com quatro linhagens elite tropicais através de um testcross para obter 488 híbridos simples. Foi observado um ganho de 58% para produtividade de grãos em relação aos híbridos comerciais usados como testemunhas. Abadassi e Hervé (2000) observaram que a introgressão de linhagens temperadas em uma população de germoplasma tropical reduziu o ciclo e a altura de plantas de híbridos de milho. Entretanto, o uso do germoplasma temperado em regiões tropicais tem algumas limitações, pois, em condições tropicais, eles são altamente suscetíveis a pragas e doenças (GOODMAN, 1999; ABADASSI, 2014). Além disso, poucos estudos foram realizados com os gargalos da introdução de germoplasma temperado em condições tropicais.

Abadassi (2014) avaliou o desempenho de três populações de germoplasma temperado em condições tropicais em Benin e verificou que todas apresentaram boa precocidade, porém susceptibilidade a pragas e doenças e pouca rusticidade. Essas não devem ser recomendadas para a região, entretanto, são uma boa fonte de germoplasma para melhoramento das populações tropicais. Rodrigues (2013) indicou a viabilidade da introdução de germoplasma exótico de milho ao programa de melhoramento em condições tropicais. O germoplasma avaliado tem origem no Paquistão e deste foram obtidas quatro populações pelo cruzamento da população Pex com linhagens endogâmicas oriundas de populações do híbrido comercial AG-ITU, seguido por uma geração de retrocruzamento com a linhagem parental. A partir das populações semiexóticas foram extraídas famílias de meios irmãos e endogâmicas e essas foram avaliadas em experimentos. O autor observou a presença de variabilidade nas quatro populações semiexóticas e potencial para uso em programa de seleção recorrente intrapopulacional. Assim, torna-se evidente os benefícios da introdução de germoplasma para melhorar os caracteres agrônômicos dos materiais tropicais.

### 2.3 Seleção recorrente

O desenvolvimento de recursos genéticos que tenham alta frequência de alelos favoráveis é essencial para qualquer programa de melhoramento. Uma forma eficiente de gerar recursos genéticos melhorados para os programas de melhoramento é através da seleção recorrente (SR). A SR é importante por possibilitar o aumento da frequência de alelos favoráveis para caracteres quantitativos e de importância, controlados por muitos genes e muito influenciados pelo ambiente (HALLAUER e CARENA, 2012).

A SR é um processo cíclico de melhoramento cujo objetivo é aumentar a frequência de alelos favoráveis para os caracteres sob seleção, mantendo a variabilidade genética em níveis adequados (SOUZA JR, 2001). A SR é composta por quatro fases: i) obtenção de progênies, ii) avaliação das progênies em experimentos com repetições, iii) seleção das progênies com desempenho superior e, iv) recombinação das progênies selecionadas. A SR pode ser realizada de duas formas: SR interpopulacional e SR intrapopulacional. A SR interpopulacional é o melhoramento de duas populações visando a heterose no cruzamento entre estas populações ou entre linhagens extraídas destas (COMSTOCK et al., 1949). A seleção recorrente intrapopulacional objetiva o melhoramento de caracteres da população *per se* e é bastante utilizada em programas de melhoramento para a introdução e adaptação de germoplasmas exóticos (BORÉM et al., 2013).

A seleção massal ou fenotípica consiste na avaliação e seleção de plantas individuais com base no fenótipo. Desse modo, a unidade de seleção é a mesma unidade de recombinação e é constituída pela planta. Geralmente ocorre a polinização ao acaso das espigas, de forma que, a seleção seja feita somente pelo lado materno. As plantas selecionadas são colhidas e suas espigas dão origem a nova população. Essa metodologia é uma das mais antigas no melhoramento de milho e vem sendo utilizada por agricultores desde sempre. Isso era feito quando eram selecionadas as melhores espigas para dar origem a nova população. Uma grande desvantagem da SR massal é ser realizada somente com base no fenótipo. Por isso, a influência do ambiente é bastante elevada e a seleção pode não ser eficiente. A SR massal é utilizada para caracteres de alta herdabilidade ou populações que foram pouca melhoradas (BORÉM et al., 2013).

De forma diferente da seleção recorrente massal, a SR com base em famílias é baseada na estruturação da população em progênies. As progênies podem ser de

meios irmãos, endogâmicas (S1 e S2) e de irmãos completos. Na escolha do tipo de progênie a ser utilizado é necessário considerar a magnitude dos ganhos de seleção, o tempo e mão de obra disponíveis para a execução (WEYHRICH et al., 1998). Progênies endogâmicas proporcionam maiores ganhos de seleção, pois acessam maior parte da variância aditiva, porém exigem mais mão de obra e tempo na obtenção (CRUZ, 2005). Em contrapartida, progênies de meios irmãos são mais facilmente obtidas, porém acessam menor parte da variância aditiva disponível na população.

A seleção com base em famílias é mais eficiente para caracteres quantitativos em relação a SR massal, pois são realizadas avaliações em experimentos com repetições e em mais ambientes. Dessa forma, o efeito do ambiente tem menor expressão na média das progênies, o que proporciona maiores ganhos genéticos (HALLAUER et al., 2010). A avaliação das progênies é realizada em experimentos com repetições com o intuito de melhorar a precisão experimental, bem como para estimação dos parâmetros genéticos da população. A seleção é feita com base na avaliação realizada e nos objetivos do programa de melhoramento. Nessa fase devem ser definidos o número de progênies que darão origem ao próximo ciclo, a intensidade de seleção deve ser escolhida com cautela para manter a variabilidade no próximo ciclo (HALLAUER et al., 2010). Para a escolha da melhor estratégia de seleção deve ser avaliado o ganho predito pela seleção. A seleção para diferentes caracteres aumenta a chance de sucesso. Para isso, os índices de seleção são amplamente utilizados e são definidos como um caractere adicional formado pela combinação linear de vários caracteres (SMITH et al., 1981). O índice de análise fatorial e design genótipo-ideótipo (FAI-BLUP) desenvolvido por Rocha et al. (2018) é uma excelente opção para seleção, pois considera a matriz de correlação entre tratamentos e o sentido de seleção desejado para cada caractere, possibilitando seleção de genótipos mais próximos de um ideótipo.

### **3. Objetivos**

#### **3.1 Objetivo geral**

Avaliar o potencial genético de populações de base genética ampla de milho tropicais, mistas e temperadas em ambientes tropicais de cultivo.

#### **3.2 Objetivos específicos**

Avaliar o desempenho agrônômico de 15 populações de base genética ampla de milho tropicais, mistas e temperadas em condições tropicais.

Estimar os parâmetros genéticos e as correlações genéticas entre progênies derivadas de populações de milho tropicais, mistas e temperadas em condições tropicais.

Predizer os ganhos genéticos com a realização de um ciclo de seleção de progênies em 15 populações de milho tropicais, mistas e temperadas em condições tropicais.

#### **4. Material e métodos**

##### **4.1 Material Genético**

Foram avaliadas 15 populações de base genética ampla de milho de origem tropical, mista e temperada (Tabela 1). As populações foram desenvolvidas em diferentes instituições públicas. As populações UFVM200(HS)C3 e BS17 foram estruturadas em progênies de meios irmãos. Para a obtenção dessas, foi realizada a semeadura de 1,5 kg de sementes das populações BS17 e UFVM200(HS)C3 em campos isolados na safra de 2020/21 e ocorreu o acasalamento ao acaso. Ao final do ciclo, foram amostradas 200 progênies da população UFVM200(HS)C3 e 100 da população BS17. Dessa forma, foram obtidas famílias de meios irmãos maternos, visto que o pólen foi fornecido por toda a população. As populações UFVM100(HS)C3, IPR164, BR105(S)C1, BR106, BRS Sol da Manhã (BRSSM), BS16, BS26, BS27, BS28, BS29, BSTL, FS8A(S) e FS8B(S) foram estruturadas em progênies endogâmicas. As progênies endogâmicas das populações UFVM100(HS)C2, BS28 e BS29 foram obtidas na safra de 2019/2020 e as progênies endogâmicas das populações IPR164, BR105(S)C1, BR106, BRSSM, BS16, BS26, BS27, BSTL, FS8A(S) e FS8B(S) na safra 2021/2022. Para isso, foi realizada semeadura de 1 kg de cada população no campo. No momento de floração, foram autofecundadas 400 plantas de cada população. Ao final do ciclo, foram colhidas as espigas autofecundadas e as 200 superiores de cada população foram debulhadas e armazenadas em câmara fria para o preparo dos experimentos.

##### **4.1.2 Populações adaptadas a ambientes tropicais**

As populações BR105, BR106, BRSSM foram desenvolvidas pelo Centro Nacional de Milho e Sorgo (Embrapa Milho e Sorgo). A população BR105 possui grãos alaranjados, boa precocidade e baixa estatura de plantas. É originada da população Suwan-1, sendo obtida por um programa de SR com base em progênies endogâmicas

(MORO et al., 1981). No trabalho será utilizado a população BR105(S)C1, obtida através de um ciclo de SR com base em progênies endogâmicas. A população BR106 apresenta grãos amarelos dentados e é um composto desenvolvido pelo cruzamento de variedades de ciclo longo e plantas altas (Centralmex, composto dentado e Maya) do grupo heterótico Tuxpeño. O composto foi cruzado com a população BR108, que apresenta ciclo precoce e porte baixo, foram realizados dois ciclos de recombinação, seguidos de três ciclos de SR para redução da altura da espiga e plantas (NOCE, 2004; COSTA PINTO et al., 2001). A população BRS Sol da Manhã (BRSSM) apresenta grãos duros e alaranjados e tem origem das raças Cateto, Eto e Duros do Caribe. A BRSSM foi desenvolvida pela Embrapa com participação de agricultores da comunidade Sol da Manhã, no município de Seropédica, RJ. Essa população é caracterizada pela tolerância a solos com baixa fertilidade (EMBRAPA, 1990). Foram realizados ciclos de SR com objetivo de maior eficiência no uso do nitrogênio (MACHADO et al., 1992; FIDELIS et al., 2010).

As populações UFVM100 e UFVM200 foram desenvolvidas pelo Programa Milho da Universidade Federal de Viçosa (UFV). A população UFVM100 possui grãos dentados de coloração alaranjada, bom empalhamento e ciclo médio a precoce. Essa foi desenvolvida através de um composto de híbridos comerciais de grãos dentados, visando atender a demanda dos produtores de Viçosa – MG (MIRANDA et al., 2003). A população UFVM100(HS)C2 é derivada da SR com base em progênies de meios irmãos da população UFVM100. A população UFVM200 é recomendada para Viçosa – MG. Essa foi desenvolvida por um composto de híbridos de grãos duros. Apresenta como características grãos tipo duro e de cor alaranjada, bom empalhamento e ciclo precoce. A população UFVM200(HS)C3 foi desenvolvida através de três ciclos de SR com base em progênies de meios irmãos.

A população IPR164 foi desenvolvida pelo Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR) e lançada no ano de 2010. Foi desenvolvida por um composto entre dez híbridos comerciais. Essa apresenta grãos do tipo semiduro, de coloração amarelo alaranjada, ciclo precoce e bom empalhamento.

#### **4.1.2 Populações adaptadas a ambientes temperados**

As populações BS16, BS17, BS26, BS27, BS28, BS29 e BSTL foram desenvolvidas pela Iowa State University. As populações BS16, BS27, BS28 e BS29 são derivadas de germoplasma tropical. A população BS16 foi desenvolvida após seis

ciclos de seleção massal para adaptação às condições temperadas do composto ETO advindo da Colômbia. É uma população de grãos semidentados (HALLAUER e SMITH, 1979). A população BS27 foi obtida a partir do composto Antigua, do CIMMYT. Antigua é uma VPA adaptada a condições temperadas por meio da seleção massal para precocidade. A população BS27 apresenta plantas vigorosas, média altura de plantas e grãos de coloração amarelo claro a alaranjados (HALLAUER, 1992). A população BS28 foi desenvolvida a partir de um composto de germoplasma Tuxpeño. Foi realizada seleção massal visando precocidade. Após seis ciclos de seleção obteve-se a população BS28. Essa é bastante importante pela sua boa capacidade de combinação com materiais temperados (HALLAUER, 1994; 1999). A população BS29 foi desenvolvida a partir do germoplasma Suwan-1, que tem origem na Tailândia. A partir da população Suwan-1 foram realizados seis ciclos de seleção massal para precocidade para obtenção da BS29. A população tem boa capacidade de combinação com outras populações, grãos dentados e de coloração amarelada (HALLAUER, 1994; 1999).

As populações BS17 e BS26 são derivadas de germoplasma temperado. A população BS17 foi obtida pelo cruzamento de seis versões da população Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS) adaptadas a ambientes diferentes. É uma população de grãos dentados (USDA, 1999). A população BS26 foi desenvolvida por um sintético entre o composto A e composto B. O composto A foi obtido pelo cruzamento de três sintéticos de 15 linhagens. O Composto B foi obtido pelo cruzamento de seis linhagens elite com as populações BS12(HI)C7, Nebraska Cattleman, e Composite A. As sementes dos dois compostos foram misturadas e plantadas para ocorrer acasalamento ao acaso. A partir disso, foram obtidas progênies endogâmicas S1, que foram avaliadas *per se* e em cruzamentos. Com base nas avaliações, 50 progênies S2 foram selecionadas e recombinadas para formar a população BS26 (HALLAUER, 1986; CLUCAS e HALLAUER, 1986).

As populações BSTL, FS8A(S) e FS8B(S) são derivadas de germoplasma temperado e tropical, portanto, são mistas. A população BSTL foi desenvolvida a partir de um cruzamento entre material Tuxpeño e Lancaster Sure Crop, com posterior retrocruzamento com Lancaster Sure Crop. Portanto, apresenta 25% de germoplasma tropical e 75% temperado (EBERHART, 1971; RUSSELL et al., 1971). A população FS8A(S) foi desenvolvida por HORNER (1990) na University of Florida a partir de 42%, 35% e 21% de germoplasmas tropicais, do sul dos EUA e do Cinturão do Milho nos

U.S., respectivamente. A população FS8B(S) foi também desenvolvida por HORNER (1990), a partir de 60%, 21% e 19% de germoplasmas tropicais, do sul dos U.S. e Cinturão do Milho dos EUA, respectivamente.

#### **4.2 Execução experimental**

Na safra 2020/2021, as progênies S1 das populações de milho UFVM100(HS)C2, BS28 e BS29 foram avaliadas em dois locais da Zona da Mata de Minas Gerais: Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão de Coimbra, Coimbra, MG (20°49'46,5" S e 42°45'51,1" O, altitude de 715 m; UEPE Coimbra) e da Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão Horta Nova, Distrito São José do Triunfo, Viçosa, MG (20°45'14" S e 42°52'55" O, altitude de 648 m; UEPE Horta Nova). Todas as estações experimentais são pertencentes ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (DAA-UFV). Na safra de 2021/2022, as progênies das populações IPR164, BS105(S)C1, BR106, BRS Sol da Manhã (BRSSM), UFVM200(HS)C3, BS16, BS17, BS26, BS27, BSTL, FS8A(S) e FS8B(S) foram avaliadas também nos dois locais da Zona da Mata de Minas Gerais, UEPE Coimbra e UEPE Horta Nova. A adubação foi realizada pela aplicação de 380 kg ha<sup>-1</sup> de formulado N-P-K, 8-28-16 no sulco de plantio, e uma adubação nitrogenada de cobertura de 380 kg ha<sup>-1</sup> de sulfato de amônio, em estágio V6, aproximadamente 30 dias após plantio. Os demais tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho de cada região de avaliação (GALVÃO et al., 2015).

O delineamento experimental utilizado foi de alfa látice, com duas repetições. O design variou de acordo com o número de progênies de cada população. Para as populações IPR164, BR105(S)C1, BR106, BRSSM, UFVM100(HS)C3, UFVM200(HS)C3, BS16, BS27 e FS8A(S) foi utilizado o alfa látice 20x10, enquanto para as populações BS17, BS26, BS28, BS29, BSTL e FS8B(S) foi de 10x10, 15x10, 17x10, 18x10, 15x10 e 15x13, respectivamente. Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m, com área útil de 3,2m<sup>2</sup>. No total foram avaliadas 2745 progênies, o que equivale a 5490 parcelas.

As 15 populações *per se* também foram avaliadas na safra de 2021/22 nos dois locais da Zona da Mata de Minas Gerais, UEPE Horta Nova e UEPE Coimbra. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m, com área útil de 8m<sup>2</sup>.

Aproximadamente 25 dias após o plantio, foi realizado o desbaste das parcelas, com o intuito de padronizar o estande de plantas em todo experimento. O estande de plantas para os experimentos de progênies após o desbaste foi de 62,5 mil plantas ha<sup>-1</sup>. Para o experimento de populações o estande de plantas foi de 55 mil plantas ha<sup>-1</sup>.

### 4.3 Caracteres avaliados

Em ambos os tipos de experimentos, avaliação de progênies e das populações *per se*, foram avaliados os seguintes caracteres: dias até o florescimento masculino (FM, dias), quantidade de dias obtida entre a diferença do intervalo da data de plantio e a data em que 50% da parcela apresentar emissão de pólen; dias até florescimento feminino (FF, dias), quantidade de dias obtida entre a diferença do intervalo da data de plantio e a data em que 50% da parcela tiver  $\geq 1$  cm de estilo-estigma visível; altura de planta (AP, cm), distância do nível do solo até a inserção da folha bandeira; altura de espiga (AE, cm), distância do nível do solo até a inserção da espiga superior; e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), obtida pela pesagem dos grãos de todas as espigas de cada parcela, tendo a sua massa corrigida para a umidade de 14,5%.

### 4.4 Análises estatísticas

Para os experimentos de avaliação das populações *per se*, foi realizada análise de variância para cada ambiente para avaliar a existência de contrastes diferentes de zero entre as médias dos caracteres avaliados. As análises individuais para o delineamento em blocos casualizados foram realizadas com o pacote R “agricolae” (DE MENDIBURU, 2021), segundo o modelo estatístico:

$$y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$$

em que:  $y_{ij}$  é o valor observado obtido do  $i$ -ésimo genótipo avaliado no  $j$ -ésimo bloco;  $\mu$  é a média geral;  $g_i$  é o efeito fixo do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, 15$ );  $b_j$  é o efeito fixo do  $j$ -ésimo bloco ( $j = 1, 2, 3$ ); e  $e_{ij}$  é o erro associado à observação  $y_{ij}$ .

Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta para os ambientes que apresentaram homogeneidade das variâncias residuais. Essas são consideradas homogêneas quando a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo for menor que sete (PIMENTEL-GOMES, 2000) A análise de variância conjunta foi realizada com o pacote R “agricolae” (DE MENDIBURU, 2021), de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + b/a_{jk} + a_k + ga_{ik} + e_{ijk}$$

em que:  $y_{ijk}$  é o valor observado do  $i$ -ésimo genótipo avaliado no  $k$ -ésimo ambiente no  $j$ -ésimo bloco ( $j= 1,2,3$ );  $\mu$  é a média geral;  $g_i$  é o efeito fixo do  $i$ -ésimo genótipo ( $i= 1, 2, \dots, 15$ );  $b/a_{jk}$  é o efeito do  $j$ -ésimo bloco dentro do  $k$ -ésimo ambiente;  $a_k$  é o efeito fixo do  $k$ -ésimo ambiente ( $k= 1, 2$ );  $ga_{ik}$  é o efeito fixo da interação  $i$ -ésimo genótipo com o  $k$ -ésimo ambiente; e  $e_{ijk}$  é o erro aleatório associado à observação  $y_{ijk}$ .

Para os caracteres que apresentaram efeito de populações significativo na análise de variância individual e conjunta, foi aplicado o teste de Fisher, com auxílio do pacote R “agricolae” (DE MEMDIBURU, 2021).

Após as avaliações dos experimentos de progênies, os dados fenotípicos foram submetidos à análise estatística para estimar a variância das características. Para tanto, usou-se a metodologia de modelos mistos REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Predictor). A adoção do método de modelos mistos viabiliza a estimativa dos dados, uma vez que, dentre outros fatores, se adequa melhor a dados desbalanceados e ajusta os dados aos efeitos ambientais, potencializando o ganho genético advindo da seleção (RESENDE e ROSA-PEREZ, 2001). O modelo individual de cada ambiente é o seguinte:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:  $y_{ijk}$  é o valor observado do  $i$ -ésimo genótipo avaliado no  $k$ -ésimo bloco, dentro da  $j$ -ésima repetição;  $\mu$  é uma constante de todas as observações;  $g_i$  é o efeito aleatório do  $i$ -ésimo genótipo;  $r_j$  é o efeito fixo da  $j$ -ésima repetição;  $b_{k(j)}$  é o efeito aleatório do  $k$ -ésimo bloco na  $j$ -ésima repetição e  $e_{ijk}$  é o erro aleatório associado a observação  $y_{ijk}$ .

O seguinte modelo estatístico foi adotado na análise conjunta dos locais:

$$y_{ijkl} = \mu + g_i + a_l + ga_{il} + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + e_{ijkl}$$

em que:  $y_{ijkl}$  é o valor observado do  $i$ -ésimo genótipo avaliado no  $k$ -ésimo bloco, dentro da  $j$ -ésima repetição no  $l$ -ésimo ambiente;  $\mu$  é uma constante associada a todas as observações;  $g_i$  é o efeito aleatório do  $i$ -ésimo genótipo;  $a_l$  é o efeito fixo do  $l$ -ésimo ambiente;  $ga_{il}$  é o efeito aleatório da interação do  $i$ -ésimo genótipo com o  $l$ -ésimo ambiente;  $r_{j(l)}$  é o efeito fixo da  $j$ -ésima repetição dentro do  $l$ -ésimo ambiente;  $b_{k(jl)}$  é o efeito aleatório do  $k$ -ésimo bloco dentro da  $j$ -ésima repetição no  $l$ -ésimo ambiente;  $e_{ijkl}$  é o erro associado a observação  $y_{ijkl}$ .

Através dos modelos acima citados foram estimadas as variâncias

genotípicas ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), residual ( $\hat{\sigma}^2$ ) e de interação genótipos  $\times$  ambientes ( $\hat{\sigma}_{ga}^2$ ) na análise conjunta e apenas  $\hat{\sigma}_g^2$  e  $\hat{\sigma}^2$  na análise individual dos ambientes. Os componentes de variância foram obtidos através do pacote “lme4” (BATES, 2014) implementado no programa R. Os valores preditos para as progênies (BLUP's) foram usados como parâmetro para a seleção das progênies. As estimativas dos componentes de variância foram utilizadas para estimar as herdabilidades com base na média de progênie em cada ambiente:

$$\hat{h}_x^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}^2}{r}}$$

e para a média dos ambientes:

$$\hat{h}_x^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ga}^2}{a} + \frac{\hat{\sigma}^2}{r * a}}$$

em que  $r$  é o número de repetições e  $a$  o número de ambientes (HALLAUER et al., 2010).

Foram feitas as estimativas de correlação de Pearson entre os valores genéticos dos caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) avaliados para as progênies das 15 populações.

Para a seleção das melhores progênies, foi utilizado o índice de análise fatorial e genótipo-ideótipo design (FAI-BLUP) desenvolvido por Rocha et al. (2018). Essa metodologia é eficiente para seleção e tem a vantagem de considerar a matriz de correlação entre tratamentos e o sentido de seleção a ser escolhido pelo melhorista, a fim de selecionar genótipos mais próximos de um ideótipo. O índice apresenta como vantagem seu desenvolvimento combinar o uso de análise fatorial e modelos mistos, o que permite o uso dos valores genéticos preditos (OLIVEIRA et al., 2019). A metodologia foi aplicada para a cultura do milho por Peixoto et al. (2021) e foram obtidos ganhos preditos no sentido desejado. Foram aplicadas duas estratégias para a seleção com o índice: a seleção considerando os valores genéticos de cada caractere avaliado em diferentes ambientes como um novo caractere e a seleção considerando a média dos dois ambientes.

O número de ideótipos gerados é definido com base na combinação dos fatores favoráveis e desfavoráveis a seleção, segundo a expressão:  $NI = 2n$ , em

que  $NI$  é o número de ideótipos e  $n$  o número de fatores utilizados na seleção. O número de fatores deve ser igual ao número de autovalores da análise de componentes principais. Esse valor ( $n$ ) também definiu quantas coordenadas foram calculadas para cada ideótipo. Portanto, os ideótipos foram obtidos pela combinação dos fatores favoráveis e desfavoráveis para seleção. Dessa forma, um fator favorável deve agregar valores favoráveis para a seleção, que podem ser o valor máximo, mínimo, a média ou um valor específico para a característica. Para a seleção, foram considerados os caracteres FF e PG, sendo o valor favorável considerado para esses o mínimo e máximo, respectivamente. Dessa forma, o objetivo da seleção é reduzir o ciclo da cultura e aumentar a produtividade. O caráter FF foi utilizado para redução do ciclo devido a correlação positiva com FM e a predominância de protandria na cultura do milho. A partir disso, os ideótipos e suas coordenadas foram obtidos.

Após a obtenção dos ideótipos, foram calculadas as distâncias euclidianas médias padronizadas entre cada genótipo e o ideótipo e transformadas para probabilidade espacial, possibilitando o ranqueá-las, segundo:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}}$$

na qual  $P_{ij}$  é a probabilidade do  $i$ -ésimo genótipo ser similar ao  $j$ -ésimo ideótipo,  $d_{ij}$  é a distância genótipo-ideótipo entre o genótipo  $i$  e o ideótipo  $j$ . Foram selecionadas as 20 progênies de maior similaridade com o ideótipo. Também foi realizada a seleção de 20 progênies pela seleção truncada para PG.

Sabendo-se que por meio dos valores preditos pelo método BLUP se têm o valor genético das progênies, o ganho de seleção em porcentagem foi estimado por meio de:

$$\widehat{GS}_{\%} = \frac{\widehat{GS}}{\bar{X}_0}$$

em que  $\widehat{GS} = \widehat{DS}$ , sendo:  $\widehat{GS}$  o ganho de seleção,  $\widehat{DS}$  o diferencial de seleção e o  $\bar{X}_0$  representa a média original da população para uma característica em específico.

## 5. Resultados

### 5.1 Populações *per se*

Em relação a precisão experimental, a estimativa do coeficiente de variação (CV%) variou de 1,61 (FM) a 10,46% (PG) em Coimbra e de 1,82 (FM) a 20,17% (PG) em Viçosa (Tabela 2). A média de PG no ambiente Coimbra foi maior em relação a Viçosa. Enquanto as médias de FM, FF, AP e AE foram maiores em Viçosa em relação a Coimbra. Houve efeito significativo de populações ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres nos dois ambientes avaliados. Na análise conjunta, a estimativa do coeficiente de variação (CV%) variou de 1,71 (FM) a 14,46% (PG). Nessa, observou-se efeito de populações ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres e efeito da interação populações por ambientes para PG ( $P < 0,01$ ) e FM ( $P < 0,05$ ). O efeito de ambientes foi significativo para todos os caracteres ( $P < 0,01$ ).

No ambiente de Coimbra, observou-se que as populações tropicais BR106, UFVM100(HS)C2, UFVM200(HS)C3, BR105(S)C1, BRSSM e IPR164 apresentaram PG maior do que as populações temperadas, mistas e tropicais adaptadas aos ambientes temperados (Tabela 3). As populações temperadas, mistas e as tropicais adaptadas aos ambientes temperados apresentaram menor ciclo e altura de plantas e espiga do que as populações tropicais em Coimbra. Em Viçosa, observou-se que as populações temperadas, BS17 e BS26, apresentaram as menores médias de PG. As populações tropicais UFVM200(HS)C3, BR106 e UFVM100(HS)C2 apresentaram médias de PG acima de  $6.500 \text{ kg ha}^{-1}$ . Assim como ocorreu em Coimbra, em Viçosa as populações temperadas, mistas e as tropicais adaptadas aos ambientes temperados apresentaram menores ciclos do que as tropicais. Houve uma coincidência entre os ambientes Coimbra e Viçosa, de modo que, em geral, as populações tropicais apresentaram médias de PG maiores do que as populações mistas, seguido pelas tropicais adaptadas aos ambientes temperados e, por fim, as populações temperadas. Assim, houve uma tendência das populações FS8A(S) e FS8B(S), populações mistas com origem tropical e temperada, apresentarem comportamento intermediário entre as populações tropicais e temperadas. Dessa forma, para ciclo e altura de plantas, as populações temperadas, mistas e tropicais adaptadas aos ambientes temperados apresentaram, nos dois ambientes, médias menores do que as populações tropicais. Na análise conjunta, foi possível observar

que as populações tropicais tiveram destaque com maiores médias de PG do que as demais populações. As populações de germoplasma temperado, BS17 e BS26, apresentaram as menores médias de PG. As populações temperadas e as tropicais adaptadas aos ambientes temperados apresentaram destaque para ciclo e altura de planta e espiga, pois tiveram menores médias em relação às populações tropicais.

## **5.2 Avaliação de progênies**

Em Coimbra, observou-se que as progênies oriundas de populações tropicais apresentaram maiores médias de PG do que progênies derivadas de populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados e populações temperadas (Tabela 4). As progênies da FS8A(S) e FS8B(S), populações mistas com origem tropical e temperada, apresentaram desempenho intermediário para PG entre as populações temperadas e tropicais, com média em Coimbra de 5.406,47 e 4.465,92 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente. As progênies de meios irmãos oriundas da população BS17 tiveram médias superiores para PG e AP e AE em relação às populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados e temperadas no ambiente de Coimbra. As progênies das populações tropicais UFVM200(HS)C3, IPR164, UFVM100(HS)C2 e BR106 apresentaram maiores médias de PG em ambos os locais. Em relação ao ciclo, observou-se que as progênies derivadas de populações de germoplasma tropical adaptado aos ambientes temperados e temperado, com exceção da BS17, apresentaram menores médias de FM e FF em ambos os locais. A mesma tendência foi observada para AP e AE, as progênies derivadas de populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados e populações temperadas, com exceção da BS17, tiveram menores médias para esses caracteres em ambos os locais. Em Coimbra, verificou-se efeito de progênies significativo ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres em todos os experimentos. Enquanto em Viçosa, o efeito de progênies foi significativo para todos os caracteres ( $P < 0,01$ ), com exceção dos caracteres FF, AP e AE no experimento das progênies da população BS17. Em relação a precisão experimental, os coeficientes de variação (CV%) variaram de baixos a altos. Em Viçosa, o CV% de PG variou de 14,42 a 34,34% para as progênies derivadas das populações UFVM200(HS)C3 e BS17, respectivamente. O CV% de PG foi elevado, acima de 25%, para as progênies derivadas das populações BS17, BS26, BSTL, FS8B(S) e BS27. Em Coimbra, o CV% variou de 14,26 a 24,58% para as progênies derivadas das populações BRSSM e BSTL, respectivamente. Os valores das estimativas de herdabilidade foram de média a alta magnitude para todos os

caracteres em todas as populações. Em Viçosa, a  $\hat{h}_x^2$  foi superior a 0,50 para todos os caracteres em todas as populações, com exceção de FF, AP e AE das progênies derivadas da população BS17, AE das progênies derivadas da população FS8B(S) e UFVM200(HS)C3 e PG das progênies derivadas da população BR105(S)C1. Em Coimbra, a  $\hat{h}_x^2$  foi superior a 0,50 para todos os caracteres em todas as populações, com exceção de FM e FF das progênies derivadas da população BS17 e AP e PG das progênies derivadas da população UFVM200(HS)C3.

Em relação a análise conjunta, verificou-se efeito de progênies ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres em todos os experimentos (Tabela 5). Houve efeito de ambiente para todos os caracteres em todos os experimentos, com exceção dos caracteres AP e AE no experimento de progênies da população IPR164, FF no experimento de progênies da população BS29, AP no experimento de progênies da população BS26 e AE no experimento de progênies da população BRSSM. Os efeitos da interação progênies por ambientes não foram significativos para todos os caracteres em grande parte dos experimentos. O efeito da interação genótipos por ambientes foi significativo para PG nos experimentos de progênies das populações BR106, BRSSM, BS26, FS8(B)S e UFVM100(HS)C2. Nos experimentos das populações BR106, BS16, BS27, FS8A(S), FS8B(S) houve efeito significativo da interação progênies por ambientes para FF. O efeito da interação progênies por ambientes foi significativo para FM nos experimentos de progênies das populações BS16, BS29 e FS8B(S). Os efeitos da interação genótipos por ambientes foram significativos para os caracteres AP e AE nos experimentos de progênies das populações FS8A(S) e BS26, respectivamente. Em relação a precisão experimental, os CV% variaram de baixos a altos. O CV% de PG variou de 13,99 a 30,02% para as progênies derivadas das populações UFVM200(HS)C3 e BS26, respectivamente. O CV% de PG foi elevado, acima de 25%, para as progênies derivadas das populações BS26, BS17, BSTL e FS8B(S). Na análise conjunta, as estimativas de  $\hat{h}_x^2$  foram de média a alta magnitude para todos os caracteres em todas as populações. As estimativas de  $\hat{h}_x^2$  de FM, FF, AP e AE foram altas, acima de 0,70, para todas as populações, com exceção das populações BS17 e UFVM200(HS)C3. Além disso, as estimativas de  $\hat{h}_x^2$  de PG foram altas para todas as populações, com exceção das populações IPR164, BS29 e UFVM200(HS)C3.

### 5.3 Correlações entre caracteres

As correlações entre os caracteres FF e FM foram significativas pelo teste t ( $P < 0,05$ ) e de alta magnitude para todos os experimentos, com valores que variaram de 0,69 (UFVM200(HS)C3) a 0,82 (BRSSM; Fig. 1). As correlações entre os caracteres AP e AE foram significativas ( $P < 0,05$ ) para todos os experimentos com valores que variaram de 0,64 (BR106 e BS26) a 0,85 (BS17). As correlações entre os caracteres AP e PG foram significativas e de baixa a média magnitude para todos os experimentos, com valores que variaram de 0,25 (BS29) a 0,58 (BS17). As correlações entre AE e PG foram significativas ( $P < 0,05$ ) e de baixa a média magnitude, com valores entre 0,27 (BS29) e 0,68 (BS17). As correlações entre os caracteres FF e PG foram significativas e negativas para os experimentos das progênies das populações BR106, BRSSM, BSTL, FS8B(S), IPR164 e UFVM100(HS)C2 com valores de -0,19; -0,23; -0,23; -0,27; -0,36 e -0,18, respectivamente. A correlação entre FF e PG não foi significativa para as progênies das populações BR105(S)C1, BS16, BS17, BS26, BS27, BS28, BS29, FS8A(S) e UFVM200(HS)C3. As correlações entre os caracteres FM e PG não foram significativas para as progênies obtidas pelas populações BR106, BR105(S)C1, BRSSM, BS17, BS26, BS27, BS28, BS29, BSTL, FS8B(S) e UFVM100(HS)C2. As correlações entre caracteres de ciclo (FM e FF) e altura (AP e AE) foram positivas e de baixa magnitude. As correlações entre os caracteres AP e FM foram significativas ( $P < 0,05$ ) para todos os experimentos, com exceção das progênies das populações BS17 e IPR164. As correlações entre os caracteres AP e FF foram significativas ( $P < 0,05$ ) para todos os experimentos, com exceção das progênies das populações BR106, BS17, BS26 e IPR164. As correlações entre os caracteres AE e FM foram significativas ( $P < 0,05$ ) para todos os experimentos, com exceção das progênies da população BS17. As correlações entre os caracteres AE e FF foram significativas ( $P < 0,05$ ) para todos os experimentos, com exceção das progênies da população BS17, FS8A(S) e IPR164.

### 5.4 Ganhos genéticos

O ganho predito com base na seleção truncada para PG foi alto para o caractere em seleção para todas as populações (Tabela 6). As populações BS17, BS27, BSTL, BS26, FS8S(S) e BS16 obtiveram ganhos preditos acima de 40% para PG. Verificou-se que a resposta indireta para os caracteres de ciclo, FM e FF, foi de pequena magnitude ou negativa quando aplicada a seleção truncada para PG. Nessa

seleção, AP e AE apresentaram ganhos positivos e de magnitude considerável. As populações BS28, BRSM, FS8A(S), BR106, BS16, BS27, BS26, UFVM100(HS)C3 e BS17 tiveram ganhos estimados acima de 6% para o caráter AE. Em contrapartida, ao aplicar a seleção realizada pelo índice FAI-BLUP para seleção simultânea de FF e PG, verificou-se ganhos genéticos razoáveis para PG, porém mais equilibrados entre os demais caracteres.

A seleção proporcionou maiores percentuais de ganhos estimados para PG nas populações temperadas, tropicais adaptadas aos ambientes temperados e mistas em relação às tropicais. As populações BS17, BSTL, BS27 e FS8B(S) apresentaram ganhos estimados para PG acima de 40% na estratégia de seleção pela média dos dois ambientes. A população tropical UFVM200(HS)C3 apresentou ganho estimado para PG menor que as demais populações tropicais, de 13,37% na seleção truncada para PG e 9,34% na seleção pelo índice. A resposta indireta para AP e AE foi de pequena magnitude ou negativa quando aplicada a seleção pelo índice.

A seleção com base na média dos dois ambientes proporcionou ganhos expressivos para as populações cujos efeitos da interação genótipos por ambientes não foram significativos, como para as populações BR105(S)C1, BS17, BSTL, IPR164 e UFVM200(HS)C3. A seleção com base nos valores genéticos individuais dos dois locais proporcionou ganhos em ambos os ambientes para as populações cujos efeitos da interação genótipos por ambientes foram significativos: populações BR106, BRSSM, BS16, BS27, BS26, BS29, FS8A(S), FS8B(S), UFVM100(HS)C2. As populações BS16, BS28 e BS29 não apresentaram ganhos favoráveis para os caracteres em seleção ao avaliar a seleção pelas médias dos dois ambientes, com valores de ganho para PG de -0,46, -1,16 e 0,09%, respectivamente. Contudo, na análise da seleção com base nos valores genéticos individuais dos dois locais, essas apresentaram bons ganhos estimados para PG e FF. Os ganhos de PG em Viçosa foram de 27,04; 19,06 e 10,80% para as populações BS16, BS28 e BS29, respectivamente. Em Coimbra, os ganhos estimados de PG foram de 32,27; 26,55 e 10,53% para as populações BS16, BS28 e BS29, respectivamente.

## **6. Discussão**

A SR é um esquema de melhoramento que visa aumentar a frequência de alelos favoráveis e manter a variabilidade genética da população (HALLAUER et al., 2010). Embora seja um método antigo, ainda é muito usada nos programas de

melhoramento de milho, principalmente para adaptação de germoplasma exótico (HALLAUER e CARENA, 2014; SAN VICENTE e HALLAUER, 1993; HALLAUER, 1992;1994). Os programas de melhoramento das universidades de Iowa e North Dakota realizaram a introdução e adaptação de diversos materiais exóticos com objetivo de aumentar a base genética do milho cultivado no cinturão do milho (HALLAUER e CARENA, 2014).

A avaliação do desempenho dos materiais exóticos introduzidos junto com materiais adaptados a região do programa de melhoramento é de extrema importância para obter conhecimento do potencial desses. Na avaliação das populações *per se*, houve diferença significativa para as populações, ou seja, há pelo menos um contraste entre as médias das populações que difere de zero. As populações tropicais apresentaram maiores médias em relação às temperadas, mistas e tropicais adaptadas ao clima temperado para PG, ciclo e AE. Diversos autores relatam que as populações temperadas são uma boa fonte de genes para precocidade, redução de altura de planta e, além disso, apresentam bom padrão heterótico em cruzamento com populações tropicais (ABADASSI e HERVE, 2000; RODRIGUES, 2013; MUSUNDIRE et al., 2021). Abadassi (2014) avaliou o desempenho de três populações temperadas e uma tropical adaptada a região, em ambiente tropical. Ele verificou que as três populações temperadas apresentaram comportamento mais precoce e com menores alturas de planta e espiga em relação às testemunhas tropicais. Entretanto, devido à falta de adaptação, essas populações apresentaram desempenho de PG inferior às tropicais. Dessa forma, as populações temperadas, mistas e tropicais adaptadas aos ambientes temperados precisam ser adaptadas aos ambientes tropicais através da seleção recorrente. As populações BR106, UFVM100(HS)C2, UFVM200(HS)C3 e BR105(S)C1 foram desenvolvidas em Minas Gerais pelas instituições Embrapa Milho e Sorgo e Programa Milho®, em Sete Lagoas e Viçosa (MIRANDA et al., 2003; MORO et al., 1981; NOCE, 2004). Por isso, essas populações tropicais apresentaram desempenho superior às demais em todos os ambientes. Contudo, a população tropical IPR164 teve desempenho intermediário entre as populações, pois foi desenvolvida pelo IAPAR no Paraná, onde o clima é subtropical. Assim, ela não está adaptada às condições de Minas Gerais, assim como as demais. As populações mistas, FS8A(S) e FS8B(S), apresentaram desempenho intermediário entre as populações tropicais e temperadas. Essas são promissoras para o melhoramento *per se* por apresentarem PG próxima às populações tropicais. Elas foram superiores a

população BSTL, também de germoplasma misto, pois são constituídas de maior percentual de germoplasma tropical. Além disso, o desempenho superior dessas duas populações em relação as populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados pode ter ocorrido pela região onde essas foram desenvolvidas. As populações FS8A(S) e FS8B(S) foram obtidas na University of Florida, sul dos Estados Unidos, onde é mais próximo à ambientes tropicais. Enquanto as demais foram desenvolvidas na Iowa State University, centro-oeste do país. Abadassi e Hervé (2000) verificaram que, na introgressão de linhagens temperadas às populações tropicais, o uso de materiais mais adaptados a zonas tropicais, como o sul dos Estados Unido junto ao uso de menores percentuais desses materiais na população final leva ao melhoramento mais rápido da população. As populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados e as populações temperadas apresentaram PG abaixo das demais, porém têm potencial de contribuir com genes para precocidade e redução de altura de plantas e espiga.

A variabilidade genética é pré-requisito para a obtenção de ganhos genéticos nos programas de melhoramento, e a herdabilidade mensura a proporção da variação fenotípica que é de natureza genética (FALCONER e MACKAY, 1996). Neste estudo, observou-se variabilidade genética em todas as 15 populações para todos os caracteres. Assim, o emprego de algum esquema de seleção deverá proporcionar ganhos em todas as populações. As estimativas de  $\hat{h}_x^2$  para PG foram de média a alta magnitude e estão de acordo com o relatado por Rodrigues (2013). A autora avaliou progênies de meios irmãos e endogâmicas derivadas de populações semiexóticas de milho em ambiente tropical. As populações semiexóticas foram obtidas pelo cruzamento da população PEX, de origem do Paquistão, com linhagens tropicais, seguido por uma geração de retrocruzamento com a linhagem parental. Relatou-se estimativas de  $\hat{h}_x^2$  para PG entre 0,82 e 0,93 em progênies endogâmicas e, entre 0,54 e 0,71 em progênies de meios irmãos.

Em relação a interação progênies x ambientes, para maioria das populações, não se observou efeito ( $P > 0,05$ ). Desse modo, não há resposta diferencial das progênies frente às variações ambientais e a seleção para as melhores progênies dessas populações pode ser realizada com base na média dos dois ambientes (BERILLI et al., 2013; VALADARES et al., 2021). Em contrapartida, nas populações em que foi observado interação progênies x ambientes, a seleção deve ser realizada

de forma separada para cada ambiente a fim de capitalizar a interação (CARVALHO et al., 2007).

O tipo de progênie avaliado gerou diferenças de desempenho entre as populações. As progênies avaliadas das populações UFVM200(HS)C3 e BS17 são de meios irmãos. As progênies da população BS17 apresentaram desempenho superior às populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados e às temperadas, o que não ocorreu na avaliação das populações *per se*. As demais populações foram estruturadas em progênies endogâmicas, portanto apresentaram depressão por endogamia, principalmente para PG. Resultados similares foram relatados por AHMED et al. (2020) que compararam os parâmetros genéticos de progênies de meios irmãos e endogâmicas derivadas de uma população subtropical. Da mesma forma, a população UFVM200(HS)C3 obteve destaque entre as demais populações. Nessa população, além do tipo de progênie avaliada, deve-se considerar que essa foi obtida pelo terceiro ciclo de SR, ou seja, tem médias maiores e está adaptada à região.

A correlação entre caracteres mostra o grau de associação entre dois caracteres. Dessa forma, é importante para a SR, pois a seleção para um caractere pode gerar uma resposta indireta em outro (CRUZ et al., 2012). A correlação significativa e de alta magnitude observada entre os caracteres FF e FM indica que os caracteres são fortemente relacionados e a seleção para redução de FF irá gerar resposta indireta de redução no FM. MAPHUMULO et al. (2015) relataram correlação entre FF e FM de 0,97 avaliando híbridos comerciais. A associação positiva entre PG e arquitetura de plantas é um desafio para o melhoramento, pois busca-se desenvolver materiais que sejam mais produtivos e com menores AP e AE. Plantas mais baixas e com menores alturas de espiga são menos suscetíveis ao acamamento e mais eficientes na fotossíntese (SANGOI et al., 2002). Diversos autores relataram correlações similares entre AP e PG (MAPHUMULO et al., 2015; CARGNELUTTI FILHO et al., 2010; MALIK et al., 2005) e AE e PG (MALIK et al., 2005). A correlação entre FF e PG foi negativa e significativa para progênies derivadas das populações BR106, BRSSM, BSTL, FS8B(S), IPR164 e UFVM100(HS)C2 e não significativa para as demais. Diversos trabalhos na literatura relataram correlações entre FF e PG de natureza negativa e significativas (SUJIPRIHATI et al., 2003; ABDELMULA e SABIEL, 2007; MALIK et al., 2005). MUHAMMAD et al. (2011) encontraram resultados similares com correlação entre FF e PG negativa e não significativa. A correlação negativa entre esses indica que a precocidade está relacionada com maiores PG. Verificou-se

correlação positiva, de baixa magnitude e significativa entre AE e FF para a maioria das populações, o que significa que plantas mais precoces tendem a apresentar menores alturas de espigas.

Com relação ao ganho de seleção, observou-se que o ganho predito com base na seleção truncada para PG foi elevado para o caractere em seleção e de baixa magnitude ou negativo para FM e FF em todas as populações. Em contrapartida, as respostas indiretas para AP e AE via seleção truncada para PG foram no sentido de aumentá-los. O objetivo do melhoramento é obter plantas mais produtivas e com menores alturas de planta e espiga, visto que plantas com maiores alturas de planta e espiga tendem a acamar (SANGOI et al., 2002). Dessa forma, a seleção através do índice é uma alternativa para obter ganhos entre caracteres correlacionados (EDMEADES et al., 2017; ROCHA et al., 2018). A seleção através do índice proporcionou ganhos mais equilibrados para todos os caracteres, de modo que ocorreu uma resposta indireta para redução de FM, visto que esse está fortemente correlacionado com FF. Os caracteres AP e AE tiveram ganhos preditos de baixa magnitude ou negativos na seleção pelo índice, o que condiz com a correlação positiva estimada de FF com AP e AE e favorece a seleção de plantas mais baixas e com menores alturas de inserção da espiga.

A população tropical UFVM200(HS)C3 se encontra no terceiro ciclo de SR obteve menor ganho predito para PG tanto na seleção truncada, quanto na seleção através do índice em relação as demais populações. Embora a população apresente médias altas para PG, ainda há variabilidade genética e, por isso, é possível a obtenção de ganhos genéticos com os ciclos de SR. Berilli et al. (2013) relataram ganho predito para PG de 12,90% na seleção de progênies irmãos completos superiores no décimo primeiro ciclo de SR recíproca.

Os ganhos preditos para PG das populações temperadas e tropicais adaptadas ao clima temperado foram bastante elevados quando comparados com os das populações tropicais, o que demonstra o potencial de melhoramento delas. Elas não são adaptadas a ambientes tropicais, apresentam menores médias, e tem muita variabilidade, o que possibilita obtenção de maiores ganhos (EDMEADES et al., 2017). Esses ganhos também foram superiores aos encontrados na literatura para seleção de progênies de meios irmãos e endogâmicas em milho (CANDIDO et al., 2011; CARVALHO et al., 2002; AJALA et al., 2009).

A presença de interação progênes x ambientes indica que essas progênes apresentam comportamento diferencial frente as variações ambientais. Nesses casos, a seleção deve ser realizada para cada ambiente. O uso do índice de seleção multiambientes permite a seleção de progênes que se destacam em ambos os ambientes (ROCHA et al., 2018; PEIXOTO et al., 2021). As populações BR106, BRSSM, BS16, BS26, BS27, BS29, FS8A(S), FS8B(S) e UFVM100(HS)C2 apresentaram melhores resultados quando as melhores progênes foram selecionadas com base nos valores individuais de cada ambiente. Dessa forma, foi possível capitalizar a interação progênes x ambientes e obter ganhos satisfatórios em ambos os locais. As populações BR105(S)C1, BS17, BSTL, IPR164 e UFVM200(HS)C3 apresentaram promissores resultados pela seleção pelo índice com base na média dos dois ambientes. A interação progênes por ambientes não foi significativa nas progênes dessas populações, portanto, foi possível realizar a seleção com base na média dos dois ambientes. A população BS28, apesar de não apresentar efeito de interação progênes por ambientes, teve melhor ganho predito quando a seleção foi realizada com base nos valores individuais de cada ambiente. A resposta negativa ou de baixa magnitude de PG também foi observada para seleção de progênes das populações BS16 e BS29 com base na média dos dois ambientes. Isso pode ter ocorrido devido a correlação positiva, mesmo que não significativa, encontrada entre os caracteres FF e PG nessas três populações. Dessa forma, pela seleção com base na média dos dois locais os caracteres FF e PG foram agrupados no mesmo fator pela seleção do FAI-BLUP e não foi possível obter ganhos no sentido desejado para PG e FF simultaneamente.

## **7. Conclusão**

As populações tropicais BR106, UFVM100(HS)C2, UFVM200(HS)C3 e BR105(S)C1 obtiveram destaque no desempenho *per se*. As populações mistas FS8A(S) e FS8B(S) apresentaram desempenho promissor e podem ser utilizadas para a obtenção de populações melhoradas. As populações tropicais adaptadas aos ambientes temperados e as temperadas apresentaram bom potencial em contribuir com genes para redução de altura de planta e espiga e podem ser utilizadas em programas de SR recíproca para melhoramento interpopulacional.

As populações apresentaram variabilidade genética, ou seja, é possível a seleção de progênes superiores para os caracteres dias até o florescimento

masculino, dias até florescimento feminino, altura de espiga, altura de planta e produtividade de grãos.

A seleção pelo índice é a melhor estratégia para seleção das progênies superiores para aumento de produtividade de grãos e redução de dias até o florescimento feminino. A seleção com base nos valores individuais dos dois ambientes apresentou maiores ganhos para as populações BR106, BRSSM, BS16, BS26, BS27, BS28, BS29, FS8A(S), FS8B(S) e UFVM100(HS)C2. A seleção com base na média dos ambientes apresentou maiores ganhos para as populações BR105(S)C1, BS17, BSTL, IPR164 e UFVM200(HS)C3.

## 8. Referências bibliográficas

ABADASSI, J.; HERVÉ, Y. Introgression of temperate germoplasm to improve an elite tropical maize population. **Euphytica**. V. 113, p.125–133, 2000.

ABADASSI, J. Research Article: Agronomic evaluation of temperate maize populations in tropical zone. **J App Biol Biotech**. V. 2 (03), p. 008-011, 2014.

ABDELMULA, A. A.; SABIEL, S. A. I. Genotypic and differential responses of growth and yield of some maize (*Zea mays* L.) genotypes to drought stress. In: **Conference on International Agricultural Research for Development**. Tropentag. P. 1-6, 2007.

AHMED, A. E. S.; EL-SHEIKH, M. H.; EL-SAYED, K. M.; EL-MOHSEN, D. K. H. Variability in Forage yield of a Silage Maize “*Zea mays*, L.” Base Population via Two Types of Families. **Alexandria Journal of Agricultural Sciences**, v. 65, n. 2, p. 139-149, 2020.

AJALA, S. O.; AGO, C. E.; OLAOYE, G. Comparison of predicted responses to three types of recurrent selection procedures for the improvement of a maize (*Zea mays* L.) population. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**. Vol. 1, n. 8, p. 284-292, 2009.

BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **arXiv**. V. 1, 1406.5823, 2014.

BERILLI, A. P. C. G.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. D. S.; COSTA, F. R. D.; CUNHA, K. S. D. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, p. 435-441, 2013.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7ª Edição, Viçosa-MG: Editora UFV, p. 192-193, 2013.

CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. D. C.; GARCIA, F. Q.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D. Seleção de progênies de meios-irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. **Ciência Rural**, v. 41, p. 947-953, 2011.

CATI Coordenadoria de Assistência Técnica integrada. **Milho AL Avaré** Disponível em: [https://www.cati.sp.gov.br/portal/themes/unify/arquivos/produtos-e-servicos/MILHO\\_AL\\_AVARE.pdf](https://www.cati.sp.gov.br/portal/themes/unify/arquivos/produtos-e-servicos/MILHO_AL_AVARE.pdf) Acesso em: 27 de março de 2022.

- CARENA, M. J.; HALLAUER, A. R. Response to inbred progeny recurrent selection in Leaming and Miland Yellow Dent populations. **Maydica**, v. 46, p. 1-10, 2001.
- CARENA, M. J.; BERGMAN, G.; RIVELAND, N.; ERIKSMOEN, E.; HALVORSON, M. Breeding maize for higher yield and quality under drought stress. **Maydica**, v.54, p. 287-298, 2009.
- CARENA, M. J.; WANNER, D. W.; YANG, J. Linking pre-breeding for local germoplasm improvement with cultivar development in maize breeding for short-season (85-95RM) hybrids. **J. Plant Reg.**, v. 4, p. 86-92, 2010.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; TOEBE, M.; BURIN, C.; SILVEIRA, T. R. D.; CASAROTTO, G. Tamanho de amostra para estimação do coeficiente de correlação linear de Pearson entre caracteres de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, p. 1363-1371, 2010.
- CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CMS 35 no Estado de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 1399-1405, 2002.
- CARVALHO, H. W. L., GAMA, E., Leal, M. D. L., de SOUZA, E. M., & RIBEIRO, S. Melhoramento genético da variedade de milho BR 5011 Sertanejo no Nordeste Brasileiro. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS**, São Lourenço. Melhoramento de plantas e agronegócio: Anais... Lavras: UFLA: SBMP, 2007..
- CLUCAS, C. P.; HALLAUER, A. R. Effects of visual selection among and within S1 lines of maize on S2 line and heterosis performance. **J Iowa Acad Sci** V. 93, p. 178-183., 1986.
- COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, J. F.; HARVEY, P. H. A. breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Journal of American Society of Agronomy**, v. 41, p. 360-367, 1949.
- CONAB - Companhia nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2021/22, sexto levantamento**. Brasília, março 2022. Disponível: <[https://www.conab.gov.br/component/k2/item/download/41379\\_f737bf1c32e3b400126505b7e1e4055b](https://www.conab.gov.br/component/k2/item/download/41379_f737bf1c32e3b400126505b7e1e4055b)>. Acesso em: 28 de março de 2022.
- COSTA PINTO, R. M.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA JR, C. L. ALOCAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO DERIVADAS DAS POPULAÇÕES BR-105 E BR-106 EM GRUPOS HETERÓTICOS **Scientia Agricola**, v.58, n.3, p.541-548, 2001.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1ªed. Viçosa, Editora UFV. 394p. 2005.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. (4th ed.). Viçosa: Editora UFV, 2012.
- EBERHART, S. A., Regional maize diallels with U.S. and semi-exotic varieties. **Crop Sci**. V. 11, p. 911-914, 1971.
- ECKERT, C.T.; FRIGO, E.P.; ALBRECHT, L.P.; ALBRECHT, A.J.P.; CHRIST, D.; SANTOS, W.G.; BERKEMBROCK, E.; EGEWARTH, V.A. Maize ethanol production

in Brazil: Characteristics and perspectives. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, v. 82, p. 3907-3912, 2018.

EDMEADES, G. O.; TREVISAN, W.; PRASANNA, B. M.; CAMPOS, H. Tropical maize (*Zea mays* L.). In: Genetic improvement of tropical crops. **Springer**, Cham, p. 57–109, 2017.

EMBRAPA. **BRS 4157: Sol-da-manhã NF**. 1ªed. Sete Lagoas, 1990. p. 1-2. Disponível em: Acesso em 07 de março de 2022. 1990.

FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed., Essex, UK: Longmans Green, 1996, 448p.

FIDELIS, R. R.; MIRANDA, G. V.; FALUBA, J. S. Capacidade de combinação de populações de milho tropicais sob estresse de baixo nitrogênio. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 26, n. 3, p. 358-366, May/June 2010.

FLINT-GARCIA, S. A. Genetics and Consequences of Crop Domestication. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, V. 61, p. 8267-8276. 2013.

GALVÃO, J.C.C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M.A. **Milho do plantio à colheita**. 1 ed. Viçosa- MG: Editora UFV, p. 9-25, 2015.

GERALDI, I. O. Por que realizar seleção recorrente. In: **SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS**, 9., Lavras. Anais... Lavras: UFLA, Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Genética e Melhoramento de plantas, p. 1- 8, 2005.

GLOVER, M.A.; WILLMOT, D.B.; DARRAH, L.L; HIBBARD, B.E; ZHU, D. X. Diallel analyses of agronomic traits using Chinese and U.S. maize germplasm. **Crop Sci**, V. 45, p. 1096–1102, 2005.

GOODMAN, M. M. Broadening the U.S. maize germplasm base. **Maydica**, V. 50, p. 203–214, 2005.

GOODMAN, Major M. Broadening the genetic diversity in maize breeding by use of exotic germplasm. In: COORS, J. G.; PANDET, S. (Eds). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Mexico City, American Society of Agronomy, Inc. Crop Science Society of America, Inc. p. 139-148, 1999.

GUZMAN, Peter S.; LAMKEY, Kendall R. Effective population size and genetic variability in the BS11 maize population. **Crop science**, v. 40, n. 2, p. 338-346, 2000.

HALLAUER, A. R.; SMITH, O. S., Registration of BS13(S) C1 and BS16 maize germplasm. **Crop Sci**, p. 19: 755, 1979.

HALLAUER, A. R., Registration of BS26 maize germplasm. **Crop Sci**, V. 26, p. 838-839, 1986.

HALLAUER, A. R., Registration of BS27 maize germplasm. **Crop Sci**, V. 32, p. 1512–1513, 1992.

HALLAUER, A. R., Registration of BS28 and BS29 maize germplasm. **Crop Sci**, V. 3 n. 4, p. 544-545, 1994.

HALLAUER, A. R., Conversion of tropical germplasm for temperate area use. **Illinois Corn Breeders' School**, V. 35, p. 2036, 1999.

- HALLAUER, A. R. Maize breeding. In: CARENA, M. J. (Ed.) **Handbook of plant breeding: cereals**. New York, NY: Springer, p. 3-98, 2009.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York: Springer Science + Business Media, Inc. 663p. 2010.
- HALLAUER, A. L.; CARENA, M. J. Recurrent selection methods to improve germplasm in maize. **Maydica**, [S.l.], v. 57, n. 4, p. 266-283, dec. 2012.
- HALLAUER, A.R., CARENA, M.J. Adaptation of tropical maize germplasm to temperate environments. **Euphytica**, V. 196, p. 1–11, 2014.
- HOLLEY, R.N.; GOODMAN, M.M. Yield Potential of Tropical Hybrid Maize Derivatives. **Crop Science**, V. 28, p. 213-218, 1988.
- HORNER, E.S.; Registration of maize germplasms FS8A(S), FS8A(T), FS8B(S), and FS8B(T). **Crop science**. v. 30, p. 964, 1990.
- KISTLER, L.; MAEZUMI, S.Y.; SOUZA, J.G.; PRZELOMSKA, N.A.S.; COSTA, F.M.; SMITH, O.; LOISELLE, H.; MADRIGAL, J.R.; WALES, N.; RIBEIRO, E.R.; MORRISON, R.R.; GRIMALDO, C.; PROUS, A.P.; ARRIAZA, M.; GILBERT, M.T.P.; FREITAS, F.O.; ALLABY, R.G. Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America. **Science** **14**, v: 362, Issue 6420, p. 1309-1313, 2018.
- LAMKEY, Kendall R. Fifty years of recurrent selection in the Iowa Stiff Stalk Synthetic maize population. **Maydica**, v. 37, n. 1, p. 19-28, 1992.
- MATSUOKA, Y.; VIGOUROUX, Y.; GOODMAN, M. M.; SANCHEZ G, J.; BUCKLER, E.; DOEBLEY, J. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 99, n. 9, p. 6080-6084, 2002.
- MACHADO, A. T.; MAGALHÃES, J. R.; MAGNAVACA, R.; SILVA, M. R. Determinação da atividade de enzimas envolvidas no metabolismo do nitrogênio em diferentes genótipos de milho. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, Campinas, v. 4, n. 1, p. 45-47, 1992.
- MALIK, H. N.; MALIK, S. I.; HUSSAIN, M. O. Z. A. M. I. L.; CHUGHTAI, S. U. R.; JAVED, H. I. Genetic correlation among various quantitative characters in maize (*Zea mays* L.) hybrids. **Journal of Agriculture & Social Sciences**, v. 3, p. 262-265, 2005.
- MAPHUMULO, S. G.; DERERA, J.; QWABE, F.; FATO, P.; GASURA, E.; MAFONGOYA, P. Heritability and genetic gain for grain yield and path coefficient analysis of some agronomic traits in early maturing maize hybrids. **Euphytica**, v. 206, n. 1, p. 225-244, 2015.
- MELCHINGER, A.E.; GUMBER, R. K. Overview of heterosis and heterotic group in agronomic crops. In: LAMKEY, K.R.; STAUB, J.E. (Ed.). **Concepts and breeding of heterosis in crop plants**. Madison: ACSESS, p. 29-44, 1998.
- DE MENDIBURU, M. F. Package ‘agricolae’, **statistical procedures for agricultural research. R package version**, versão 1.3-5, 2021. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/agricolae/index.html>. Acessado em: 01 de julho de 2022.

- MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PArteniani, E.; Viègas, G. P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, p. 275-340, 1987.
- MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A. V.; GALVÃO, J. C. C. **Cultivar de milho UFVM 100 Nativo**. **Boletim Técnico**, 2003. Disponível em: 24 CNMS-14 (ufv.br) Acesso em 07 de março de 2022.
- MORO, J. R.; FILHO, V. N.; VIANNA, R. T.; GAMA, E. G. Seleção entre e dentro de progênies de irmãos germanos na população de milho "Suwan DMR" (*Zea mays* L.). **Ciência e Cultura**, V. 4, p. 563-570, 1981.
- MÔRO, V. G.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho do plantio à colheita**. 1 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, p.9-25, 2015.
- MUHAMMAD, I., KIRAMAT, K., HASSAN, S., & MOHAMMAD, N. A. Y. Genotypic and phenotypic relationship between physiological and grain yield related traits in four maize (*Zea mays* L.) crosses of subtropical climate. **Scientific Research and Essays**, v. 6, n. 13, p. 2864-2872, 2011.
- MUSUNDIRE, L.; DERERA, J.; DARI, S.; TONGOONA, P.; CAIRNS, J. E. Molecular characterisation of maize introgressed inbred lines bred in different environments. **Euphytica**, V. 215, p. 46, 2019.
- MUSUNDIRE, L.; DERERA, J.; DARI, S.; TONGOONA, P. Assessment of genetic gains from introgression of temperate genes into tropical elite maize inbred lines: I. performance per se. **Euphytica**, V. 217, p. 39, 2021.
- NASS, L.L.; MIRANDA FILHO, J.B.; SANTOS, M.X. Uso de germoplasma exótico no melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.) **Recursos Genéticos e Melhoramento: Plantas**. Fundação MT, Rondonópolis (MT), p. 101-122, 2001.
- NOCE, M. A. **Milho variedade BS106 técnicas de plantio**. Concordia: EMBRAPA Milho e Sorgo, 5 p. (Comunicado técnico, 109), 2004.
- OLIVEIRA, I. C. M.; MARÇAL, T. D. S.; BERNARDINO, K. D. C.; RIBEIRO, P. C. D. O.; PARRELLA, R. A. D. C.; CARNEIRO, P. C. S.; SCHAFFERT, R. E.; CARNEIRO, J. E. D. S. Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. **Crop Science**, V. 59, p. 1554-1566, 2019.
- PAES, M. C. D. **Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho**. Circular técnica 75. Embrapa. Sete Lagoas, MG, 2006.
- PALIWAL, R.L.; GRANADOS, G.; LAFITTE, H. R.; VIOLIC, A. D.; MARATHÉE, J. P. **Tropical maize: improvement and production**, FAO Plant Production and Protection No. 28. Rome, 363 p., 2000.
- PATERNIANI, E. Importância do Milho na Agroindústria In: OSUNA, J, A, E MORO, J, R, **Produção e Melhoramento do Milho**, Jaboticabal: FUNEP, p. 1–12, 1995.
- PEIXOTO, M. A.; COELHO, I. F.; EVANGELHISTA, J. S. P. C.; SANTOS, S. S. O.; ALVES, R. S.; PINTO, J. F. N.; REIS, E. F.; BHERING, L. L. Selection of maize

hybrids: an approach with multi-trait, multi-environment, and ideotype-design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 2, 2021.

PIMENTEL-GOMES, F. Curso de estatística experimental. Ed. Nobel, São Paulo: Livraria Nobel, 2000. 468p.

POLLAK, Linda M. The history and success of the public-private project on germplasm enhancement of maize (GEM). **Advances in agronomy**, v. 78, p. 46-89, 2003.

PRASANNA, B.M. Diversity in global maize germplasm: Characterization and utilization. **J Biosci**, V. 37, p. 843–855, 2012.

RAMALHO, M.A.P. Seleção recorrente. In: **REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO**, Goiânia. Anais... Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, p. 153-165, 1996.

RESENDE, M. D. V.; ROSA-PEREZ, J. R. H. **Genética e Melhoramento de Ovinos**. Curitiba. Ed. UFPR, p. 185, 2001.

ROCHA, J.R.D.A.S.D.C., MACHADO, J.C. AND CARNEIRO, P.C.S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**, V. 10, p. 52-60, 2018.

RUSSELL, W. A.; PENNY, L. H.; HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A.; SCOTT, G. E.; GUTHRIE, W. D.; DICKE, F. F., Registration of maize germplasm synthetics. **Crop Science**, V. 11, p. 140-141, 1971.

RODRIGUES, L. O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho (*Zea mays L.*)**, dissertação de mestrado, UFG, Goiania, 2013.

SALHUANA, W.; JONES, Q.; SEVILLA, R. The Latin American Maize Project: Model for rescue and use of irreplaceable germplasm. **Diversity**, v. 7, n. 1, p. 40-42, 1991.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M. D.; GRACIETTI, M. A.; BIANCHET, P.; HORN, D. Sustentabilidade do colmo em híbridos de milho de diferentes épocas de cultivo em função da densidade de plantas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 1, n. 2, p. 60-66, 2002.

SAN VICENTE, F. M.; HALLAUER, A. R. Mass Selection for Adaptation in Antigua Maize (*Zea mays L.*) Composite. **Journal of the Iowa Academy of Science: JIAS**, V. 100, N. 1, p. 9-12, 1993.

SMITH, O.S., HALLAUER, A.R.; RUSSELL, W.A. Use of index selection in recurrent selection programs in maize. **Euphytica**, V. 30, p. 611–618, 1981.

SMITH S., Pedigree background changes in U.S. hybrid maize between 1980 and 2004. **Crop Science**, v. 47, p. 1914–926, 2007.

SOUZA JR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 159-199, 2001.

SOUZA, J. C. Cultivares. In: DELIMA, R.O.; BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**, Viçosa: Ed. UFV, p.295-306, 2018.

SUJIPRIHATI, S.; SALEH, G. B.; ALI, E. S. Heritability, performance and correlation studies on single cross hybrids of tropical maize. **Asian Journal of Plant Sciences**, Pakistan, v. 2, p. 51-57, 2003.

USDA-United State Department of Agriculture. **Safra Mundial de Milho 2020/2021**, levantamento USDA da safra 2020/2021, Feb 18-19, 2021, Disponível em: <https://www.usda.gov/oce/ag-outlook-forum>. Acesso em: 23 de março 2022.

USDA-United State Department of Agriculture. **Plant Inventory** No. 208, Plant Materials Introduced in 1999 (Nos. 606708 - 612386), 1999.

VALADARES, F. V.; ALMEIDA, R. N. D.; SILVA, L. R. E.; SANTOS, G. R.; PIROVANI, R. O. L.; SOUZA NETO, J. D. D.; BERILLI, A. P. C. G.; MOULIN, M. M.; VIVAS, M.; BERILLI, S. S.; PEREIRA, M. G. Seleção recorrente recíproca para obtenção de progênies de milho tolerantes ao déficit hídrico. **Ciência Rural**, v. 52, 2021.

VAN HEERWAARDEN, J.; DOEBLEY, J.; BRIGGS, W.H.; GLAUBITZ, J.C.; GOODMAN, M. M.; DE JESUS, J. S. G.; ROSS-IBARRA, J. Genetic signals of origin, spread, and introgression in a large sample of maize landraces. **Proc Natl Acad Sci U S A.**, V. 108, n. 3, p. 1088-92, 2011.

WEN, W.; GUO, T.; TOVAR, V. H. C.; LI, H.; YAN, J.; TABA, S. The strategy and potential utilization of temperate germplasm for tropical germplasm improvement: a case study of maize (*Zea mays* L.) **Mol Breeding**, V. 29, p. 951–962, 2012.

WEYHRICH, R. A.; LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. Responses to Seven Methods of Recurrent Selection in the BS11 Maize Population. **Crop Science**, Vol. 38, March-April, 1998.

YONG, H.; ZHANG, D.; WANG, J.; LI, M.; LIU, W.; ZHANG, X.; ZHAO, H.; WENG, J.; HAO, Z.; BAI, L.; CI, X.; ZHANG, S. Broadening the Genetic Base of Chinese Maize Heterotic Pools with Exotic Germplasm. **Crop Science**, vol. 53, september–october 2013a.

YONG, H.; ZHANG, X.; ZHANG, D.; WANG, J.; ZHANG, H.; LI, M.; LIU, W.; WENG, J.; HAO, Z.; CI, X.; BAI, L.; LI, X.; ZHANG, S. Breeding potential of U.S. maize germplasm for utilization in Chinese temperate conditions. **Euphytica**, V. 192, p. 435–451, 2013b.

ZHANG, S. Maize germplasm enhancement, improvement, and development. In: G. Srinivasan et al., editors, **New technologies for the new millennium**. Proceedings of the 8th Asian Regional Maize Workshop, Bangkok, Thailand, 5–8 Aug. 2002. CIMMYT, Mexico D.F., Mexico. p. 554–560, 2002.

**Tabela 1.** Características das 15 populações de milho tropical e temperado usadas neste estudo

Cultivar	Código	Textura do Grão	Ciclo	Instituição	Origem	Ambiente de Adaptação	Tipo de progênie	Ano de avaliação	Número de progênie
IPR164	IPR164	Semiduro	P	IAPAR	Tropical	Tropical	S1	2021/2022	200
BR105(S)C1	BR105	Semiduro	S M	Programa Milho® UFV/ EMBRAPA Milho e Sorgo	Tropical	Tropical	S1	2021/2022	200
BR106	BR106	Semidentado	S	EMBRAPA Milho e Sorgo	Tropical	Tropical	S1	2021/2022	200
BR Sol da Manhã	BRSSM	Duro	P	EMBRAPA Milho e Sorgo	Tropical	Tropical	S1	2021/2022	200
UFVM100(HS)C2	M100C2	Semidentado	S	Programa Milho® UFV	Tropical	Tropical	S1	2020/2021	200
UFVM200(HS)C3	M200C3	Semidentado	S	Programa Milho® UFV	Tropical	Tropical	HS	2021/2022	200
BS16	BS16	Semidentado	P	Iowa State University	Tropical	Temperado	S1	2021/2022	200
BS17	BS17	Dentado	P	Iowa State University	Temperado	Temperado	HS	2021/2022	100
BS26	BS26	Dentado	P	Iowa State University	Temperado	Temperado	S1	2021/2022	150
BS27	BS27	Dentado	P	Iowa State University	Tropical	Temperado	S1	2021/2022	200
BS28	BS28	Dentado	P	Iowa State University	Tropical	Temperado	S1	2020/2021	170
BS29	BS29	Dentado	P	Iowa State University	Tropical	Temperado	S1	2020/2021	180
BSTL	BSTL	Dentado	-	Iowa State University	Trop/Temp.	Temperado	S1	2021/2022	150
FSA8(S)	FSA8(S)	Dentado	-	University of Florida	Trop/Temp.	Temperado	S1	2021/2022	200
FSB8(S)	FSB8(S)	Dentado	-	University of Florida	Trop/Temp.	Temperado	S1	2021/2022	195

N, P e SMP ciclo normal, precoce e semiprecoce, respectivamente.

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) mensuradas em 15 populações de milho avaliadas em dois locais de Minas Gerais. Safra 2021/22

Parâmetros	Quadrado Médio				
	FM	FF	AP	AE	PG
<i>Coimbra</i>					
Bloco	1,36	0,96	29,75	68,72	15.780,95
Populações	65,04**	58,55**	1.584,16**	1.155,27**	18.801.342,45**
Resíduo	1,09	1,74	128,55	137,1	372.371,32
Média	65,16	65,76	229,17	120,48	5.831,46
CV%	1,61	2,01	4,95	9,72	10,46
<i>Viçosa</i>					
Bloco	1,44	3,13	209,97	94,17	1.418.614,04
Populações	48,14**	48,5**	879,78**	829,31**	8.249.431,54**
Resíduo	1,45	3,64	244,14	150,08	699.022,24
Média	66,21	67,74	238,96	128,99	4.145,55
CV%	1,82	2,82	6,54	9,50	20,17
<i>Análise Conjunta</i>					
Bloco	0,08	1,56	182,79	13,44	366.512,38
Populações	111,4**	105,17**	2.148,12**	1.810,89**	24.168.054,78**
Ambientes	12,68**	63,61**	1.850,61**	1.446,94**	70.807.328,97**
GxA	2,66*	3,65	334,42	184,41	2.267.341,84**
BxA	2,41	0,96	41,69	136,63	845.138,53
Resíduo	1,26	2,64	183,07	143,22	526.451,94
Média	65,67	66,71	233,90	124,59	5.017,57
CV%	1,71	2,43	5,78	9,61	14,46

\*\* e \* significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste qui quadrado

**Tabela 3.** Estimativas das médias para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) das 15 populações avaliadas nos dois locais e na média de locais na safra 2021/22

Populações	Coimbra					Viçosa					Conjunta				
	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
BR106	70,00	69,00	253,33	148,33	9.831	69,33	71,33	251,25	142,08	6.561	69,67	70,17	252,29	145,21	8.196
UFVM200(HS)C3	68,67	69,33	244,58	125,00	9.129	68,67	70,67	255,83	135,42	6.935	68,67	70,00	250,21	130,21	8.032
UFVM100(HS)C2	72,00	72,67	253,00	150,83	9.185	71,33	72,33	262,92	157,50	6.503	71,67	72,50	257,96	154,17	7.844
BR105(S)C1	70,67	70,67	248,33	142,50	7.644	70,33	72,67	264,58	163,33	4.963	70,50	71,67	256,46	152,92	6.303
BRSSM	65,00	66,33	244,75	132,42	7.579	65,33	67,33	238,33	127,92	4.377	65,17	66,83	241,54	130,17	5.978
FS8A(S)	65,33	66,33	234,00	111,25	6.168	67,33	69,67	248,33	122,92	4.929	66,33	68,00	241,17	117,08	5.549
FS8B(S)	67,67	69,00	252,92	134,17	5.820	68,00	68,67	228,33	118,75	4.029	67,83	68,83	240,63	126,46	4.925
BS29	61,00	61,67	220,33	115,42	5.825	63,50	64,00	225,63	119,38	3.592	62,25	62,83	222,98	117,40	4.709
IPR164	71,67	71,33	228,58	120,42	6.603	72,33	71,67	221,25	118,33	2.640	72,00	71,50	224,92	119,38	4.622
BS28	59,00	59,67	171,50	75,42	4.697	57,33	58,33	197,08	94,58	4.327	58,17	59,00	184,29	85,00	4.512
BS27	60,00	60,33	233,75	120,75	3.760	62,00	63,50	243,13	137,50	2.955	61,00	61,92	238,44	129,13	3.358
BS16	60,33	60,33	206,25	104,00	3.108	62,67	63,00	237,08	123,75	3.433	61,50	61,67	221,67	113,88	3.271
BSTL	62,33	63,67	217,75	107,25	2.893	63,67	66,33	237,08	126,67	2.074	63,00	65,00	227,42	116,96	2.483
BS17	63,67	64,33	226,08	114,25	2.969	65,00	68,00	235,00	122,50	1.551	64,33	66,17	230,54	118,38	2.260
BS26	60,00	61,67	202,42	105,25	2.260	63,00	65,00	233,75	121,25	2.026	61,50	63,33	218,08	113,25	2.143
Média geral	65,16	65,76	229,17	120,48	5.831	66,21	67,74	238,96	128,99	4.146	65,67	66,71	233,90	124,59	5.018
DMS-t	1,75	2,21	18,96	19,58	1021	1,91	3,03	24,71	19,36	1334	1,27	1,83	15,23	13,47	821

**Tabela 4.** Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) mensurados em progênies derivadas de 15 populações de milho

Parâm.	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
<i>Viçosa</i>										
BR105(S)C1										
$\hat{\sigma}_g^2$	4,25**	4,13**	106,47**	72,96**	388.861**	2,91**	4,89**	133,87**	97,48**	665.458**
$\hat{\sigma}^2$	3,73	5,36	197,65	119,85	1.076.303	1,32	1,57	104,07	89,46	512.336
$\hat{h}_x^2$	0,70	0,61	0,52	0,55	0,42	0,82	0,86	0,72	0,69	0,72
CV%	2,64	3,08	6,28	8,52	22,84	1,65	1,74	4,45	7,20	14,94
Máx.	77,17	78,59	242,39	145,33	6.693	74,32	80,53	251,20	150,03	7.184
Mín.	68,47	70,40	206,09	113,30	3.368	65,35	65,88	203,19	109,47	2.888
Média	73,21	75,06	223,72	128,56	4.542	69,76	72,07	229,06	131,39	4.791
BR106										
$\hat{\sigma}_g^2$	3,57**	3,57**	221,15**	134,78**	1.107.357**	3,41**	4,93**	114,29**	115,49**	925.239**
$\hat{\sigma}^2$	2,21	2,39	141,17	111,53	922.406	1,70	2,63	168,90	94,56	984.754
$\hat{h}_x^2$	0,76	0,75	0,76	0,71	0,71	0,80	0,79	0,58	0,71	0,65
CV%	2,04	2,12	5,49	9,06	18,35	1,82	2,26	6,26	8,69	17,40
Máx.	77,66	77,21	256,06	147,05	7.850	77,52	78,14	229,92	137,98	8.084
Mín.	67,35	67,84	177,10	81,85	3.084	67,11	67,49	184,87	84,41	2.671
Média	72,87	72,99	216,45	116,51	5.233	71,66	71,83	207,73	111,93	5.703
BRSSM										
$\hat{\sigma}_g^2$	5,41**	5,99**	194,74**	104,22**	1.032.136**	4,53**	7,07**	191,75**	119,77**	1.060.034**
$\hat{\sigma}^2$	2,26	2,57	122,89	101,03	735.022	1,66	2,67	75,05	63,44	460.005
$\hat{h}_x^2$	0,83	0,82	0,76	0,67	0,74	0,84	0,84	0,84	0,79	0,82
CV%	2,07	2,18	5,40	9,28	19,47	1,82	2,29	4,20	7,25	14,26
Máx.	76,69	78,56	246,81	136,64	6.615	77,56	77,78	241,36	134,29	7.458
Mín.	67,18	67,44	174,34	85,01	2.345	66,03	65,16	170,27	78,95	2.367
Média	72,76	73,56	205,27	108,27	4.402	71,03	71,44	206,05	109,83	4.754
BS16										
$\hat{\sigma}_g^2$	3,33**	4,71**	174,65**	108,65**	468.056**	4,14**	4,99**	156,83**	115,16**	544.760**
$\hat{\sigma}^2$	3,16	3,90	150,13	100,23	413.496	1,55	2,36	107,54	77,60	280.864
$\hat{h}_x^2$	0,68	0,71	0,70	0,68	0,69	0,84	0,81	0,74	0,75	0,80
CV%	2,72	2,97	6,26	11,08	22,31	1,98	2,41	5,49	10,15	20,69
Máx.	68,72	70,66	228,61	114,47	4.692	67,48	69,46	219,33	112,36	4.506
Mín.	61,09	60,61	165,78	68,27	1.602	58,64	59,76	150,19	65,98	757
Média	65,45	66,56	195,85	90,35	2.881	62,86	63,80	189,02	86,83	2561
BS17										
$\hat{\sigma}_g^2$	1,04**	1,11	78,42	56,06	1.245.480**	0,79**	1,02**	84,85**	82,77**	1.648.741**
$\hat{\sigma}^2$	1,72	4,18	244,53	196,16	831.960	2,18	2,80	82,46	87,99	550.802
$\hat{h}_x^2$	0,55	0,35	0,39	0,36	0,75	0,42	0,42	0,67	0,65	0,86
CV%	1,83	2,77	7,37	12,89	34,34	2,22	2,45	3,95	7,90	18,40
Máx.	73,74	75,08	223,91	117,75	5.748	68,04	70,05	248,49	137,51	7.320
Mín.	69,72	72,49	198,19	96,91	1.027	65,11	66,89	209,00	100,18	1.796
Média	71,83	73,75	212,08	108,67	2.656	66,54	68,34	229,76	118,70	4.033
BS26										
$\hat{\sigma}_g^2$	2,29**	3,56**	199,59**	103,07**	479.838**	2,59**	3,98**	187,01**	84,8**	732.512**
$\hat{\sigma}^2$	1,99	2,69	134,28	72,52	477.559	0,69	1,53	84,82	69,90	290.582
$\hat{h}_x^2$	0,70	0,73	0,75	0,74	0,67	0,88	0,84	0,82	0,71	0,83
CV%	2,13	2,42	6,27	9,81	33,08	1,33	1,93	5,06	10,15	20,40
Máx.	70,14	71,77	212,54	107,51	3.489	66,05	68,96	212,20	103,38	5.152
Mín.	63,17	62,70	156,54	62,88	887	58,10	59,31	149,70	62,42	791
Média	66,36	67,66	184,95	86,78	2.088	62,50	63,94	181,85	82,37	2.642

Tabela 4. Continuação...

Parâm.	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
	<i>Viçosa</i>					<i>Coimbra</i>				
	BS27									
$\hat{\sigma}_g^2$	3,65**	6,13**	166,82**	109,94**	770.918**	4,86**	5,03**	169,84**	146,69**	886.526**
$\hat{\sigma}^2$	3,14	3,81	115,35	117,24	466.790	1,91	2,52	123,92	77,70	378.203
$\hat{h}_x^2$	0,70	0,76	0,74	0,65	0,77	0,84	0,80	0,73	0,79	0,82
CV%	2,65	2,87	5,17	10,09	26,23	2,15	2,42	5,61	8,95	19,28
Máx.	70,94	73,45	237,90	128,16	6.244	68,48	70,24	224,89	123,72	7.510
Mín.	62,87	62,77	180,93	84,19	731	59,28	60,90	172,23	69,03	1.194
Média	66,84	68,15	207,78	107,32	2.604	64,32	65,48	198,44	98,50	3.190
	BS28									
$\hat{\sigma}_g^2$	2,62**	3,32**	227,69**	122,21**	553.008**	3,55**	3,53**	183,68**	91,31**	382.175**
$\hat{\sigma}^2$	2,00	2,51	75,47	47,55	470.586	1,69	2,27	108,11	56,16	384.828
$\hat{h}_x^2$	0,72	0,73	0,86	0,84	0,70	0,81	0,76	0,77	0,76	0,67
CV%	2,53	2,87	5,44	9,43	21,76	2,42	2,73	7,65	13,49	24,41
Máx.	59,87	60,20	201,32	103,12	4.943	58,66	60,96	167,27	79,99	4.356
Mín.	53,72	50,41	128,62	49,23	1.838	50,18	51,27	109,02	36,21	1.258
Média	56,00	55,23	159,83	73,13	3.152	53,58	55,18	136,00	55,56	2.541
	BS29									
$\hat{\sigma}_g^2$	4,43**	3,83**	165,87**	129,1**	898626,45**	2,4**	5,22**	185,11**	84,54**	427983,42**
$\hat{\sigma}^2$	2,49	2,48	90,97	69,05	875174,04	1,97	3,31	90,06	56,12	963850,18
$\hat{h}_x^2$	0,78	0,76	0,78	0,79	0,67	0,71	0,76	0,80	0,75	0,47
CV%	2,51	2,53	5,01	8,64	18,89	2,29	2,91	5,52	8,93	22,56
Máx.	66,67	67,38	220,52	132,20	6874,47	65,54	67,19	200,89	113,36	5549,18
Mín.	57,74	57,83	157,45	73,22	3186,43	58,45	57,70	143,68	66,25	3026,00
Média	62,87	62,16	190,28	96,22	4953,61	61,30	62,47	171,81	83,88	4352,34
	BSTL									
$\hat{\sigma}_g^2$	3,81**	6,09**	191,85**	166,31**	494.582**	4,30**	6,24**	159,31**	124,49**	828.508**
$\hat{\sigma}^2$	1,89	3,01	108,36	73,18	463.685	2,35	3,39	129,58	87,08	363.865
$\hat{h}_x^2$	0,80	0,80	0,78	0,82	0,68	0,79	0,79	0,71	0,74	0,82
CV%	2,02	2,47	5,36	8,94	29,59	2,30	2,67	6,14	10,70	24,58
Máx.	73,14	76,70	221,48	129,17	4.329	70,95	76,27	212,29	120,22	7.268
Mín.	62,33	64,23	163,64	69,74	1.397	61,92	63,69	152,46	64,84	978
Média	67,94	70,16	194,31	95,72	2.301	66,60	68,96	185,37	87,18	2.454
	FS8A(S)									
$\hat{\sigma}_g^2$	1,34**	2,26**	243,47**	127,62**	729.766**	1,91**	3,55**	154,83**	83,75**	716.951**
$\hat{\sigma}^2$	1,52	2,42	111,49	82,98	641.372	1,39	2,02	96,78	74,40	777.838
$\hat{h}_x^2$	0,64	0,65	0,81	0,75	0,69	0,73	0,78	0,76	0,69	0,65
CV%	1,72	2,14	4,84	8,67	19,60	1,74	2,06	4,63	8,54	16,31
Máx.	73,98	76,39	255,29	129,85	6.433	71,32	73,86	246,67	130,25	6.999
Mín.	68,56	69,90	186,80	78,41	2.033	64,35	65,69	182,41	82,93	3.737
Média	71,57	72,85	218,06	105,07	4.085	67,72	69,15	212,53	101,01	5.406
	FS8B(S)									
$\hat{\sigma}_g^2$	2,15**	3,07**	114,59**	37,16**	658.148**	2,64**	1,92**	173,08**	92,28**	969.032**
$\hat{\sigma}^2$	1,21	2,63	95,27	84,94	688.096	1,43	1,82	125,62	105,87	582.607
$\hat{h}_x^2$	0,78	0,70	0,71	0,47	0,66	0,79	0,68	0,73	0,64	0,77
CV%	1,58	2,26	5,13	10,01	27,30	1,79	1,97	5,56	10,30	17,10
Máx.	75,09	76,10	222,56	105,21	6.266	71,71	73,56	234,46	119,29	7.709
Mín.	67,29	69,09	169,58	80,33	1.687	63,84	65,76	173,32	81,69	2.571
Média	69,67	71,86	190,23	92,06	3.038	66,90	68,51	201,75	99,86	4.464

Tabela 4. Continuação...

Parâm.	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
	<i>Viçosa</i>					<i>Coimbra</i>				
	IPR164									
$\hat{\sigma}_g^2$	1,39**	2,56**	163,8**	111,52**	954.010**	2,18**	3,15**	139,28**	147,51**	753.515**
$\hat{\sigma}^2$	0,92	2,23	101,06	74,86	742.284	1,30	1,59	148,92	98,05	1.751.483
$\hat{h}_x^2$	0,75	0,70	0,76	0,75	0,72	0,77	0,80	0,65	0,75	0,46
CV%	1,33	2,06	4,80	7,54	15,40	1,56	1,75	6,04	8,85	21,20
Máx.	75,05	76,82	239,51	145,44	8.125	76,56	82,78	225,55	160,66	7.388
Mín.	68,67	68,47	179,64	91,41	3.160	69,62	68,80	178,74	88,11	4.241
Média	72,37	72,39	209,35	114,77	5.595	72,91	71,87	201,96	111,88	6.243
	UFVM100(HS)C2									
$\hat{\sigma}_g^2$	4,69**	6,02**	156,05**	106,79**	1.311.897**	5,26**	4,1**	247,03**	148,46**	1.157.730**
$\hat{\sigma}^2$	4,95	7,39	297,31	203,61	1.113.039	2,99	2,44	125,69	108,50	1.112.452
$\hat{h}_x^2$	0,65	0,62	0,51	0,51	0,70	0,78	0,77	0,80	0,73	0,68
CV%	3,03	3,67	7,34	10,14	19,28	2,45	2,18	5,00	8,36	17,61
Máx.	78,76	79,45	262,85	165,05	8.038	74,44	75,81	260,81	158,61	8.540
Mín.	69,26	69,54	210,86	121,35	3.310	65,49	66,57	179,69	92,70	3.809
Média	73,50	74,17	235,04	140,67	5.473	70,57	71,65	224,27	124,62	5.990
	UFVM200(HS)C3									
$\hat{\sigma}_g^2$	0,98**	1,88**	59,95**	31,71**	671.574**	1,07**	0,84**	59,37**	57,95**	300.698**
$\hat{\sigma}^2$	1,13	2,99	82,86	83,12	1.243.163	1,15	1,14	151,84	110,12	1.170.013
$\hat{h}_x^2$	0,63	0,56	0,59	0,43	0,52	0,65	0,60	0,44	0,51	0,34
CV%	1,54	2,45	3,54	6,25	14,42	1,57	1,53	4,98	7,82	14,41
Máx.	71,47	72,93	271,40	155,64	9.806	70,31	72,58	260,26	146,00	8.408
Mín.	66,72	68,19	242,32	136,52	6.027	66,41	67,21	231,22	119,68	6.647
Média	69,17	70,68	257,40	145,96	7.731	68,47	69,71	247,29	134,19	7.507

**Tabela 5.** Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) mensurados em progênie derivadas de 15 populações de milho com base na média de locais (análise conjunta). Safra 2021/2022

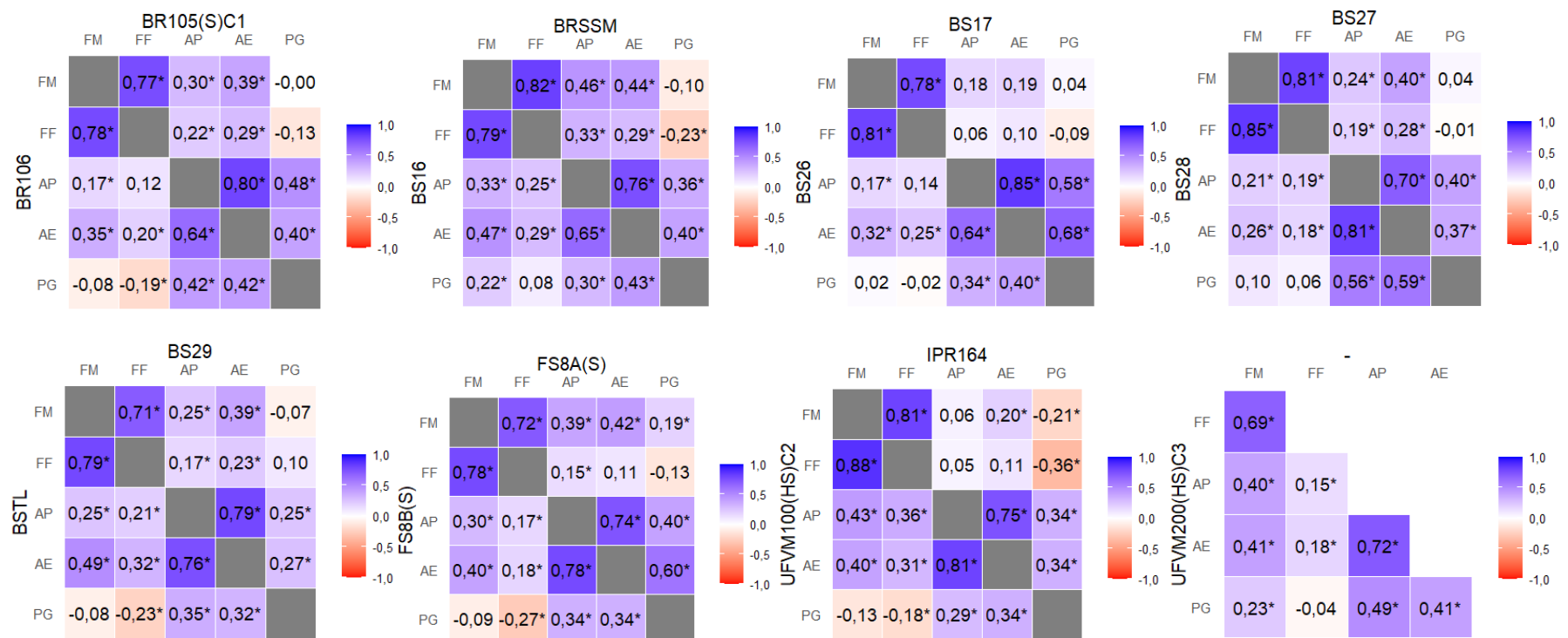
Parâm.	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
	BR105(S)C1					BR106					BRSSM				
$\hat{\sigma}_g^2$	3,5**	4,69**	119,34**	81,87**	515.572**	3,41**	3,81**	161,43**	120,61**	818.357**	4,74**	6,22**	189,42**	113,83**	937.252**
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	0,10	0,00	2,89	4,10	11.495	0,08	0,44*	7,39	4,28	200.003**	0,24	0,31	3,95	0,00	111.550*
$\hat{\sigma}^2$	2,55	3,35	151,02	105,26	798.146	1,96	2,51	155,13	103,01	952.686	1,97	2,63	99,51	79,33	596.611
$\hat{h}_x^2$	0,84	0,85	0,75	0,74	0,72	0,87	0,82	0,79	0,81	0,71	0,89	0,88	0,88	0,85	0,82
CV%	2,17	2,42	5,55	8,08	19,67	1,92	2,17	5,75	8,66	18,65	1,93	2,20	4,84	8,21	17,55
Máx.	78,00	81,92	240,26	143,54	7.568	77,67	77,48	249,35	147,61	7.340	77,84	79,60	248,29	134,63	6.705
Mín.	68,59	69,19	195,10	106,84	2.606	67,28	68,48	187,33	87,03	3.027	67,36	66,99	172,02	77,15	2.149
Média	73,68	75,48	221,41	127,03	4.542	72,87	73,13	216,67	117,20	5.234	72,76	73,58	205,99	108,53	4.400
	BS16					BS17					BS26				
$\hat{\sigma}_g^2$	3,27**	4,15**	162,94**	107,73**	503.702**	0,85**	1,27**	73,78**	74,74**	1.400.319**	2,35**	3,54**	184,05**	78,23**	472.792**
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	0,43*	0,67**	4,06	4,12	15.481	0,00	0,00	21,55	2,42	84.298	0,10	0,21	10,58	13,93*	135.854**
$\hat{\sigma}^2$	2,37	3,15	129,15	88,91	342.975	2,10	3,29	150,73	134,39	691.767	1,31	2,08	107,44	72,12	378.422
$\hat{h}_x^2$	0,80	0,79	0,83	0,82	0,84	0,62	0,61	0,60	0,68	0,87	0,86	0,85	0,85	0,76	0,74
CV%	2,35	2,66	5,79	10,39	21,19	2,03	2,47	5,71	10,61	29,06	1,73	2,13	5,60	9,80	30,02
Máx.	69,38	71,04	226,66	115,88	4.768	73,16	75,64	232,77	128,42	5.712	69,65	72,37	214,34	107,24	3.949
Mín.	61,37	61,80	156,87	68,48	1.300	69,41	71,61	199,22	94,14	959	62,39	63,24	153,33	65,24	746
Média	65,65	66,78	196,28	90,76	2.764	71,29	73,40	215,08	109,29	2.862	66,28	67,63	185,16	86,67	2.048
	BS27					BS28					BS29				
$\hat{\sigma}_g^2$	4,17**	5,14**	163,14**	132,27**	798.808**	2,92**	3,28**	212,72**	104,50**	427.034**	2,21**	4,44**	165,26**	97,57**	529.819**
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	0,22	0,46*	5,55	2,14E-08	32.918	0,12	0,14	0,00	4,79	37.126	1,10**	0,19	13,39	6,89	105.822
$\hat{\sigma}^2$	2,48	3,13	120,54	94,22	418.023	1,86	2,41	91,34	52,04	444.915	2,25	2,89	90,39	62,91	937
$\hat{h}_x^2$	0,85	0,84	0,83	0,85	0,87	0,85	0,83	0,90	0,87	0,77	0,67	0,84	0,85	0,84	0,65
CV%	2,37	2,60	5,26	9,07	24,66	2,43	2,80	6,02	10,02	21,75	2,38	2,73	5,01	8,26	20,19
Máx.	71,06	72,45	235,58	130,41	6.961	60,94	61,27	198,00	95,84	4.637	66,64	67,62	217,68	129,93	6.189
Mín.	61,49	62,93	180,79	76,21	795	53,31	50,49	125,06	51,12	1.824	60,16	57,06	158,61	78,11	3.415
Média	66,49	68,18	208,54	106,99	2.622	56,01	55,39	158,84	71,98	3.067	63,05	62,17	189,89	95,97	4.796

Tabela 5. Continuação...

Parâm.	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
	BSTL					FS8A(S)					FS8B(S)				
$\hat{\sigma}_g^2$	4,03**	6,04**	166,45**	144,55**	619.763**	1,59**	2,42**	181,84**	105,99**	641.974**	2,11**	2,19**	134,39**	67,09**	723.694**
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	0,10	0,05	14,61	3,27	53.066	0,06	0,55**	16,20*	0,39	88.638	0,30**	0,34*	9,56	6,47E-08	96.054*
$\hat{\sigma}^2$	2,10	3,26	119,12	79,19	407.608	1,45	2,21	105,40	78,38	710.501	1,34	2,22	110,37	94,18	631.878
$\hat{h}_x^2$	0,88	0,88	0,82	0,87	0,83	0,80	0,74	0,84	0,84	0,74	0,81	0,75	0,81	0,74	0,78
CV%	2,13	2,57	5,59	9,29	28,20	1,69	2,05	4,65	8,35	20,21	1,66	2,07	5,52	10,41	26,44
Máx.	73,01	78,34	224,12	134,32	5.942	74,77	76,85	257,41	135,69	6.261	74,15	77,14	222,10	112,52	6.174
Mín.	62,50	64,16	168,58	69,63	1.069	67,62	69,58	189,38	80,21	2.415	67,25	69,05	164,34	73,35	1.238
Média	68,15	70,34	195,38	95,74	2.263	71,35	72,51	220,60	106,05	4.169	69,86	72,04	190,36	93,23	3.005
	IPR164					UFVM100(HS)C2					UFVM200(HS)C3				
$\hat{\sigma}_g^2$	1,73**	2,78**	156,24**	132,61**	773.196**	4,95**	5,35**	184,7**	117,8**	982.458**	1,08**	1,19**	52,81**	37,15**	528.797**
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	1,70E-09	0,03	0,00	1,21E-06	93.978	0,19	0,00	15,35	10,05	249.342**	0,00	0,15	6,60	8,30	0
$\hat{\sigma}^2$	1,12	1,93	123,85	85,39	1.224.242	4,16	4,96	216,53	159,52	1.119.294	1,08	2,07	117,46	96,24	1.169.445
$\hat{h}_x^2$	0,86	0,85	0,83	0,86	0,69	0,81	0,81	0,75	0,72	0,71	0,80	0,67	0,62	0,57	0,64
CV%	1,46	1,92	5,38	8,12	20,14	2,81	3,04	6,36	9,21	18,89	1,50	2,03	4,21	6,72	13,99
Máx.	75,86	80,35	235,26	156,13	7.167	77,07	78,06	265,55	168,88	7.780	71,66	73,23	272,54	156,54	9.481
Mín.	68,98	68,91	178,79	88,28	3.461	67,30	67,51	195,25	108,15	3.327	66,47	68,05	242,21	134,60	6.062
Média	72,50	72,51	206,96	113,75	5.493	72,60	73,23	231,47	137,19	5.599	69,27	70,76	257,43	146,00	7.727

**Figura 1.** Estimativas de correlações entre vetores de valores genéticos dos caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) avaliados nas progênes das 15 populações com base em média de locais

\*Significativo a 5% de probabilidade pelo t.



**Tabela 6.** Predição de ganho genético (%) para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) para as 15 populações com base na seleção truncada para PG

Populações	FM <sup>1/</sup>	FF	AP	AE	PG
BR105(S)C1	-0,12	-0,51	4,37	5,07	24,35
BR106	0,30	0,07	3,78	7,76	21,71
BRSSM	-0,30	-0,64	6,19	9,23	35,22
BS16	0,65	-0,30	2,93	7,32	43,26
BS17	-0,08	-0,28	2,68	6,00	60,51
BS26	0,10	-0,33	4,44	6,38	50,80
BS27	0,07	0,65	3,76	7,19	56,75
BS28	0,82	0,83	8,39	10,68	30,51
BS29	-0,26	0,68	1,69	3,58	19,58
BSTL	-0,34	-0,82	3,16	5,34	55,43
FS8A(S)	0,32	-0,18	4,10	7,99	29,33
FS8B(S)	-0,16	-0,71	3,16	4,68	47,46
IPR164	-0,36	-0,59	3,26	4,28	22,03
UFVM100(HS)C2	0,09	-0,51	4,42	6,23	25,72
UFVM200(HS)C3	0,42	-0,09	1,78	2,66	13,37

<sup>1/</sup> Os valores dos ganhos preditos estão em porcentagem.

**Tabela 7.** Predição de ganho genético (%) para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias), dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de espiga (AE, cm), altura de planta (AP, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) para as 15 populações com base na seleção simultânea para FF e PG obtido com emprego do índice FAI-BLUP

Populações	FM <sup>1/</sup>	FF	AP	AE	PG
BR105(S)C1	-2,54	-3,25	0,35	-0,93	17,79
BR106	-2,70	-3,45	1,43	1,20	13,96
BRSSM	-3,36	-4,51	0,58	-0,26	23,52
BS16	1,14	1,23	1,69	0,81	-0,46
BS17	-0,78	-1,14	0,97	3,63	45,29
BS26	-1,87	-2,64	1,42	1,72	36,77
BS27	-1,97	-3,13	-0,49	-0,86	42,91
BS28	-0,56	-0,71	-1,31	-2,33	-1,16
BS29	-0,60	-1,13	-1,01	-2,88	0,09
BSTL	-2,13	-3,24	1,41	1,02	44,14
FS8A(S)	-0,94	-1,93	1,45	2,68	22,34
FS8B(S)	-1,08	-2,04	1,62	2,63	40,82
IPR164	-1,80	-2,40	2,08	2,13	16,40
UFVM100(HS)C2	-2,63	-3,55	0,04	0,77	22,33
UFVM200(HS)C3	-0,53	-1,49	0,88	0,98	9,34
BR105(S)C1 <sup>HN2/</sup>	-1,45	-1,76	2,30	2,55	12,72
BR105(S)C1 <sup>CO</sup>	-1,30	-1,90	2,15	2,00	21,95
BR106 <sup>HN</sup>	-2,32	-3,00	1,82	1,03	12,62
BR106 <sup>CO</sup>	-1,71	-2,78	1,35	2,10	13,99
BRSSM <sup>HN</sup>	-2,97	-3,87	0,88	2,11	18,43
BRSSM <sup>CO</sup>	-2,20	-3,92	-0,31	0,73	18,13
BS16 <sup>HN</sup>	-0,70	-1,79	1,99	6,03	27,04
BS16 <sup>CO</sup>	-1,47	-2,33	1,75	4,81	32,27
BS17 <sup>HN</sup>	-0,61	-0,65	1,10	2,63	48,31
BS17 <sup>CO</sup>	-0,17	-0,45	0,87	2,08	32,00
BS26 <sup>HN</sup>	-1,34	-2,03	3,01	3,71	37,49
BS26 <sup>CO</sup>	-1,37	-2,13	0,79	2,92	33,08
BS27 <sup>HN</sup>	-1,36	-2,60	1,34	2,30	40,41
BS27 <sup>CO</sup>	-1,39	-2,15	0,66	1,92	32,13
BS28 <sup>HN</sup>	-1,39	-1,44	4,73	6,26	19,06
BS28 <sup>CO</sup>	-1,59	-2,19	4,30	5,74	26,55
BS29 <sup>HN</sup>	-2,23	-2,19	1,68	1,19	10,80
BS29 <sup>CO</sup>	-1,22	-2,91	1,29	1,66	10,53
BSTL <sup>HN</sup>	0,09	-1,30	3,88	7,06	39,60
BSTL <sup>CO</sup>	-0,70	-1,12	2,50	3,91	52,85
FS8A(S) <sup>HN</sup>	-0,56	-1,44	1,75	5,12	23,80
FS8A(S) <sup>CO</sup>	-0,40	-1,51	2,06	4,33	16,62
FS8B(S) <sup>HN</sup>	-1,17	-1,80	2,80	3,06	36,62
FS8B(S) <sup>CO</sup>	-0,43	-0,94	3,05	3,55	28,80
IPR164 <sup>HN</sup>	-1,17	-1,80	2,28	2,01	15,37
IPR164 <sup>CO</sup>	-1,45	-1,80	2,72	1,99	10,61
UFVM100(HS)C2 <sup>HN</sup>	-2,59	-3,25	-0,42	-0,54	21,15
UFVM100(HS)C2 <sup>CO</sup>	-2,57	-2,87	-1,50	-1,05	18,01
UFVM200(HS)C3 <sup>HN</sup>	-0,28	-1,53	0,94	0,91	10,16
UFVM200(HS)C2 <sup>CO</sup>	-0,41	-0,72	0,82	1,49	4,08

<sup>1/</sup> Os valores dos ganhos preditos estão em percentagem. <sup>2/</sup>HN<sup>CO</sup>: seleção com base na média dos dois locais e resposta em Coimbra e Viçosa, respectivamente.