

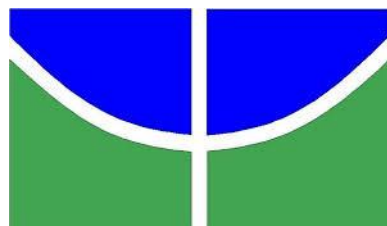
UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**Seleção de Híbridos de Milho em Múltiplos Locais no Cerrado em Cultivo
de Segunda Safra**

Felipe Zôrzo

Dissertação de Mestrado em Agronomia

Brasília-DF
Julho/2019



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**Seleção de Híbridos de Milho em Múltiplos Locais no Cerrado em Cultivo
de Segunda Safra**

Felipe Zôrzo

Orientador: Prof. Dr. Marcelo Fagioli

Co-orientador: Pesquisador Dr. Renato Fernando Amabile

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM AGRONOMIA

**Brasília-DF
Julho/2019**



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**Seleção de Híbridos de Milho em Múltiplos Locais no Cerrado em Cultivo
de Segunda Safra**

Felipe Zôrzo

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO SUBMETIDO À FACULDADE DE AGRONOMIA
E MEDICINA VETERINÁRIA DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA - UnB, COMO
PARTE DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO GRAU DE MESTRE
EM AGRONOMIA.**

APROVADO POR:

MARCELO FAGIOLI, Eng. Agrônomo Dr., Universidade de Brasília - UnB, Orientador,
mfagioli@unb.br

FÁBIO GELAPE FALEIRO, Eng. Agrônomo Dr., Embrapa Cerrados – Brasília/DF,
Examinador Interno, fabio.faleiro@embrapa.br

ADRIANO DELLY VEIGA, Eng. Agrônomo Dr., Embrapa Cerrados. Examinador Externo,
adriano.veiga@embrapa.br

Brasília-DF, 12 de julho de 2019

FICHA CATALOGRÁFICA

ZF315s	<p>Zôrzo, Felipe</p> <p>Seleção de híbridos de milho em múltiplos locais no Cerrado em cultivo de segunda safra / Felipe Zôrzo; orientador Marcelo Fagioli; co-orientador Renato Fernando Amabile. -- Brasília, 2019.</p> <p>101 p.</p> <p>Dissertação (Mestrado - Mestrado em Agronomia) -- Universidade de Brasília, 2019.</p> <p>1. Melhoramento genético. 2. Zea mays L.. 3. Cerrado. 4. Híbridos de milho. 5. Índices de seleção. I. Fagioli, Marcelo, orient. II. Amabile, Renato Fernando, co-orient. III. Título.</p>
--------	---

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

ZÔRZO, F. **Seleção de híbridos de milho em múltiplos locais no Cerrado em cultivo de segunda safra.** 2019. 101f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, UnB, 2019.

CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: Felipe Zôrzo.

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO DE MESTRADO: Seleção de híbridos de milho em múltiplos locais no cerrado em cultivo de segunda safra.

GRAU: Mestre ANO: 2019

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta dissertação de mestrado para única e exclusivamente propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta dissertação de mestrado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor. Citações são estimuladas, desde que citada a fonte.

DEDICATÓRIA

A Deus, por tudo que me deu na vida.

A minha mãe, pelo amor que tem por mim e por me ter dado o respaldo pra seguir na vida acadêmica.

Ao meu pai, por ter me ensinado a gostar das coisas simples da vida e todo amor dedicado a mim.

Aos meus irmãos Ivan e Ivonir por ser um exemplo de caráter, persistência e disciplina.

A minha esposa Roxéli, por todo amor e carinho dedicados a mim durante toda essa longa jornada.

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador Marcelo Fagioli, que coordenou com maestria além de sempre me incentivar com palavras positivas.

Ao meu grande amigo e co-orientador Renato Amabile por sempre acreditar no meu potencial, e ter me direcionado para o caminho do estudo e do trabalho.

Ao meu grande amigo Juaci Malaquias, da Embrapa Cerrados, pela grande ajuda nas análises estatísticas deste trabalho.

Aos meus professores pelos ensinamentos acadêmicos e de vida proporcionados.

A minha banca examinadora, nos nomes de Fábio Faleiro e Adriano Veiga, por participar dessa etapa da minha carreira acadêmica e mostraram-se sempre disponíveis para ajudar.

À Empresa Inova Genética LTDA pela possibilidade da realização deste trabalho.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa e, em especial, a Embrapa Cerrados pela colaboração na realização deste trabalho.

À Universidade de Brasília, através da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, pela acolhida durante a minha vida acadêmica.

A todos aqueles que, de alguma forma, colaboraram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO.....	3
ABSTRACT	4
1 INTRODUÇÃO.....	5
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	8
2.1 A cultura do milho	8
2.2 Botânica e melhoramento genético de milho.....	13
2.3 Delineamento em Blocos Aumentados	20
2.4 Metodologias experimentais e estatísticas usadas no Delineamento de Blocos Aumentados.....	22
2.5 Índices de seleção paramétricos e não paramétricos.....	27
3. OBJETIVOS	30
3.1. Geral	30
3.2. Específicos	30
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	31
CAPÍTULO I - CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS TRIPLOS DE MILHO EM DIFERENTES LOCAIS DO CERRADO BRASILEIRO	39
RESUMO.....	39
CHARACTERIZATION OF TRIPLE HYBRIDS OF CORN IN DIFFERENT LOCATIONS OF THE BRAZILIAN CERRADO.....	40
ABSTRACT	40
1. INTRODUÇÃO.....	41
2. MATERIAL E MÉTODOS	42
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	48
4. CONCLUSÕES.....	52
5. TABELAS.....	50
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	66
CAPÍTULO II – SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA O CERRADO UTILIZANDO DELINEAMENTO DE BLOCOS AUMENTADOS EM DIFERENTES AMBIENTES	69
RESUMO.....	69
MAIZE HYBRID SELECTION FOR THE CERRADO USING AUGMENTED BLOCKS DESIGN IN DIFERENT LOCATIONS	70
ABSTRACT	70
1. INTRODUÇÃO	71
2. MATERIAL E MÉTODOS	72
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	75
4. CONCLUSÕES.....	78

5. TABELAS E FIGURAS	79
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	84
CAPÍTULO III - COMPARAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO PARAMÉTRICOS E NÃO PARAMÉTRICOS PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO NO CERRADO BRASILEIRO	86
RESUMO.....	86
COMPARISON OF PARAMETRIC AND NON-PARAMETRIC SELECTION INDICES FOR SELECTION OF CORN HYBRIDS IN THE BRAZILIAN CERRADO	87
ABSTRACT	87
1. INTRODUÇÃO.....	81
2. MATERIAL E MÉTODOS	83
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	87
4. CONCLUSÕES.....	92
5. TABELAS.....	93
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	99

RESUMO

O milho é o cereal mais produzido no mundo atualmente, com mais de 1 bilhão de toneladas produzidas ao ano. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho, tornando a cultura ainda mais relevante no contexto da sustentabilidade nacional. A seleção de genótipos de milho com bom desempenho tem alta complexidade devido ao fato dos caracteres agrônômicos de maior relevância econômica serem de natureza quantitativa e correlacionados entre si. Além da alta produtividade de grãos, algumas características fenotípicas são desejáveis, entre elas, plantas baixas, precocidade, baixa inserção das espigas, tolerância ao acamamento, resistência a doenças. O objetivo desse trabalho foi avaliar, caracterizar e selecionar híbridos triplos de melhor desempenho, através da análise estatística conjunta para o delineamento de blocos aumentados e índices de seleção, em diferentes locais e regiões do Cerrado no ano safra de 2017/2018. Foi utilizado o delineamento em blocos aumentados, no qual foram avaliados 73 genótipos de milho, sendo 70 híbridos experimentais compondo os tratamentos sem repetição, e 3 híbridos comerciais testemunhas; em quatro locais, semeados na segunda safra. As análises estatísticas foram realizadas através do *software* SAS, onde cada um dos quatro locais foi analisado individualmente e posteriormente foram avaliados na análise conjunta. Os valores de média para as variáveis respostas foram submetidos ao teste de Scott-Knott para cada um dos locais individualmente e para a análise conjunta. Foram comparados diferentes estratégias e índices de seleção dos genótipos, onde considerou-se como características principais a produtividade e resistência ao acamamento e, como características secundárias, a sanidade geral de cada híbrido, precocidade, altura de plantas e altura de espigas. Foram utilizados para seleção dos genótipos os índices Livre de Pesos e Parâmetros, Ganhos Genéticos Desejados, Soma de Ranks, Distância Genótipo-Ideótipo, Seleção Direta e Indireta, índice Multiplicativo e Índice Clássico. Os híbridos experimentais HT007, HT008, HT018, HT004, HT024, HT005 e HT071 tiveram desempenho igual as testemunhas, para produtividade em kg ha^{-1} , pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5 % de significância. Os índices de Ganhos Desejados, Distância Genótipo-Ideótipo e Multiplicativo não se mostram adequados para selecionar simultaneamente as seis características de interesse para o milho, nas condições experimentais do presente trabalho. Os índices de seleção Livre de Pesos e Parâmetros e Soma de Ranks se mostraram adequados, nas condições desse trabalho, para selecionar simultaneamente as seis características de interesse.

Palavras-chave: *Zea mays* L., produtividade, melhoramento genético, milho híbrido.

ABSTRACT

Corn is the most produced cereal in the world today, with over 1 billion tons produced annually. Brazil is the third largest producer of maize in the world, making the crop even more relevant in the context of national sustainability. The selection of maize genotypes with good performance has high complexity due to the fact that agronomic traits of greater economic relevance are quantitative in nature and correlated with each other. In addition to the high grain yield, some phenotypic characteristics are desirable, among them, low plants, precocity, low spike insertion, lodging tolerance, resistance to diseases. The objective of this work was to evaluate, characterize and select triple hybrids with superior performance, through the joint statistical analysis for the design of augmented blocks; and, Selection Indexes in different places and regions of the Cerrado in the crop year of 2017/2018. Augmented Blocks Design was used in which 73 maize genotypes were evaluated, 70 experimental hybrids composing the treatments without repetition, and 3 commercial hybrids; in four locations, in the second harvest season. Statistical analyzes were performed using the *SAS software*, where each of the four sites was analyzed individually and the four sites were evaluated in the joint analysis. The averages values were subjected to the *Scott-Knott* test for each of the sites individually and for the joint analysis. Different strategies and selection indices of genotypes were compared, where productivity and resistance to lodging were considered as main characteristics and as secondary characteristics the general sanity of each hybrid, precocity, plant height and height of spikes. Weights and Parameters, Desired Genetic Gains, Rank Sum, Genotype-Ideotype Distance, Direct and Indirect Selection, Multiplicative and Classic Index were used for selection of the genotypes. Experimental hybrids HT008, HT008, HT04, HT004, HT024, HT005 and HT071 had the same performance as controls for productivity in kg ha^{-1} by the *Scott-Knott* test at the 5% level of significance. The Desired Gain, Genotype-Ideotype and Multiplicative Gain indexes are not adequate to simultaneously select the six characteristics of interest for maize, under the experimental conditions of the present work. The Free Weights and Parameters and Sum of Ranks selection indices were adequate to simultaneously select the six characteristics of interest.

Key words: *Zea mays* L., yeald, crop breeding, hybrid maize.

1 INTRODUÇÃO

O milho é o cereal mais produzido no mundo atualmente, sendo de grande importância econômica e social, indispensável para a segurança alimentar da população mundial. O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de milho, tornando a cultura ainda mais relevante no contexto da sustentabilidade nacional (USDA, 2019).

O cultivo de milho no Brasil é dividido em duas safras anuais, a primeira safra, semeada de agosto a dezembro, e a segunda safra, com semeadura entre janeiro e março. Para a safra atual (2018/2019), segundo a Conab (2019), os números são de 5,0 e 12,2 milhões de hectares plantados para a primeira e segunda safra, respectivamente. Esses números confirmam a tendência na redução da área em cultivo na primeira safra e aumento de área na segunda safra, para o cultivo de milho no Brasil.

Os estados com maior produção na safra atual (2018/2019) são: Mato Grosso, com 29,7 milhões de toneladas; Paraná, com 15,9 milhões de toneladas; Goiás, com 9,9 milhões de toneladas; e Mato Grosso do Sul, com 9,5 milhões de toneladas (CONAB, 2019). Esses quatro estados são responsáveis por cerca de 69 % da produção total brasileira. Esses números são alcançados principalmente na segunda safra, onde os mesmos estados têm uma representação ainda maior sobre o total produzido, com cerca de 87 %. Dos maiores produtores nacionais, apenas o Paraná não faz parte do Cerrado.

O Bioma Cerrado ocupa uma área de 204 milhões de hectares da porção central do Brasil e faz divisa com outras grandes formações vegetais, tendo grande importância econômica e ecológica e grande potencial para a expansão agrícola brasileira (GOEDERT, 1986).

Híbridos de milho desenvolvidos pelo melhoramento genético do milho nas últimas décadas, tem viabilizado o cultivo nas mais variadas regiões tropicais e subtropicais e alcançar

excelentes resultados de produtividade de grãos.

O caminho desde a geração de um novo híbrido até sua comercialização é longo, passando por várias etapas de avaliação para as características de interesse. Para isso, são necessários vários anos e experimentos com um mesmo genótipo até que se prove o desempenho do mesmo.

Na maioria dos programas de melhoramento genético de milho, o ensaio preliminar é o primeiro ensaio de avaliação de desempenho dos genótipos. Nessa etapa, são avaliados um grande número de genótipos, com pouca quantidade de semente de cada genótipo. Nesse sentido, é necessário optar por ensaios com poucas repetições ou até mesmo sem repetições (delineamento em blocos aumentados) para se ter uma boa eficiência do processo no que se refere à quantidade de genótipos avaliados por safra ou ano. Quanto mais genótipos em avaliação, maior é a possibilidade de se obter genótipos superiores dentro do programa de melhoramento.

Buscando melhorar a seleção de híbridos de bom desempenho, deve-se avaliar os mesmos, em uma rede de ensaios, em diferentes locais na mesma safra e realizar uma análise conjunta desses experimentos.

Índices de seleção também são uma boa opção quando se pretende selecionar genótipos baseando-se em várias características agronômicas. Genótipos promissores devem unir simultaneamente, uma série de atributos favoráveis para elevar o rendimento e satisfazer as exigências do mercado (CRUZ, 2013).

A seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014). Desse modo, os índices de seleção constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da

população avaliada.

Com os índices de seleção, criam-se valores numéricos que funcionam como uma característica adicional, teórica, resultante da combinação de determinadas características selecionadas pelo melhorista, sobre as quais se deseja realizar a seleção simultânea (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A cultura do milho

O milho (*Zea mays* L.) é pertencente à família *Poaceae*, com origem nas Américas. A sua importância econômica se caracteriza pelas diversas formas de sua utilização, que vai desde a alimentação animal até a indústria de alta tecnologia (SILVA et al., 2006). O milho é descendente da gramínea *Teosinte* (*Zea* spp.), gramínea com várias espigas; sem sabugo; e muitos perfilhos, o que não lembra em nada o milho moderno que conhecemos nos dias atuais (PATERNIANI, 1987).

Durante um longo processo de domesticação, nativos da região andina (Maias e Astecas) escolhiam as espigas mais fáceis de serem colhidas e armazenadas; plantas mais vigorosas, produtivas e de melhor qualidade. Essas atitudes iniciaram o processo de domesticação do milho. Características como redução do número de espigas por planta; espigas com maior número de grãos e espigas maiores foram selecionadas no processo de domesticação até a obtenção do milho que podia ser cultivado em diferentes regiões (PATERNIANI, 1987).

Atualmente, o milho é o cereal mais produzido no mundo, segundo o *United State Department of Agriculture* (USDA) (2019), 1,1 bilhão de toneladas foram produzidas na safra atual (2018/2019). Na safra passada (2017/2018), segundo o mesmo departamento, foram produzidos 1,076 bilhão de toneladas. O *rank* da produção mundial é liderado pelos EUA, com 371,0 e 366,3 milhões de toneladas nas safras 2017/2018 e 2018/2019 (previsão), respectivamente. Em seguida está a china com 259,1 e 257,3 milhões de toneladas nas safras 2017/2018 e 2018/2019 (previsão), respectivamente. O Brasil se encontra na terceira posição do *ranking* mundial, com números, segundo o USDA, de 82,0 milhões de toneladas na safra passada (2017/2018), e 96 milhões de toneladas prevista para a safra atual (2018/2019).

Segundo a CONAB (2019), a área cultivada com o cereal no Brasil na safra 2017/2018, foi de 16,6 milhões de hectares, com produção total de 80,7 milhões de toneladas e produtividade média de 4.857 kg ha⁻¹. Para a safra atual (2018/2019), a área plantada da cultura no Brasil é de 17,3 milhões de hectares, e a produção está estimada em 94,0 milhões de toneladas.

O cultivo de milho no Brasil é dividido em duas safras anuais, na safra passada (2017/2018), foram destinados ao cereal na primeira safra 5,1 milhões de hectares, semeada de agosto a dezembro de 2017, e 11,5 milhões de hectares destinados para a segunda safra, com semeadura entre janeiro e março/2018 (CONAB, 2018). Para a safra atual (2018/2019), segundo a Conab (2019), os números são de 5,0 e 12,2 milhões de hectares plantados para a primeira e segunda safra, respectivamente. Esses números confirmam a tendência na redução da área em cultivo na primeira safra e aumento de área na segunda safra, para o cultivo de milho no Brasil.

O aumento da área cultivada com o cereal no Brasil, se deu a partir dos anos 80 e continua até a safra atual de maneira acentuada. Em contrapartida, a área da primeira safra vem diminuindo ano após ano (Figura 1). Na safra 2011/2012, as áreas de primeira e segunda safra foram praticamente iguais e, a partir da safra 2012/2013, a segunda safra passou a ser a principal safra brasileira de milho, com maior área de cultivo que a primeira safra (CONAB, 2019).

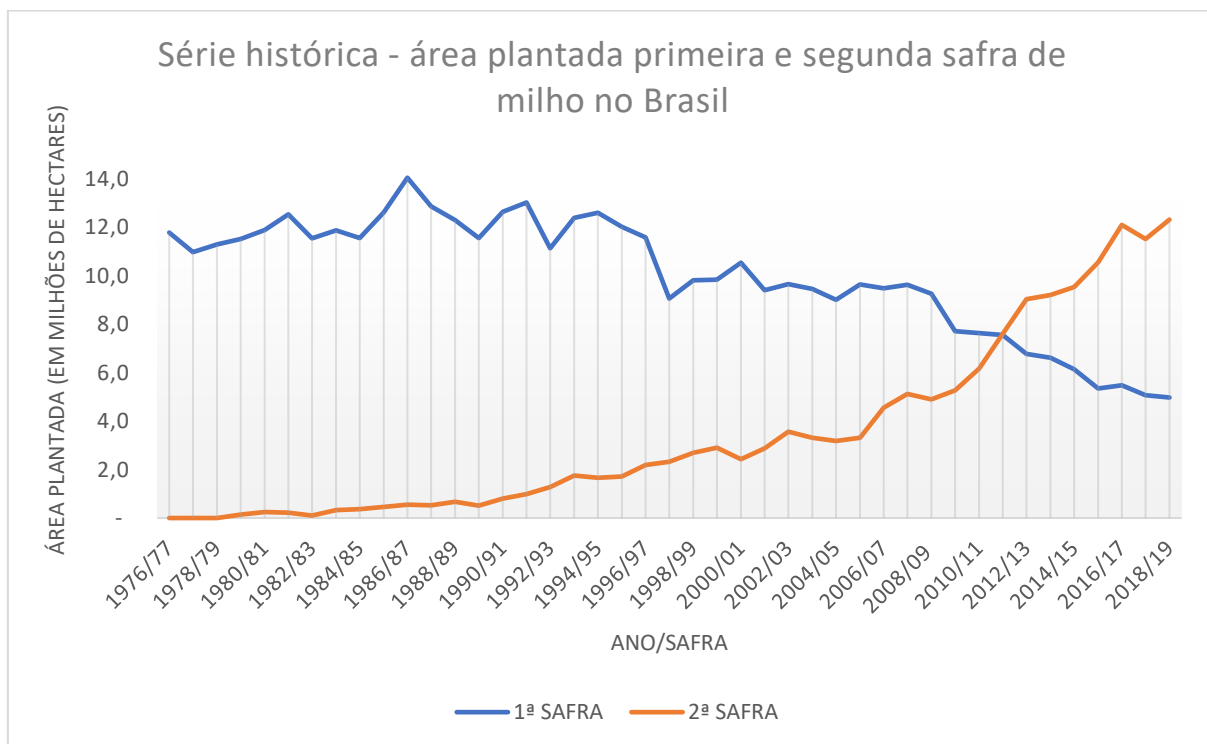


Figura 1. Série histórica da área plantada de milho no Brasil, primeira e segunda safras, em milhões de hectares. Fonte: CONAB, 2019.

A produção de milho, para primeira e segunda safras, seguem a mesma tendência da área plantada (Figura 2). Contudo, a produção da primeira safra não teve uma redução tão acentuada, devido à maiores produtividades nos últimos anos. Na segunda safra, a produção tem um histórico de grande oscilação entre um ano e outro, devido às condições climáticas adversas para esse período em alguns anos.

Na Figura 3, pode-se observar os dados históricos para produtividade em kg ha^{-1} , onde durante muitas safras, a produtividade da primeira safra foi superior à produtividade da segunda safra. A partir dos anos 2000, produtividades de primeira e segunda safra ficaram semelhantes. Ainda vale destacar que as produtividades para a segunda safra tem maior oscilação devido a um maior risco climático envolvido. Apesar dos riscos, as produtividades para ambas as safras, apresentam uma tendência de aumento ano após ano (CONAB, 2019).

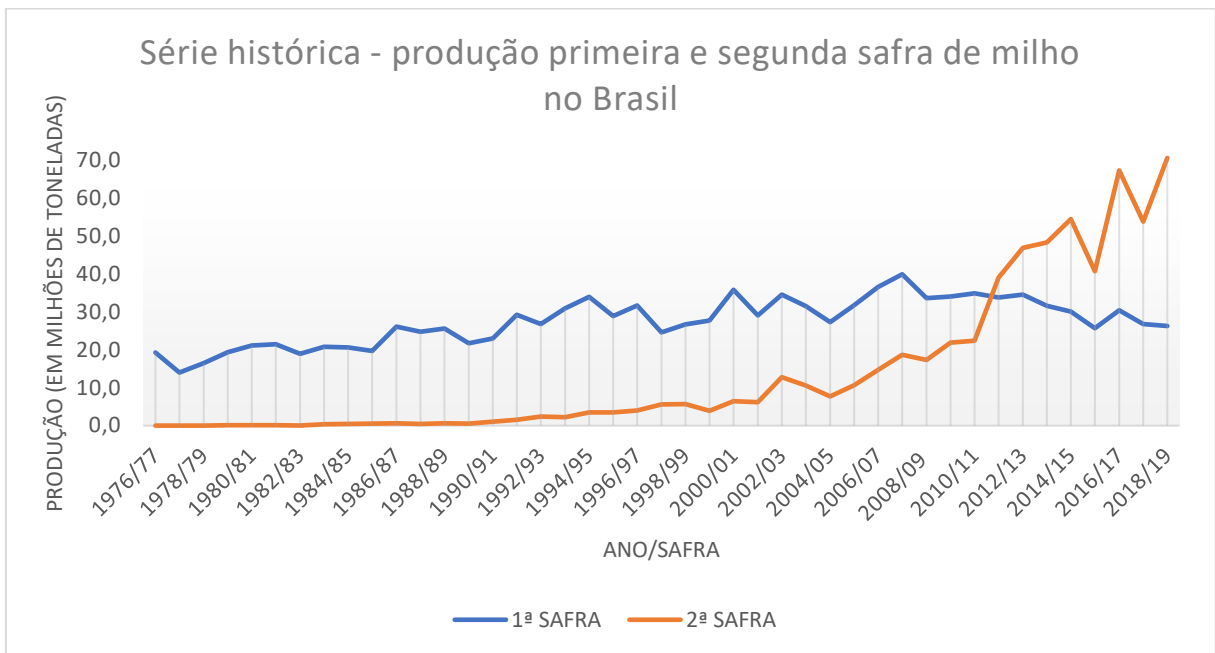


Figura 2. Série histórica da produção de milho no Brasil, primeira e segunda safras, em milhões de toneladas. Fonte: CONAB, 2019.

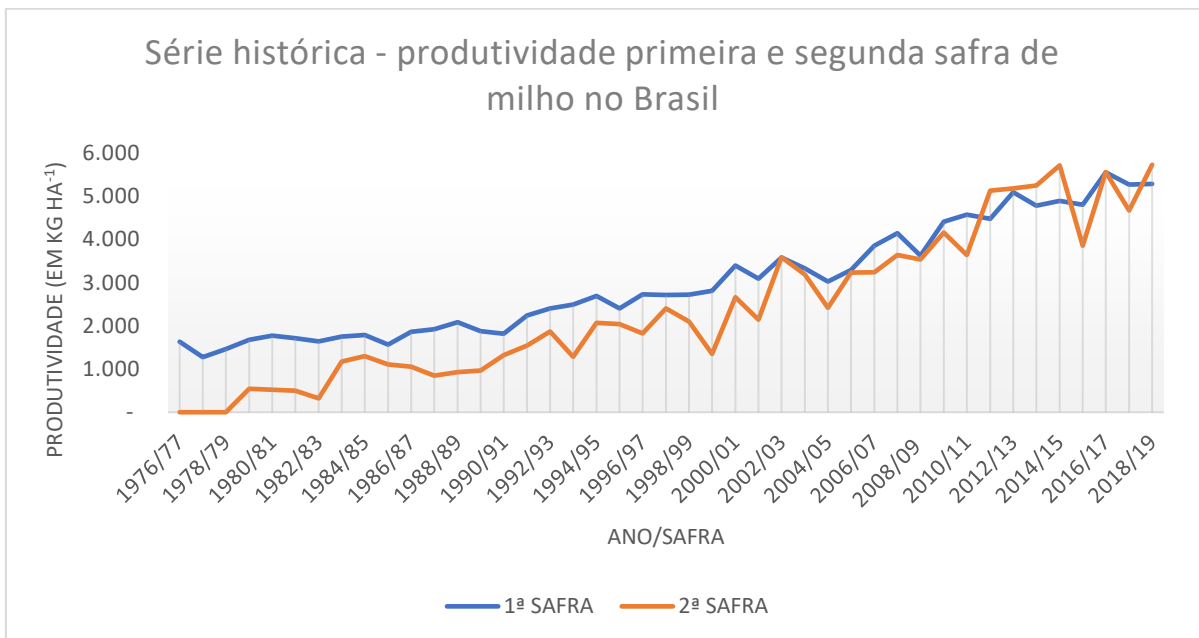


Figura 3. Série histórica da produtividade de milho no Brasil, primeira e segunda safras, em kg ha⁻¹. Fonte: CONAB, 2019.

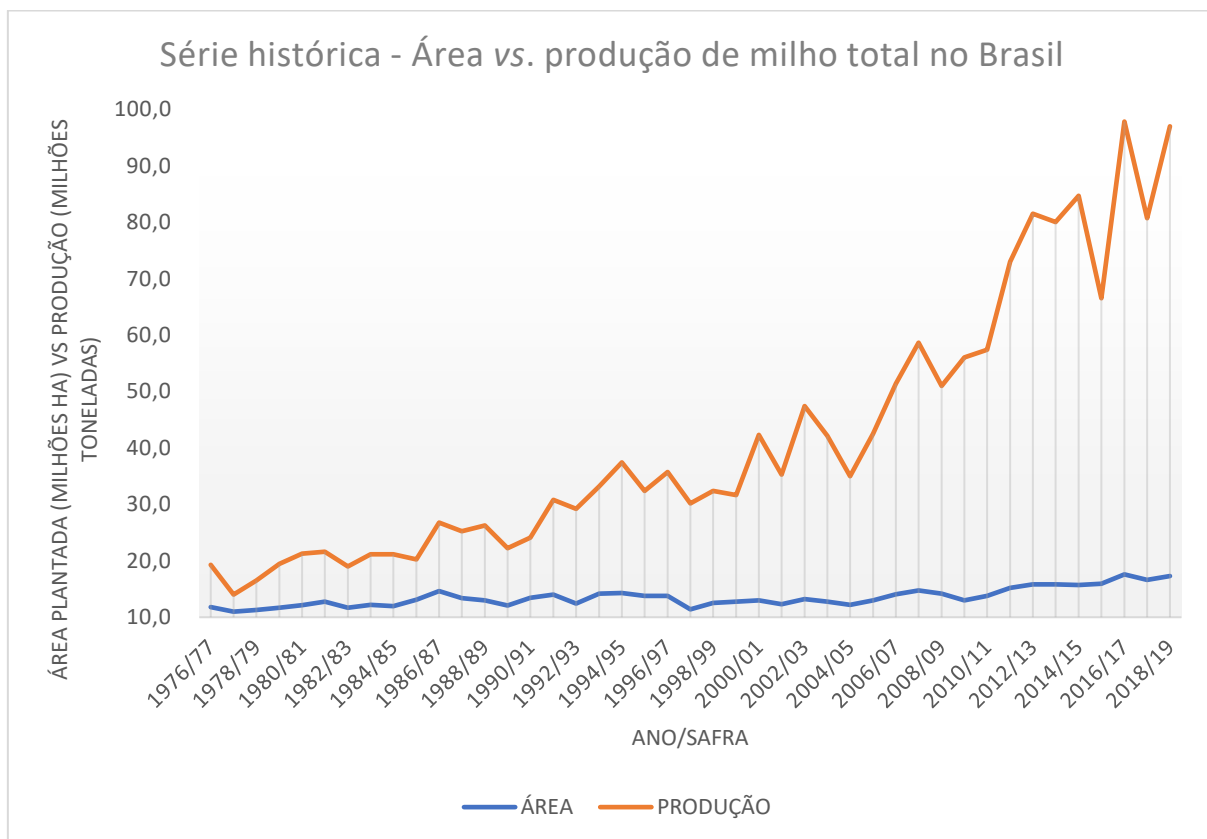


Figura 4. Série histórica da área plantada versus produção de milho no Brasil, somando primeira e segunda safras, em milhões de hectares (área) e milhões de toneladas (produção total). Fonte: CONAB, 2019.

Na comparação entre área plantada e produção, somando as duas safras, o aumento da produção nacional nos últimos 40 anos é bastante acentuado, com um pequeno aumento da área cultivada nesse mesmo período. Esses números são reflexo dos aumentos de produtividade, tanto na primeira, quanto na segunda safra (CONAB, 2019).

Ainda segundo os dados da Conab (2019), os estados com maior produção na safra atual (2018/2019) são: Mato Grosso, com 29,7 milhões de toneladas; Paraná, com 15,9 milhões de toneladas; Goiás, com 9,9 milhões de toneladas; e Mato Grosso do Sul, com 9,5 milhões de toneladas. Esses quatro estados são responsáveis por cerca de 69 % da produção total brasileira. Esses números são alcançados principalmente na segunda safra, onde os mesmos estados têm

uma representação ainda maior sobre o total produzido, com cerca de 87 %.

O Bioma Cerrado ocupa uma área de 204 milhões de hectares da porção central do Brasil e faz divisa com outras grandes formações vegetais, tendo grande importância econômica e ecológica e grande potencial para a expansão agrícola brasileira. Os latossolos, os argissolos e os neossolos quartzarênicos são as classes de solos que predominam no Cerrado, ocupando 46%, 15,1% e 15,2%, respectivamente, da sua área total (GOEDERT, 1986). Seu clima é caracterizado por duas estações bem definidas, sendo uma seca com duração de cinco a seis meses, e a outra úmida, com precipitação média anual variando entre 600 mm e 2000 mm (ASSAD et al., 1994).

Devido a sua posição geográfica e às suas características ecológicas, o Cerrado tem importância fundamental para a sociedade brasileira, tanto em termos de biodiversidade e manutenção dos recursos naturais, em particular recursos hídricos, quanto relacionado à produção agrícola que se desenvolve no seu território (INPUT, 2016).

2.2 Botânica e melhoramento genético de milho

O milho é uma planta alógama, com polinização cruzada acima de 95%. Neste caso, a fertilização ocorre quando o pólen de uma planta se deposita sobre os estilos-estigmas de outra planta, emite um tubo polínico através do estigma transportando o gameta masculino até o óvulo, fertilizando o mesmo. As espécies alógamas são caracterizadas pela heterozigose, apresentando heterose e endogamia. Isto se deve ao fato de o milho ser uma espécie monóica, com flores do sexo feminino e flores do sexo masculino em diferentes posições na planta (BESPALHOK, 2007).

O milho híbrido é conceituado como a primeira geração do cruzamento entre linhagens endogâmicas e/ou de variedades de polinização aberta ou qualquer outro tipo de população

divergente. Dessa forma, explora uma das mais conhecidas e valiosas contribuições práticas do melhoramento genético ao ser humano e à agricultura mundial, que é o "vigor de híbrido" (ou heterose), descoberto há 100 anos por George H. Shull (ALLARD, 1960).

A heterose é o incremento de vigor de uma planta oriunda de um cruzamento, de tal modo que se diferencie da média dos pais (DESTRO, 1999). Pode ser observada em vários caracteres como altura da planta, produtividade, até outras menos evidentes, como tamanho de células, vigor, competitividade. A heterose ou vigor de híbrido é também definida como a expressão genética dos efeitos benéficos da hibridação (BESPALHOK, 2007). É um processo inverso à endogamia.

Endogamia é definida como todo sistema de acasalamento que promove o aumento de homozigose nas descendências, como por exemplo, o cruzamento entre parentes (BESPALHOK, 2007).

Segundo Bueno et al. (2006) o melhoramento genético contribuiu de maneira relevante para o aumento de produtividade da cultura do milho e, com o desenvolvimento e a utilização do milho híbrido, em curto período de tempo, se obteve ganhos de produtividade superiores a 150%.

Em 1909, foi apresentado um esquema básico para a produção de sementes de milho híbrido que, de modo geral, é o que se adota até hoje. Consiste na obtenção das linhagens autofecundadas e sua utilização em cruzamentos entre si, para a produção de sementes híbridas. Na obtenção das melhores linhagens é necessário realizar tantas autofecundações quanto possíveis e continuar o processo de autofecundação anualmente, até que a homozigose total seja praticamente atingida (BUENO et al., 2006).

Autofecundação é descrita como o ato de fecundar a planta com seu próprio pólen buscando após seis a oito gerações fixar características agrônômicas e econômicas importantes

(SILVA et al., 2006).

Variedade híbrida é a progênie de um cruzamento entre dois genitores geneticamente diferentes. Esses genitores podem ser variedades de polinização aberta ou linhagens endogâmicas. Por causa da diferença genética entre os genitores, o híbrido apresentará muitos locos em heterozigose, podendo com isso apresentar heterose (BESPALHOK, 2007).

Como o mecanismo genético da heterose ainda não está bem entendido, sabe-se que cruzamentos entre genótipos geneticamente divergentes, proporcionam grande vigor em relação àqueles cruzamentos entre indivíduos semelhantes geneticamente. Tal fato decorre porque a heterose e a capacidade específica de combinação entre dois parentais dependem da existência de dominância no controle do caráter e da presença de dissimilaridade entre os genótipos (FALCONER; MACKAY, 1960; HALLAUER, 1999).

Várias hipóteses têm sido propostas para explicar a ação gênica responsável pela manifestação da heterose. Uma das hipóteses propõe o efeito de dominância (DAVENPORT, 1908; BRUCE, 1910), que explica a heterose pelo acúmulo, no híbrido, de genes dominantes oriundos de ambos os pais. Nessa teoria, os alelos recessivos com pequeno efeito deletério, acumulados no genoma pela autofecundação de linhagens parentais, atuam de forma complementar quando presentes no híbrido (F1) das linhagens parentais, portanto, ficariam ocultos nos heterozigotos obtidos em F1. Outra hipótese propõe um efeito de sobredominância (SHULL, 1908; EAST, 1908), em que interações alélicas em um loco heterozigoto atuam de forma sinérgica entre os alelos para aumentar o vigor da planta, portanto o vigor apresentado pelas plantas F1 é devido a união das duas formas alélicas do heterozigoto que é superior à ação separada de qualquer um dos alelos em homozigose.

Além da interação alélica de dominância, também as interações epistáticas são comumente utilizadas para explicar a ocorrência da heterose (GOODHIGHT, 1998; MALUF,

2001). Os estudos genômicos têm possibilitado a inclusão de outra causa da ocorrência da heterose. Há evidências de que linhagens podem diferir no seu conteúdo de locos divergentes e complementares. Quando duas linhagens possuem diferentes conteúdos de DNA, isto é, divergência genética para locos de importância agrônômica, ocorre o vigor híbrido quando elas são cruzadas (FU; DOONER, 2002).

Em geral, os programas de melhoramento, começam com autofecundações de centenas de plantas, selecionadas de variedades, eliminando-se as piores. As sementes obtidas de cada espiga são mantidas separadamente. No ano agrícola seguinte, serão semeadas em linhas e constituirão as progênies das espigas selecionadas. Algumas plantas escolhidas de cada progênie são autofecundadas, fazendo-se a seleção entre e dentro das progênies. Escolhe-se uma a três espigas melhores por progênie (VILARINHO et al., 2003).

No terceiro ano, planta-se uma a três fileiras das espigas selecionadas e novamente algumas plantas são selecionadas e autofecundadas. Este processo é repetido até que as linhagens atinjam a homozigose, processo que dura de cinco a sete anos ou gerações. Depois da obtenção das linhagens, as mesmas precisam ser avaliadas. Para isso, as linhagens devem ser submetidas a testes de capacidade específica de combinação para identificação daquelas que, quando cruzadas, produzem híbridos superiores, mais produtivos (BUENO et al., 2006).

No início, melhoristas de milho testavam as linhagens quanto à sua capacidade específica combinatória (CEC), cruzando-as em todas as combinações possíveis, o que corresponde aos chamados cruzamentos dialélicos, porém esse processo era muito trabalhoso (FALUBA et al., 2010).

Para diminuir essa dificuldade adotou-se um método simples e menos trabalhoso chamado “*top cross*”, o qual consiste no cruzamento de todas as linhagens autofecundadas com uma variedade de polinização aberta ou linhagem fixa, constatando-se boa precisão do método

(LÜDERS, 2003).

O uso do *top cross* é bastante eficiente para se determinar a capacidade de combinações de um grande número de linhagens endogâmicas. A capacidade de combinação é a habilidade de uma linhagem autofecundada em transmitir um desempenho desejado para uma progênie híbrida. Existem dois tipos de capacidade de combinação: a Capacidade Geral de Combinação (CGC) e a Capacidade Específica de Combinação (CEC). Para cada linhagem incluída no *top cross*, se obtém um híbrido preliminar, que deve ser avaliado com repetições em diferentes locais com uso de delineamentos experimentais apropriados (BESPALHOK, 2007).

Para determinação da CGC são utilizados testadores de base genética ampla, tais como cultivares de polinização aberta, sendo geralmente avaliada quando as linhagens estão em S2 (terceira geração de autofecundação) ou S3 (quarta geração de autofecundação), e tem como finalidade eliminar precocemente as linhagens que apresentam comportamento médio desfavorável (BESPALHOK, 2007).

Para a CEC são utilizados testadores de base genética estreita (híbrido simples ou linhagem endogâmica), sendo realizada quando as linhagens já apresentam com alto grau de homozigose, por volta de S5 (sexta geração de autofecundação), através do cruzamento entre linhagens não aparentadas (BESPALHOK, 2007).

Os híbridos obtidos a partir do cruzamento de linhagens podem ser divididos em: híbrido simples; híbrido simples modificado; híbrido triplo; e, híbrido duplo (SAWAZAKI; PATERNIANI, 2004).

O híbrido simples é obtido pelo cruzamento de duas linhagens. No geral é mais produtivo que os demais e apresenta maior uniformidade de ciclo, altura de plantas e altura de espigas. A semente tem custo mais elevado, pois é produzida em uma linhagem de baixo vigor (BESPALHOK, 2007).

Para produção do híbrido simples modificado (HSm), utiliza-se como parental feminino um híbrido entre duas linhagens irmãs ($A \times A'$), cruzando-se este híbrido com a linhagem B. Este cruzamento ($A \times A'$) visa recuperar um pouco o vigor da planta onde vai ser produzida a semente, sem grandes perdas de uniformidade dos demais caracteres (BESPALHOK, 2007). O HSm tem produtividade semelhante ou maior que o HS, com a vantagem do menor custo de produção da semente devido ao maior vigor do genitor feminino, que pode ser considerado um híbrido simples, em relação à produção da semente por uma linhagem endogâmica de baixo vigor (SAWAZAKI; PATERNIANI, 2004).

O híbrido triplo (HT) é o resultado do cruzamento de um híbrido simples ($A \times B$) com uma terceira linhagem (C). É uma alternativa ao híbrido simples, pois a produção de semente é realizada em um material vigoroso e produtivo que é o híbrido simples. Por isso a linha polinizadora deve produzir pólen suficiente para garantir a adequada fertilização das espigas do híbrido simples (BESPALHOK, 2007).

O híbrido duplo é resultante do cruzamento entre dois híbridos simples, envolvendo quatro linhagens diferentes $(A \times B) \times (C \times D)$. Em geral, é o menos produtivo, tem menor uniformidade e melhor estabilidade, quando comparado com híbridos simples e triplos (BESPALHOK, 2007).

Borém e Miranda (2005) falam que as fases de avaliação dos genótipos de milho obtidos em cruzamentos dialélicos ou de *top cross*, geralmente são divididas em: ensaio preliminar; ensaio intermediário; ensaio final; ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU), de primeiro e segundo ano; e, ensaios de desempenho e manejo.

No ensaio preliminar são avaliados um grande número de genótipos com menor número de repetições e ou tamanho de parcelas. Nessa etapa, é necessário optar por ensaios com poucas repetições ou até mesmo sem repetições (Delineamento em Blocos Aumentados). Quanto mais

genótipos em avaliação, maior é a possibilidade de se obter genótipos superiores dentro do programa de melhoramento (Borém e Miranda, 2005).

Os genótipos selecionados do ensaio preliminar são avaliados novamente no ensaio intermediário, nessa etapa os ensaios devem ser realizados com repetições para aumentar o nível de precisão e acurácia, já que o número de genótipos em avaliação é bem inferior à quantidade de genótipos avaliados no ensaio preliminar. Em alguns casos, o ensaio intermediário pode ser eliminado das etapas do programa, de modo que os genótipos selecionados no ensaio preliminar passariam diretamente para o ensaio final (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Ainda de acordo com Borém e Miranda (2005), no ensaio final, apenas um pequeno grupo de genótipos é avaliado, são utilizadas repetições e os ensaios são instalados em diferentes locais e/ou épocas para melhor conclusão do desempenho de cada um. O ensaio final pode também, se estender por duas ou mais safras, até o genótipo em avaliação convencer o pesquisador de que é promissor, sendo selecionado para os ensaios de VCU.

Nos ensaios de VCU, além da avaliação agronômica de cada genótipo, é necessário a determinação de uma série de características agronômicas, que são estabelecidos e exigidos pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), órgão público regulador de cultivares no Brasil, para todas as cultivares que pretendem ser registradas para comercialização por seus detentores. Os ensaios de VCU precisam ser protocolados e registrados junto ao MAPA, e devem seguir as regras de instalação para cada cultura, no que se refere a tamanho de parcela, número mínimo de repetições, número de ensaio por safra por região edafoclimática, entre outros. Os ensaios de VCU, por exigência do órgão, precisam ser realizados por dois anos ou duas safras em cada uma das regiões edafoclimáticas de interesse do detentor para futura comercialização das sementes. No VCU, o genótipo em estudo precisa comprovar

superioridade em relação aos genótipos já com desempenho comprovado a campo, com registro no órgão e, em comercialização no mercado de sementes (BRASIL, 1998).

2.3 Delineamento em Blocos Aumentados

O sucesso de um programa de melhoramento genético está intimamente ligado à avaliação de um grande número de genótipos (HOGARTH; ALLSOPP, 2000; PETERNELLI; BARBOSA, 2004). Como alternativa, tem-se adotado o uso de experimentos incompletos ou de Delineamento em Blocos Aumentados (SOUZA et al., 2000; MATSUOKA et al., 2005; RESENDE et al., 2006). Entre essas opções, o uso de Delineamento em Blocos Aumentados é atrativo, pois, no caso de falta de material propagativo, os tratamentos podem ser testados com apenas uma repetição (FEDERER, 1956).

A pouca disponibilidade de material de propagação para cada novo genótipo a ser avaliado, não só obriga os melhoristas a reduzir o número de repetições, mas também a adotar parcelas de apenas uma ou duas fileiras de plantas e sem bordadura. Isto, associado a costumeira alocação sistemática dos cultivares testemunhas e/ou de grupos de progênies aparentadas, pode comprometer a suposição de independência entre observações sobre a qual se assenta a abordagem analítica tradicional (DUARTE, 2000).

Os Delineamento em blocos aumentados, propostos por Walter T. Federer em 1955, buscaram suprir a necessidade dos programas de melhoramento nas fases de experimentos preliminares, cujo propósito básico é a triagem de tratamentos promissores para futuros testes mais acurados (DUARTE, 2000).

Um delineamento aumentado é obtido escolhendo-se um delineamento experimental padrão para os tratamentos controle (testemunhas), aumentando-se, em seguida, os seus blocos (linhas e/ou colunas) em parcelas que acomodarão os tratamentos adicionais. Estes últimos

tratamentos (novos genótipos), usualmente aparecem uma só vez em todo o experimento, embora tal número não seja uma exigência desses delineamentos (DUARTE, 2000).

Segundo Resende (2007), os delineamentos em blocos aumentados são caracterizados pela ausência de repetições dos tratamentos principais e pela presença de testemunhas repetidas em todos os blocos. São usados principalmente nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, onde se tem um número limitado de material propagativo dos genótipos a serem avaliados, e um grande número de genótipos. As testemunhas podem ser consideradas de efeitos fixos ou aleatórios. Em termos de metodologia de modelos mistos, as testemunhas são avaliadas em muitas repetições, podendo considera-las como efeitos aleatórios.

Boyle e Montgomery (1996) mencionaram que, na área do melhoramento genético de plantas, em que um grande número de variedades deve ser avaliado, mas com limitado suprimento de sementes, o uso de delineamento em blocos aumentados tem-se mostrado muito efetivo. Segundo os autores, apesar de as comparações entre variedades não serem igualmente precisas e de um possível viés associado à estimativa do erro experimental, a adoção desses planejamentos pode reduzir o tempo e o número de unidades experimentais necessárias ao isolamento das linhagens mais promissoras, as quais passam a fazer parte de um estudo posterior mais aprofundado. Acrescentam que a possibilidade de executar os cálculos requeridos por meio de um *software* como o SAS[®] (*Statistical Analysis System*), remove o principal obstáculo para a sua ampla aplicação.

Bearzoti (1994) comparou metodologias que buscam contornar as limitações de disponibilidade de propágulos e elevados números de tratamentos. Comparando um delineamento por *lattice* e blocos aumentados, o autor concluiu que ambos os delineamentos mostraram precisões semelhantes, com vantagens de ordem práticas para os blocos aumentados. O autor enumera diversas vantagens na utilização de blocos aumentados, tais

como maior flexibilidade no planejamento (o número de tratamentos não precisa obedecer nenhuma regra, os blocos não necessitam ter o mesmo tamanho); a perda de parcelas não acarreta problemas à análise estatística, possibilitando até a seleção contra materiais muito indesejáveis (susceptibilidade excessiva, hábito de crescimento indesejável, ciclo muito tardio, aberrações, etc.); e economia de recursos como área, semente, adubação, defensivos, mão de obra, entre outros.

Farias Neto (1995) adotou o delineamento em blocos aumentados para avaliar progênies derivadas de 40 cruzamentos, e constatou que o delineamento apresentou coeficientes de variação de magnitude aceitável, semelhantes aos encontrados na literatura para delineamentos tradicionais como blocos ao acaso.

Segundo Duarte (2000) o delineamento de blocos aumentados permitiu aos melhoristas acessar as mesmas informações genéticas disponíveis através de um delineamento clássico. Além disso, garantindo-se de um controle efetivo da variação local, via planejamento, execução e análise estatística adequados, como o uso dos recursos computacionais atualmente disponíveis, o progresso genético pode ser maximizado pelo grande tamanho da população de genótipos avaliada, a despeito de alguma perda relativa em precisão.

2.4 Metodologias experimentais e estatísticas usadas no Delineamento de Blocos Aumentados

Nos experimentos agrícolas, as medidas realizadas sobre caracteres, como a produtividade de grãos, estão sujeitas a muitas influências que podem aumentar o erro contido na informação, entre os quais pode-se citar: variabilidade do solo não expressa no estágio de planejamento, ataques de insetos em direções preferenciais, desenvolvimento de doenças a partir de focos ou reboleiras, entre outros. Assim, mesmo que se tomem os cuidados

experimentais rotineiros, variáveis não controladas podem aparecer e afetar o ensaio a ponto de os efeitos de tratamentos serem tomados com um baixo grau de confiança (EISENBERG et al., 1996).

O método da análise de variância (ANOVA) tem sua proposição atribuída a Fischer (1918). Sua versão clássica, historicamente a de maior aplicação, é empregada para conjuntos de dados balanceados, em modelos fixos ou completamente aleatórios. Esse método produz estimadores com propriedades estatísticas desejáveis, não tendenciosas e de variância mínima (BARBIN, 1998).

Federer e Raghavarão (1975) definiram o delineamento aumentado como um delineamento em que os tratamentos comuns são repetidos r vezes, e os tratamentos regulares são repetidos menos que r vezes. Apresentaram a estimativa da variância dos contrastes entre efeitos de tratamento comum, de tratamentos regulares, de tratamentos comuns *versus* tratamentos regulares, ou entre todos os tratamentos comuns e todos os regulares, simultaneamente para delineamentos em blocos aumentados e para delineamentos em linhas e colunas aumentados.

O uso dos delineamentos em blocos aumentados, permitem dois tipos de análises, a análise intrablocos e a análise com recuperação da informação interblocos.

Independente do tipo de análise, o modelo que descreve, inicialmente, de maneira geral, o delineamento em blocos é o seguinte (BOYLE; MONTGOMERY 1996):

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + \tau_i + \varepsilon_{ij}$$

Onde,

Y_{ij} : é a resposta observada, na unidade experimental que recebeu o tratamento *i-ésimo*, no *j-ésimo* bloco;

μ : é a média geral das observações;

β_j : é o efeito do j -ésimo bloco;

τ_i : é o efeito do i -ésimo tratamento ($i=1,2, \dots, p, p+1, p+2, \dots, p+t$; sendo p o número de híbridos, t o número de testemunhas e $(p+t)$ o número total de tratamentos);

ε_{ij} : é o erro experimental aleatório associado à parcela com i -ésimo tratamento, no j -ésimo bloco, distribuído normal e independentemente, com média zero e variância (σ_e^2).

A partir deste modelo geral, as análises implementadas podem ser classificadas em modelo fixo ou modelo misto. No modelo fixo, considera-se como fixo os efeitos para blocos e tratamentos, correspondendo à análise intrablocos. Na análise intrablocos, consideram-se apenas as comparações de observações dentro de cada bloco, na estimação imparcial das diferenças entre tratamentos (RAO, 1947).

No modelo misto, os efeitos são considerados aleatórios para blocos e fixos para tratamentos, ou vice-versa, efeitos fixos para blocos e aleatórios para tratamentos. Ou também, podem ser considerados aleatórios para blocos e tratamentos (exceto testemunhas), com efeitos fixos para as testemunhas (DUARTE; VENCOVSKY, 2001).

Um experimento executado em um determinado local e ano permite obter conclusões válidas apenas para as condições em que foi executado. Em termos de amostragem, é uma amostra tirada num só estrato e tem validade restrita para fins de recomendação das tecnologias avaliadas. A repetição de um experimento em vários locais num mesmo ano, ou em vários anos num mesmo local, resulta num grupo de experimentos. A análise dos resultados deste grupo de experimentos, denominada análise conjunta, permite conclusões mais confiáveis e com conhecimento da abrangência das recomendações (PIMENTEL-GOMES; GUIMARÃES, 1958).

Para realizar a análise de variância conjunta para delineamento de Blocos Aumentados

de Federer, é necessário que os experimentos possam ser agrupados sem dificuldades, para isso é preciso que esses quadrados médios residuais obtidos na análise individual dos experimentos não sejam muito diferentes entre si, ou seja, que tenham suas variâncias dos erros experimentais homogêneas (PIMENTEL-GOMES, 2000).

Dessa maneira, a homogeneidade entre os diferentes locais deve ser testada e atendida antes de se proceder a análise conjunta. Para isto, pode-se aplicar os testes de Bartlett, Hartley, *F-máximo*.

O teste *F-máximo* de Hartley é um teste simples e fácil, o qual consiste em dividir o maior valor do Quadrado Médio do Erro (*QMe*) pelo menor valor do *QMe*. Se o valor calculado (*Fc*) obtido for menor que *F* tabelado, conclui-se que os erros são homogêneos, podendo-se realizar a análise conjunta, caso contrário não se deve realizar a análise conjunta. Como regra prática, se o *Fc* for menor que 7, pode-se fazer a análise conjunta (HARTLEY, 1950).

O teste *F máximo* de Hartley (1950) é dado por:

$$F_m = \frac{QME_{(maior)}}{QME_{(menor)}}$$

A melhoria computacional que a última década facilitou a análise de experimentos em Blocos Aumentados. Scott e Milliken (1993) mostram um exemplo de uma rotina no *software SAS*[®] que produz análise de variância, testes de hipóteses, estimativa intra e interbloco de efeitos de tratamento em projetos de blocos aumentados. Boyle e Montgomery (1996) apontaram como as abordagens intra e interbloco poderiam ser tratadas usando os procedimentos (*Proc*) GLM e MIXED do *software SAS*[®].

O desenvolvimento de *softwares* específicos para realização desse procedimento

viabilizou seu uso, e o tornou atrativo. *Softwares* como o SAS[®] e R permitem o ajuste de um número infinito de modelos e, inclusive, modelos muito mais complexos (RESENDE, 2007).

Com relação aos diversos sistemas computacionais disponíveis para a análise de modelos mistos, Montebelo (1997) conclui que, entre dez sistemas, o SAS[®] apresenta maior flexibilidade através de seus procedimentos GLM, VARCOMP e MIXED, fornecendo a análise de variância mais completa. Entre estes procedimentos, a autora destaca o excelente desempenho do PROC MIXED. Schjwarz (1993) também faz comparação neste sentido, ressaltando o poder e a flexibilidade do sistema SAS[®].

Outra metodologia bastante empregada nesses estudos é o agrupamento das médias por meio do teste de Scott-Knott (1974), que segundo Bhering et al. (2007), é uma alternativa eficiente, principalmente quando um grande número de tratamentos é avaliado, pois a grande maioria dos demais procedimentos de comparações múltiplas propostos na literatura apresentam dificuldades de interpretação, decorrentes da ambiguidade dos resultados.

O método de agrupamento de médias proposto por Scott-Knott consiste em dividir o grupo original de tratamentos. O particionamento visa uma diferenciação máxima entre os grupos. Cada grupo formado pode ser particionado novamente se esses novos grupos ainda forem significativamente diferentes. Este particionamento é interrompido quando os grupos obtidos não são significativamente diferentes nos tratamentos constituintes. Este processo é bastante interessante quando o número de tratamentos é grande e tem sido amplamente utilizado na literatura (BHERING et al., 2007).

O teste de agrupamento de médias Scott e Knott (1974) foi publicado pelo professor emérito da Universidade de Auckland, Nova Zelândia, Alastair John Scott e por Martin Knott, professor da London School of Economics and Political Science (CONRADO, 2015).

Conforme Carmer e Walker (1985) procedimentos de agrupamento de médias como o

proposto por Scott e Knott (1974) são atrativos a diversos pesquisadores por resultar em grupos distintos mutuamente excludentes sem nenhuma sobreposição, ao contrário dos procedimentos de múltiplas comparações emparelhadas.

2.5 Índices de seleção paramétricos e não paramétricos

Em programas de melhoramento genético, são realizadas avaliações de várias características agronômicas de interesse com o objetivo de se praticar a seleção simultânea delas. Dessa forma, o genótipo selecionado deverá reunir uma série de atributos favoráveis capazes de superar a testemunha (CRUZ, 2013).

A seleção de genótipos de desempenho superior, geralmente, apresenta alta complexidade devido ao fato dos caracteres agronômicos de maior relevância econômica serem de natureza quantitativa (NOGUEIRA et al., 2012). Na maioria dos casos, essas características apresentam baixa herdabilidade e correlação entre si, fatores que dificultam ainda mais a seleção. Quando possível de se realizar, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica, aumenta significativamente a probabilidade de sucesso de um programa de melhoramento genético (REZENDE et al., 2014).

Os índices de seleção, normalmente, são obtidos como combinações lineares das medidas fenotípicas dos diversos caracteres, permitindo utilizar um único valor para efetuar a seleção de maneira mais eficiente (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999).

Os índices funcionam como um caráter adicional, resultante de uma combinação de diversas características sobre as quais se deseja obter respostas à seleção (SANTOS et al., 2007), permitindo melhorar diversas características simultaneamente, independentemente da existência ou não de correlação entre elas (CRUZ; REGAZZI, 2001). É a combinação linear de vários valores fenotípicos, o qual resulta numa medida que concentra, num único valor,

pontos positivos e negativos de cada genótipo para os caracteres avaliados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Diferentes índices representam variadas alternativas e metodologias de seleção nos programas de melhoramento, e conseqüentemente, levam a diferentes ganhos percentuais em cada característica de interesse. O uso de índices de seleção é um método recomendado por melhoristas a fim de se obter ganhos adicionais através de seleções multivariadas de caracteres relevantes para o melhoramento (CAMERON, 1997).

Existem diversas opções de índices de seleção na literatura, os quais podem ser divididos em índices paramétricos ou lineares e índices não paramétricos ou não lineares. Os índices de seleção, normalmente, são obtidos como combinações lineares das medidas fenotípicas dos diversos caracteres, permitindo utilizar um único valor para efetuar a seleção de maneira mais eficiente (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999).

A ideia inicial da aplicação de índices de seleção foi apresentada por Smith (1936), com base em trabalho de Fisher (1936). Conhecido como índice otimizado, sofreu, posteriormente, modificações, a maioria delas também baseada na obtenção de combinações lineares de valores fenotípicos observados. Hazel (1943) adaptou esse índice para a seleção de indivíduos em populações de animais. É um índice paramétrico onde se utiliza as matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica, contando ainda, com a habilidade do melhorista para definir os pesos econômicos para cada característica.

Outro índice baseado nos parâmetros genéticos foi proposto por Pesek e Baker (1969), nomeado de Ganhos Genéticos Desejados das características. Esse índice foi proposto sem a necessidade de atribuir pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. O índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na definição do ganho desejado, com a

limitação imposta pela constituição fenotípica e genotípica da população.

O índice proposto por Elston (1963), não paramétrico, pode ser aplicado tanto em fases iniciais de programas de melhoramento, quanto nas etapas finais, por permitir a fixação de valores críticos, abaixo dos quais os genótipos são descartados. O índice multiplicativo possibilita que sejam selecionados aproximadamente os mesmos genótipos que seriam pelo emprego de índice linear, com a vantagem de prescindir da atribuição de pesos aos caracteres e de estimativas de variâncias e covariâncias, o que torna sua aplicação mais fácil, em relação aos índices lineares ou paramétricos (GARCIA, 1998).

O índice soma de *rankings*, proposto por Mulamba e Mock (1978), é outro índice não-paramétrico que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento (*ranks*), por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Em seguida, os valores atribuídos a cada característica são somados, para se obter a soma de ranking que mostra a classificação dos genótipos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

O índice Genótipo-Ideótipo (CRUZ, 2006), não paramétrico, é obtido a partir das médias fenotípicas ajustadas e as distâncias euclidianas de cada indivíduo a um genótipo ideal. Os índices obtidos são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica. É possível ainda, definir valores ótimos assim como o valor mínimo ideal para seleção de cada característica.

O uso de índices de seleção direta permite verificar que a utilização destes como critério de seleção propicia resultados relativamente vantajosos considerando os ganhos em todas as características de interesse. De modo geral, o uso dos índices de seleção propicia um menor ganho direto sobre determinada característica, contudo tal redução é compensada pelos ganhos favoráveis obtidos nos demais caracteres. Desse modo, o melhorista consegue

selecionar genótipos mais competitivos em todos os aspectos mais rapidamente (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Garcia e Souza Júnior (1999), usaram índices não paramétricos para avaliação de 49 genótipos de milho híbrido, avaliando em 9 locais os caracteres para produção de espigas (kg ha^{-1}), umidade (%), número de dias para florescimento, altura da planta (cm), altura da espiga (cm), prolificidade e porcentagem de plantas acamadas e quebradas.

3. OBJETIVOS

3.1. Geral

Avaliar e selecionar genótipos de milho híbrido utilizando delineamento de blocos aumentados no Cerrado.

3.2. Específicos

Caracterizar e quantificar a variabilidade genética de híbridos triplos de milho com base em características agronômicas em diferentes locais;

Caracterizar e selecionar genótipos de milho mais produtivos para o Cerrado, através da análise de variância conjunta utilizando Delineamento de Blocos Aumentados;

Caracterizar e selecionar genótipos de milho mais produtivos e adaptados ao Cerrado, utilizando índices de seleção paramétricos e não paramétricos;

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 2.ed. New York: John Wiley, 1960. 485p.
- ASSAD, E.D. (Coord). **Chuva nos Cerrados: análise e espacialização**. Brasília: EMBRAPA-CPAC; EMBRAPA-SPI, 1994. 423P.
- BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações**. Piracicaba: FEALQ, 1998 (Reimpr.). 120 p.
- BEARZOTI, E. **Comparação entre métodos estatísticos de avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento**. Lavras, 1994. 128 P. Dissertação (Mestrado) – ESAL.
- BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Endogamia e Heterose. In: BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de plantas**, UFPR, 2007. Disponível em www.bespa.agrarias.ufpr.br, acesso em 01/04/2017.
- BHERING, S. B.; SANTOS, H. G. DOS; MANZATTO, C. V.; BOGNOLA, I.; FASOLO, PEDRO JORGE.; CARVALHO, A. P. DE.; POTTER, O.; CURCIO, G. Mapa de solos do Estado do Paraná: escala 1:250.000: legenda. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2007.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV. 2005. 525 p.
- BOYLE, C. R.; MONTGOMERY, R. D. Na application of the augmented randomized complete block design to poultry research. **Poultry Science**, v. 75, p. 601 – 607, 1996.
- BRASIL - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E DO ABASTECIMENTO. ANEXO VI. **Requisitos Mínimos para Determinação do Valor de Cultivo e Uso de Milho (*Zea mays*) para Inscrição no Registro Nacional de Cultivares - RNC**. 1998. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sembrantes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/formularios-para_registro-de-cultivares. Acesso em: 18/03/2018.

BRUCE, L.T. The mendelian theory of heredity and the argumentation of vigor. **Science**, v.32, p.627-628, 1910.

BUENO, L.C. de S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento Genético de Plantas: princípios e procedimentos**. Lavras, 2001. Editora UFLA, Capítulos: 13 (p.123-138),14 (p.139-146) e 15 (p.147-162).

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento Genético de Plantas: Princípios e Procedimentos**. Lavras: UFLA, 2006. 319 p. Disponível em: <http://www.dag.ufla.br/site/_adm/upload/file/Adriano%20Teodoro%20Bruzi/Cap%2015.pdf> Acesso em: 05/11/2017.

CAMERON, N. D. **Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding**. CAB international, 1997. 203 p.

CARMER, S. G.; WALKER, W. M. Pairwise multiple comparisons of treatment means in agronomic research. **Journal of Agronomic Education**, Madison, v. 14, n. 1, p. 19-26, 1985.

CONAB. - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, sexto levantamento**, março, 2019. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 01/03/2019.

CONRADO, V. T. **Ajuste do procedimento de agrupamento de médias Scott-Knott para experimentos não-balanceados**. – Lavras : UFLA, 2015.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. *Cytology*, n. 7, p. 40-51, 1978.

DAVENPORT, C.B. Degeneration, albinism and inbreeding. *Science*, v.28, p.454-455, 1908.

DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: Ed. UEL, 1999. 820p.

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. *Scientia Agricola*, v.58, p.109-117, 2001.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

EAST, E.M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experimental Station Report**, Connecticut, v.1907, p.419-428, 1908.

EISENBERG, B. E.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W.; KILIAN, W. Spatial analysis of field experiments: fertilizer experiments with wheat (*Triticum aestivum*) and tea (*Camellia sinensis*). In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (ED.) **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. Cap. 14, p> 373 – 404.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. *Biometrics*, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

em: <<http://www.usda.gov>>. Acessado em:21 de fev. 2018.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. London: 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

FALUBA, J. S.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento

em Minas Gerais. **Ciência Rural**, v.40, n.6, p.1250-1256, 2010.

FARIAS NETO, J. T. **Potencialidade de progênies F_{4:3} e F_{5:3} derivadas de cruzamentos em cadeia para produtividade de óleo em soja**. Piracicaba, 1995. 153f. Tese (Doutorado) – ESALQ/USP.

FEDERER W. T. Recovery of interblok, intergradient, and interveriental information in incomplete block and lattice rectangle desings experiments, **Biometris**, v. 31, p. 471 – 481,1998;

FEDERER, W. T.. **Augmented (or hoonuiaku) desings. Hawaiian Plznter's Records**, v. 55, p. 191 – 208,1956

FEDERER, W.T.; RAGHAVARAO, D., 1975. On augmented designs. *Biometrics* 31: 29-35.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Earth and Environmental Science Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, v. 52, n. 2, p. 399-433, 1918.

FU, H.; DOONER, H.K. Intraspecific violation of genetic colineatity and its implications in maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v.99, n.14, p.9573-9578, 2002.

GARCIA, A. A. F. **Índice para a seleção de cultivares**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 112f. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas. Esalq – USP. 1998.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999.

GOEDERT, W.J. **Solos dos Cerrados: tecnologias e estratégias de manejo**. Planaltina: EMBRAPA CPAC / São Paulo: Nobel, 1986. 422p.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 14.ed. Piracicaba: F. Pimentel-Gomes, 2000. 477p.

GOODHIGHT, C.J. **Epistasis and the effect of founder events on the additive genetic variance.** *Evolution* 41. 80-91, 1988.

HALLAUER A. R. Heterosis: what have we learnt What have we done? Where are we headed? *In: Genetics and Exploitation of Heterosis in Crop.* J. G. Coors and S. Pandey. pp. 483–492. 1999.

HARTLEY, H.O. The Use of Range in Analysis of Variance. **Biometrika**, 37, 271-280. 1950.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

HOGARTH, D.M; ALLSOPP, P.G **Manual of canegrowing.** Indooroopilly: BSES, 2000. 463p.

INPUT, Iniciativa Para Uso da Terra. **A expansão da soja no Cerrado: Caminhos para a ocupação territorial, uso do solo e produção sustentável.** Agroicone, INPUT/2016.

LÜDERS, R. R. **Desempenho de linhagens de milho (*Zea mays* L.) em top crosses com testadores de base genética restrita e avaliação de híbridos triplos.** 2003. 125 p. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético Vegetal) - Instituto Agronômico de Campinas, Campinas-SP, 2003.

MALUF, W.R. Heterose e emprego de híbridos F1 em hortaliças. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES, M.C. (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento: plantas.** Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 650-671.

MATSUOKA, S. et al. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 2005. p.225-274.

MONTEBELO, M. I. de L. **Modelos lineares de efeitos mistos: formulação geral e utilização de alguns sistemas computacionais estatísticos.** Piracicaba, 1997. 173 p. Tese (Doutorado) – ESALQ/USP.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, n. 7, p. 40-51, 1978.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P.; **Melhoramento e produção de milho**, v.1, Fundação Cargill, 1987.

PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v. 49, p. 803-804. 1969.

PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. **Desafios na condução e planejamento de experimentos de avaliação de clones de canade-açúcar**. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS: DESAFIOS E PERSPECTIVAS DA INTERAÇÃO BIOMETRIA E O MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3., 2004, Lavras: UFLA, 2004. p.17-27.

PIMENTEL GOMES, F.; GUIMARÃES, R.F., 1958. Joint analysis of experiments in complete randomized blocks with some common treatments. **Biometrics**: p 521-526.

RAO, C. R. General methods of analysis for incomplete block designs. **J.Amer. Atat. Assoc.**, v. 58, p. 541 – 561, 1947.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEM BLUP/REML: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.421-429, 2006.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, v. 9, p. 347-353. 2014.

SAS INSTITUTE INC. **Advanced general linear models with an emphasis on mixed models**: Course notes. (by LATOUR, D. and LITTELL, R.) Cary, NC: SAS Institute Inc., 1996. 614 p.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. (Ed.). **Tecnologias de produção do milho**. Viçosa: UFV, 2004.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, Sept. 1974.

SCOTT, R. A.; MILLIKEN, G. A. A SAS program for analyzing augmented randomized complete-block designs. **Crop Science**, v. 33, p. 865 – 867, 1993.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **American Breeders' Magazine**, Washington, v.4. p. 296-301, 1908.

SILVA, W.; PATERNIANI, E.; SOLOGUREN, L.; Di CIERO, L. **Milho tecnologia do campo à mesa**. Conselho de Informações sobre Biotecnologia (CIB). 2006. Disponível em: <http://www.cib.org.br/pdf/guia_do_milho_CIB.pdf>. Acesso em: 01/04/2017.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SOUZA, A. P.; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, p.1765-1771, 2000.

USDA, United State Department of Agriculture. **3º levantamento USDA da safra 2019/20** - Julho/19.

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; SANTOS, J. F. CÂMARA, T. M. M. Eficiência da seleção de progênies S₁ e S₂ de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v.62, n.1, p.9-17, 2003.

CAPÍTULO I - CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS TRIPLOS DE MILHO EM DIFERENTES LOCAIS DO CERRADO

RESUMO

O milho é o cereal mais produzido no mundo atualmente, com mais de 1 bilhão de toneladas produzidas ao ano. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho, tornando a cultura ainda mais relevante no contexto da sustentabilidade nacional. O objetivo desse trabalho foi avaliar híbridos triplos envolvidos no experimento preliminar para seleção de genótipos de melhor desempenho, em diferentes locais e regiões do Cerrado no ano safra de 2017/2018. Foi utilizado o delineamento em blocos aumentados, no qual foram avaliados 73 genótipos de milho, sendo 70 híbridos experimentais compondo os tratamentos sem repetição, e 3 híbridos comerciais testemunhas; em quatro locais, em época de segunda safra. Devido à baixa pressão e incidência de doenças no período de segunda safra de 2017/2018, obteve-se baixos valores de severidade e área foliar afetada nos genótipos. Todos os híbridos experimentais e testemunhas foram classificados como precoces, exceto o híbrido HT069, que obteve ciclo precoce em dois locais, e ciclo semiprecoce nos outros dois locais. Para altura de planta e altura de espiga, os genótipos experimentais, ficaram próximos aos valores médios das testemunhas, com uma leve tendência de apresentarem menores valores. A densidade de plantas finais por hectare, se manteve dentro do esperado para todos os genótipos avaliados, com valores próximos a 60.000 plantas por hectare. Os índices de acamamento foram baixos, indicando boa tolerância dos híbridos experimentais a esse fator. Os maiores valores de índice de acamamento foram encontrados no experimento de Primavera do Leste - MT.

Palavras-chave: melhoramento genético vegetal, soma térmica, regiões edafoclimáticas.

CHARACTERIZATION OF TRIPLE HYBRIDS OF CORN IN DIFFERENT LOCATIONS OF THE CERRADO

ABSTRACT

Corn is the most produced cereal in the world today, with over 1 billion tons produced annually. Brazil is the third largest producer of maize in the world, making the crop even more relevant in the context of national sustainability. The objective of this work was to evaluate triple hybrids involved in the preliminary experiment for selection of best performance genotypes in different locations and regions of the Cerrado in the crop year of 2017/2018. Augmented blocks design was used in which 73 maize genotypes were evaluated, 70 treatments without repetition, and 3 controls (commercial hybrids); in four locations, in the second harvest season. Due to the low pressure and incidence of diseases in the period of the second harvest of 2017/2018, low values of severity and leaf area affected in the genotypes were obtained. All experimental hybrids and controls were classified as precocious, except hybrid HT069, which obtained an early cycle at two sites, and a semi-grazing cycle at the other two sites. For plant height and spike height, the experimental genotypes were close to the mean values of the controls, with a slight tendency to present lower plant height and spike in relation to the controls. The final plant density per hectare remained within the expected range for all evaluated genotypes, with values close to 60,000 plants per hectare. The lodging rates were low, indicating good tolerance of the experimental hybrids to this factor. The highest values of lodging index were found in the experiment of Primavera do Leste - MT.

Key words: crop breeding, thermal sum, edaphoclimatic regions.

1. INTRODUÇÃO

Atualmente, o milho é o cereal mais produzido no mundo, segundo o *United States Department of Agriculture* (USDA) (2019), 1,1 bilhão de toneladas serão produzidas na safra 2018/2019. O *rank* da produção mundial é liderado pelos EUA, com 371,0 e 366,3 milhões de toneladas nas safras 2017/2018 e 2018/2019 (previsão), respectivamente. Em seguida está a China com 259,1 e 257,3 milhões de toneladas nas safras 2017/2018 e 2018/2019 (previsão), respectivamente. O Brasil se encontra na terceira posição do *ranking* mundial, com números, segundo o USDA, de 82,0 milhões de toneladas na safra passada (2017/2019), e 96 milhões de toneladas prevista para a safra atual (2018/2019).

O cultivo de milho no Brasil é dividido em duas safras anuais, para a safra atual (2018/2019), segundo a Conab (2019), os números são de 5,0 e 12,2 milhões de hectares plantados para a primeira e segunda safra (safrinha), respectivamente.

O aumento da área cultivada com o cereal no Brasil na segunda safra, se deu a partir dos anos 80 e continua até a safra atual de maneira acentuada. Em contrapartida, a área da primeira safra vem diminuindo ano após ano. Na safra 2011/2012, as áreas de primeira e segunda safra foram praticamente iguais e, a partir da safra 2012/2013, a segunda safra passou a ser a principal safra brasileira de milho, com maior área de cultivo que a primeira safra (CONAB, 2019).

O melhoramento genético para a cultura do milho tem evoluído muito nas últimas décadas, trazendo híbridos com altas performances para as principais regiões de cultivos no país. O caminho desde a geração de um novo híbrido até sua comercialização é longo, passando por várias etapas de avaliação para as características de interesse. Para isso, são necessários vários anos e experimentos com um mesmo genótipo até que se prove o desempenho do mesmo.

As fases de avaliação dos genótipos de milho obtidos em cruzamentos dialélicos ou de *top cross*, geralmente são divididas em: ensaio preliminar; ensaio intermediário; ensaio final;

ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU), de primeiro e segundo ano; e, ensaios de desempenho e manejo (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Nos ensaios preliminares são avaliados um grande número de genótipos com menor tamanho e número de parcelas experimentais devida à baixa disponibilidade de sementes de cada genótipo e ao elevado número de genótipos a serem avaliados é necessário optar por ensaios com poucas repetições ou até mesmo sem repetições (Delineamento em Blocos Aumentados). Quanto mais genótipos em avaliação, maior é a possibilidade de se obter genótipos superiores dentro do programa de melhoramento.

Os genótipos selecionados do ensaio preliminar são avaliados novamente no ensaio intermediário, nessa etapa os ensaios devem ser realizados com repetições para aumentar o nível de confiabilidade do estudo, já que o número de genótipos em avaliação já é bem inferior à quantidade de genótipos avaliados no ensaio preliminar. Em alguns casos, o ensaio intermediário pode ser eliminado das etapas do programa, nesse caso, os genótipos selecionados no ensaio preliminar passariam diretamente para o ensaio final (BORÉM; MIRANDA, 2005).

O objetivo desse trabalho foi avaliar e caracterizar os híbridos triplos envolvidos no experimento preliminar para seleção de genótipos superiores, em diferentes locais do Cerrado Brasileiro.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram instalados em quatro locais de grande representatividade para a produção de milho de segunda safra no Brasil, sendo dois locais em região de baixa altitude (<500 m), e dois locais em região de alta altitude (>500 m):

- Local 1 (SOR1): Fazenda Santo Antônio (latitude 12°52' Sul e longitude 55°49' Oeste), Sorriso/MT, com altitude de 398 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 02/02/2018;

- Local 2 (PVE1): Fazenda Santa Rita (latitude 15°28' Sul e longitude 54°09' Oeste), Primavera do Leste/MT, com altitude de 630 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 30/01/2018;
- Local 3 (CAN1): Fazenda Feijó (latitude 13°35' Sul e longitude 52°21' Oeste), Canarana/MT, com altitude de 344 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 14/02/2018;
- Local 4 (RVE1): Fazenda Casa Fértil (latitude 17°43' Sul e longitude 50°58' Oeste), Rio Verde/GO, com altitude de 825 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 20/02/2018;

Em todos os locais, os experimentos foram instalados em área de sequeiro (sem irrigação) em área de terceiros, sendo conduzidos juntamente com a área de milho comercial da fazenda após a colheita da cultura da soja.

Foi utilizado o Delineamento em Blocos Aumentados, no qual foram avaliados 73 genótipos de milho (híbridos triplos), sendo 70 tratamentos sem repetição (híbridos experimentais), e 3 testemunhas (20A55, MG699 e 2B633), que foram repetidas em cada um dos blocos, dispostas ortogonalmente, de forma que cada testemunha esteja presente em todas as linhas e colunas do experimento (Figura 4). São ao total 10 blocos com 10 parcelas por bloco, totalizando 100 parcelas.

		COLUNA											
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		
L I N H A	10	HT012	HT029	T2	HT063	HT057	T3	HT066	HT005	HT035	T1	10	
	9	HT056	T2	HT039	HT034	T3	HT011	HT006	HT060	T1	HT059	9	
	8	T2	HT037	HT053	T3	HT036	HT067	HT031	T1	HT027	HT024	8	
	7	HT047	HT017	T3	HT065	HT064	HT020	T1	HT023	HT021	T2	7	
	6	HT049	T3	HT018	HT055	HT070	T1	HT072	HT007	T2	HT044	6	
	5	T3	HT016	HT045	HT058	T1	HT042	HT051	T2	HT054	HT038	5	
	4	HT032	HT014	HT009	T1	HT061	HT043	T2	HT030	HT004	T3	4	
	3	HT001	HT025	T1	HT028	HT052	T2	HT026	HT062	T3	HT015	3	
	2	HT046	T1	HT008	HT013	T2	HT050	HT071	T3	HT002	HT019	2	
	1	T1	HT033	HT048	T2	HT010	HT069	T3	HT040	HT068	HT003	1	
		COLUNA											
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		

Figura 4. Casualização e croqui do ensaio em Delineamento de Blocos Aumentados.

Os 70 novos genótipos em teste são provenientes de um programa de melhoramento genético, e foram obtidos a partir de um dialelo parcial no qual foram cruzadas linhagens endogâmicas com híbridos simples experimentais, ambos parte do banco de germoplasma da empresa.

As sementes de todos os tratamentos foram tratadas com dois inseticidas para garantir proteção inicial a pragas, para boa formação do estande das parcelas. Foram utilizadas duas classes diferentes de inseticidas para o tratamento de sementes, um da classe dos

Neonicotinóides e outro das Diamidas, nas doses recomendadas pelo fabricante, para o controle de pragas iniciais como percevejos (sugadores) e lagartas (mastigadores), respectivamente.

O tamanho das parcelas utilizadas foi de 4 linhas no espaçamento 0,5 m por 5 m de comprimento (10m²), sendo a área útil as duas linhas centrais (5 m²).

O plantio dos experimentos foi realizado manualmente com o auxílio de matracas, após a área ter sido sulcada mecanicamente pela plantadora. Aproximadamente 15 dias após a emergência das plantas nos experimentos, foi realizado o raleio, visando padronizar o número de plantas por parcela. Após o raleio, a densidade ficou equivalente a 60.000 plantas por hectare.

A adubação utilizada e os tratos culturais seguiram as recomendações técnicas indicadas para a cultura do milho (FANCELLI; DOURADO NETO 2000). Em nenhum dos locais foi realizada a aplicação de fungicidas.

Foram diagnosticadas as principais doenças incidentes em cada local, bem como a severidade das mesmas em relação aos genótipos avaliados. Para avaliação de doenças, foi utilizada uma escala de 1 a 9 representando a porcentagem de área foliar afetada pela doença (Figura 5), sendo quanto maior a nota, maior é a porcentagem de área foliar afetada (AGROCERES, 1996).

As avaliações de doença foram realizadas em torno de 30 dias após o florescimento, em estágio fenológico entre R3 (grão pastoso) e R4 (grão farináceo), na fase de enchimento de grãos que representa o período de maior dreno da cultura.

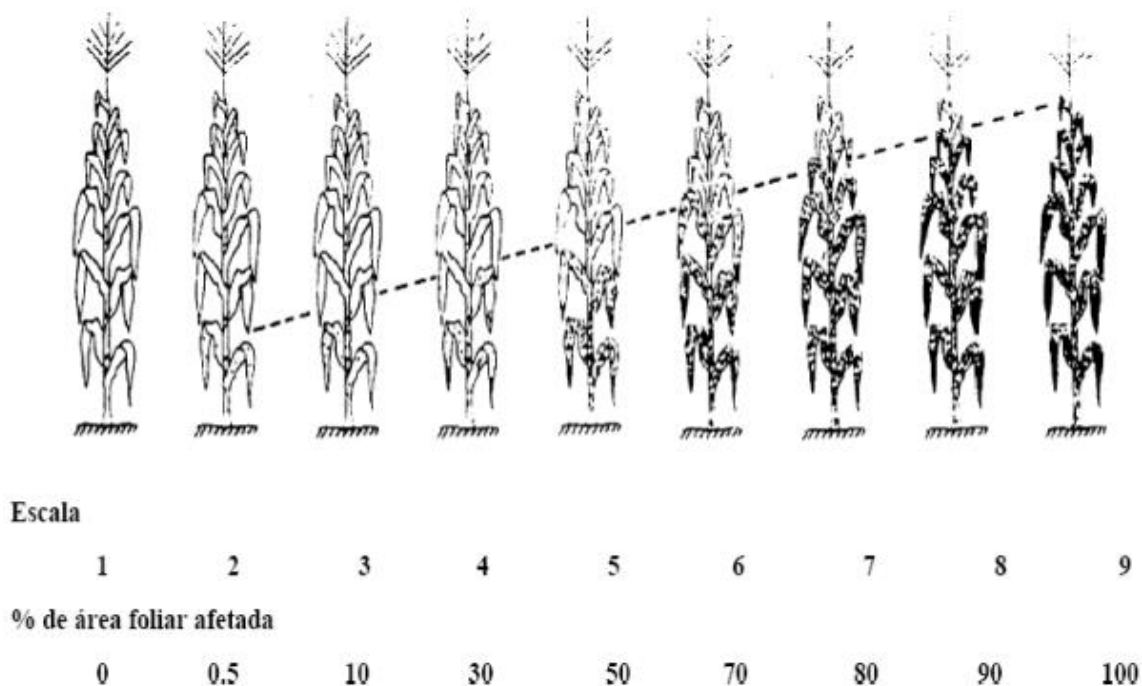


Figura 5. Escala diagramática para a avaliação das doenças foliares do milho proposta por Agroceres (1996).

Também foram tomados os dados de dias da sementeira até o florescimento dos genótipos, a fim de determinar o ciclo dos mesmos, utilizando o cálculo baseado na soma térmica de cada local. Foi considerado como em florescimento, o momento em que há liberação de pólen em 50% das plantas mais uma (MAGALHÃES et al., 2002).

O florescimento masculino é dado pelo somatório do número de dias da germinação até 50% das plantas liberando pólen; e o florescimento feminino pelo somatório do número de dias da germinação até 50% das plantas exibindo estilo-estigmas (BRASIL, 1998). Esse somatório de dias da emergência até o florescimento, cruzado com dados de temperaturas diárias, irão permitir a soma dos Graus-Dia (GD), sendo estes os dados que classificam os genótipos de milho quanto a seu ciclo. O número de graus dias, é obtido através da seguinte fórmula:

$$GD = \sum (T.max. + T.min. - 10)$$

onde: GD = Graus dia

T.max.= Temperatura máxima em °C

T.min. = Temperatura mínima em °C

Considerou-se temperaturas mínimas inferiores a 10°C como 10 e temperaturas máximas superiores a 30°C como 30, para o cálculo de graus-dia (BRASIL, 1998).

Os dados de temperaturas máxima e mínima diárias foram obtidos através de estações climáticas automáticas do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), com localização próxima aos locais dos ensaios.

As cultivares de milho disponíveis no mercado brasileiro de sementes estão classificadas quanto ao ciclo como: superprecoce, precoce e normal (semiprecoce), com soma térmica menor que 830 graus dias (GD), entre 830 a 900 GD e acima de 900 GD para o florescimento masculino (antese), respectivamente (ZUCARELI et al., 2010).

Também foi avaliada a altura de planta dos genótipos, definida pela altura média das plantas na parcela medindo sempre do nível do solo até a inserção da folha bandeira; e, altura da espiga, definida pela altura média das espigas na parcela medindo sempre do nível do solo até a inserção da espiga principal (BRASIL, 1998). Foram avaliadas as alturas de planta e inserção de espiga de todos os genótipos em todos os locais, a fim de verificar se algum dos genótipos estaria com valores muito abaixo ou acima das testemunhas, podendo ou não ser um critério de descarte do genótipo.

Na ocasião da colheita foi feita a contagem das plantas da parcela para obtenção da densidade final de plantas por hectare. Também serão contabilizadas as plantas acamadas de cada parcela.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nos quatro locais de instalação dos experimentos, o regime de chuvas se comportou de maneira semelhante, com chuvas regulares até a fase de florescimento do milho. Após o florescimento, as chuvas foram irregulares, afetando a cultura na fase de enchimento de grãos. Em Rio Verde (GO), houve a melhor condição de chuvas em relação aos outros locais para o período, seguido por Canarana (MT), Primavera do Leste (MT) e Sorriso (MT), nessa ordem.

A diminuição de chuvas no período de enchimento de grãos da cultura do milho cultivado em segunda safra é causada pelo final do período chuvoso na região do Cerrado, e início do período seco da região, que ocorre anualmente.

Na Tabela 1 estão os dados da análise conjunta dos quatro experimentos para as características de sanidade foliar, acamamento, altura de planta e altura de inserção de espigas.

Em todos os locais avaliados, observou-se uma baixa incidência de doenças, devido à baixa pressão das mesmas no período de segunda safra de 2018/2019. Com isso, foi feita uma avaliação de sanidade geral, considerando todas as doenças presentes. Mesmo assim, obteve-se baixos valores de severidade e área foliar afetada nos genótipos (Tabela 2). Na média dos 4 locais avaliados, os valores ficaram entre 2,0 e 4,3, representando 0,5% e 35% de área foliar afetada, como valores mínimo e máximo, respectivamente.

Esses baixos valores obtidos na avaliação para sanidade, bastante próximos e também por terem sido tomados a partir de uma avaliação visual, não permitem selecionar ou descartar algum híbrido a princípio. Pode ser um critério de desempate num segundo momento, se for o caso; ou, usado em índices de seleção.

Esses resultados podem ser explicados pela baixa incidência de doenças para a época de segunda safra; e, ou que o ataque das mesmas, se não muito severo, não é o limitante para a produtividade dos híbridos, que acabam por ter sua produtividade limitada pelas condições

climáticas, como por exemplo, a falta de chuvas. Em contrapartida, a falta de chuvas e umidade no ambiente, dificulta o aparecimento e desenvolvimento das doenças foliares.

Em todos os locais, houve boa quantidade de chuva até o período do florescimento. Após o florescimento, as chuvas começaram a diminuir, causando uma pequena redução na produtividade de grãos, devido à falta de água no período de enchimento de grãos.

Silva Neto et. al. (2017), avaliando a incidência e severidade de doenças em 27 genótipos de milho safrinha com e sem a aplicação de fungicida foliar, também no Cerrado (Dourados – MS), não encontraram diferença de produtividade com ou sem aplicação de fungicida.

Costa et. al. (2012), também não encontraram diferença significativa na produtividade (kg ha^{-1}) em função da aplicação dos fungicidas em relação à testemunha, em época de segunda safra, atribuindo a semelhança de todos os tratamentos à baixa incidência de patógenos, o que não comprometeu significativamente a área foliar, não interferindo na produção da cultura.

Vilela et al. (2012) também verificaram que, apesar da aplicação foliar de fungicidas ter reduzido a incidência de doenças foliares no milho em safrinha, este comportamento não refletiu em aumento de produtividade, que foi influenciada apenas pelos híbridos utilizados no experimento.

Na Tabela 3, pode-se observar os dados de dias até o florescimento, contados a partir da data de semeadura, para os quatro locais e também a média entre eles. O local onde os genótipos chegaram mais rapidamente ao florescimento foi em Canarana-MT, com 52 a 57 dias até o florescimento. Em Rio Verde - GO, os genótipos precisaram de mais dias até atingir seu florescimento, de 58 até 63 dias dependendo do genótipo. Essa diferença de 6 dias aproximadamente, para atingir a fase de florescimento, entre os dois locais é causada pelas diferenças climáticas de temperatura entre os locais, que é refletida na soma térmica de temperatura pela cultura do milho, que é classificado como uma planta termosensível.

Nos locais de menor altitude, teve-se maiores temperaturas médias diárias, proporcionando a diminuição no ciclo do milho em dias de calendário. Já nos locais com maior altitude, onde as temperaturas médias diárias foram mais baixas, em Rio Verde por exemplo, o ciclo ficou mais longo em dias.

Porém, o ciclo fisiológico do milho não sofre alteração de um local para o outro, pois é dado pela soma térmica de graus-dia (GD). Na Tabela 4, cada um dos híbridos está com seu ciclo descrito de acordo com a soma térmica de cada local durante seu período vegetativo.

Praticamente todos os híbridos do experimento foram classificados com ciclo precoce, pois atingiram o florescimento com uma soma térmica entre 830 e 900 GD. Apenas o híbrido HT069, obteve ciclo precoce em dois locais, e ciclo semiprecoce nos outros dois locais. Nesse caso, outros ensaios precisariam serem feitos a fim de determinar o ciclo correto desse genótipo, se fosse o objetivo. Esse empasse pode ser explicado pelo fato de os dados climáticos usados não terem sido coletados no mesmo local exato da instalação dos experimentos. Para ter 100% de confiança nesses dados, seria necessária a instalação de estações automáticas junto aos ensaios, o que tornaria o custo bastante elevado para essa fase de avaliação preliminar.

Para altura de planta, os valores obtidos na média dos 4 locais, ficaram entre 192 e 229 cm, para o híbrido mais baixo e mais alto, respectivamente (Tabela 5). Para as testemunhas foram encontradas, na média, as alturas de 229, 215 e 213 cm, para 20A55, 2B633 e MG699, respectivamente. Pode-se verificar que os valores de altura de planta dos genótipos experimentais, ficaram bastante próximos aos valores médios das testemunhas, com uma leve tendência de apresentarem menor altura em relação às testemunhas, sendo essa menor altura uma característica fenotípica desejada (MOCK; PEARCE, 1975). Não foram encontrados trabalhos na literatura avaliando a altura de plantas para esses genótipos nesses mesmos locais.

Para altura de inserção de espiga, as médias variaram de 87 a 123 cm, para o genótipo com menor altura de inserção de espiga e o de maior altura de inserção de espiga (Tabela 6).

As testemunhas tiveram alturas de espiga de 100, 101 e 110 cm, para 20A55, 2B633 e MG699, respectivamente. Maiores alturas de inserção de espigas estão relacionadas, na maioria das vezes, a maior facilidade de quebra e acamamento das plantas, sendo a busca por genótipos com menor altura de inserção de espigas um fator importante a ser considerado para seleção de genótipos. Para os híbridos avaliados, apesar de alguns apresentarem altura de inserção de espiga maiores em relação às testemunhas, não é um fator para descartar os mesmos.

Segundo Li et al. (2007) e Siqueira et al. (2009), um fator que contribui muito para que ocorra o acamamento é a altura da inserção da espiga que, quanto mais alta estiver, mais suscetível a planta está ao acamamento. No entanto, Campos et al. (2010) estudando a relação da altura de planta e inserção de espiga com acamamento e quebra de plantas de quarenta e nove cultivares comerciais, em cinco regiões, não observou nenhuma relação entre altura de planta e inserção de espiga com as taxas de acamamento.

De modo geral, os dados obtidos para altura de plantas e de inserção de espigas ficaram bastante próximos às testemunhas, mostrando que esses genótipos experimentais estão com boas alturas de inserção de espiga.

A densidade final de plantas por hectare, calculada pelo número de plantas finais por parcela útil, variou entre 56.000 e 64.000 plantas por hectares nos experimentos (Tabela 7). Esses valores ficaram próximos ao valor de 60.000 plantas por hectare, o qual seria o valor ideal para todos os tratamentos. Essa variação na densidade final das plantas não traz sérios riscos à confiabilidade dos dados de produtividade, por exemplo. Tanto que, na média dos 4 locais, a variação de densidade entre os genótipos ficou entre 57.500 e 62.000 plantas por hectare, com valores mais próximos do ideal de 60.000.

Na Tabela 8, são observados os dados de índice de acamamento, dado pela relação entre o número de plantas acamadas e o número totais de plantas da parcela, em porcentagem. Os maiores valores de índice de acamamento foram encontrados no experimento de Primavera do

Leste – MT, para os genótipos HT043 (40,0%); HT015 (33,0%); HT054 (27,0%); 2B633 (27,0%); MG699 (21,0%); e, HT016 (12,0%). Esses seis genótipos apresentaram valores de acamamento acima de 10,0%, para esse local, o que pode nos indicar um problema na área em que foi instalado esse experimento, pois os mesmos genótipos não tiveram problema com acamamento nos outros locais.

Em geral, os índices de acamamento podem ser considerados baixos (0 a 11,6 %, na média geral) comparando aos valores encontrados por Flaresso et. al. (2000), que foram de 0 a 43,2 %, em ensaio de avaliação de cultivares de milho.

A causa desse acamamento, não foi diagnosticada, porém vários fatores podem ser levantados, que somados ou não, causaram a queda prematura dessas plantas. Entre as possíveis causas estão: doenças radiculares ou de colmo como *Fusarium*, Antracnose, *Macrophomina*, *Pythium*, entre outras; complexo do enfezamento do milho causado pela cigarrinha (*Dalbulus maydis*); ventos fortes; ataque de pragas, em manchas ou não, como por exemplo larva alfinete; entre outros.

4. CONCLUSÕES

Os híbridos experimentais tiveram níveis de incidência de doenças foliares e área foliar afetada semelhantes às dos híbridos usados como testemunhas.

Todos os híbridos experimentais e testemunhas foram classificados como precoces.

Para as características de altura de planta e altura de espiga, os genótipos experimentais, ficaram bastante próximos aos valores médios das testemunhas.

Os índices de acamamento foram baixos, indicando boa tolerância dos híbridos experimentais a esse fator.

5. TABELAS

Tabela 1. Análise conjunta para sanidade foliar, acamamento, altura de plantas e altura de inserção de espigas.

Híbrido	Análise Conjunta							
	Sanidade Foliar (nota)		Acamamento (%)		Altura de plantas (cm)		Altura de espigas (cm)	
20A55	2.3	f	0.5%	e	246.0	a	99.4	d
2B633	3.5	d	1.6%	c	233.8	c	101.9	d
MG699	3.7	c	1.5%	c	233.1	c	111.0	b
HT001	3.6	d	0.8%	d	215.5	f	90.3	f
HT002	4.4	a	0.9%	d	222.0	f	99.0	d
HT003	3.1	e	0.5%	e	231.7	d	96.4	e
HT004	2.9	e	1.8%	b	246.5	a	110.2	b
HT005	2.3	f	0.0%	f	241.7	b	105.1	c
HT006	2.9	e	0.3%	e	228.5	d	97.1	e
HT007	2.5	f	0.3%	e	235.0	c	109.4	b
HT008	3.0	e	0.0%	f	222.5	f	99.8	d
HT009	3.6	d	1.5%	c	239.0	b	103.7	d
HT010	3.8	c	1.5%	c	222.2	f	90.2	f
HT011	4.4	a	1.3%	c	219.8	f	94.6	e
HT012	4.2	b	0.8%	d	220.5	f	96.8	e
HT013	3.3	d	1.7%	b	219.2	f	92.8	f
HT014	3.5	d	1.5%	c	215.7	f	90.9	f
HT015	4.3	a	2.8%	a	243.3	a	102.8	d
HT016	3.8	c	3.3%	a	220.6	f	99.1	d
HT017	4.2	b	0.0%	f	230.4	d	97.9	e
HT018	2.8	e	1.0%	d	226.5	e	96.7	e
HT019	3.1	e	1.4%	c	236.7	c	108.8	b
HT020	3.4	d	0.5%	e	238.9	b	93.4	f
HT021	3.4	d	0.0%	f	226.1	e	92.7	f
HT023	2.9	e	0.8%	d	232.1	d	105.4	c
HT024	2.6	f	0.4%	e	226.4	e	101.4	d
HT025	3.5	d	1.3%	c	230.3	d	89.8	f
HT026	3.8	c	0.1%	e	231.0	d	94.8	e
HT027	3.1	e	0.0%	f	234.4	c	105.4	c
HT028	3.5	d	1.6%	c	226.5	e	88.6	f
HT029	3.1	e	1.5%	c	231.5	d	98.1	e
HT030	3.7	c	2.3%	a	216.7	f	98.7	d
HT031	4.8	a	0.2%	e	224.4	e	102.2	d
HT032	4.0	b	1.8%	b	216.0	f	100.4	d
HT033	4.1	b	1.0%	d	207.5	f	88.2	f

Continuação...

HT034	4.3	a	1.5%	c	215.0	f	92.8	f
HT035	2.7	e	0.5%	e	246.7	a	116.3	a
HT036	4.5	a	0.2%	e	237.4	c	104.4	c
HT037	3.9	b	0.9%	d	243.1	a	111.9	b
HT038	3.4	d	1.5%	c	245.4	a	108.3	b
HT039	3.4	d	0.3%	e	240.8	b	101.6	d
HT040	3.4	d	1.3%	c	224.7	e	99.2	d
HT042	3.4	d	2.0%	b	234.4	c	105.6	c
HT043	4.4	a	2.5%	a	239.5	b	102.4	d
HT044	2.5	f	0.3%	e	241.3	b	104.7	c
HT045	3.6	d	1.0%	d	227.4	e	96.1	e
HT046	3.5	d	1.9%	b	237.0	c	107.0	c
HT047	2.8	e	0.0%	f	221.4	f	98.9	d
HT048	3.5	d	0.0%	f	229.2	d	95.4	e
HT049	2.9	e	0.0%	f	225.5	e	100.4	d
HT050	3.0	e	0.0%	f	219.5	f	97.0	e
HT051	3.0	e	2.8%	a	243.6	a	107.8	c
HT052	3.8	c	1.1%	d	230.0	d	101.1	d
HT053	3.3	d	0.2%	e	239.9	b	115.4	a
HT054	3.5	d	2.3%	a	243.4	a	111.1	b
HT055	3.3	d	1.3%	c	229.5	d	106.4	c
HT056	3.3	d	0.0%	f	249.8	a	113.8	a
HT057	3.9	b	0.5%	e	239.7	b	104.3	c
HT058	3.8	c	1.8%	b	235.1	c	107.3	c
HT059	3.0	e	0.3%	e	238.0	b	100.8	d
HT060	3.2	d	0.8%	d	225.3	e	98.6	d
HT061	4.0	b	1.0%	d	238.2	b	95.9	e
HT062	3.3	d	0.1%	e	244.0	a	115.1	a
HT063	3.2	d	0.0%	f	233.7	c	97.8	e
HT064	3.9	c	1.3%	c	226.6	e	87.7	f
HT065	3.3	d	0.3%	e	230.1	d	109.7	b
HT066	3.0	e	1.3%	c	232.7	c	97.1	e
HT067	4.2	b	0.0%	f	231.9	d	106.7	c
HT068	2.9	e	1.8%	b	235.5	c	106.2	c
HT069	4.0	b	0.8%	d	220.2	f	99.2	d
HT070	3.7	c	1.3%	c	221.8	f	90.9	f
HT071	2.3	f	0.4%	e	243.7	a	121.3	a
HT072	3.4	d	0.5%	e	235.8	c	120.2	a

* Médias seguidas pela mesma letra na coluna, pertencem ao mesmo agrupamento segundo o teste de Scott-Knott ao nível de 5% de significância.

Tabela 2. Escala de sanidade foliar baseada na área foliar afetada (Agrocerees, 1996), de todos os genótipos nos 4 locais avaliados.

Híbrido	Sanidade Foliar (escala de nota)			
	Canarana - MT	Primavera do Leste - MT	Sorriso - MT	Rio Verde - GO
20A55	2,9	2,1	2,3	1,5
2B633	2,2	4,7	2,6	1,1
MG699	2,8	4,5	2,9	1,6
HT001	4,0	4,0	4,0	1,0
HT002	5,0	5,0	4,0	2,0
HT003	4,0	3,0	2,0	2,0
HT004	4,0	2,0	3,0	2,0
HT005	4,0	2,0	2,0	2,0
HT006	4,0	3,0	4,0	1,0
HT007	4,0	3,0	3,0	1,0
HT008	4,0	3,0	3,0	1,0
HT009	4,0	3,0	3,0	3,0
HT010	4,0	4,0	2,0	2,0
HT011	5,0	4,0	3,0	4,0
HT012	4,0	3,0	4,0	4,0
HT013	4,0	3,0	3,0	3,0
HT014	5,0	3,0	2,0	2,0
HT015	4,0	5,0	3,0	5,0
HT016	4,0	4,0	4,0	4,0
HT017	4,0	4,0	4,0	3,0
HT018	5,0	3,0	3,0	1,0
HT019	4,0	3,0	3,0	2,0
HT020	4,0	4,0	2,0	2,0
HT021	4,0	3,0	4,0	2,0
HT023	5,0	2,0	3,0	2,0
HT024	3,0	3,0	3,0	1,0
HT025	4,0	3,0	2,0	4,0
HT026	4,0	4,0	3,0	1,0
HT027	4,0	2,0	3,0	4,0
HT028	4,0	3,0	2,0	4,0
HT029	3,0	3,0	4,0	2,0
HT030	5,0	3,0	3,0	2,0
HT031	5,0	4,0	3,0	5,0
HT032	5,0	4,0	3,0	2,0
HT033	4,0	5,0	3,0	2,0
HT034	5,0	4,0	4,0	2,0
HT035	4,0	2,0	4,0	2,0

Continuação...

HT036	5,0	5,0	3,0	2,0
HT037	3,0	4,0	3,0	3,0
HT038	3,0	3,0	3,0	3,0
HT039	3,0	3,0	4,0	2,0
HT040	4,0	4,0	3,0	1,0
HT042	3,0	3,0	3,0	2,0
HT043	4,0	5,0	4,0	2,0
HT044	3,0	3,0	2,0	3,0
HT045	4,0	3,0	2,0	3,0
HT046	4,0	3,0	4,0	2,0
HT047	3,0	2,0	5,0	1,0
HT048	3,0	4,0	5,0	1,0
HT049	3,0	3,0	4,0	2,0
HT050	3,0	3,0	4,0	1,0
HT051	3,0	3,0	2,0	2,0
HT052	4,0	5,0	2,0	2,0
HT053	4,0	3,0	3,0	2,0
HT054	3,0	4,0	3,0	1,0
HT055	4,0	4,0	2,0	4,0
HT056	3,0	4,0	3,0	2,0
HT057	3,0	4,0	3,0	4,0
HT058	3,0	5,0	2,0	2,0
HT059	5,0	2,0	3,0	2,0
HT060	5,0	3,0	3,0	2,0
HT061	3,0	5,0	3,0	2,0
HT062	4,0	3,0	3,0	3,0
HT063	3,0	3,0	4,0	3,0
HT064	3,0	5,0	3,0	3,0
HT065	4,0	3,0	3,0	2,0
HT066	3,0	4,0	2,0	3,0
HT067	4,0	4,0	3,0	2,0
HT068	3,0	4,0	2,0	1,0
HT069	3,0	5,0	3,0	3,0
HT070	4,0	5,0	3,0	2,0
HT071	3,0	2,0	2,0	1,0
HT072	4,0	3,0	3,0	5,0

Tabela 3. Quantidade de dias da semeadura até o florescimento, de todos os genótipos nos quatro locais avaliados.

Híbrido	Dias até o florescimento			
	Canarana - MT	Primavera do Leste - MT	Sorriso - MT	Rio Verde - GO
20A55	54	57	58	59
2B633	54	57	59	59
MG699	55	56	59	60
HT001	53	56	59	58
HT002	54	56	58	59
HT003	54	55	58	58
HT004	53	57	59	59
HT005	53	55	58	58
HT006	53	58	61	59
HT007	54	56	58	59
HT008	53	55	59	58
HT009	54	58	56	60
HT010	53	58	59	59
HT011	53	60	57	60
HT012	53	56	59	58
HT013	54	58	60	60
HT014	53	57	56	59
HT015	53	56	60	58
HT016	53	56	60	58
HT017	53	55	58	58
HT018	53	57	56	59
HT019	53	56	60	58
HT020	55	58	59	60
HT021	57	58	60	61
HT023	53	57	58	59
HT024	53	58	58	59
HT025	53	56	59	58
HT026	53	56	57	58
HT027	53	57	59	59
HT028	54	55	59	58
HT029	54	56	58	59
HT030	52	56	59	58
HT031	53	62	57	61
HT032	52	56	59	58
HT033	53	56	60	58
HT034	53	57	59	59
HT035	53	57	59	59
HT036	53	58	60	59

Continuação...

HT037	54	56	59	59
HT038	54	56	59	59
HT039	54	55	59	58
HT040	54	58	60	60
HT042	55	56	60	59
HT043	56	57	61	60
HT044	57	56	60	60
HT045	53	56	60	58
HT046	56	55	57	59
HT047	54	56	59	59
HT048	53	56	58	58
HT049	54	58	59	60
HT050	57	56	60	60
HT051	55	56	60	59
HT052	56	60	60	62
HT053	54	57	60	59
HT054	53	56	60	58
HT055	53	56	58	58
HT056	54	56	58	59
HT057	54	60	60	61
HT058	57	56	59	60
HT059	53	55	61	58
HT060	55	57	60	60
HT061	54	55	59	58
HT062	55	56	59	59
HT063	53	58	58	59
HT064	55	62	60	62
HT065	52	56	59	58
HT066	54	55	58	58
HT067	55	55	59	59
HT068	55	56	60	59
HT069	56	62	59	63
HT070	53	57	59	59
HT071	57	56	59	60
HT072	54	57	59	59

Tabela 4. Ciclo dos genótipos para cada um dos locais, definido pela soma térmica de graus-dia (GD)

Híbrido	Dias até o florescimento			
	Canarana - MT	Primavera do Leste - MT	Sorriso - MT	Rio Verde - GO
20A55	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
2B633	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
MG699	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT001	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT002	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT003	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT004	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT005	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT006	Precoce	Precoce	Semiprecoce	Precoce
HT007	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT008	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT009	Precoce	Precoce	Superprecoces	Precoce
HT010	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT011	Precoce	Semiprecoces	Precoce	Precoce
HT012	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT013	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT014	Precoce	Precoce	Superprecoces	Precoce
HT015	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT016	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT017	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT018	Precoce	Precoce	Superprecoces	Precoce
HT019	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT020	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT021	Semiprecoces	Precoce	Precoce	Precoce
HT023	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT024	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT025	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT026	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT027	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT028	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT029	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT030	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT031	Precoce	Semiprecoces	Precoce	Precoce
HT032	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT033	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT034	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT035	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT036	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce

Continuação...

HT037	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT038	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT039	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT040	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT042	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT043	Precoce	Precoce	Semiprecoce	Precoce
HT044	Semiprecoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT045	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT046	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT047	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT048	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT049	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT050	Semiprecoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT051	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT052	Precoce	Semiprecoce	Precoce	Precoce
HT053	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT054	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT055	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT056	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT057	Precoce	Semiprecoce	Precoce	Precoce
HT058	Semiprecoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT059	Precoce	Precoce	Semiprecoce	Precoce
HT060	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT061	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT062	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT063	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT064	Precoce	Semiprecoce	Precoce	Precoce
HT065	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT066	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT067	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT068	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT069	Precoce	Semiprecoce	Precoce	Semiprecoce
HT070	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT071	Semiprecoce	Precoce	Precoce	Precoce
HT072	Precoce	Precoce	Precoce	Precoce

Tabela 5. Altura de plantas em cada um dos locais, em cm.

Híbrido	Altura de Planta (cm)			
	Canarana - MT	Primavera do Leste - MT	Sorriso - MT	Rio Verde - GO
20A55	230	235	215	225
2B633	220	220	200	220
MG699	220	215	200	215
HT001	190	185	212	199
HT002	210	220	199	199
HT003	233	225	231	191
HT004	227	235	226	213
HT005	211	230	210	210
HT006	200	225	202	196
HT007	227	245	212	200
HT008	230	210	170	220
HT009	211	200	250	210
HT010	197	190	232	223
HT011	180	195	218	195
HT012	195	210	176	195
HT013	196	225	174	222
HT014	204	180	194	200
HT015	241	220	230	206
HT016	221	215	190	179
HT017	226	210	179	206
HT018	223	205	213	209
HT019	225	225	234	203
HT020	210	200	206	239
HT021	180	220	205	199
HT023	190	230	202	206
HT024	217	210	187	190
HT025	205	220	220	200
HT026	205	225	213	205
HT027	211	240	199	186
HT028	206	230	200	194
HT029	200	220	195	205
HT030	195	200	186	201
HT031	190	210	202	194
HT032	207	180	202	190
HT033	181	200	199	203
HT034	180	200	194	195
HT035	210	240	211	220
HT036	200	220	205	223

Continuação...

HT037	204	230	210	227
HT038	250	245	200	209
HT039	214	220	212	226
HT040	223	215	190	224
HT042	215	230	220	195
HT043	225	235	173	240
HT044	238	240	216	215
HT045	212	200	215	205
HT046	218	220	225	225
HT047	220	190	180	195
HT048	226	210	198	236
HT049	235	220	191	200
HT050	208	220	176	214
HT051	232	230	215	220
HT052	212	195	217	220
HT053	187	250	200	221
HT054	240	220	226	210
HT055	237	230	210	185
HT056	240	220	222	226
HT057	230	220	193	210
HT058	226	210	225	202
HT059	210	240	196	215
HT060	203	230	187	190
HT061	235	200	218	215
HT062	234	235	213	218
HT063	222	220	187	200
HT064	214	210	188	194
HT065	197	210	203	210
HT066	210	235	190	190
HT067	188	230	204	204
HT068	196	240	237	222
HT069	224	180	222	208
HT070	234	200	214	183
HT071	218	230	232	235
HT072	227	240	220	200

Tabela 6. Altura (cm) de inserção de espiga dos genótipos avaliados, em diferentes locais.

Híbrido	Altura de Espiga (cm)			
	Canarana - MT	Primavera do Leste - MT	Sorriso - MT	Rio Verde - GO
20A55	100	110	95	95
2B633	105	110	90	100
MG699	115	115	100	110
HT001	91	90	106	85
HT002	90	110	111	90
HT003	96	100	120	85
HT004	112	100	106	110
HT005	102	110	110	90
HT006	95	100	89	100
HT007	112	130	123	85
HT008	105	100	84	115
HT009	100	90	117	95
HT010	84	80	97	115
HT011	97	70	117	90
HT012	105	100	89	85
HT013	85	100	76	115
HT014	91	80	90	90
HT015	107	110	110	95
HT016	93	110	104	80
HT017	91	110	87	100
HT018	107	100	112	80
HT019	119	110	116	95
HT020	97	60	88	125
HT021	96	80	86	105
HT023	90	120	98	110
HT024	117	100	94	90
HT025	75	100	105	90
HT026	98	110	92	90
HT027	114	120	98	85
HT028	90	110	85	80
HT029	96	90	93	105
HT030	95	90	87	110
HT031	109	100	95	100
HT032	97	90	107	95
HT033	86	90	92	100
HT034	82	90	105	90
HT035	114	130	98	115
HT036	118	80	105	110

Continuação...

HT037	110	100	113	120
HT038	114	120	100	90
HT039	112	90	110	90
HT040	110	100	92	110
HT042	109	110	94	100
HT043	93	120	64	120
HT044	120	120	106	85
HT045	97	90	93	95
HT046	100	110	108	115
HT047	112	100	80	100
HT048	123	90	94	90
HT049	110	100	94	110
HT050	108	80	100	105
HT051	117	100	110	95
HT052	110	90	105	110
HT053	96	120	111	130
HT054	117	100	113	105
HT055	110	110	113	105
HT056	128	110	93	120
HT057	110	100	99	100
HT058	115	110	110	85
HT059	92	110	87	110
HT060	110	100	95	85
HT061	106	80	90	95
HT062	116	120	110	125
HT063	113	80	90	100
HT064	108	70	79	90
HT065	110	110	100	115
HT066	98	110	82	90
HT067	113	90	114	105
HT068	90	110	135	105
HT069	112	90	110	100
HT070	110	60	106	100
HT071	113	110	117	150
HT072	118	125	135	115

Tabela 7. Densidade final de plantas ha⁻¹, para cada um dos genótipos em cada local.

Híbrido	Densidade (plantas ha ⁻¹)			
	Canarana - MT	Primavera do Leste - MT	Sorriso - MT	Rio Verde - GO
20A55	59.400	57.000	57.400	63.600
2B633	57.400	59.400	57.600	62.200
MG699	57.600	62.200	57.200	59.400
HT001	56.000	60.000	58.000	64.000
HT002	56.000	60.000	58.000	60.000
HT003	58.000	60.000	56.000	64.000
HT004	62.000	60.000	56.000	64.000
HT005	56.000	58.000	64.000	64.000
HT006	60.000	62.000	60.000	64.000
HT007	58.000	62.000	58.000	58.000
HT008	58.000	62.000	56.000	64.000
HT009	60.000	62.000	58.000	62.000
HT010	56.000	62.000	62.000	64.000
HT011	60.000	56.000	62.000	64.000
HT012	60.000	60.000	56.000	56.000
HT013	60.000	56.000	58.000	60.000
HT014	56.000	64.000	56.000	62.000
HT015	60.000	56.000	58.000	56.000
HT016	60.000	60.000	58.000	56.000
HT017	60.000	58.000	58.000	62.000
HT018	62.000	60.000	62.000	64.000
HT019	64.000	58.000	56.000	64.000
HT020	60.000	56.000	56.000	64.000
HT021	56.000	58.000	60.000	58.000
HT023	56.000	60.000	58.000	64.000
HT024	56.000	58.000	56.000	62.000
HT025	58.000	58.000	56.000	60.000
HT026	60.000	56.000	58.000	64.000
HT027	58.000	62.000	60.000	56.000
HT028	58.000	60.000	56.000	56.000
HT029	60.000	56.000	60.000	58.000
HT030	60.000	56.000	58.000	62.000
HT031	60.000	58.000	56.000	62.000
HT032	56.000	60.000	60.000	56.000
HT033	56.000	58.000	60.000	60.000
HT034	58.000	58.000	60.000	56.000
HT035	56.000	56.000	58.000	64.000
HT036	62.000	56.000	56.000	64.000

Continuação...

HT037	56.000	58.000	56.000	64.000
HT038	60.000	58.000	56.000	64.000
HT039	56.000	56.000	60.000	62.000
HT040	60.000	62.000	56.000	64.000
HT042	58.000	60.000	58.000	56.000
HT043	60.000	60.000	56.000	58.000
HT044	56.000	58.000	60.000	56.000
HT045	62.000	60.000	56.000	64.000
HT046	56.000	62.000	56.000	64.000
HT047	62.000	58.000	56.000	58.000
HT048	56.000	58.000	58.000	60.000
HT049	58.000	62.000	56.000	64.000
HT050	56.000	58.000	56.000	64.000
HT051	58.000	56.000	58.000	64.000
HT052	58.000	60.000	56.000	62.000
HT053	56.000	60.000	56.000	62.000
HT054	60.000	58.000	56.000	58.000
HT055	56.000	62.000	60.000	58.000
HT056	58.000	56.000	60.000	56.000
HT057	60.000	56.000	56.000	64.000
HT058	56.000	60.000	60.000	58.000
HT059	58.000	62.000	62.000	64.000
HT060	62.000	62.000	60.000	60.000
HT061	56.000	58.000	60.000	56.000
HT062	56.000	56.000	60.000	58.000
HT063	60.000	58.000	60.000	56.000
HT064	58.000	56.000	62.000	56.000
HT065	60.000	56.000	56.000	62.000
HT066	58.000	60.000	56.000	56.000
HT067	58.000	56.000	56.000	62.000
HT068	56.000	60.000	56.000	60.000
HT069	58.000	56.000	56.000	60.000
HT070	56.000	58.000	60.000	62.000
HT071	56.000	58.000	58.000	64.000
HT072	56.000	62.000	60.000	60.000

Tabela 8. Índice de acamamento (%) dos genótipos para cada um dos locais.

Híbrido	Índice de Acamamento (%)			
	Canarana - MT	Primavera do Leste - MT	Sorriso - MT	Rio Verde - GO
20A55	1,0%	1,0%	1,0%	0,0%
2B633	2,0%	27,0%	1,0%	1,0%
MG699	1,0%	21,0%	2,0%	0,0%
HT001	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT002	0,0%	3,3%	3,3%	0,0%
HT003	3,3%	0,0%	0,0%	0,0%
HT004	0,0%	10,0%	0,0%	0,0%
HT005	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT006	0,0%	0,0%	0,0%	6,7%
HT007	0,0%	0,0%	3,3%	0,0%
HT008	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT009	3,3%	0,0%	0,0%	0,0%
HT010	3,3%	0,0%	3,3%	3,3%
HT011	3,3%	3,3%	0,0%	6,7%
HT012	10,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT013	6,7%	3,3%	3,3%	0,0%
HT014	0,0%	0,0%	3,3%	0,0%
HT015	10,0%	33,0%	3,3%	0,0%
HT016	3,3%	12,0%	0,0%	6,7%
HT017	0,0%	6,7%	0,0%	0,0%
HT018	3,3%	0,0%	6,7%	0,0%
HT019	3,3%	3,3%	3,3%	0,0%
HT020	3,3%	10,0%	0,0%	0,0%
HT021	3,3%	0,0%	0,0%	0,0%
HT023	6,7%	0,0%	6,7%	0,0%
HT024	3,3%	0,0%	3,3%	0,0%
HT025	3,3%	6,7%	0,0%	0,0%
HT026	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT027	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT028	6,7%	0,0%	0,0%	10,0%
HT029	3,3%	0,0%	3,3%	3,3%
HT030	3,3%	0,0%	6,7%	0,0%
HT031	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT032	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT033	0,0%	3,3%	3,3%	0,0%
HT034	6,7%	0,0%	6,7%	3,3%
HT035	3,3%	0,0%	0,0%	0,0%

Continuação...

HT036	0,0%	6,7%	0,0%	0,0%
HT037	6,7%	0,0%	0,0%	6,7%
HT038	0,0%	0,0%	0,0%	3,3%
HT039	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT040	6,7%	0,0%	3,3%	0,0%
HT042	3,3%	3,3%	0,0%	0,0%
HT043	0,0%	40,0%	0,0%	0,0%
HT044	0,0%	0,0%	3,3%	0,0%
HT045	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT046	6,7%	3,3%	0,0%	6,7%
HT047	3,3%	0,0%	0,0%	0,0%
HT048	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT049	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT050	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT051	3,3%	3,3%	6,7%	0,0%
HT052	3,3%	0,0%	3,3%	0,0%
HT053	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT054	0,0%	27,0%	0,0%	0,0%
HT055	10,0%	6,7%	0,0%	0,0%
HT056	0,0%	0,0%	3,3%	0,0%
HT057	0,0%	0,0%	3,3%	0,0%
HT058	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT059	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT060	6,7%	0,0%	0,0%	3,3%
HT061	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT062	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT063	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
HT064	3,3%	9,0%	3,3%	0,0%
HT065	3,3%	0,0%	3,3%	0,0%
HT066	3,3%	6,7%	0,0%	0,0%
HT067	3,3%	0,0%	0,0%	0,0%
HT068	3,3%	10,0%	0,0%	3,3%
HT069	6,7%	0,0%	0,0%	0,0%
HT070	0,0%	0,0%	6,7%	6,7%
HT071	3,3%	0,0%	0,0%	0,0%
HT072	10,0%	0,0%	0,0%	0,0%

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGROCERES. *Guia de sanidade*. 2. ed. São Paulo: Sementes Agrocere, 1996. 72 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. Melhoramento de Plantas. Viçosa: UFV. 2005. 525 p.
- BRASIL - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E DO ABASTECIMENTO. ANEXO VI. Requisitos Mínimos para Determinação do Valor de Cultivo e Uso de Milho (*Zea mays*) para Inscrição no Registro Nacional de Cultivares - RNC. 1998. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/semences-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/formularios-para_registro-de-cultivares. Acesso em: 18/03/2018.
- CAMPOS, M.C.C; SILVA, V.A; CAVLCANTE, I.H.L; BECKMANN, M.Z. Produtividade e características agronômicas de cultivares de milho safrinha sob plantio direto no Estado de Goiás. *Revista Acadêmica de Ciências Agrárias e Ambiental*. Curitiba, v.8, n.1, p.77-84, 2010.
- CONAB. - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, sexto levantamento**, março, 2019. Disponível em: < <http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 01/03/2019.
- COSTA, D.F.; VIEIRA, B.S.; LOPES, E.A.; MOREIRA, L.C.B. Aplicação de fungicidas no controle de doenças foliares na cultura do milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.11, p.98-105, 2012.
- CRUZ, P.J.; CARVALHO, F.I.F. de; SILVA, S.A.; KUREK, A.J.; BARBIERI, R.L.; CARGNIN, A. Influência do acamamento sobre o rendimento de grãos e outros caracteres em trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.9, p.5-8, 2003.
- EASSON, D.L.; WHITE, E.M.; PICKLES, S.J. The effects of weather, seed rate and cultivar on lodging and yield in winter wheat. **Journal of Agricultural Science**, v.121, p.145-156, 1993.
- FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. Produção de Milho. Guaíba: Agropecuária, 2000.

360 p.

FLARESSO, J. A.; GROSS, C. D.; ALMEIDA, E. X. de. Cultivares de milho (*Zea mays* L.) e sorgo (*Sorghum bicolor* (L) Moench) para ensilagem no Alto do Vale do Itajaí, Santa Catarina.

Revista Brasileira de Zootecnia, Viçosa, MG, v. 29, n. 6, p. 608-1615, 2000.

LI, Y. et al. The genetics relationships among plant-height traits found using multiple trait QTL mapping of a dent corn and popcorn cross. **Genome; Toronto**, v.50, n.4, p.357-364, 2007.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; PAIVA, E.; CARNEIRO, N. P. Fisiologia do milho. Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS, 2002. 23 P. (EMBRAPA-CNPMS. Circular técnica, 22).

MOCK, J. J. & R. B. PIERCE. An ideotype of maize. **Euphytica** 24: 613–623, 1975.

NETO, A. A. da S.; MELO, T. S.; FACHINELLI, R.; LUZ, R. A. da; CECCON, G. Produtividade de milho safrinha com e sem aplicação foliar de fungicida. XIV Seminário nacional de milho safrinha. **Disponível em:** Anais do XIV SEMINÁRIO NACIONAL DE MILHO SAFRINHA, Cuiabá – MT, Brasil, 2017.

PAZIANI, S. F.; DUARTE, A. P.; NUSSIO, L. G.; GALLO, P. B.; BITTAR, C. M. M.; ZOPOLLATTO, M.; RECO, P. C. Características agronômicas e bromatológicas de híbridos de milho para produção de silagem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 38, n. 3, p. 411-417, 2009.

SIQUEIRA, B.C. et al. Ação dos fertilizantes Bacsol e Orgasol na altura de inserção da espiga e coloração dos grãos na cultura do milho orgânico. In: Semana de Ciência e Tecnologia do IFMG. 2., Jornada Científica. 2., 19 a 23 de outubro de 2009.

USDA, *United State Department of Agriculture*. 3º levantamento USDA da safra 2019/20 - Julho/19.

VILELA, R. G.; ARF, O.; KAPPES, C. KANEKO, F. H. GITTI, D. C.; FERREIRA, J. P. Desempenho agronômico de híbridos de milho, em função da aplicação foliar de fungicidas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 1, p. 25-33, 2012.

ZUCARELI, C.; FILHO, A. C. de A. C.; GONÇALVES, M. S.; OLIVEIRA, M. A. de.
**Acúmulo de Graus dias, Ciclo e Produtividade de Cultivares de Milho de Segunda Safra
para a Região de Londrina-PR.** In: XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 2010.

CAPÍTULO II – SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA O CERRADO UTILIZANDO DELINEAMENTO DE BLOCOS AUMENTADOS EM DIFERENTES AMBIENTES

RESUMO

Nas fases preliminares dos ensaios para seleção de genótipos de milho híbrido, são avaliados um número grande de genótipos, porém com pouca quantidade de semente de cada genótipo a ser avaliado. O Delineamento em Blocos Aumentados buscou suprir essa necessidade, onde os genótipos são avaliados em apenas uma repetição por local. Este trabalho teve como objetivo selecionar genótipos de milho híbrido superiores para o Cerrado. Foram avaliados 70 híbridos experimentais num delineamento de Blocos Aumentados sem repetição e 3 testemunhas repetidas uma vez em cada bloco; em quatro locais, em época de segunda safra. Na ocasião da colheita obtido o peso de grãos por parcela e umidade da massa de grãos. Os dados de peso por parcela foram convertidos em kg ha^{-1} (produtividade), corrigindo para 13% de teor de água. Houve diferença significativa entre os locais dos experimentos avaliados, entre os tratamentos e também, para a interação testemunhas x híbridos, com nível de significância de 1 %. Houve diferença significativa a nível de 5 % para blocos e híbridos. Não houve diferença significativa entre as testemunhas. Com base na análise conjunta e teste de Scott-Knott, para o caractere produtividade de grãos (kg ha^{-1}), foram selecionados os híbridos experimentais: HT007; HT008; HT018; HT004; HT024; HT005; e, HT071.

Palavras-chave: SAS[®], Cerrado, análise conjunta.

MAIZE HYBRID SELECTION FOR THE CERRADO USING AUGMENTED BLOCKS DESIGN IN DIFERENT LOCATIONS

ABSTRACT

In the preliminary stages of the trials for selection of hybrid corn genotypes, a large number of genotypes are evaluated, but with little seed of each genotype to be evaluated. The Augmented Block Design sought to meet this need, where the genotypes are evaluated in only one replicate per site. The objective of this work was to select superior hybrid corn genotypes for the Cerrado. 70 experimental hybrids were evaluated in a non - repetitive Augmented Block Design and 3 checks replicates once in each block; in four locations, in the second harvest season. At the time of harvest the grain weight per plot and moisture of the grain mass were obtained. The weight per plot data were converted to kg ha^{-1} (yeald), correcting for 13% water content. There was a significant difference between the sites of the experiments evaluated, between the treatments and also, for the interaction of controls vs. hybrids, with significance level of 1%. There was a significant difference at the 5% level for blocks and hybrids. There was no significant difference between the checks. Based on the joint analysis and Scott-Knott's test, for the grain yield character (kg ha^{-1}), the experimental hybrids were selected: HT007; HT008; HT018; HT004; HT024; HT005; and, HT071.

Key words: SAS[®], Cerrado, joint analysis.

1. INTRODUÇÃO

A pouca disponibilidade de material de propagação para cada novo genótipo a ser avaliado, não só obriga os melhoristas a reduzir o número de repetições, mas também a adotar parcelas de apenas uma ou duas fileiras de plantas e sem bordadura. Isto, associado a costumeira alocação sistemática dos cultivares testemunhas e/ou de grupos de progênies aparentadas, pode comprometer a suposição de independência entre observações sobre a qual se assenta a abordagem analítica tradicional (DUARTE, 2000).

Os Delineamento em Blocos Aumentados, propostos por Walter T. Federer em 1955, buscaram suprir a necessidade dos programas de melhoramento nas fases de experimentos preliminares, cujo propósito básico é a triagem de tratamentos promissores para futuros testes mais acurados (DUARTE, 2000).

O método da análise de variância (ANOVA) tem sua proposição atribuída a Fischer (1918). Sua versão clássica, historicamente a de maior aplicação, é empregada para conjuntos de dados balanceados, em modelos fixos ou completamente aleatórios. Esse método produz estimadores com propriedades estatísticas desejáveis, não tendenciosas e de variância mínima (BARBIN, 1998). O uso dos Delineamentos em Blocos Aumentados, permitem dois tipos de análise, a análise intrablocos (efeitos fixos para blocos e tratamentos) e a análise com recuperação da informação interblocos (um efeito fixo e outro aleatório) (COCHRAN & COX 1976).

A análise dos resultados de um grupo de experimentos, denominada análise conjunta, permite conclusões mais confiáveis e com conhecimento da abrangência das recomendações (PIMENTEL GOMES & GUIMARÃES, 1958).

Para realizar a análise de variância conjunta para delineamento de Blocos Aumentados de Federer, é necessário que os experimentos possam ser agrupados sem dificuldades, para isso é preciso que esses quadrados médios residuais obtidos na análise individual dos experimentos

não sejam muito diferentes entre si, ou seja, que tenham suas variâncias dos erros experimentais homogêneas (PIMENTEL GOMES, 2000).

O objetivo deste trabalho foi caracterizar e selecionar genótipos de milho híbrido superiores para o Cerrado Brasileiro, através da análise de variância conjunta utilizando Delineamento de Blocos Aumentados.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram instalados em quatro locais de grande representatividade para a produção de milho de segunda safra no Brasil, sendo dois locais em região de baixa altitude (<500 m), e dois locais em região de alta altitude (>500 m):

- Local 1 (SOR1): Fazenda Santo Antônio (latitude 12°52' Sul e longitude 55°49' Oeste), Sorriso/MT, com altitude de 398 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 02/02/2018;
- Local 2 (PVE1): Fazenda Santa Rita (latitude 15°28' Sul e longitude 54°09' Oeste), Primavera do Leste/MT, com altitude de 630 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 30/01/2018;
- Local 3 (CAN1): Fazenda Feijó (latitude 13°35' Sul e longitude 52°21' Oeste), Canarana/MT, com altitude de 344 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 14/02/2018;
- Local 4 (RVE1): Fazenda Casa Fértil (latitude 17°43' Sul e longitude 50°58' Oeste), Rio Verde/GO, com altitude de 825 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 20/02/2018;

Em todos os locais, os experimentos foram instalados em área de sequeiro (sem irrigação) em área de terceiros, sendo conduzidos juntamente com a área de milho comercial da fazenda após a colheita da cultura da soja.

Foi utilizado o Delineamento em Blocos Aumentados, no qual foram avaliados 73

genótipos de milho (híbridos triplos), sendo 70 tratamentos sem repetição (híbridos experimentais), e 3 testemunhas (20A55, MG699 e 2B633), que foram repetidas em cada um dos blocos, dispostas ortogonalmente, de forma que cada testemunha esteja presente em todas as linhas e colunas do experimento (Figura 1). São ao total 10 blocos com 10 parcelas por bloco, totalizando 100 parcelas.

As sementes de todos os tratamentos foram tratadas com dois inseticidas para garantir proteção inicial a pragas, para boa formação do estande das parcelas. Foram utilizadas duas classes diferentes de inseticidas para o tratamento de sementes, um da classe dos Neonicotinóides e outro das Diamidas, nas doses recomendadas pelo fabricante, para o controle de pragas iniciais como percevejos (sugadores) e lagartas (mastigadores), respectivamente.

O tamanho das parcelas utilizadas foi de 4 linhas no espaçamento 0,5 m por 5 m de comprimento (10m²), sendo a área útil as duas linhas centrais. Para a avaliação de milho para grãos, Camacho et al. (1998), determinaram que parcelas de 3,64 m², com aproximadamente 20 plantas, eram suficientes para a obtenção de boa precisão nas avaliações.

O plantio dos experimentos foi realizado manualmente com o auxílio de matracas, após a área ter sido sulcada mecanicamente pela plantadora. Aproximadamente 15 dias após a emergência das plantas nos experimentos, foi realizado o raleio, visando padronizar o número de plantas por parcela. Após o raleio, a densidade ficou equivalente a 60.000 plantas por hectare.

A adubação utilizada e os tratos culturais seguiram as recomendações técnicas indicadas para a cultura do milho (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000). Em nenhum dos locais foi realizada a aplicação de fungicidas devido à baixa incidência de doenças foliares.

Na ocasião da colheita obtido o peso de grãos por parcela e umidade da massa de grãos. Os dados de peso por parcela foram convertidos em quilogramas por hectare (produtividade), corrigindo para 13% de teor de água.

A análise estatística de variância (ANOVA), utilizada para avaliação dos genótipos para o delineamento de Blocos Aumentados, foi a seguinte:

Fonte de Variação	Graus de Liberdade(GL)
Blocos (ignorando tratamentos)	B-1
Tratamentos (ajustados)	V+L-1
Testemunhas	V-1
Híbridos	L-1
Testemunhas x Híbridos	1
Erro	(B-1)(V-1)
Total	BV+L-1

Para esse modelo, a soma de quadrados total e de blocos (ignorando tratamentos) são calculadas da forma usual, isto é, são chamadas de Y_{ij} as observações feitas em cada parcela, e de $Y_{.j}$ os totais de blocos, em que j representa o número de blocos e i o número total de tratamentos. Dessa forma, tem-se:

$$SQ_{Total} = \sum Y_{ij}^2 - FC$$

$$SQ_{Blocos} = \frac{1}{I} \sum Y_{.j}^2 - FC$$

$$FC = \frac{1}{IJ} \left(\sum Y_{ij} \right)^2$$

Para o cálculo das somas de quadrados de tratamentos ajustados e suas partições, o modelo fez o ajuste dos valores obtidos para os híbridos em teste. Foi somando aos valores observados de cada híbrido, o valor dado pela diferença entre as médias das testemunhas do bloco (MT_j) onde se encontra o tratamento e a média geral das testemunhas (MT) em todo o experimento. Desse modo, a soma de quadrados dos tratamentos (ajustada), é dada por:

$$SQTrat. aj = \frac{1}{J} \sum T^2_i + \sum L^2_k - FC$$

Desse modo, foi realizada uma análise estatística individual para cada um dos locais, a fim de determinar os *QMEs*, e saber se é possível a realização da análise conjunta dos experimentos. Com os resultados do *QMEs* locais, a homogeneidade entre os diferentes locais foi testada para se proceder a análise conjunta. Isso porque, para realizar a análise de variância conjunta para delineamento de blocos aumentados de Federer, é que esses quadrados médios residuais obtidos na análise individual dos experimentos não sejam muito diferentes entre si, ou seja, que tenham suas variâncias dos erros experimentais homogêneas.

No presente estudo adotou-se o modelo de análise intrablocos. Este modelo de análise possui as seguintes suposições: efeitos fixos para blocos e tratamentos, correspondendo à análise intrablocos. Os efeitos μ , β_j , τ_i e ε_{ij} foram admitidos independentes entre si e o único componente de variância está associado ao erro experimental, conforme a suposição: $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$.

As análises estatísticas foram realizadas através do *software SAS Proc GLM*, onde cada um dos quatro locais foi analisado individualmente. Com os resultados do Quadrado Médio do Erro (*QME*) de cada local, determinou-se, a análise conjunta. As médias obtidas foram submetidos ao teste de Scott-Knott para cada um dos locais individualmente e para a análise conjunta.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variância para cada um dos locais, podem ser observadas nas Tabela 1, 2, 3 e 4, onde são apresentados os dados de Graus de Liberdade (*GL*), Quadrado Médios (*QM*) e Níveis de significância (*F*) calculados para as fontes de variação dos experimentos.

Para a fonte de variação Blocos (ignorando tratamentos), obteve-se diferença significativa ao nível de 5% de significância para CAN1 e SOR1. Para PVE1 e RV1, não foi significativo o efeito de Blocos.

Para Tratamentos (ajustados), houve diferença significativa ao nível de 5% e 1% de significância para PVE1 e SOR1, respectivamente. Para CAN1 e RVE1 não houve diferença significativa para Tratamentos.

Para todos os locais, houve diferença significativa para a interação Testemunhas x Híbridos, a nível de 1% de significância, exceto para PVE1, onde a interação não foi significativa.

Os valores dos QMEs dos experimentos ficaram com valores próximos, o que permitiu realizar a análise conjunta dos experimentos. Considerando os valores de QME obtidos nas análises individuais, ao dividir o maior valor do Quadrado Médio do Erro pelo menor valor, obteve-se o $F_{máximo} = 5,25$. Com isso, foi possível realizar a análise conjunta dos experimentos, devido a esse valor estar abaixo de 7 (Hartley, 1950).

Na análise de variância conjunta (Tabela 5), houve significância ao nível de 1 % para Local, Tratamentos (ajustados) e também, para a interação Testemunhas x Híbridos. Esse nível de significância para Local mostra que existe interação genótipo ambiente. Já para os Tratamentos, era esperado que houvessem diferenças significativas entre eles, o que permite a seleção dos melhores genótipos para as fases seguintes de avaliação do programa de melhoramento genético, onde os híbridos serão avaliados em mais locais e com repetições.

Houve diferença significativa a nível de 5 % para Blocos (ignorando tratamentos) e Híbridos. Para a fonte de variação Testemunhas não houve diferença significativa.

Outra observação importante sobre os resultados das análises de variâncias individuais dos quatro ensaios, são os Coeficientes de Variação (CV) obtidos.

Segundo PIMENTEL-GOMES (1985), o coeficiente de variação dá uma ideia da

precisão do experimento. Na análise conjunta o CV foi de 18,78 %. Os ensaios com maior e menor CV foram, PVE1 (22,58 %) e SOR1 (12,22%), respectivamente (Tabela 6).

Ao estudar os CV de diversos ensaios agrícolas, PIMENTEL-GOMES (1985) propôs uma classificação para o CV da seguinte forma: baixo, quando inferior a 10%; médio, entre 10 e 20%; alto, quando entre 20 e 30%; e muito alto, quando são superiores a 30%. A classificação do CV é inversamente proporcional à classificação da precisão do experimento, ou seja, quanto maior o CV menor a precisão experimental.

Scapin (1995), analisando dados de CV de 66 trabalhos de milho, encontrou Coeficientes de Variação entre 2,24 e 38,14 %, para a característica de peso de grãos. O mesmo autor, classificou os esses coeficientes de variação, considerando CVs de até 10,0 % como baixo; de 10 a 22,0 %, médio; 22,0 a 28,0 %, alto; e, acima de 28 %, foram classificados como muito alto.

Na Tabela 7, estão as produtividades dos genótipos avaliados, para cada um dos locais e também na análise conjunta. Estão também, os resultados do teste de agrupamento de médias por Scott-Knott para todos os locais e análise conjunta. Na análise conjunta, que considera todos os locais, sete híbridos experimentais tiveram desempenho igual ao das três testemunhas, foram eles: HT007; HT008; HT018; HT004; HT024; HT005; HT071.

O desempenho desses híbridos em cada um dos quatro locais, se manteve bastante estável, mostrando que os mesmos estão com desempenho igual ou acima de uma ou mais testemunhas dependendo do local avaliado.

Os híbridos experimentais HT007, HT008, HT018, HT004, HT024, HT005 e HT071 são os mais promissores para apresentarem as melhores produtividades grãos em kg ha^{-1} , tendo desempenho igual às testemunhas, pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5 % de significância, através da análise conjunta em Delineamento em Blocos Aumentados.

4. CONCLUSÕES

Os híbridos experimentais selecionados HT007, HT008, HT018, HT004, HT024, HT005 e HT071 tiveram desempenho igual as testemunhas, para produtividade de grãos, pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5 % de significância, através da análise conjunta de quatro locais em Delineamento de Blocos Aumentados.

Os locais mais produtivos para peso de grãos foram Canarana (MT) e Rio Verde (GO), com médias de 6.307 e 6.192 kg ha⁻¹, respectivamente. Primavera do Leste (MT) e Sorriso (MT) produziram na média 4.053 e 3.780 kg ha⁻¹, respectivamente.

5. TABELAS E FIGURAS

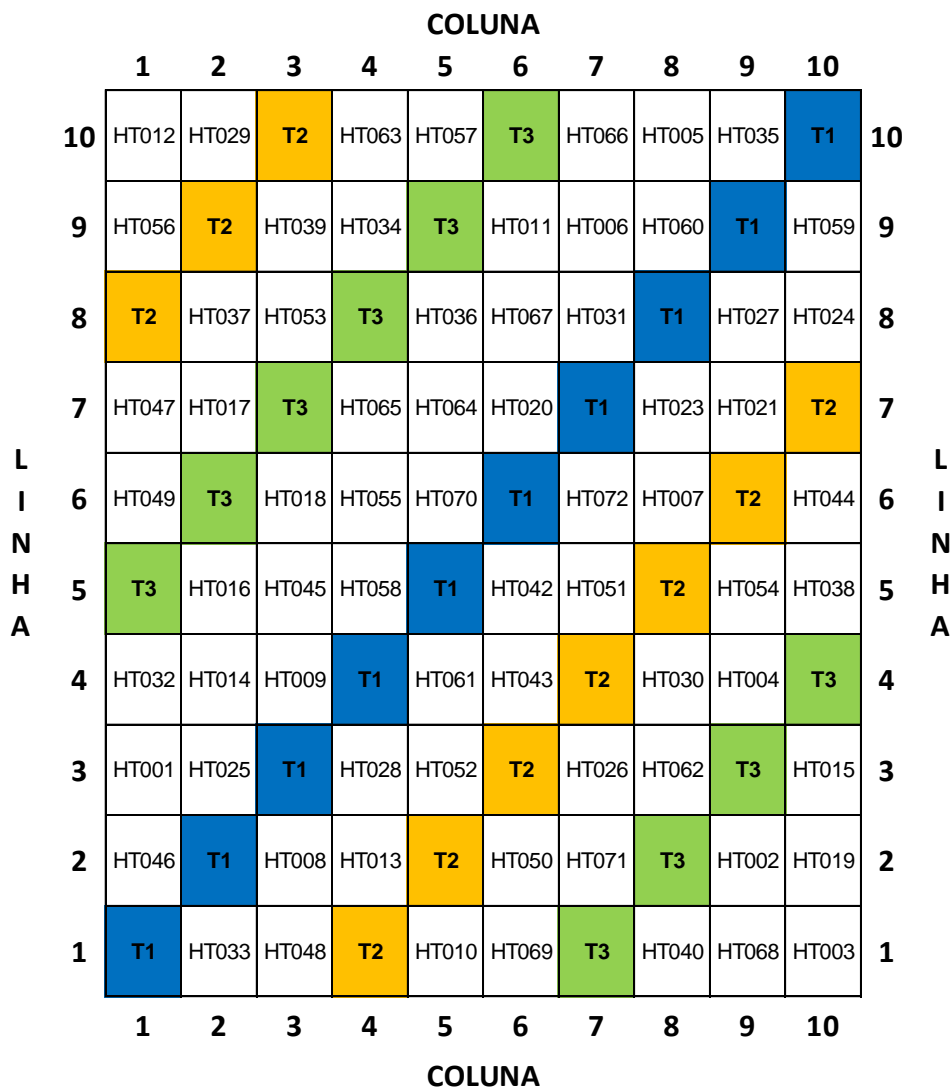


Figura 1. Casualização e croqui do ensaio em Delineamento de Blocos Aumentados.

Tabela 1. Análise de Variância para CANI.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade (GL)	Quadrado Médio (QM)	F	
Blocos (ignorando tratamentos)	9	1.830.507,69	2,61	*
Tratamentos (ajustados)	72	1.390.282,08	1,98	ns
Testemunhas	2	1.086.446,33	1,55	ns
Híbridos	69	843.428,72	1,20	ns
Testemunhas x Híbridos	1	39.730.835,30	56,69	**
Erro	18	700.890,74		
Total	171			

1. *, significativo a 5%; **, significativo a 1%; ns, não significativo.

Tabela 2. Análise de Variância para PVEI.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade (GL)	Quadrado Médio (QM)	F
Blocos (ignorando tratamentos)	9	497.143,49	0,58 ns
Tratamentos (ajustados)	72	2.172.136,69	2,55 *
Testemunhas	2	20.312.307,00	23,85 **
Híbridos	69	1.672.469,38	1,96 ns
Testemunhas x Híbridos	1	368.840,30	0,43 ns
Erro	18	851.792,87	
Total	171		

1. *, significativo a 5%; **, significativo a 1%; ns, não significativo.

Tabela 3. Análise de Variância para RVI.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade (GL)	Quadrado Médio (QM)	F
Blocos (ignorando tratamentos)	9	3.059.321,49	2,17 ns
Tratamentos (ajustados)	72	1.736.422,43	1,23 ns
Testemunhas	2	694.152,36	0,49 ns
Híbridos	69	780.036,79	0,55 ns
Testemunhas x Híbridos	1	69.811.571,57	49,44 **
Erro	18	1.412.143,67	
Total	171		

1. *, significativo a 5%; **, significativo a 1%; ns, não significativo.

Tabela 4. Análise de Variância para SORI.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade (GL)	Quadrado Médio (QM)	F
Blocos (ignorando tratamentos)	9	680.998,69	2,53 *
Tratamentos (ajustados)	72	1.442.354,85	5,36 **
Testemunhas	2	2.500.822,15	9,30 **
Híbridos	69	454.555,77	1,69 ns
Testemunhas x Híbridos	1	67.483.556,35	250,88 **
Erro	18	268.992,39	
Total	171		

1. *, significativo a 5%; **, significativo a 1%; ns, não significativo.

Tabela 5. Análise de Variância para análise conjunta dos quatro locais.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade (GL)	Quadrado Médio (QM)	F	
Local	3	208.266.337,60	201,39	**
Blocos (ignorando tratamentos)	36	1.516.992,80	1,47	*
Tratamentos (ajustados)	72	3.413.052,33	3,30	**
Testemunhas	2	1.245.851,10	1,20	ns
Híbridos	69	1.527.708,30	1,48	*
Testemunhas x Híbridos	1	137.836.191,10	133,28	**
Erro	288	1.034.150,00		
Total	471			

1. *, significativo a 5%; **, significativo a 1%; ns, não significativo.

Tabela 6. Coeficientes de Variação por local e na análise conjunta.

Ensaio/Local	Cidade/UF	Coeficiente de Variação (C.V.)
CAN1	Canarana/MT	12,57%
PVE1	Primavera do Leste/MT	22,58%
RVE1	Rio Verde/GO	17,83%
SOR1	Sorriso/MT	12,22%
Análise conjunta (todos locais)		18,78%

Tabela 7. Produtividade (kg ha⁻¹) dos genótipos na análise conjunta e por local.

Híbrido	Produtividade kg ha ⁻¹									
	Análise conjunta		Canarana - MT		Primavera do Leste - MT		Sorriso - MT		Rio Verde - GO	
20A55	6,421.22	a	7,282.95	b	5,740.40	b	5,025.78	b	7,635.77	b
MG699	6,405.03	a	7,653.47	a	3,854.84	c	6,022.26	a	8,089.57	a
HT007	6,384.17	a	7,146.31	b	6,088.40	a	4,701.08	c	7,600.90	b
HT008	6,358.82	a	7,040.66	b	4,725.75	b	5,049.03	b	8,619.82	a
HT018	6,166.41	a	7,266.22	b	6,228.65	a	3,824.11	e	7,346.69	b
HT004	6,154.42	a	6,993.99	b	6,692.23	a	3,596.57	e	7,334.86	b
HT024	6,137.88	a	5,738.37	e	6,738.01	a	4,239.24	d	7,835.90	b
HT005	6,124.08	a	6,873.42	b	5,818.59	b	4,539.43	c	7,264.90	b
2B633	6,107.77	a	7,940.40	a	2,946.35	d	5,449.72	a	8,094.62	a
HT071	5,976.12	a	6,362.78	d	6,338.80	a	5,212.74	b	5,990.16	e
HT006	5,863.10	b	6,766.18	c	6,079.71	a	3,611.11	e	6,995.38	b
HT019	5,812.08	b	7,242.96	b	5,572.89	b	4,579.20	c	5,853.28	e
HT009	5,811.90	b	7,044.88	b	5,378.08	b	5,504.08	a	5,320.54	f
HT039	5,762.17	b	8,061.43	a	4,788.15	b	3,763.89	e	6,435.21	d
HT056	5,740.74	b	8,060.49	a	4,063.48	c	4,675.84	c	6,163.13	d
HT049	5,666.70	b	7,541.02	a	5,037.09	b	3,299.58	g	6,789.13	c
HT044	5,660.24	b	6,206.54	d	6,202.61	a	3,419.90	f	6,811.93	c
HT054	5,605.90	b	7,122.86	b	4,814.74	b	3,441.51	f	7,044.50	b
HT027	5,602.01	b	6,259.12	d	6,671.26	a	4,781.61	c	4,696.06	f
HT072	5,458.22	c	7,950.00	a	5,233.92	b	3,430.16	f	5,218.82	f
HT046	5,442.30	c	6,179.52	d	4,988.41	b	4,330.26	d	6,271.00	d
HT053	5,426.48	c	5,528.86	f	5,875.37	b	4,063.84	d	6,237.83	d
HT051	5,390.92	c	6,988.49	b	4,927.96	b	2,822.29	h	6,824.94	c
HT047	5,372.55	c	6,304.79	d	5,206.72	b	2,783.88	h	7,194.79	b
HT059	5,371.14	c	6,518.97	c	4,811.76	b	3,405.22	f	6,748.62	c
HT021	5,294.52	c	5,962.83	e	5,026.08	b	3,568.53	e	6,620.63	c
HT057	5,277.96	c	7,817.69	a	2,692.80	e	3,784.98	e	6,816.37	c
HT068	5,271.78	c	6,743.39	c	2,671.09	e	3,570.29	e	8,102.37	a
HT023	5,252.38	c	4,991.63	f	5,308.69	b	3,287.19	g	7,422.01	b
HT020	5,234.27	c	6,404.51	d	3,342.81	d	4,485.20	c	6,704.56	c
HT038	5,206.75	c	6,967.00	b	5,218.92	b	3,044.82	g	5,596.25	e
HT040	5,176.22	c	6,773.41	c	2,686.19	e	3,745.35	e	7,499.92	b
HT029	5,159.16	c	6,734.47	c	3,427.06	d	3,723.81	e	6,751.31	c
HT070	5,159.16	c	8,073.91	a	2,609.39	e	3,030.39	g	6,922.97	b
HT026	5,095.19	d	7,219.28	b	4,354.22	c	3,443.12	f	5,364.14	f
HT003	5,095.07	d	6,101.57	d	3,655.18	c	3,818.33	e	6,805.22	c

Continuação

HT065	5,064.93	d	7,101.08	b	3,823.31	c	3,435.54	f	5,899.81	e
HT035	5,049.31	d	5,027.35	f	4,624.65	b	3,711.99	e	6,833.27	c
HT045	5,026.64	d	7,927.11	a	3,556.23	d	3,505.03	f	5,118.20	f
HT060	5,019.47	d	5,836.55	e	5,309.80	b	3,237.73	g	5,693.80	e
HT043	4,970.82	d	6,658.43	c	3,300.63	d	3,666.27	e	6,257.96	d
HT055	4,959.08	d	6,430.97	d	4,985.42	b	3,399.35	f	5,020.60	f
HT066	4,953.33	d	6,972.11	b	3,207.72	d	3,156.78	g	6,476.72	d
HT048	4,934.73	d	6,931.11	b	3,198.58	d	2,490.27	i	7,118.97	b
HT036	4,928.44	d	5,893.29	e	2,272.06	e	4,308.18	d	7,240.22	b
HT025	4,869.79	d	6,532.37	c	3,872.97	c	4,452.79	c	4,621.03	f
HT010	4,850.19	d	4,296.46	g	2,703.71	e	5,006.45	b	7,394.14	b
HT037	4,843.80	d	6,167.49	d	3,495.16	d	4,238.60	d	5,473.96	f
HT015	4,797.64	d	6,083.26	d	5,690.17	b	3,387.44	f	4,029.71	g
HT069	4,731.40	e	6,187.25	d	1,279.95	e	5,207.65	b	6,250.75	d
HT002	4,694.65	e	4,778.03	g	3,293.82	d	4,992.51	b	5,714.24	e
HT013	4,649.63	e	5,477.58	f	3,966.38	c	3,721.16	e	5,433.39	f
HT062	4,629.92	e	6,634.78	c	3,442.63	d	3,445.72	f	4,996.57	f
HT014	4,580.91	e	5,080.70	f	3,940.22	c	3,964.56	d	5,338.17	f
HT052	4,549.75	e	7,713.45	a	1,452.12	e	3,740.11	e	5,293.33	f
HT028	4,499.89	e	5,962.98	e	2,954.63	d	4,259.51	d	4,822.44	f
HT067	4,464.91	e	5,175.84	f	2,095.43	e	4,185.42	d	6,402.97	d
HT016	4,440.97	e	6,178.68	d	3,716.19	c	2,887.08	h	4,981.93	f
HT050	4,404.02	f	5,527.49	f	3,133.23	d	3,097.54	g	5,857.83	e
HT042	4,389.50	f	5,968.74	e	2,996.28	d	3,326.96	g	5,266.01	f
HT061	4,330.53	f	5,499.38	f	2,251.05	e	3,653.48	e	5,918.21	e
HT058	4,316.90	f	5,844.62	e	2,056.69	e	4,062.85	d	5,303.45	f
HT063	4,263.32	f	4,832.13	g	4,014.33	c	2,657.92	h	5,548.90	e
HT017	4,250.12	f	5,631.68	e	3,321.66	d	2,162.92	i	5,884.21	e
HT012	4,224.97	f	4,668.59	g	4,021.16	c	2,907.74	h	5,302.41	f
HT030	4,216.54	f	4,939.86	f	4,008.23	c	2,494.10	i	5,423.96	f
HT064	4,188.97	f	5,693.40	e	1,937.96	e	3,219.54	g	5,904.97	e
HT032	4,143.39	f	4,612.70	g	3,445.23	d	2,473.46	i	6,042.15	e
HT001	4,062.52	f	5,394.84	f	3,124.70	d	2,729.05	h	5,001.49	f
HT034	3,979.43	f	5,351.85	f	2,252.74	e	3,162.36	g	5,150.76	f
HT031	3,859.08	f	3,673.72	g	3,172.73	d	4,547.56	c	4,042.31	g
HT011	3,847.68	f	5,331.65	f	2,199.73	e	3,138.42	g	4,720.90	f
HT033	3,627.54	f	4,503.80	g	1,967.66	e	2,853.35	h	5,185.36	f

* Médias seguidas pela mesma letra na coluna, pertencem ao mesmo agrupamento segundo o teste de Scott-Knott ao nível de 5% de significância.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações**. 2. ed. reimpr. Piracicaba: FEALQ, 1998. 120 p.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.
- CAMACHO, P. E.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; RIOS, M. C. D. Implicações do número de indivíduos por famílias nas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos com meios-irmãos em milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 44., 1998, Águas de Lindóia. Águas de Lindóia; SBG, 1998. p. 248.
- COCHRAN, W.G.; COX, G.M. *Experimental designs*. 2. ed. **New York: John Wiley & Sons**, 1957. 611 p.
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Spatial statistical analysis and selection of genotypes in plant breeding. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 107-114, 2005.
- DUARTE, J.B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP. Piracicaba. 293 p. 2000.
- FANCELLI, A. L.; DOURADO-NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: 2000. 360 p.
- FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Records**, v.55, p.191-208, 1956.
- FISCHER, R. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, 52, p. 399 – 433, 1918.
- HARTLEY, H. O. The maximum F-ratio as a short cut test for homogeneity of variance, **Biometrika**, 37, 308-312, 1950.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. rev. e ampl. Piracicaba:

F. Pimentel-Gomes / Esalq-USP, 2000. 477 p.

PIMENTEL-GOMES, F.; GUIMARÃES, R.F. Joint analysis of experiments in complete blocks designs with some common treatments. *Biometrics*. vol.14, No. 4, p. 521-526, 1958.

SAS Institute. *SAS/STAT® software: changes and enhancements through release 6.12*. Cary: Statistical Analysis System Institute, 1997. 1167 p.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO C. G.P.; CRUZ C.D. Uma proposta para classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30: 683-686, 1995.

SCOTT A.J. AND KNOTT M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics* 30: 507-512. 1974.

USDA - **United States Department of Agriculture**. USDA Foreign Agricultural Service: Production, Supply & Distribution, 2008. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/world-agriculturalproduction>. Acesso em: (20/06/2019).

CAPÍTULO III - COMPARAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO PARAMÉTRICOS E NÃO PARAMÉTRICOS PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO NO CERRADO

RESUMO

A seleção de genótipos de milho com bom desempenho tem alta complexidade devido ao fato dos caracteres agronômicos de maior relevância econômica serem de natureza quantitativa e correlacionados entre si. Os genótipos promissores devem reunir, uma série de atributos favoráveis para elevar o rendimento de grãos e satisfazer as exigências do mercado. Além da alta produtividade de grãos, algumas características fenotípicas são desejáveis, entre elas, porte baixo, precocidade, baixa inserção das espigas, tolerância ao acamamento, resistência a doenças. Neste trabalho foram comparados diferentes estratégias e índices de seleção de 73 genótipos de milho. Foram consideradas como características principais a produtividade e resistência ao acamamento; e, como características secundárias a sanidade geral de cada híbrido, precocidade, altura de plantas e altura de inserção espigas. Foram utilizados para seleção dos genótipos os índices Livre de Pesos e Parâmetros, Ganhos Genéticos Desejados, Soma de Ranks, Distância Genótipo-Ideótipo, Seleção Direta e Indireta, Multiplicativo e Índice Clássico. Os índices de Ganhos Desejados, Distância Genótipo-Ideótipo e Multiplicativo não se mostraram adequados para selecionar simultaneamente as seis características de interesse, nas condições experimentais do presente trabalho. Os índices de seleção Livre de Pesos e Parâmetros e Soma de Ranks se mostraram adequados para selecionar simultaneamente as seis características de interesse. Com base na seleção dos genótipos por cada um dos diferentes índices, verifica-se a possibilidade de seleção dos materiais mais adaptados, que foram selecionados com maior frequência nos diferentes índices de seleção.

Palavras-chave: ideótipo, híbrido triplo, *Zea mays* L.

COMPARISON OF PARAMETRIC AND NON-PARAMETRIC SELECTION INDICES FOR SELECTION OF CORN HYBRIDS IN THE CERRADO

ABSTRACT

The selection of maize genotypes with good performance has high complexity due to the fact that agronomic traits of greater economic relevance are quantitative in nature and correlated with each other. Promising genotypes should combine, a number of favorable attributes to increase grain yield and meet market requirements. In addition to the high grain yield, some phenotypic characteristics are desirable, among them, low plants, precocity, low spike insertion, lodging tolerance, resistance to diseases. In this work, different strategies and selection indices of 73 maize genotypes were compared. Productivity and resistance to lodging were considered as main characteristics; and as secondary characteristics the general sanity of each hybrid, precocity, plant height and height of spikes. Weights and Parameters, Desired Genetic Gains, Rank Sum, Genotype-Ideotype Distance, Direct and Indirect Selection, Multiplicative and Classic Index were used for selection of the genotypes. The Desired Gain, Genotype-Ideotype and Multiplicative Gain indexes are not adequate to simultaneously select the six characteristics of interest for maize, under the experimental conditions of the present work. The Free Weights and Parameters and Sum of Ranks selection indices were adequate to simultaneously select the six characteristics of interest. Based on the selection of the genotypes for each of the different index, the possibility of selecting the most stable materials was verified, which were selected with greater frequency in the different selection indices.

Key words: ideotype, triple hybrid, *Zea mays* L.

1. INTRODUÇÃO

A seleção de genótipos superiores tem alta complexidade devido ao fato dos caracteres agronômicos de maior relevância econômica serem de natureza quantitativa e correlacionados entre si (NOGUEIRA et al., 2012). Os genótipos promissores devem unir simultaneamente, uma série de atributos favoráveis para elevar o rendimento e satisfazer as exigências do mercado (CRUZ, 2013).

Para o milho (*Zea mays*), além da alta produtividade de grãos, algumas características fenotípicas são desejáveis, entre elas, plantas baixas, pendão pequeno, plantas prolíficas, precocidade, colmos vigorosos, boa inserção das espigas, boa formação das espigas, tolerância ao acamamento, boa qualidade do grão como riqueza em lisina, triptofano e aleurona múltipla, resistentes a pragas e doenças, tolerância à seca e ao frio, tolerância à irrigação natural e artificial, boa capacidade geral e específica de combinação, bom vigor heterótico, baixa exigência nutricional e homeostase do desenvolvimento adequada, dentre outros caracteres de interesse (MOCK; PEARCE, 1975).

A seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014). Desse modo, os índices de seleção constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção, criam-se valores numéricos que funcionam como uma característica adicional, teórica, resultante da combinação de determinadas características selecionadas pelo melhorista, sobre as quais se deseja realizar a seleção simultânea (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Diferentes índices representam variadas alternativas e metodologias de seleção nos programas de melhoramento, e conseqüentemente diferentes ganhos percentuais.

Existem diversas opções de índices de seleção na literatura. O primeiro índice foi proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), é um índice paramétrico onde se utiliza as matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica, contando ainda com a habilidade do melhorista para definir os pesos econômicos para cada característica.

Outro índice baseado nos parâmetros genéticos foi proposto por Pesek e Baker (1969) nomeado de “ganhos genéticos desejados” de características individuais. Esse índice foi proposto sem a necessidade de atribuir pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. O índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na definição do ganho desejado, com a limitação imposta pela constituição fenotípica e genotípica da população.

Existem índices não paramétricos onde não há a necessidade de utilizar as matrizes de variância e covariância para a obtenção dos índices de seleção. O índice proposto por Elston (1963) pode ser aplicado tanto em fases iniciais de programas de melhoramento, quanto nas etapas finais, por permitir a fixação de valores críticos, abaixo dos quais os genótipos são descartados. O índice multiplicativo (SUBANDI et al, 1973) possibilita que sejam selecionados aproximadamente os mesmos genótipos que seriam pelo emprego de índice linear, com a vantagem de prescindir da atribuição de pesos aos caracteres e de estimativas de variâncias e covariâncias, o que torna sua aplicação mais fácil, em relação aos índices lineares ou paramétricos (GARCIA, 1998).

Outro índice não paramétrico, a soma de rankings, proposto por Mulamba e Mock (1978), consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento (ranks), por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Em seguida, os valores do ranking atribuídos a cada característica são somados, para se obter a soma de ranking que mostra a classificação dos genótipos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

O índice genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006), não paramétrico, é obtido a partir das médias fenotípicas ajustadas e as distâncias euclidianas de cada indivíduo a um genótipo ideal. Esses índices são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica. É possível ainda, definir valores ótimos assim como o valor mínimo ideal para seleção de cada característica.

Neste trabalho, utilizou-se dessas ferramentas, com o intuito de selecionar os genótipos de milho mais promissores, e compará-los com híbridos comerciais.

2. MATERIAL E MÉTODOS

A seleção foi baseada em quatro experimentos, conduzidos durante a época de segunda safra de 2018 na região do Cerrado Brasileiro. Os locais são:

- Local 1 (SOR1): Fazenda Rosseto (latitude 12°52' Sul e longitude 55°49' Oeste), Sorriso/MT, com altitude de 398 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 02/02/2018;
- Local 2 (PVE1): Fazenda Santa Rita (latitude 15°28' Sul e longitude 54°09' Oeste), Primavera do Leste/MT, com altitude de 630 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 30/01/2018;
- Local 3 (CAN1): Fazenda Feijó (latitude 13°35' Sul e longitude 52°21' Oeste), Canarana/MT, com altitude de 344 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 14/02/2018;
- Local 4 (RVE1): Fazenda Casa Fértil (latitude 17°43' Sul e longitude 50°58' Oeste), Rio Verde/GO, com altitude de 825 metros acima do nível do mar. Data de plantio: 20/02/2018;

Foi utilizado o Delineamento em Blocos Aumentados, no qual foram avaliados 73

genótipos de milho (híbridos triplos), sendo 70 tratamentos sem repetição (híbridos experimentais), e 3 testemunhas (híbridos comerciais), que foram repetidas em cada um dos blocos, dispostas ortogonalmente, de forma que cada testemunha esteja presente em todas as linhas e colunas do experimento (Figura 4). São ao total 10 blocos com 10 parcelas por bloco, totalizando 100 parcelas.

As sementes de todos os tratamentos foram tratadas com dois inseticidas para garantir proteção inicial a pragas, para boa formação do estande das parcelas. Foram utilizadas duas classes diferentes de inseticidas para o tratamento de sementes, um da classe dos Neonicotinóides e outro das Diamidas, nas doses recomendadas pelo fabricante, para o controle de pragas iniciais como percevejos (sugadores) e lagartas (mastigadores), respectivamente.

O tamanho das parcelas utilizadas foi de 4 linhas no espaçamento 0,5 m por 5 m de comprimento (10m²), sendo a área útil as duas linhas centrais.

O plantio dos experimentos foi realizado manualmente com o auxílio de matracas, após a área ter sido sulcada mecanicamente pela plantadora. Aproximadamente 15 dias após a emergência das plantas nos experimentos, foi realizado o raleio, visando padronizar o número de plantas por parcela. Após o raleio, a densidade ficou equivalente a 60.000 plantas por hectare.

A adubação utilizada e os tratos culturais seguiram as recomendações técnicas indicadas para a cultura do milho (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000). Em nenhum dos locais foi realizada a aplicação de fungicidas devido à baixa incidência de doenças foliares.

Duas características principais foram utilizadas na seleção: 1. Produtividade de grãos (kg ha⁻¹) – PROD; 2. Resistência ao acamamento - ACAM (os dados foram coletados em porcentagem de plantas acamadas/parcela, porém transformados em *arco seno da raiz* para utilização nos índices de seleção, nesse caso sendo avaliada no sentido de decréscimo do caráter por ser uma característica não desejável).

Outras quatro características secundárias foram consideradas para a seleção baseada nos índices paramétricos e não paramétricos: sanidade geral de cada híbrido – SN (considerando valores de 1 a 10, onde valores igual ou próximo de 1 indicam alta sanidade e valores mais próximos de 10 indicando baixa sanidade); precocidade – PREC (tomado em dias da semeadura até o florescimento), altura de plantas – AP (tomada em cm da base do solo até a inserção da última folha) e altura de espigas – AE (tomada a partir da base do solo até o nó de inserção da espiga principal). Todas essas quatro características secundárias foram avaliadas em sentido de decréscimo de caráter, onde valores mais baixos são mais desejáveis.

Para avaliação de doenças (sanidade), foi utilizada uma escala de 1 a 9 representando a porcentagem de área foliar afetada pela doença, sendo quanto maior a nota, maior é a porcentagem de área foliar afetada (AGROCERES, 1996).

As avaliações de doença foram realizadas em torno de 30 dias após o florescimento, em estágio fenológico entre R3 (grão pastoso) e R4 (grão farináceo), na fase de enchimento de grãos que representa o período de maior dreno da cultura.

Geralmente a sanidade é considerada como uma característica de alta importância na seleção de genótipos de milho, contudo, devido as condições da época de segunda safra e do ano de instalação dos experimentos serem pouco favoráveis ao desenvolvimento e aparecimento das doenças, optou-se por avaliar como uma característica secundária.

Sete índices paramétricos e não-paramétricos foram utilizados para fazer a seleção dos genótipos, a fim de fazer uma comparação entre eles: Índice Livre de Pesos e Parâmetros (ELSTON, 1963), Índice dos Ganhos Genéticos Desejados (PESEK & BAKER, 1971), Soma de Ranks (MULAMBA & MOCK, 1978), Índice da Distância Genótipo-Ideótipo (CRUZ, 2006), Índice de Seleção Direta e Indireta, Índice Multiplicativo (Subandi et al, 1973), e o Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943).

Para o Índice Livre de Pesos e Parâmetros de Elston, foram padronizados valores para

que fossem selecionados apenas 10 genótipos. Para produtividade de grãos, foram selecionados genótipos acima de 5.600 kg ha^{-1} ; com nível de acamamento abaixo de 10 %; com nota para sanidade abaixo de 3,5 (aproximadamente 20 % de área foliar afetada); e com os valores abaixo do máximo obtido para as outras três características: precocidade, altura de plantas e altura de espigas.

No Índice de Pesek e Baker, os ganhos foram definidos com base no desvio padrão genotípico. Para a característica PROD, devido sua maior importância, foi atribuído o dobro do desvio padrão genotípico. O ganho desejado para as características ACAM e SN foi o desvio padrão genotípico. As características de PREC, AP e AE foram consideradas como secundárias para esse índice, não sendo atribuído peso para esses caracteres, e consequentemente, não interferindo na seleção.

O índice de Mulamba e Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Os pesos econômicos foram definidos atribuindo-se um peso maior para PROD, seguindo a proporção para as características PROD, ACAM, SN, PREC, AP e AE de 9-4-2-1-1, respectivamente. Para o caráter PROD, o sentido de seleção foi superior, e, para as outras características foi no sentido inferior.

O Índice da Distância Genótipo-Ideótipo (IDGI), não paramétrico, foi obtido a partir das médias fenotípicas ajustadas e as distâncias euclidianas de cada indivíduo a um genótipo ideal. Para PROD foi usado o valor máximo como ideal, já para as outras características, foram usados os valores mínimos como sendo ideais. Foram definidos também valores de corte mínimos (PROD) e máximos (ACAM e SN) desejáveis para cada característica (PROD = 5.600 kg ha^{-1} , ACAM = 10,0% e SN = 3.5). Os pesos econômicos definidos foram os mesmos utilizados para “Mulamba e Mock”, sendo 9 para PROD, 4 para ACAM, 2 para SN, 1 para PREC, 1 para AP, e 1 para AE.

Para a Seleção Direta e Indireta, foi utilizado critério de acréscimo para a característica PROD, e critério de decréscimo para as outras cinco características. Contudo, a seleção é feita apenas para a característica PROD. Nesse índice foram selecionados 10 genótipos para cada uma das características.

No Índice Multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), para PROD foi utilizada relação direta, enquanto para as outras características utilizaram-se relação inversa.

Para o Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), foi utilizado apenas a característica PROD, devido a não ser possível mudar o sentido de seleção das características envolvidas.

O Programa GENES (CRUZ, 2013) foi utilizado para realização das análises estatísticas e determinação da covariância genotípicas e fenotípicas dos experimentos, para sua utilização nos índices de seleção.

Foram determinados também, os ganhos de seleção em cada um dos índices para cada característica avaliada. Os ganhos de seleção foram calculados em relação a média de todos os materiais avaliados no experimento.

Foram apresentados os genótipos selecionados para cada um dos índices utilizados. Para as análises foi utilizado os resultados obtidos da análise conjunta dos experimentos. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do Programa GENES (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A seleção dos híbridos pelos índices de seleção paramétricos e não-paramétricos, foi limitada em 10 genótipos para cada um dos índices utilizados.

Na Tabela 1, estão os híbridos selecionados pelo Índice Livre de Pesos e Parâmetros de Elston (1963), na qual aparecem sete híbridos experimentais, além dos três híbridos testemunhas. Este índice mostrou-se satisfatório para a seleção de genótipos, porém sua

principal vantagem é a de descartar os genótipos que estejam com números abaixo ou acima para uma determinada característica.

Recentemente, Amabile et al. (2013), utilizou índice de Elston em 30 genótipos elite de cevada sob irrigação, e relatou ganhos de 14,0% para Rend e -42,0% para Acam. Sayd (2017), utilizando índices de seleção para genótipos de cevada, concluiu que o índice de Livre de Pesos e Parâmetros não se mostrou adequado para selecionar simultaneamente as três características de interesse para cevada no Cerrado.

Na seleção baseada nos Ganhos Desejados (Tabela 2), de Pesek e Baker (1969), os resultados ficaram bastante confusos, no qual houve a seleção de híbridos com produtividades não tão boas, com baixa sanidade e sem uma tendência para os outros caracteres. Outro fato que compromete a utilização desse índice para a seleção de híbridos de milho, é o fato de nenhuma testemunha ter sido selecionada entre os dez genótipos, mesmo estas, com altas produtividades.

Sayd (2017), utilizando índices de seleção para genótipos de cevada, concluiu que o índice de Ganhos Desejados não se mostrou adequados para selecionar simultaneamente as três características de interesse para cevada.

Para o Índice de Soma de Ranks (Mulamba e Mock, 1978), foram selecionados nove híbridos experimentais e um híbrido testemunha (Tabela 3). Os genótipos selecionados apresentam produtividades relativamente altas (acima de 5.300 kg ha⁻¹) e bons níveis de sanidade. Dos híbridos selecionados, apenas o HT018 teve algumas plantas acamadas (3%), no restante não houve acamamento. Para as características de precocidade, altura de plantas e altura de espigas ficaram bastante variados os resultados, possivelmente pelos seus menores pesos para a soma dos ranks. Esse índice se mostrou bastante interessante para seleção de híbridos, principalmente quando se avaliam várias características importantes. Porém, houve a seleção de alguns genótipos com produtividades cerca de 1000 kg ha⁻¹ a menos em relação a

outros genótipos, o que não é tão satisfatório.

Na seleção baseada no Índice de Distância Genótipo-Ideótipo, onde foram indicados os valores considerados ótimos para cada uma das características avaliadas, todos os dez genótipos selecionados foram híbridos experimentais (Tabela 4). Esse índice selecionou genótipos com ótimos valores para sanidade, com 0% de acamamento, e boas alturas de planta e espiga. Já para a característica produtividade, que é a principal, esse índice não foi satisfatório, selecionando genótipos com produtividades médias. Apenas o genótipo HT008, que está entre os selecionados apresentou boa produtividade (6.358 kg ha⁻¹).

Para Sayd (2017), os índices de seleção de Mulamba e Mock e da Distância Genótipo-Ideótipo foram considerados os mais interessantes para seleção simultânea devido aos ganhos de seleção de magnitude satisfatória para as características de interesse em cevada.

Na Seleção Direta e Indireta, o rank ou seleção é gerado para cada uma das características separadamente. Nesse estudo, fez-se a seleção direta apenas considerando a variável produtividade, onde os dez híbridos mais produtivos foram selecionados (Tabela 5). Ao analisar as outras características desses genótipos, percebe-se que os mesmos, possuem bons valores para todas elas. De certa forma, os bons resultados de sanidade e de acamamento desses híbridos, estão relacionados com suas boas produtividades, pois acabam contribuindo para o rendimento de grãos indiretamente. Contudo, valores de alturas de planta e espiga, não causam influência na produtividade de grãos, e se mostram bastante dispersos nos resultados para os genótipos selecionados nesse índice.

Para o Índice Multiplicativo de Subandi et al. (1973), os genótipos selecionados apresentaram ótimos valores para acamamento (0%), bons valores para sanidade e precocidade, valores variados para alturas de planta e espiga. Esse índice, selecionou genótipos com baixa produtividade, como por exemplo o HT067 com 4.464 kg ha⁻¹, cerca de 2.000 kg ha⁻¹ a menos que o genótipo mais produtivo (6.421 kg ha⁻¹) (Tabela 6). Com isso, esse índice não foi

interessante para a seleção de genótipos de milho, nos quais a produtividade, é a característica principal para seleção de genótipos.

No Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), os híbridos selecionados foram os mesmos do Índice de Seleção Direta, pois também foi gerado a partir de uma única característica, a de produtividade de grãos (Tabela 7).

Vilarinho et al. (2003), avaliando a eficiência da seleção truncada, dos índices de Smith (1936); Hazel (1943); Williams (1962); Pesek e Baker (1969); Mulamba e Mock (1978) e Elston (1963), na identificação de progênies S1 e S2 superiores de milho pipoca, concluíram que na estratégia de seleção recomendada para 30 e 60 famílias o índice de Mulamba e Mock (1978) foi o que proporcionou resultados mais desejáveis para ganhos satisfatórios em produção e capacidade de expansão.

Em programa de seleção recorrente, Cruz et al. (1993), avaliando progênies de irmãos completos de milho comum para composição do lote de recombinação, constataram que, ao contrário da seleção truncada e da resposta correlacionada, os índices de Williams (1962), Smith (1936) e Hazel (1943) proporcionaram ganhos simultâneos para as características teor de óleo e rendimento de espigas, com prevalência de ganhos superiores para o índice de Williams (1962). Por sua vez, Granate et al. (2002), avaliando a população de milho-pipoca CMS-43, obtiveram sucesso na utilização do índice de Smith (1936) e Hazel (1943) na predição de progresso desejado nas características altura de planta, produção e capacidade de expansão, quando usaram pesos econômicos obtidos aleatoriamente por tentativas.

Crosbie et al. (1980), comparando a eficiência de vários índices de seleção e dos ganhos preditos para cada um deles, no melhoramento da resistência ao frio, em duas populações de milho, observaram que os melhores ganhos em todas as características avaliadas foram possíveis com os índices de seleção de Mulamba e Mock (1978), Subandi et al. (1973), elston (1963) e de Williams (1962).

Na Tabela 8, estão os dez híbridos selecionados por cada um dos Índices utilizados, e, na tabela 9, estão todos os híbridos selecionados ao menos uma vez, por um dos índices, e também a frequência ou número de vezes que cada um desses híbridos foi selecionado. Os genótipos 20A55, HT007 e HT008 foram selecionados por cinco dos sete índices utilizados, mostrando que são híbridos (HT007 e HT008) promissores. Estão selecionados em quatro dos sete índices os genótipos: HT005, HT018 e HT024. Em três de sete índices, foram selecionados os genótipos: 2B633, MG699, HT006 e HT049.

Na tabela 10, estão os ganhos de seleção obtidos por cada um dos índices para cada uma das características avaliadas neste trabalho. Para a variável produtividade, os índices de seleção que proporcionaram maior ganho de seleção foram o de Elston, com 9,69 %, e de Mulamba e Mock, com 8,37%. Para as outras variáveis, esses dois índices também foram mais eficientes, com menores valores desta vez, por serem características de ordem inversa.

Os índices de seleção de Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969), Distância Genótipo-Ideótipo e Multiplicativo de Subandi et al. (1973), tiveram baixos valores de ganhos de seleção para produtividade e altos valores para as outras características, o que não é desejado por serem de ordem inversa. No Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e Seleção Direta, os ganhos de seleção para produtividade também foram bons, pois consideraram apenas essa variável para determinar o ranking.

Isso mostra que os híbridos experimentais, estes citados acima em especial, foram bastante competitivos em relação ao desempenho das testemunhas, indicando que os mesmos tem grande potencial de se tornarem materiais comerciais. Contudo, precisam ser avaliados em outros ensaios de rede e mais safras nos anos posteriores, a fim de comprovar o desempenho dos mesmos.

4. CONCLUSÕES

Os índices de Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969), Distância Genótipo-Ideótipo e Multiplicativo de Subandi et al. (1973) não se mostram adequados para selecionar simultaneamente as seis características de interesse para o milho, nas condições experimentais do presente trabalho.

Os índices de seleção Livre de Pesos e Parâmetros de Elston (1963) e Soma de Ranks de Mulamba e Mock (1978) foram mais interessantes nas condições deste trabalho para seleção simultânea devido aos ganhos de seleção de magnitude satisfatória para as características avaliadas.

5. TABELAS

Tabela 1. Híbridos selecionados pelo Índice Livre de Pesos e Parâmetros - Elston 1963.

HÍBRIDO	PROD (kg ha⁻¹)	SN (nota)	ACAM (%)	PREC (dias até florescimento)	AP (cm)	AE (cm)
HT008	6358,82	2,77	0%	55,87	202,45	99,76
HT018	6166,41	2,68	2%	55,79	206,53	96,68
HT007	6384,17	2,43	0%	56,29	215,03	109,43
HT024	6137,88	2,85	0%	56,66	206,37	101,43
HT005	6124,08	2,43	0%	56,45	221,70	105,09
20A55	6421,22	2,20	0%	57,13	226,00	99,38
HT049	5666,70	2,68	0%	57,29	205,53	100,43
2B633	6107,77	2,65	3%	57,38	213,75	101,90
HT006	5863,10	2,93	0%	58,00	208,53	97,09
MG699	6405,03	2,95	2%	57,49	213,10	111,00

Tabela 2. Híbridos selecionados pelo Índice de Ganhos Desejados - Pesek e Baker 1969.

HÍBRIDO	PROD (kg ha⁻¹)	SN (nota)	ACAM (%)	PREC (dias até florescimento)	AP (cm)	AE (cm)
HT017	4250,12	3,68	0%	55,70	210,37	97,93
HT062	4629,92	3,18	0%	57,66	224,03	115,09
HT061	4330,54	3,27	2%	56,66	218,20	95,93
HT037	4843,80	3,60	2%	56,54	223,12	111,93
HT067	4464,91	3,60	0%	56,54	211,87	106,68
HT063	4263,32	3,18	0%	57,58	213,70	97,84
HT035	5049,31	2,93	0%	57,45	226,70	116,34
HT056	5740,74	2,93	0%	56,87	229,78	113,84
HT036	4928,44	4,10	0%	57,16	217,37	104,43
HT048	4934,73	3,43	0%	55,79	209,20	95,43

Tabela 3. Híbridos selecionados pelo Índice de Soma de Ranks - Mulamba e Mock - 1978.

HÍBRIDO	PROD (kg ha ⁻¹)	SN (nota)	ACAM (%)	PREC (dias até florescimento)	AP (cm)	AE (cm)
HT008	6358,82	2,77	0%	55,87	202,45	99,76
HT007	6384,17	2,43	0%	56,29	215,03	109,43
HT005	6124,08	2,43	0%	56,45	221,70	105,09
HT018	6166,41	2,68	3%	55,79	206,53	96,68
20A55	6421,22	2,20	0%	57,13	226,00	99,38
HT049	5666,70	2,68	0%	57,29	205,53	100,43
HT024	6137,88	2,85	0%	56,66	206,37	101,43
HT047	5372,54	2,68	0%	56,70	201,37	98,93
HT006	5863,10	2,93	0%	58,00	208,53	97,09
HT044	5660,24	2,43	0%	57,91	221,28	104,68

Tabela 4. Híbridos selecionados pelo Índice baseado na Distância Genótipo-Ideótipo.

HÍBRIDO	PROD (kg ha ⁻¹)	SN (nota)	ACAM (%)	PREC (dias até florescimento)	AP (cm)	AE (cm)
HT027	5602,01	3,60	0%	56,54	214,37	105,43
HT047	5372,54	2,68	0%	56,70	201,37	98,93
HT049	5666,70	2,68	0%	57,29	205,53	100,43
HT048	4934,73	3,43	0%	55,79	209,20	95,43
HT025	5095,19	2,93	0%	56,41	211,03	94,84
HT021	5294,52	3,18	0%	58,83	206,12	92,68
HT003	5095,07	2,93	0%	55,79	211,70	96,43
HT008	6358,82	2,77	0%	55,87	202,45	99,76
HT006	5863,10	2,93	0%	58,00	208,53	97,09
HT059	5371,14	2,93	0%	56,87	218,03	100,84

Tabela 5. Híbridos selecionados pelo Índice de Seleção Direta e Indireta - para produtividade.

HÍBRIDO	PROD (kg ha⁻¹)	SN (nota)	ACAM (%)	PREC (dias até florescimento)	AP (cm)	AE (cm)
20A55	6421,22	2,20	0%	57,13	226,00	99,38
MG699	6405,03	2,95	2%	57,49	213,10	111,00
HT007	6384,17	2,43	0%	56,29	215,03	109,43
HT008	6358,82	2,77	0%	55,87	202,45	99,76
HT018	6166,41	2,68	2%	55,79	206,53	96,68
HT004	6154,42	2,77	3%	57,04	226,45	110,18
HT024	6137,88	2,85	0%	56,66	206,37	101,43
HT005	6124,08	2,43	0%	56,45	221,70	105,09
2B633	6107,77	2,65	3%	57,38	213,75	101,90
HT071	5976,12	2,02	0%	57,75	223,70	121,26

Tabela 6. Híbridos selecionados pelo Índice Multiplicativo - Subandi et al. 1973.

HÍBRIDO	PROD (kg ha⁻¹)	SN (nota)	ACAM (%)	PREC (dias até florescimento)	AP (cm)	AE (cm)
HT026	5095,19	2,93	0%	56,41	211,03	94,84
HT007	6384,17	2,43	0%	56,29	215,03	109,43
HT044	5660,24	2,43	0%	57,91	221,28	104,68
HT067	4464,91	3,60	0%	56,54	211,87	106,68
HT062	4629,92	3,18	0%	57,66	224,03	115,09
HT056	5740,74	2,93	0%	56,87	229,78	113,84
HT065	5064,94	2,93	0%	55,95	210,12	109,68
20A55	6421,22	2,20	0%	57,13	226,00	99,38
HT039	5762,17	2,93	0%	56,75	220,78	101,59
HT059	5371,14	2,93	0%	56,87	218,03	100,84

Tabela 7. Híbridos selecionados pelo Índice Clássico baseado apenas na produtividade - Smith (1936) e Hazel (1943).

HÍBRIDO	PROD (kg ha ⁻¹)	SN (nota)	ACAM (%)	PREC (dias até florescimento)	AP (cm)	AE (cm)
20A55	6421,22	2,20	0%	57,13	226,00	99,38
MG699	6405,03	2,95	2%	57,49	213,10	111,00
HT007	6384,17	2,43	0%	56,29	215,03	109,43
HT008	6358,82	2,77	0%	55,87	202,45	99,76
HT018	6166,41	2,68	2%	55,79	206,53	96,68
HT004	6154,42	2,77	3%	57,04	226,45	110,18
HT024	6137,88	2,85	0%	56,66	206,37	101,43
HT005	6124,08	2,43	0%	56,45	221,70	105,09
2B633	6107,77	2,65	3%	57,38	213,75	101,90
HT071	5976,12	2,02	0%	57,75	223,70	121,26

Tabela 8. Híbridos selecionados em cada um dos índices de seleção.

Rank	Híbridos selecionados em cada um dos índices de seleção utilizados						
	Elston	PB	MM	GI	SD	MS	SH
1	HT008	HT017	HT008	HT027	20A55	HT026	20A55
2	HT018	HT062	HT007	HT047	MG699	HT007	MG699
3	HT007	HT061	HT005	HT049	HT007	HT044	HT007
4	HT024	HT037	HT018	HT048	HT008	HT067	HT008
5	HT005	HT067	20A55	HT025	HT018	HT062	HT018
6	20A55	HT063	HT049	HT021	HT004	HT056	HT004
7	HT049	HT035	HT024	HT003	HT024	HT065	HT024
8	2B633	HT056	HT047	HT008	HT005	20A55	HT005
9	HT006	HT036	HT006	HT006	2B633	HT039	2B633
10	MG699	HT048	HT044	HT059	HT071	HT059	HT071

*Elston: Índice de Elston (1963); PB: Índice de Pesek e Baker (1969); MM: Índice de Mulamba e Mock (1978); GI: Índice da distância Genótipo-Ideótipo (2006); SD: Seleção Direta e Indireta; MS: Índice Multiplicativo de Subandi et al (1973); SH: Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943).

Tabela 9. Híbridos selecionados em pelo menos um dos índices utilizados, com a frequência de seleção de cada um dos genótipos.

Híbrido	Seleção por Índice							Frequência de seleção
	Elston	PB	MM	GI	SD	MS	SH	
20A55	Sim		Sim		Sim	Sim	Sim	5
2B633	Sim				Sim		Sim	3
MG699	Sim				Sim		Sim	3
HT003				Sim				1
HT004					Sim		Sim	2
HT005	Sim		Sim		Sim		Sim	4
HT006	Sim		Sim	Sim				3
HT007	Sim		Sim		Sim	Sim	Sim	5
HT008	Sim		Sim	Sim	Sim		Sim	5
HT017		Sim						1
HT018	Sim		Sim		Sim		Sim	4
HT021				Sim				1
HT024	Sim		Sim		Sim		Sim	4
HT025				Sim				1
HT026						Sim		1
HT027				Sim				1
HT035		Sim						1
HT036		Sim						1
HT037		Sim						1
HT039						Sim		1
HT044			Sim			Sim		2
HT047			Sim	Sim				2
HT048		Sim		Sim				2
HT049	Sim		Sim	Sim				3
HT056		Sim				Sim		2
HT059				Sim		Sim		2
HT061		Sim						1
HT062		Sim				Sim		2
HT063		Sim						1
HT065						Sim		1
HT067		Sim				Sim		2
HT071					Sim		Sim	2

*Elston: Índice de Elston (1963); PB: Índice de Pesek e Baker (1969); MM: Índice de Mulamba e Mock (1978); GI: Índice da distância Genótipo-Ideótipo (2006); SD: Seleção Direta e Indireta; MS: Índice Multiplicativo de Subandi et al (1973); SH: Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943).

Tabela 10. Ganhos de seleção de cada índice para cada uma das características avaliadas, em relação a média todos os genótipos avaliados.

Característica	Ganhos de seleção						
	Elston	PB	MM	GI	SD	MS	SH
Produtividade (kg ha ⁻¹)	9.69	-3.05	8.37	3.43	10.23	3.38	10.23
Sanidade (nota)	-14.08	6.72	-15.46	-4.16	-16.45	-8.6	-16.45
Acamamento (%)	-24.34	-36.76	-43.48	-52.76	-4.77	-42.63	-4.77
Precocidade (dias)	-0.26	-0.29	-0.28	-0.28	-0.3	-0.25	-0.3
Altura de plantas (cm)	0.19	2.4	0.05	-0.85	1.41	2.52	1.41
Altura de espigas (cm)	0.45	2.52	-0.14	-2.08	2.57	2.56	2.57

*Elston: Índice de Elston (1963); PB: Índice de Pesek e Baker (1969); MM: Índice de Mulamba e Mock (1978); GI: Índice da distância Genótipo-Ideótipo (2006); SD: Seleção Direta e Indireta; MS: Índice Multiplicativo de Subandi et al (1973); SH: Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943).

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGROCERES. **Guia de sanidade**. 2. ed. São Paulo: Sementes Agrocere, 1996. 72 p.
- AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; VIEIRA, E. A.; PEIXOTO, J. R.; CAPETTINI, F.; CROSBIE, T.M.; MOCK, J.J.; SMITH, O.S. Comparison of gains predicted by several methods for cold tolerance traits of two maize populations. **Crop Science**, Madison, v.20, p.649-655, 1980.
- CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271- 276, 2013.
- CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.
- ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.
- FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360p.
- GARCIA, A. A. F. **Índice para a seleção de cultivares**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 112 f. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas. Esalq – USP. 1998.
- GRANATE, M.J.; CRUZ, C.D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milhopipoca CMS–43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.37, p.101-108, 2002.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-

490, 1943.

MOCK, J.J.; PEARCE, R.B. An ideotype of maize. **Euphytica**, v.24, p.613-623, 1975.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, n. 7, p. 40-51, 1978.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v. 49, p. 803-804. 1969.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, v. 9, p. 347-353, 2014.

RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Genetic diversity of irrigated barley based on molecular and quantitative data and on malting quality. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n.7, p. 748-756, 2013.

SAYD, R. M. **Parâmetros genéticos, índices de seleção e diversidade genética de genótipos de cevada irrigada no Cerrado**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2017, 134 p. Tese de Doutorado.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SUBANDI, W.; COMPTON, A; EMEIG, L.T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, Madison, v.13, p.184-186, 1973.

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S.; SANTOS, J.F.; CÂMARA, T.M.M. Eficiência da

seleção de progênies S1 e S2 de milho pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v.62, p.9-17, 2003.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, North Carolina, v.18, p.375-393, 1962.