



HILDA BARBOSA GLORIA

**PROGRESSO GENÉTICO PARA PRODUTIVIDADE DE
GRÃOS EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE
RECÍPROCA EM MILHO**

**LAVRAS-MG
2021**

HILDA BARBOSA GLORIA

**PROGRESSO GENÉTICO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM UM
PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção de título de Mestre.

Prof. Dr. João Cândido de Souza
Orientador

**LAVRAS-MG
2021**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Gloria, Hilda Barbosa.

Progresso genético para produtividade de grãos em um
programa de seleção recorrente recíproca em milho / Hilda Barbosa
Gloria. - 2020.

53 p. : il.

Orientador: João Cândido de Souza.

Dissertação (Mestrado profissional) - Universidade Federal de
Lavras, 2020.

Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. Híbrido simples. 3. Melhoramento de plantas.
4. Dialelo. 5. Ganho genético. I. Souza, João Cândido de. II. Título.

HILDA BARBOSA GLORIA

**PROGRESSO GENÉTICO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM UM
PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO**

**GENETIC PROGRESS FOR GRAIN PRODUCTIVITY IN A RECIPROCAL
RECIPROCAL SELECTION PROGRAM IN MAIZE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção de título de Mestre.

APROVADA em 27 de janeiro de 2020.

Prof. Dr. Vinícius Quintão Carneiro	UFLA
Profa. Dra. Marcela Pedroso Mendes	UFG

Prof. Dr. João Cândido de Souza
Orientador

**LAVRAS-MG
2021**

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade que me foi dada, por guiar meu caminho e por fazer com que esta conquista fosse possível.

À minha mãe, Maria Carmen, por toda a dedicação, pelos ensinamentos, por não medir esforços para que os meus sonhos fossem realizados e por ser exemplo de mulher, mãe e pessoa.

À minha irmã, Erika, pelo suporte, apoio, amizade, pelos ensinamentos e por sempre acreditar em meu potencial.

Ao meu cunhado, Andrii, pela paciência, colaboração e amizade.

Às minhas amigas de infância e de graduação, Luíza, Carol e Paula, pelo suporte e pela amizade que levarei comigo para sempre, em todas as etapas da minha vida.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por oportunizar a realização de um sonho.

Ao meu orientador, professor João Cândido, por todo o tempo dispendido comigo, por toda a atenção, pela ajuda e pelos ensinamentos.

Aos professores do Programa, pelo conhecimento e pela experiência transmitidos.

Às funcionárias do Departamento de Biologia Zélia, Rafaela e Lilian, por toda a ajuda, pelo apoio e pela amizade.

Aos funcionários da Fazenda Vitorinha da UFLA Leonardo, Otávio e José Carlos, por toda a dedicação, pela ajuda e pelo suporte em todas as atividades de campo.

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

A todos os amigos do Grupo de Pesquisa em Milho: Rodolfo, Brena, Maria Beatriz, Erik, Diego, Marco Túlio, Paula, Jean e Leonardo.

A todos os amigos do GEN e aos amigos de Lavras, pela convivência, amizade, pelo companheirismo, pelos ensinamentos e pela ajuda.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para o meu crescimento profissional e pessoal.

À Corteva Agriscience S/A, por acreditar em meu potencial.

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

MUITO OBRIGADA!

RESUMO

A hibridação é a principal estratégia usada pelos atuais programas de melhoramento genético para acréscimos em produtividades. O sucesso de um híbrido é resultado do cruzamento entre duas linhagens que possuem boa capacidade combinatória, grande número de alelos favoráveis e variabilidade genética. Nesse viés, o método de seleção recorrente recíproca atua no acréscimo dessas características no decorrer dos ciclos de seleção. Todavia, há uma necessidade constante de aferir e aprimorar a eficiência do programa de melhoramento ao longo dos ciclos. Essa verificação é importante também para decisões do programa, como a escolha das estratégias de melhoramento e características avaliadas. E pode ser realizada por meio do estudo do progresso genético ao longo dos ciclos de seleção recorrente recíproca. Esta dissertação objetiva verificar o progresso genético com a seleção recorrente recíproca do programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Lavras (UFLA). O trabalho foi conduzido durante duas épocas, Safra 18/19 e Safrinha 2019, e foram avaliados 75 híbridos, oriundos das progênies S2:3 mais promissoras dos ciclos 0, 3 e 6 do programa de seleção recorrente recíproca de milho da UFLA. Também foram avaliadas duas testemunhas comerciais, usadas pelos produtores da região de Lavras. A avaliação foi realizada para os caracteres produtividade, peso de espiga despilhada, peso de 100 grãos, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, diâmetro de sabugo, número de fileiras, número de grãos por fileira e peso de sabugo. Os caracteres foram avaliados por análise de variância conjunta entre safra e safrinha, bem como por análise de variância por safra, tendo em vista ciclos como fator de variação e análise dialélica por ciclo de origem. A análise de variância conjunta revelou que houve interação genótipo x ambiente. A análise de variância não foi significativa a 5% de confiança para os dados obtidos durante a safrinha, contudo, para a safra, os caracteres produtividade, peso de espiga despilhada, diâmetro de espiga, número de fileiras e peso de sabugo foram significativos a 5% de probabilidade. Através da análise dialélica, houve distinção de parentais superiores, segundo as estimativas da capacidade geral de combinação, e híbridos em destaque, com base nas estimativas de capacidade específica de combinação, em cada ciclo da seleção recorrente recíproca. Consoante aos estudos realizados com as médias ajustadas, constatou-se progresso genético de 7% de ganho por ciclo ao longo da seleção recorrente.

Palavras-chave: *Zea mays*. Híbrido simples. Melhoramento de plantas. Dialélico. Ganho genético.

ABSTRACT

Hybridization is the main strategy used by current breeding programs for productivity increases. The success of a hybrid is the result of the cross between two strains that have a good combinatorial capacity, a larger number of favorable alleles, and genetic variability. In this context, the reciprocal recurrent selection method acts to increase these characteristics during the selection cycles. However, there is a constant need to measure and improve the efficiency of the improvement program over the cycles. This verification is also important for program decisions, such as improvement strategies and evaluated characteristics, and can be accomplished by studying genetic progress throughout the cycles of reciprocal recurrent selection. This thesis aims to verify the genetic progress with the reciprocal recurrent selection of the maize breeding program at the Universidade Federal de Lavras (UFLA). The work was conducted during two seasons, summer of 18/19 and winter of 2019. A total of 75 hybrids from the most promising S2: 3 progenies from cycles 0, 3, and 6 of UFLA's reciprocal recurrent maize selection program were evaluated. Two commercial hybrids used by producers in the Lavras region were also evaluated. Productivity, the weight of sheared ear, the weight of 100 grains, ear length, ear diameter, cob diameter, number of rows, number of grains per row, and cob weight were evaluated. The characters were evaluated by joint variance analysis between crop and off-season and by analysis of variance by crop, considering the cycles as a variation factor and diallel analysis by cycle of origin. The joint analysis of variance revealed a genotype x environment interaction. The analysis of variance was not significant at 5% of confidence for the data obtained during the off-season. However, productivity, weight of untucked ear, ear diameter, number of rows, and cob weight were significant at 5 % probability for the harvest. The diallel analysis showed a distinction of superior parents, according to the estimates of the general combining ability, and highlighted hybrids, based on the estimates of specific combining ability, in each cycle of reciprocal recurrent selection. Genetic progress of 7% of gain per cycle was found during the recurrent selection depending on the studies conducted with the adjusted means.

Keywords: *Zea mays*. Simple hybrid. Plant breeding. Diallel. Genetic gain.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	8
2	REFERENCIAL TEÓRICO	10
2.1	Importância da cultura do milho	10
2.2	Botânica e morfologia da cultura do milho	10
2.3	Milho híbrido	11
2.4	Seleção Recorrente Recíproca	15
2.5	Cruzamentos dialélicos	19
2.6	Progresso genético na cultura do milho	21
3	MATERIAL E MÉTODOS	23
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
4.1	Análise de variância conjunta safra x safrinha	29
4.2	Análises de variâncias individuais por safra	32
4.3	Análises dialélicas	39
4.4	Progressos genéticos	42
5	CONCLUSÃO	45
	REFERÊNCIAS	46

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays L.*) é um alimento energético usado na alimentação humana e animal ou como biocombustível. Além disso, a exportação de carne e milho compõe grande parte do Produto Interno Bruto (PIB) nacional (REZENDE JOSÉ; MORAES LARA, 2014). Assim sendo, sua relevância é incontestável no cenário agrícola. De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2020), a produtividade brasileira de milho na safra 2019/2020, segundo levantamento realizado em dezembro, foi de 5,6 toneladas por hectare, o que faz com que o Brasil seja o terceiro país mais produtivo nesse setor. Contudo, a média produtiva brasileira persiste em ocupar patamares inferiores quando comparada a outros países como os EUA, que apresentou produtividade de 11,3 toneladas por hectare durante a safra 20, e a China, que apresenta produtividade de 6,7 toneladas por hectare (USDA, 2020). A produção brasileira, com a finalidade de conseguir resultados mais competitivos em produtividade, busca novas tecnologias aptas a reduzir problemas relacionados a doenças, pragas, deficiências nutricionais e fatores climáticos, que, ao serem enfrentados, permitem que ocorra aumento da produtividade em até 40%. Programas de melhoramento genético do milho, associados a boas técnicas de manejo, têm sido protagonistas na expansão da produtividade do grão quando associados a essas tecnologias de produção (DUVICK, 2005).

Os programas de melhoramento genético para a cultura do milho usam como estratégia para obtenção de indivíduos superiores diversos métodos de melhoramento visando o desenvolvimento de sementes híbridas, as quais geram expressivo aumento nessas pelos efeitos da heterose (BUENO et al., 2006). Essas sementes são, por definição, a primeira geração oriunda de populações geneticamente diferentes, ou linhagens endogâmicas distintas, ou cruzamento de variedades alógamas (BORÉM, 2013). Com a finalidade de promover o sucesso dos híbridos, é imprescindível partir de populações com desempenho médio elevado e alta variabilidade, logo, o melhoramento deve ter seu início no desenvolvimento de parentais com alta concentração de alelos favoráveis para a produtividade e com capacidade combinatória adequada entre eles (OLIBONI et al., 2013).

O aumento da frequência dos alelos favoráveis, sem a perda da variabilidade genética e com aumento da capacidade combinatória entre eles, pode ser obtido pelo método de seleção recorrente recíproca (SRR). O método consiste em obter híbridos superiores através do cruzamento de duas populações contrastantes e ao mesmo tempo recombina e melhora o germoplasma dessas, as tornando superiores as fontes de germoplasma dos programas de melhoramento (HALLAUER; CARENA, 2012). Desse modo, cada população é usada como

testadora da outra e a partir de cruzamentos recíprocos entre elas, as progênies que apresentam capacidade de combinação superiores, são selecionadas e há a recombinação dos melhores genótipos para gerar populações melhoradas. (SOUZA JUNIOR, 2011). Esse método foi considerado efetivo para aumentar o desempenho agrônômico dos híbridos formados de linhas puras derivadas de ciclos de seleção (HALLAUER; EBERHART, 1970; MENKIR et al., 2015).

Programas de seleção recorrente recíproca têm a constante necessidade de apurar o progresso genético ao longo dos ciclos. A quantificação desse progresso é um ponto-chave para definir o sucesso de um programa de melhoramento. Pois o conhecimento dos ganhos genéticos a cada ciclo irá direcionar a estratégia do programa, orientará as tendências e decisões do melhorista nos próximos ciclos seletivos (TOLEDO, 2014).

Sendo assim, este projeto objetivou verificar o progresso dos ciclos de SRR ao longo dos anos por meio da avaliação dos híbridos resultantes dos cruzamentos dialélicos das linhagens superiores de cada ciclo do programa de melhoramento em SRR, aspirando à observação de ganhos consideráveis a cada ciclo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância da cultura do milho

Acredita-se que o milho (*Zea mays L.*) teve sua origem na América Central, mais precisamente na região dos Balsas, no Sudoeste do atual México. Além disso, há indícios arqueológicos que datam a ocorrência da domesticação do milho em cerca de 9000 anos antes de Cristo. Esses registros também apontam a existência de possível seleção para maiores produtividades desde 4320 anos antes do presente (KENNETT, D.J., 2017). Também há teorias sobre o ancestral selvagem dessa gramínea, ainda não confirmadas (MANGELSDORF, P. C. 1986). Entretanto, aquelas mais aceitas convergem em direção à seleção direta ou indireta do ancestral comum ao teosinte (*Zea mays spp. Parviglumis*), gramínea oriunda do sul da Guatemala, a qual, apesar de ter morfologia bem distinta daquela apresentada pelo milho, possui caracteres citogenéticos e moleculares comuns (DOEBLEY; STEC, 1993). Ao longo dos anos, a combinação entre a capacidade adaptativa da espécie e o longo período de domesticação feita por povos variados possibilitou a ampliação da sua variabilidade genética.

Por conseguinte, esse longo período de domesticação proporcionou o surgimento de novas constituições alélicas, de seleções involuntárias e/ou direcionadas e de vários ciclos de cultivo, os quais resultaram em incrementos na frequência de alelos favoráveis para características agrônomicas (GARBUGLIO et al., 2009). Logo, a ação conjunta da constituição genotípica e dos efeitos do ambiente determinaram as diferentes expressões fenotípicas dessas características (COLOMBARI FILHO et al., 2013; HARLAN, 1992). A ampliação da variabilidade genética foi imprescindível para o melhoramento do milho, pois ela age como fonte de alelos e genes determinantes não somente para a maximização dos caracteres agrônomicos de interesse, mas também para a minimização dos efeitos abióticos e bióticos para o desenvolvimento da planta (LIMA et al., 1999; VASCONCELOS et al., 2015).

2.2 Botânica e morfologia da cultura do milho

Descrito como espécie diploide, o milho possui um genoma base composto por dez ($2n=2x=20$) cromossomos, é classificado entre as gramíneas e é descrito taxonomicamente da seguinte maneira: reino *Plantae*, divisão *Magnoliphyta*, classe *Liliopsida*, ordem *Poales*,

família *Poaceae*, subfamília *Panicoideae*, tribo *Maydeae*, gênero *Zea* e espécie *Zea mays L.* (DOEBLEY, 1990; PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

O sistema radicular do milho apresenta seminais (primárias) e laterais (adventícias), podendo explorar até 3 metros de profundidade. Possui caule cilíndrico formado por nós rígidos e entrenós, formando um caule no qual as folhas estão dispostas de forma alternada. As folhas apresentam nervuras paralelinérveas com nervura rígida no centro, limbo foliar normalmente longo, largo, plano e dotado de pelos e lígula. Essa planta tem ciclo anual, com crescimento determinado ereto e sua estatura varia de 1 a 4 metros de altura. (PATERNIANI, 1978). A espécie apresenta sistema reprodutivo classificado em alogamia, no qual a fecundação cruzada é priorizada (RAMALHO et al. 2012) e possui caráter monoico, condicionando as estruturas de reprodução separadas espacial e temporalmente na mesma planta.

No ápice da planta encontra-se a inflorescência masculina, o pendão (panícula), a qual possui ou não ramificações. Cada panícula apresenta diversos pares de espiguetas, cada uma formada por duas flores e três estames, onde há a aderência das anteras, que formam, retêm e liberam o pólen (GOODMAN; SMITH, 1987). Possui comportamento protândrico, portanto o pólen é liberado com 2 a 3 dias de antecedência à viabilização dos estigmas da inflorescência feminina. E, em condições ideais, esse pólen tem viabilidade de até 24 horas após sua liberação pelas anteras. A dispersão anemófila, pelo vento, pode durar de 2 a 14 dias (VIANNA et al. 1999). Boneca ou espiga são nomes comuns dados a inflorescência feminina, formada por única raque rígida (sabugo) localizada em uma ou duas axilas foliares do colmo. Essa estrutura apresenta muitos pares de espiguetas, cada par é composto por um pistilo e pelo ovário basal, e toda a estrutura é envolvida por bainhas foliares (palha). Esse ovário apresenta pistilo funcional único e longo, que permite a sua exposição através das palhas para a polinização, formando o conjunto estilos-estigmas (cabelo) (GOODMAN; SMITH, 1987). A polinização e a fertilização ocorrem através desse sistema de dispersão, quando o grão de pólen maduro de uma planta encontra os estilos-estigmas, receptivos, de outra planta. Após, forma-se a cariopse, constituída pelo endosperma (85%), pelo embrião (10%) e pelo pericarpo (5%) (PATERNIANI, 1978).

2.3 Milho híbrido

As pesquisas envolvendo o melhoramento genético do milho possuem dois caminhos: a obtenção de populações melhoradas e a obtenção de híbridos. O primeiro baseia-se em

métodos adequados de seleção, possibilitando o acréscimo gradativo da frequência dos alelos favoráveis na população melhorada, a qual é superior à original. O segundo destina-se à obtenção de linhagens endogâmicas, que, em combinações adequadas, produzem híbridos superiores à população original (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1978). A geração F1 ou a primeira geração descendente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações divergentes, definem o termo híbrido (BORÉM, 2013).

Os trabalhos de Beal (1880) foram pioneiros ao realizar hibridações entre variedades de polinização aberta como método de aumentar a produtividade do milho. Nesse sentido, East (1908) produziu projetos focados em estudar os efeitos da endogamia, que verificaram que a autofecundação reduzia a produção e o vigor das plantas de milho (depressão por endogamia), bem como foram estudados seus efeitos na hibridação em milho, pois, quando duas linhagens endogâmicas eram cruzadas, o vigor era restaurado e ocorria o fenômeno da heterose na F1, o que gerou plantas altamente vigorosas e uniformes. O conceito de heterose foi definido em estudos de East (1936) e Shull (1912) como o aumento do vigor híbrido da progênie em relação aos seus respectivos genitores. Assim, esse fenômeno, juntamente com o fato de que se julgava comercialmente inviável o método de linhas puras, houve o incentivo a pesquisas explorando a hibridação e a heterose.

Seguem-se os trabalhos de Shull (1909), que propuseram um esquema baseado na obtenção das linhas puras e na utilização dessas linhas na produção de sementes de milho híbrido que é válido até os dias atuais. Em sua metodologia, extraíam-se linhagens endogâmicas de uma população e cruzavam-nas entre si para obtenção de híbridos. Essa estratégia possibilita refazer a mesma combinação híbrida indefinidamente através da multiplicação dos genótipos homocigotos dos seus parentais. A utilização de linhagens endogâmicas possibilita refazer a mesma combinação híbrida quando desejado, uma vez que os alelos dos parentais estão fixados para todos os *locos*, enquanto há apenas uma possibilidade de combinação na F1. A produção comercial de milho híbrido não se tornou viável em um primeiro momento, devido ao baixo vigor e à baixa produtividade das linhagens, cujo custo de produção era elevado (CROW; DOVE, 1998).

Com o intuito de contornar a inviabilidade comercial do uso de linhas puras, Jones (1918) propôs a utilização de híbridos duplos, surgidos mediante o cruzamento de dois híbridos simples. Desse modo, as produções de híbridos comerciais foram introduzidas na região do *Corn Belt*, nos Estados Unidos da América (EUA), na década de 1930. Consequentemente, as variedades de polinização aberta foram perdendo espaço

gradativamente e, nos anos 1960, a área conduzida com essas variedades correspondia apenas a 5% do total da área nessa região (PATERNIANI, 1978). A partir da introdução dos híbridos duplos, a taxa de ganho girou em torno de $65 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$. Com o uso dos híbridos simples, a taxa de incremento tornou-se próxima de $108 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$.

As produtividades atuais são superiores a cinco vezes aquelas obtidas antes de os híbridos serem descobertos (CROW, 1998). Ao longo do tempo, a genética dos híbridos simples foi progressivamente superior, associada a adoção rápida de fertilizantes e a aperfeiçoamentos no manejo da cultura. (CONANT; BERDANIER; GRACE, 2013). Todas as seleções e ganhos genéticos eram associados quase exclusivamente ao aumento do rendimento dos grãos e à resposta a atributos agronômicos, resultando em um aumento de 4 vezes na produtividade de milho de 1930 a 2014 (EGLI, 2015).

A partir de Müller (2019), que realizou experimento envolvendo 8 híbridos de diferentes momentos de comercialização e de amplo uso e popularidade, testados para vários componentes, constatou-se melhora linear do rendimento de grãos ao longo dos 70 anos de melhoramento genético no *Corn Belt* dos EUA. O aumento no rendimento de híbridos foi de cerca de 89% entre 1946 e 2015.

Diversos outros trabalhos demonstram o mesmo resultado para diversos caracteres estudados: o desempenho das combinações híbridas obtidas pode ser superior ao apresentado por seus respectivos genitores e representam um avanço genético ao longo dos anos em diversos países (CIAMPITTI et al., 2014; GAFFNEY et al., 2015; MASUKA et al., 2017). Os últimos autores, como exemplo, quantificaram o progresso genético em 1.4% ao ano para variedades de polinização aberta.

Esse cenário, no Brasil, ocorreu primeiramente no Instituto Agronômico de Campinas (IAC), em 1932, a partir da produção do primeiro híbrido duplo brasileiro (KRUG et al., 1943). Em paralelo, na Universidade Federal de Viçosa, mais precisamente no ano de 1938, Gladstone e Secundino produziram o primeiro híbrido comercial brasileiro (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). E, no decorrer de 39 anos, o aumento da produtividade média de milho no Brasil foi de $131 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$ (CONAB, 2019).

Na região Sul, a partir de um trabalho realizado por Silva (2015) que avaliou os ganhos genéticos entre os anos 2001 e 2013, o ganho foi de $100 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$, porém, além das contribuições do ganho genético pela evolução dos novos genótipos, também é importante destacar que o avanço nos tratos culturais, a redução do espaçamento, o incremento da adubação, o maior controle de fitopatógenos e de plantas daninhas também foram de extrema importância para esse ganho, o que ressalta a importância de distinguir os efeitos genéticos

dos efeitos ambientais. Segundo Duvick (2005), atribui-se entre 50 e 60% dessa melhora ao ganho genético, enquanto o restante é atribuído às melhorias no manejo e na condução das lavouras.

Entretanto, todo esse aumento na qualidade genética dos híbridos e sua superioridade em relação às cultivares crioulas ou de polinização aberta geram uma dependência financeira do produtor da compra de sementes safra após safra. Isso aumenta diretamente o custo de produção, posto que o preço das sementes está estreitamente ligado aos custos com a pesquisa e o desenvolvimento e com os custos de produção, divulgação e comercialização dessas sementes.

No final do século passado, a partir da possibilidade de introdução da transgenia e da nova era genética, o mercado concentrou-se em duas grandes empresas: Bayer e Corteva. Assim, além dos custos com o programa convencional de melhoramento, houve investimentos altos com transgenia, os quais precisam ser renovados ano após ano como resultado da quebra de resistência, do tratamento industrial de sementes e de adequações de qualidade à ISSO 9002, que garantiram, para além da qualidade genética, alto vigor e poder germinativo e a indicação de zonas de melhor adaptabilidade para cada região edafoclimática.

Todos esses investimentos, associados ao pacote tecnológico vendido pelas companhias, garantem uma alta produtividade ao agricultor (PACHECO et al., 2017), mas aumentam o valor agregado a esse produto, bem como elevam o custo de produção e de pesquisa de pequenas empresas de melhoramento que ainda não conseguem competir nesse mercado com as grandes empresas. Isso ainda obriga o produtor a realizar altos gastos com a compra tanto de sementes, quanto do pacote tecnológico para haver máximo desempenho dos híbridos, que nem sempre é compensado ao final da safra pelo preço de mercado do milho que é vendido.

A escolha de populações, a obtenção de linhas, a avaliação da capacidade combinatória e o teste de valor de cultivo e uso (VCU) são as etapas geralmente utilizadas por programas de produção de híbridos, sendo a primeira etapa considerada a de maior relevância (PATERNIANI; CAMPOS, 1999), pois nessas populações deve haver a concentração dos alelos favoráveis à obtenção das características desejadas, possibilitando a extração de linhagens superiores (HALLAUER et al., 2010). Isso posto, a escolha de populações com linhagens promissoras é imprescindível para o sucesso do programa de melhoramento. E, após sua obtenção, vários métodos podem ser aplicados para a avaliação da capacidade combinatória entre as linhas pré-selecionadas: dialelos completos, parciais, circulantes e *topcross* (HALLAUER et al., 2010).

2.4 Seleção Recorrente Recíproca

Hull (1945) propôs o método de seleção recorrente, que consiste em um método cíclico que visa a aumentar a frequência de alelos favoráveis e a manter alguma variabilidade genética a cada ciclo. A fim de obter esse resultado, cada ciclo conta com fases de condução, a saber: a) desenvolvimento de progênies, meios-irmãos, irmãos germanos, S_1 ou S_2 ; b) avaliação dessas progênies em experimentos com repetições para seleção de acordo com a presença da expressão dos caracteres de interesse ou não expressão; e c) intercruzamento das progênies selecionadas de maneira aleatória para formação da nova população para o próximo ciclo de seleção (PIXLEY et al, 2006).

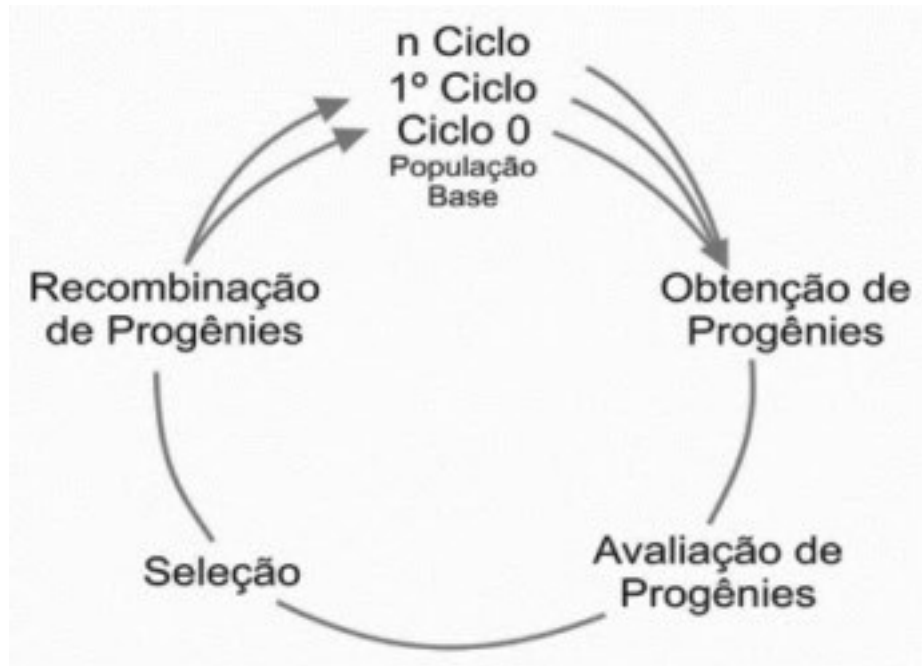
O emprego da seleção recorrente fundamenta-se no fato de que a maioria dos caracteres de interesse são quantitativos, ou seja, há muitos genes controlando sua expressão fenotípica. Assim, o número de plantas a serem manuseadas em um campo para seleção massal, para que se consiga obter um indivíduo com todos os alelos favoráveis é enorme, tornando o processo praticamente inviável e oneroso através de outros métodos de seleção. Desse modo, a seleção recorrente, seguida da recombinação dos melhores indivíduos ou progênies durante o ciclo de seleção, é considerada a melhor abordagem (RAMALHO et al., 2012).

Há duas categorias para a seleção recorrente, as quais são divididas em conformidade com os seus respectivos esquemas de recombinação e condução: a intra e a interpopulacional, sendo que, basicamente, a primeira objetiva melhorar o desempenho de uma população, enquanto a segunda tem como finalidade melhorar o desempenho do cruzamento de duas populações simultaneamente (HALLAUER, 1985; SOUZA JÚNIOR, 1993).

Na seleção recorrente *per se*, ou intrapopulacional, cada população é melhorada sem se considerar sua capacidade de combinação e, no decorrer da passagem dos ciclos, a população passa a ter mais genes em endogamia, possibilitando a extração de linhagens endogâmicas. Basicamente, ela se constitui de quatro etapas, conforme apresenta a Figura 1 (HALLAUER et al., 2010). A primeira etapa consiste em obter famílias de meios irmãos ou irmãos completos, as quais servirão de população base de seleção e de unidade de recombinação. Para constituir essa população base, deve-se partir de genótipos superiores com os atributos desejados (FREITAS et al., 2012). Durante a segunda etapa, ocorre a avaliação das famílias através de delineamentos experimentais adequados. A terceira etapa é a seleção de indivíduos, famílias ou progênies dessa população com caracteres desejados. Finalmente, a última etapa é a recombinação desses indivíduos, progênies ou famílias

selecionadas por meio de cruzamentos orientados a restaurar a variabilidade genética para o próximo ciclo e aumentar a frequência dos genes desejáveis (RAMALHO et al., 2012).

Figura 1 – Representação esquemática com as etapas de seleção recorrente intrapopulacional.



Fonte: Dalbosco (2015).

Esse tipo de seleção recorrente é o mais recomendado para programas de melhoramento que enfatizam o desenvolvimento de linhagens de milho melhoradas para híbridos. O seu principal objetivo é o de melhorar geneticamente os recursos de germoplasma para programas de melhoramento focados em características complexas e controladas por um maior número de genes.

Abdulmojeed et al (2018), em um trabalho com seleção recorrente intrapopulacional, obteve ganhos expressivos em uma população de base de milho PSEV3, ainda que as populações S_1 e S_2 apresentassem declínios no vigor devido à endogamia, o que não é incomum, mas foram geradas com maior produtividade.

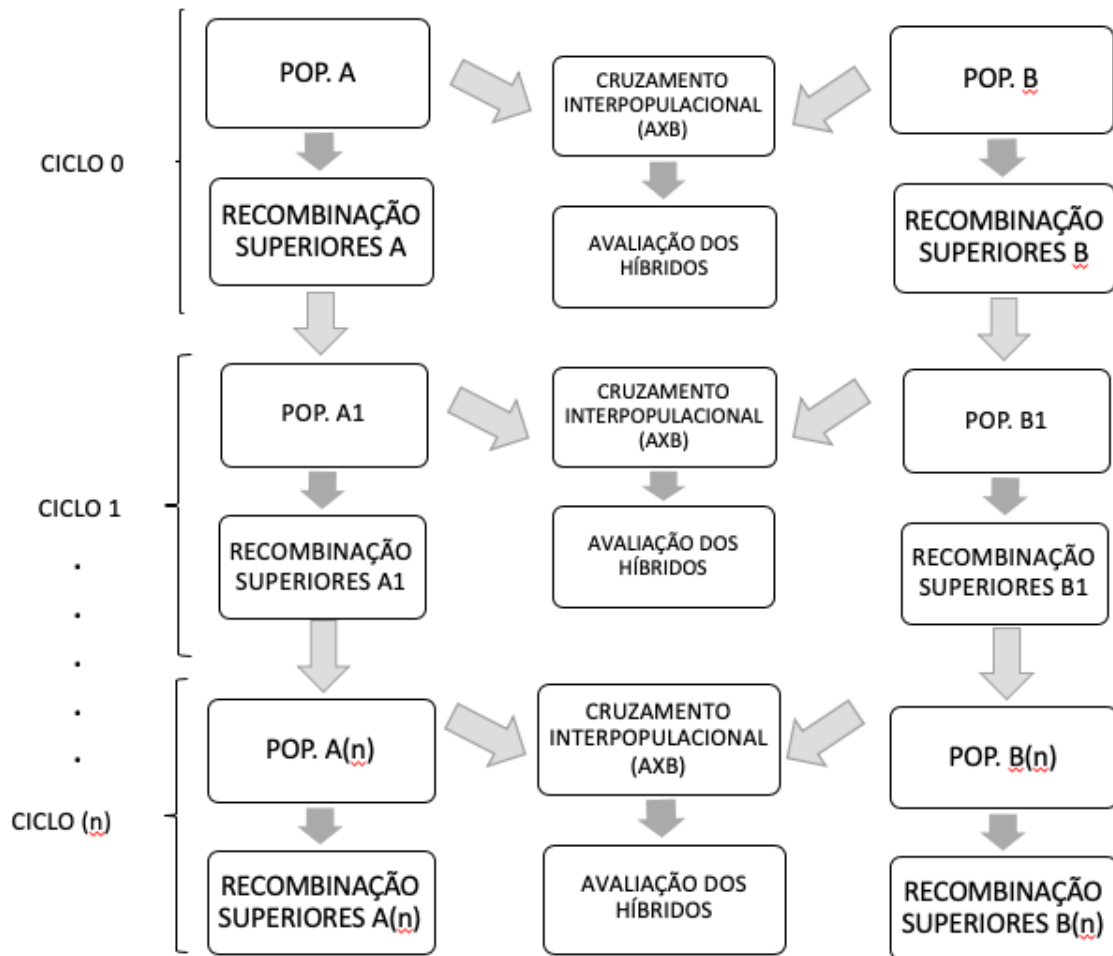
O trabalho de Hallauer (2012) obteve resultados semelhantes em relação à amostragem ao número de grãos e a outras características para desenvolver recursos de germoplasma e isolamento de linhagens propensas a serem possíveis parentais para produção de híbridos, embora tenha tido uma redução frequente no rendimento de grãos. Essa redução frequente é resultado da depressão por endogamia e contornado pela heterose.

A heterose ou vigor híbrido é um fenômeno em que a progênie híbrida apresenta um desempenho superior em comparação com suas linhagens parentais. (SHULL, 1948). No entanto, ainda há dúvidas quanto ao mecanismo molecular da heterose. Interações gênicas como dominância, sobre dominância e epistasia foram sugeridas para explicar o aumento. A combinação da heterose com diferentes caracteres, como produtividade, tolerância a fatores abióticos e bióticos aumentam o rendimento dos híbridos (FUJIMOTO et al., 2018). Esse trabalho faz uma revisão dos possíveis mecanismos moleculares da heterose e de sua relevância para os problemas previstos para a produção de alimentos. Entretanto, quando se deseja explorar a heterose entre duas populações contrastantes, o método de seleção recorrente *per se*, por não explorar a capacidade geral ao lado da capacidade específica de combinação, não consegue aproveitar ao máximo o fenômeno da heterose nos híbridos.

Assim, um método semelhante foi proposto baseado nas hipóteses explicativas da heterose. Esse método, chamado de seleção recorrente recíproca (SRR), visa ao mesmo aumento da frequência de alelos favoráveis, mas em duas populações distintas, o que melhora a capacidade geral e a capacidade de combinação específica de linhas derivadas deles (COMSTOCK, et al., 1949). Outro aspecto que distingue os dois métodos é a minimização da endogamia e a promoção da recombinação genética dentro das populações. Comumente, o método mantém uma variação genética adequada e permite melhoria gradual nos ciclos de seleção futuros (HALLAUER, 1986).

No procedimento proposto originalmente, utilizam-se duas populações, A e B, em endogamia parcial ou total. Na primeira etapa, os genótipos de A são cruzados usando os genótipos de B como testador e vice-versa. Esses cruzamentos podem ser recíprocos ou não, a depender do objetivo pretendido. Os híbridos resultantes desses cruzamentos são avaliados em delineamentos experimentais e selecionados de acordo com o desempenho, desse modo os melhores genótipos de A que apresentarem o melhor desempenho com B, e vice-versa, são recombinados entre si, obtendo populações melhoradas de A e de B. Esse processo se repete a cada ciclo (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1978; SOUZA JUNIOR, 2018). A Figura 2 apresenta uma representação gráfica desse procedimento.

Figura 2 – Representação esquemática com as etapas de seleção recorrente recíproca (interpopulacional).



Fonte: da autora (2020).

Há diversas adaptações do método original, devido a diversas dificuldades que foram descobertas ao longo de seu uso. Os programas brasileiros implementados por universidades utilizam o método proposto por Hallauer e Ebehart (1970), o qual se baseia no uso de famílias de irmãos completos e de plantas prolíficas, que consiste em cruzar plantas S0 aos pares (plantas da população A0 com plantas da população B0, autofecundando simultaneamente as mesmas plantas, para obtenção das progênes S1). Usualmente, procede-se à autofecundação da segunda espiga de cada uma das plantas. A primeira espiga é polinizada com pólen de plantas da população recíproca. As sementes da primeira espiga correspondem às progênes de irmãos completos (A0xB0) e serão avaliadas em ensaios de competição e as S1 são reservadas em câmaras frias para serem utilizadas a posteriori. Com base nos ensaios de avaliação, são identificados os cruzamentos mais promissores. Em seguida, as progênes S1

de cada população correspondente aos melhores cruzamentos são recombinadas em lotes isolados, produzindo, assim, a população melhorada A1 e A2 (PATERNIANI E MIRANDA FILHO, 1987).

Os ganhos com a SRR começaram logo após sua divulgação. Um dos trabalhos, de Sprague et al. (1959), relatou um ganho de 5,1% por ciclo como resposta direta do cruzamento de duas populações contrastantes após dois ciclos de SRR. Hallauer e Carena (2012) também mostraram, em seu trabalho com a SR e a SRR, que a última poderia melhorar os cruzamentos populacionais com menores alterações de forma efetivas, quando comparadas com as populações individuais.

As linhas elites avaliadas pelo projeto são oriundas de diferentes ciclos de SRR do programa de melhoramento genético de milho, portanto espera-se que os resultados dos híbridos provenientes dos cruzamentos dialélicos do ciclo 3 sejam intermediários aos do ciclo 6 e aos do ciclo 0, bem como que seja possível estimar os ganhos por ciclo.

2.5 Cruzamentos dialélicos

Os trabalhos de Valério (2009) e Baldissera (2012) deixam clara a relevância da análise genética dos caracteres de interesse, pois ela possibilita o conhecimento das relações genéticas das linhagens envolvidas nos cruzamentos. Assim, os cruzamentos dialélicos são usados para efetuar a predição das melhores combinações entre os genitores e as populações segregantes e obter progênies com constituição gênica de ambos os genitores. O conceito de cruzamento dialélico como recombinação da variabilidade genética em um programa, pela combinação entre todos os genitores, em que, com n genitores, é possível obter n^2 combinações, foi citado por Spregue e Tatum (1942), Hayman (1954), Garden e Eberhart (1966) e Griffing (1956).

Esses autores desenvolveram metodologias baseadas nos conceitos de capacidade geral de combinação (CGC) e de capacidade específica de combinação (CEC), desenvolvidos por Spregue e Tatum (1942). Cada método possui suas particularidades.

O estudo de Gardner e Eberhart (1966) consiste em incluir no mínimo p populações, em que os genitores estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg e os $p(p-1)/2$ híbridos F1's. A partir dessa metodologia, geram-se informações detalhadas sobre o potencial *per se* dos genitores e da heterose em seus híbridos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Entretanto, a metodologia mais popular é a de Griffing (1956), a qual possui quatro possibilidades de execução:

- a) são inclusas todas as p^2 combinações, ou seja, pais, F1's e recíprocos;
- b) são inclusas todas as combinações com exceção dos recíprocos;
- c) são inclusas todas as combinações com exceção dos genitores;
- d) são inclusas apenas as gerações F1's.

Algumas dessas possibilidades possuem cruzamentos dialélicos completos, e, em casos de grande número de genitores, são inviáveis no que diz respeito aos fatores econômicos e de viabilidade mecânica, pois o número de genitores envolvidos e o número de combinações híbridas a serem avaliadas se torna relativamente grande (VIEGA et al., 2000; CARVALHO et al., 2004).

Visando a evitar esses empecilhos, emprega-se o cruzamento dialélico parcial, o qual se assemelha a um delineamento genético fatorial que propicia o cruzamento entre grupos, não dentro de grupos. Todavia, as constituições genéticas devem ser contrastantes, e alocadas em grupos heteróticos com características dentro do grupo incomum e divergentes entre os grupos heteróticos, pois, ao mesmo tempo, exploram efeitos da heterose e da capacidade de combinação (MIRANDA; GORGULHO, 2001; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Nesse sentido, para a cultura do milho, cruzamentos dialélicos são eficientes e as informações relativas à capacidade de combinações geradas nos cruzamentos são ferramentas úteis para a tomada de decisão tanto na classificação de grupos heteróticos, quanto na escolha de genitores e de combinações híbridas.

A capacidade combinatória é atribuída à variação causada pelo efeito do cruzamento e pode ser estimada pela capacidade geral de combinação e pela capacidade específica de combinação, CGC e CEC, respectivamente.

A primeira é o resultado do desempenho médio dos genitores e de seu desvio em relação à média geral, e diz respeito à relação de genes de efeito aditivo no controle do caráter. Sua estimativa é associada à função de diferenças nas frequências alélicas de um grupo heterótico e ao efeito médio de uma substituição alélica no outro grupo heterótico (BERNARDO, 1992; HALLAUER; MIRANDA, 1988; VENCOVSKY, 1987).

O segundo caracteriza-se como o desvio do cruzamento em relação ao esperado pelos seus genitores, a CGC. Ou seja, é baseado nos efeitos genéticos não aditivos de dominância, sobredominância e epistasia. Estimativas negativas de CEC ocorrem quando as linhagens cruzadas são semelhantes ou de pouca divergência genética (CRUZ et al., 2012). Hassan (2019) fez uso de cruzamentos dialélicos entre 6 linhagens para obter todos os cruzamentos

possíveis e teve sucesso em selecionar 3 melhores linhagens com melhor capacidade combinatória geral. O trabalho destacou, também, uma combinação baseada na CEC. Pinto (2007), em seu trabalho com linhagens de milho pipoca, utilizou o método de Griffing (1956), baseado no desempenho dos híbridos F1 para selecionar parentais com melhor CGC e híbridos com melhor CEC de maneira eficiente. Garbuglio (2006) obteve resultados semelhantes durante a seleção de pais superiores e híbridos com caracteres em destaque, utilizando o método proposto por Miranda Filho e Geraldi (1984), a partir da seleção de 4 populações promissoras à obtenção de linhagens parentais.

2.6 Progresso genético na cultura do milho

Programas de melhoramento genético devem, periodicamente, realizar a estimativa do progresso genético entre os ciclos seletivos dos programas de seleção recorrente. Essa deve ser realizada para auxiliar o melhorista na tomada de decisões e na condução dos ciclos seguintes, de modo a investigar alternativas para aumentar a eficiência do programa (RAMALHO et al., 2012).

Para isso, a definição do progresso genético é dada a partir do contato com as alterações observadas em relação ao desempenho dos genótipos avaliados entre os ciclos de seleção recorrente, para os caracteres de interesse (REIS et al., 2009).

Através da comparação entre amostras de populações de diferentes ciclos, é possível estimar o ganho com a seleção recorrente em plantas alógamas, como o milho. Essa estimativa só é possível pois, em cada fase de recombinação, a população volta ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, logo suas frequências alélicas e genéticas permanecem constantes e uma amostra de cada ciclo pode representar bem a população (RAMALHO et al., 2012).

Relatos presentes na literatura brasileira e mundial sobre o progresso genético na cultura do milho são relativamente abundantes. Destaca-se, por sua complexidade, o trabalho de Duvick (2005), que reúne resultados de ganho genético para a cultura do milho obtidas em diversos países. O trabalho relata os seguintes ganhos: 169 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (União Europeia); 109 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (EUA); 103 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (China); 69 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (Canadá); 61 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (Mundo); 48 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (América do Sul); 42 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (Oeste Europeu); 20 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (Sul da Ásia); e 8 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (Sudeste da África). O período considerado é de 1961 a 2002.

No Brasil, trabalhos como o de Vencovsky et al. (1986), pioneiro nesse cenário, em que se estimou o ganho genético nacional entre 1964 e 1984, atesta-se que a variação foi de

72 a 109 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ para o peso de espigas. A partir do citado trabalho, outras discussões relativas a esse mesmo tema foram se popularizando entre os brasileiros.

Miranda et al. (1977), em um estudo com oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, obtiveram um progresso genético para produção de grãos de 1,9% por ciclo. Linares (1987), em sua tese sobre a seleção recorrente recíproca em milho pipoca, obteve um ganho genético de 4,47% por ciclo e confirmou a eficiência desse método para a estimativa de ganho genético e para a seleção de genótipos superiores. Reis (2009) alcançou ganhos de 7,9% por ciclo para o caráter peso de espiga despalhada em seu trabalho baseado na seleção recorrente recíproca para híbridos de milho. Em contrapartida, Médice (2018) obteve resultados negativos de progresso genético. Na região experimental Centro do Brasil, o progresso genético verificado por seu estudo entre 2004 e 2013 foi de -0,39%, com produtividade média de 6.616 kg.ha⁻¹. Tais resultados são reflexos das estratégias de melhoramento, já que, entre 2004 e 2008, ocorreu queda nos ganhos anuais, justificadas pelo autor como decorrência de alguma alteração no foco de seleção, o que, em um primeiro momento, pode incorrer em perda inicial dos ganhos, mas, ao longo dos anos, o progresso tende a ser positivo, como reflexo de um bom gerenciamento do programa. Isso foi evidenciado no trabalho, dado que, após o ano de 2008, houve uma inversão na tendência dos resultados, sendo observada variação positiva de 0,605% ao ano entre 2008 e 2013. Outras literaturas exploram o ganho genético para outros tipos de características, as quais de forma indireta influenciam no aumento da produtividade. Paterniani (2019), destacou o uso de estratégias de melhoramento como a seleção recorrente e acúmulo de alelos favoráveis para aumentar a resistência a seca e indiretamente aumentar os ganhos de produtividade.

3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras, em Lavras-MG, mais especificamente a 951 metros de altitude, a 21°12' latitude sul e a 45°59' longitude oeste, na área experimental do Departamento de Biologia (DBI) dessa instituição.

Um total de três ciclos de seleção recorrente do programa de melhoramento genético de milho da UFLA foram avaliados. Para isso, foram selecionadas as melhores progênies S_{2,3}, de dois grupos heteróticos. As quais são provenientes de três ciclos da SRR, ciclo 0, 3 e 6, descritos mais precisamente em Cardoso, 2018.

A área de plantio foi dessecada com herbicida glifosato, cerca de 10 dias antes da semeadura e a abertura de sulcos foi realizada mecanicamente. A adubação de plantio foi composta por 350 kg.ha⁻¹ do formulado comercial 8(N): 28(P₂O₅): 16(K₂O). Cada progênie S_{2,3} foi semeada em uma linha de 2 m, sendo seis sementes por metro linear, e o espaçamento adotado entre linhas foi de 0,6 m e, entre plantas, de 0,25 m. Houve áreas separadas para cada ciclo de seleção recorrente. Ao atingir o estágio V4, as plantas receberam adubação de cobertura 450 kg.ha⁻¹ do fertilizante 30(N): 00(P₂O₅): 20(K₂O). As espigas foram protegidas e cada uma delas recebeu pólen de outra planta de outro grupo heterótico, e vice-versa, ou seja, promoveram-se cruzamentos dialélicos dentro do mesmo ciclo. O mesmo procedimento foi realizado para cada ciclo (TABELA 1). Os tratos culturais fizeram-se de acordo com a necessidade da cultura. Os híbridos resultantes dos cruzamentos foram colhidos e preparados adequadamente para a próxima safra.

Tabela 1 – Esquematização dos cruzamentos dialélicos realizados.

(Continua)

POP A \ POP B	Ciclo 0						
	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'
1	1x1'	1x2'	1x3'	1x4'	1x5'	1x6'	1x7'
2	2x1'	2x2'	2x3'	2x4'	2x5'	2x6'	2x7'
3	3x1'	3x2'	3x3'	3x4'	3x5'	3x6'	3x7'
4	4x1'	4x2'	4x3'	4x4'	4x5'	4x6'	4x7'
5	5x1'	5x2'	5x3'	5x4'	5x5'	5x6'	5x7'
6	6x1'	6x2'	6x3'	6x4'	6x5'	6x6'	6x7'

Tabela 1 – Esquematização dos cruzamentos dialélicos realizados.

(Conclusão)

		Ciclo 3						
POP A \ POP B	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	
1	1x1'	1x2'	1x3'	1x4'	1x5'	1x6'	1x7'	
2	2x1'	2x2'	2x3'	2x4'	2x5'	2x6'	2x7'	
3	3x1'	3x2'	3x3'	3x4'	3x5'	3x6'	3x7'	
4	4x1'	4x2'	4x3'	4x4'	4x5'	4x6'	4x7'	
5	5x1'	5x2'	5x3'	5x4'	5x5'	5x6'	5x7'	
6	6x1'	6x2'	6x3'	6x4'	6x5'	6x6'	6x7'	

		Ciclo 6				
POP A \ POP B	1'	2'	3'	4'	5'	
1	1x1'	1x2'	1x3'	1x4'	1x5'	
2	2x1'	2x2'	2x3'	2x4'	2x5'	
3	3x1'	3x2'	3x3'	3x4'	3x5'	
4	4x1'	4x2'	4x3'	4x4'	4x5'	
5	5x1'	5x2'	5x3'	5x4'	5x5'	

Fonte: Da autora (2020).

As operações para os híbridos foram realizadas em duas safras, a safra 2018/2019 e a safrinha 2019. O primeiro plantio foi realizado no dia 24 de novembro de 2018 e o segundo foi realizado no dia 10 de fevereiro de 2019. A área de plantio foi dessecada com herbicida glifosato, cerca de 10 dias antes da semeadura e a abertura de sulcos foi realizada mecanicamente. A adubação de plantio foi composta por 350 kg.ha⁻¹ do formulado comercial 8(N): 28(P₂O₅): 16(K₂O). O delineamento experimental ocorreu em blocos casualizados, consoante se apresenta na Tabela 2. Também foram utilizados dois genótipos comerciais como testemunhas, um híbrido simples e um híbrido triplo, 30F53VYH e 2B688PW respectivamente, com o objetivo de comparar o desempenho dos híbridos obtidos pelo cruzamento dialélico ao dos híbridos comerciais usados. Cada parcela foi composta de duas linhas com 2 m de comprimento. O espaçamento adotado entre linhas foi de 0,6 m e, entre plantas, de 0,25 m. Durante a semeadura, foram distribuídas seis sementes por metro linear de sulco. Ao atingirem o estágio V4, as plantas receberam adubação de cobertura composta por 450 kg.ha⁻¹ do fertilizante 30(N): 00(P₂O₅): 20(K₂O). Os tratos culturais foram realizados de acordo com a necessidade da cultura. Ao final da safra, os híbridos foram avaliados em conformidade com os caracteres posteriormente descritos.

Tabela 2 – Esquema de plantio delineado em blocos casualizados.

Rep 1								
C0	C3	C6	C0	C3	C6	C0	C3	C6
Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela
1	10	19	28	37	46	55	64	73
2	11	20	29	38	47	56	T1	74
3	12	21	30	T2	48	57	66	75
4	13	22	31	40	T1	58	67	76
5	14	23	T1	41	50	T2	68	77
6	15	24	33	42	51	60	69	78
7	16	25	34	43	52	61	70	79
8	17	T2	35	44	53	62	71	80
9	18	27	36	45	54	63	72	81

Rep 2								
C0	C3	C6	C0	C3	C6	C0	C3	C6
Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela	Parcela
T1	91	100	109	118	127	136	145	154
83	T1	101	110	119	128	137	146	155
84	93	102	111	120	129	138	147	156
85	94	103	112	121	130	139	148	157
86	95	104	113	122	131	140	149	158
87	96	105	114	123	132	141	150	159
88	97	106	T2	124	133	142	T2	160
89	98	107	116	125	134	143	152	T1
90	99	108	117	126	T2	144	153	162

Fonte: Da autora (2020).

Os caracteres agronômicos avaliados em ambas as safras foram adaptados do trabalho de Alves (2006), a saber:

- produtividade de grãos (PROD): peso de grãos da parcela, obtido em kg.parcela, corrigido pelo teor de umidade de 13% e extrapolado para $t.ha^{-1}$, utilizando área útil da parcela de 2,4 m^2 ;
- peso de espigas despalhadas (PED): peso médio de todas as espigas despalhadas colhidas por parcela, em kg, corrigido pelo teor de umidade de 13% e extrapolado para $t.ha^{-1}$, utilizando área útil da parcela de 2,4 m^2 ;
- peso de sabugo (PS): peso médio, em g, do sabugo debulhado de quatro espigas representativas por parcela;

- d) comprimento de espiga (CE): Comprimento médio, em cm, de quatro espigas representativas de cada parcela;
- e) diâmetro de espiga (DE): diâmetro médio, em cm, de quatro espigas representativas de cada parcela;
- f) diâmetro de sabugo (DS): diâmetro médio, em cm, de quatro espigas representativas por parcela;
- g) número de fileiras (NFIL): número médio de fileiras em quatro espigas representativas por parcela;
- h) número de grãos por fileira (NGF): número médio de grãos por fileira em quatro espigas representativas de cada parcela;
- i) peso de 100 grãos (P100): peso, em g, de 100 grãos contados após a debulha das espigas da amostra por parcela, a 13% de umidade.

Os dados dos caracteres foram verificados em relação ao atendimento das pressuposições da análise de variância, para a normalidade dos erros e a homogeneidade das variâncias. Posteriormente, eles foram submetidos à análise de variância conjunta em relação as safras, a 5% de significância, de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ik} = \mu + p_i + r_k + e_{ik} \quad (1)$$

Compõem esse modelo os seguintes elementos:

- a) Y_{ik} : observação da parcela que recebeu a progênie i dentro da repetição k ;
- b) μ : constante associada a todas as observações;
- c) p_i : efeito fixo das progênies i ;
- d) r_k : efeito fixo da repetição k ;
- e) e_{ik} : erro experimental $e_{ik} \cap N(0, \sigma^2)$.

A análise de variância teve como objetivo demonstrar se houve variabilidade entre as médias dos tratamentos, ou seja, verificar se existe a possibilidade de se estabelecer uma comparação entre os valores apresentados pelos híbridos independentemente de seu ciclo de seleção recorrente. Também foram realizadas análises por safra de maneira isolada, sem distinção por ciclos, mediante o seguinte modelo:

$$Y_{ik} = \mu + p_i + r_k + e_{ik} \quad (2)$$

Nesse modelo, figuram os seguintes elementos:

- a) Y_{ik} : observação da parcela que recebeu a progênie i dentro da repetição k ;
- b) μ : constante associada a todas as observações;
- c) p_i : efeito fixo das progênies i ;
- d) r_k : efeito fixo da repetição k ;
- e) e_{ik} : erro experimental $e_{ik} \cap N(0, \sigma^2)$.

A análise dialélica foi realizada por intermédio do modelo dialélico IV, proposto por Griffing (1956), e adaptado para dialelos parciais (CRUZ et al., 2012), de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{e}_{ij} \quad (3)$$

Nesse modelo, constam os seguintes elementos:

- a) Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida entre o i -ésimo genitor do grupo A e do j -ésimo genitor do grupo B;
- b) m : média geral das combinações híbridas;
- c) g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo genitor do grupo variedades genitoras do grupo A.
- d) g_j : efeito da capacidade geral de combinação do j -ésimo genitor do grupo variedades genitoras do grupo B;
- e) s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação entre genitores de ordem i e j dos grupos A e B, respectivamente;
- f) \bar{e}_{ij} : erro experimental médio.

As estimativas de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) e de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) foram calculadas pelas expressões:

$$\hat{g}_i = Y_i - m$$

$$\hat{g}_j = Y_j - m$$

$$s_{ij} = Y_{ij} - (m + \hat{g}_i + \hat{g}_j) \quad (4)$$

Nessas expressões, Y_i é a média geral das combinações híbridas com o i -ésimo genitor, e Y_j é a média geral das combinações híbridas com o j -ésimo genitor.

A análise dialélica foi efetuada em cada ciclo apenas para os dados referentes à safra. As médias de produtividade de cada ciclo configuraram-se como características para se realizar uma estimativa, em uma regressão linear simples, de modo a calcular o progresso genético. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software R e, para a análise dialélica, utilizou-se o software Genes na versão 6.1 (CRUZ, 2013), com fulcro no modelo estatístico de dialélicos exposto por Cruz et al. (2012), que se ancora no método IV desenvolvido por Griffing (1956).

A fim de se estimar o progresso genético, o método assumido foi verificar a diferença entre as médias dos híbridos resultantes dos cruzamentos dos ciclos 0 e 6 e dividi-la por 6 (número de ciclos seletivos completados), o que permitiu estimar o progresso genético, considerando todos os dados das avaliações para esses dois ciclos. O valor obtido foi dividido pela média dos híbridos do ciclo 0.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de variância conjunta safra x safrinha

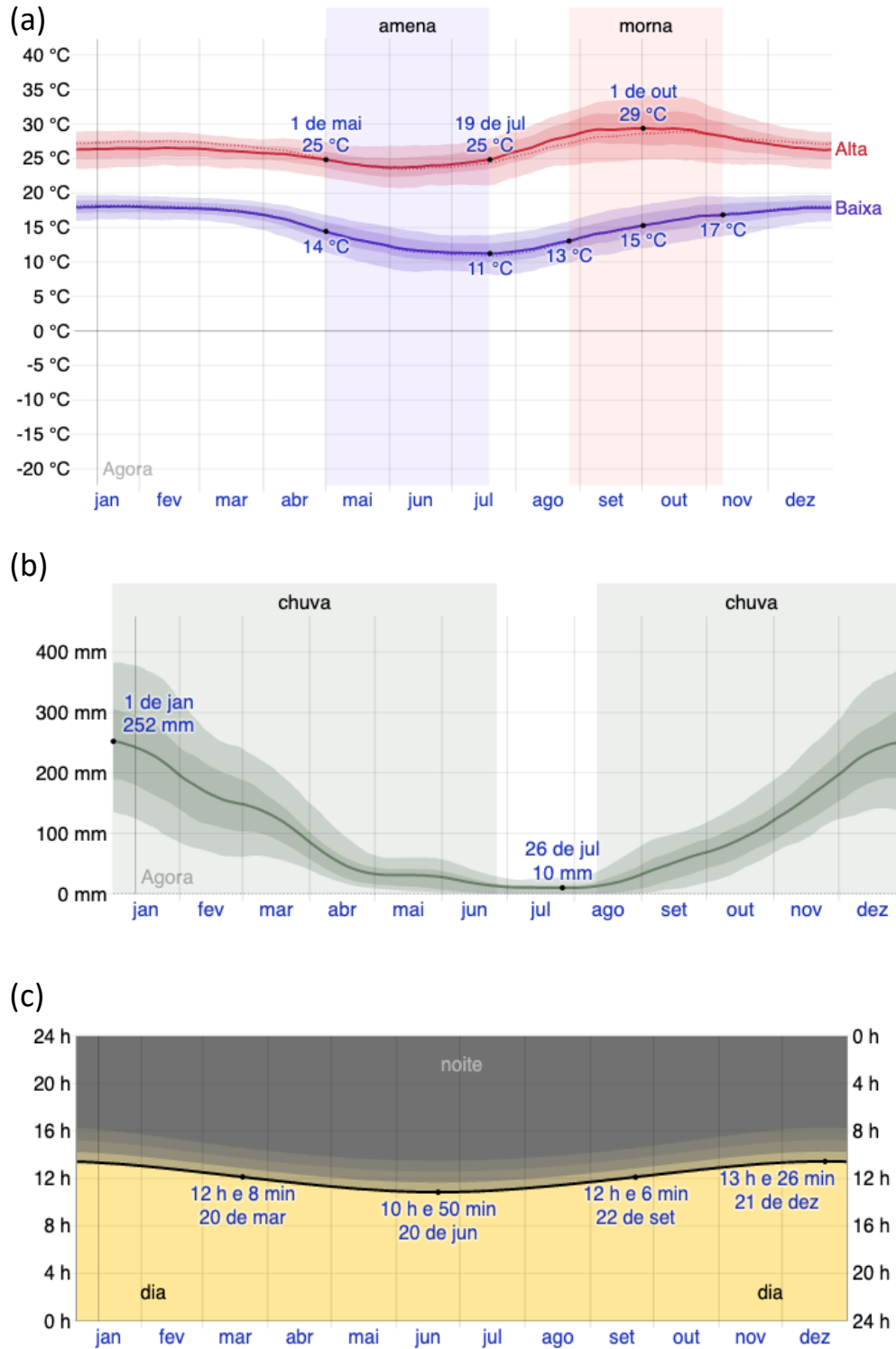
A análise de variância conjunta foi realizada para cada caractere, sem se considerar a distinção do ciclo como fator, conforme é possível observar no disposto pela Tabela 3. Relativamente aos caracteres PROD, PED, DE e DS, houve diferenças consideráveis a no mínimo 5% de significância no teste F para tipo de safra, de híbrido e a interação H x Safra. É possível afirmar que os híbridos não têm comportamentos coincidentes nas duas safras e ocorre interação genótipo x safra, ou seja, foram notadas diferenças quanto ao desempenho dos genótipos em cada safra.

Uma possível explicação para isso é a diferença entre as condições climáticas que incidiram sobre cada situação. Segundo Caron et al. (2017), há uma íntima correlação entre o grau de produtividade, os elementos meteorológicos e a data de semeadura. Em seu trabalho, o autor aproximou dados referentes a valores médios mensais de radiação solar global, de soma térmica acumulada, de temperatura do ar e de precipitação pluvial acumulada com dados produtivos obtidos de dois híbridos comerciais em diferentes épocas de semeadura, de modo que foram reunidos dados capazes de demonstrar que os híbridos obtiveram produções maximizadas quando correlacionados a condições meteorológicas favoráveis à safra.

A partir do raciocínio de Caron et al. (2017), nota-se, com base no conteúdo apresentado pela Figura 3, que os dados meteorológicos referentes à safra (INMET, 2019) foram mais propícios à alta produtividade. Em contrapartida, no período de safrinha, o subperíodo emergência-pendoamento coincide com os meses em que se observa alto grau de radiação solar e incidência de temperaturas elevadas, o que acelera o crescimento e a respiração da planta, reduz a duração do ciclo e torna a planta mais suscetível aos estresses.

Além disso, a safrinha também coincide com o período mais crítico de desenvolvimento dessa planta, em que ocorre desde a floração até o enchimento dos grãos, em uma época dotada de menores índices pluviométricos, menores temperaturas e possibilidade da ocorrência de geadas. Esses fatores diminuem o potencial de rendimento de grãos, o que diminui a produtividade (BRUNINI et al., 2006).

Figura 3 – Dados meteorológicos referentes ao período de safra. (a) Temperatura máxima (linha vermelha) e mínima (linha azul) médias; (b) Precipitação média acumulada durante mensalmente (linha contínua); (c) número de horas em que o sol é visível (linha preta).



Fonte: INMET (2019).

Pode-se inferir, logo, que as condições de safrinha diminuem drasticamente a produtividade, quando comparadas às características apresentadas pelas condições de safra. Isso pode ser observado a partir da consideração da média de produtividade para o período de safra – de 10035,35 kg.ha⁻¹ – enquanto, por outro lado, a safrinha apresentou produtividade média de 4884,74 kg.ha⁻¹, um índice menor em 48%.

Por isso, deduz-se que há mudança de comportamento dos genótipos em virtude da época de plantio, o que frustra a possibilidade de analisar os híbridos conjuntamente. Isso ensejou a consideração de análises individuais para cada época como fundamentação para a interpretação dos dados, em observação das contribuições de Cantanhêde (2009), que, em um trabalho de avaliação de desempenho de híbridos de mamona na safra e na safrinha, decidiu por avaliar cada safra individualmente como maneira de lidar com a interação genótipo-ambiente.

Os híbridos para os caracteres P100 e PS não apresentaram diferenças significativas quando considerados na interação Híbridos x Safra, ou seja, não houve, para eles, interações do tipo genótipo x safra. Assim, esses híbridos demonstraram comportamento coincidente em ambas as épocas. Mas há, ao mesmo tempo, diferenças significativas observadas entre as duas safras e entre os híbridos. No que tange aos demais caracteres, CE, NGF e NFIL, não foram notadas diferenças significativas em nenhum fator de variação, o que demonstra que esses híbridos para esses caracteres são pouco influenciados pela oposição entre safras, em conformidade com o que esclarece a Tabela 3, a seguir.

Tabela 3 – Quadrados médios da análise de variância conjunta entre as duas épocas de plantio, relativamente aos caracteres produtividade (PROD), peso de espiga despilhada (PED), peso de 100 grãos (P100), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGF) e peso de sabugo (PS).

FV	GL	QM								
		PROD	P100	PED	CE	DE	DS	NF	NGF	PS
Safra	1	2148826822*	3364.0*	2573583630*	3452.1	112484*	44175*	0.46316	1.6	318.48*
Safra:Rep.	2	624130	7.2	2371633	6263.5	0.0634	0	0.163	1182.2	163.74
Híbrido	76	9778874*	20.7	12502382*	6380.5	0.1358ns	8*	171941	1880.5	29.72
Safra:Híbrido	76	8429538*	25.1	10994345*	6372.8	0.1524*	9*	292414*	1851	32.15*
Resíduo	168	4428860	24.7	5761068	5758.9	0.1113	6	215.8	1701.3	33.61
CV%		28.21	27.31	18.56	393.12	7.38	17.24	9.72	120.09	24.01

* - valores significativos, pelo teste F (P<0,05).

Fonte: da autora (2020).

4.2 Análises de variâncias individuais por safra

Os dados obtidos durante a safrinha, conforme se observa a partir do exposto pela Tabela 4, para nenhum dos caracteres, apresentaram resultados com diferenças significativas. Isso mostra que, nessas condições ambientais, não há destaques entre os híbridos. Convém reiterar que as condições climáticas incidentes sobre a safrinha são distintas daquelas que ocorrem durante o período de safra, como dispõe a Figura 3.

Tabela 4 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio em situação de safrinha, referentes aos caracteres produtividade (PROD), peso de espiga despalhada (PED), peso de 100 grãos (P100), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), número de fileiras (NFIL), número de grãos por fileira (NGF) e peso de sabugo (PS).

FV	GL	QM								
		PROD	P100	PED	CE	DE	DS	NFIL	NGF	PS
Repetição	1	109504	0.0988	58406	12526	0.0017	0.0096	0.139	2209.3	7347
Híbrido	76	4076070	264561	5625644	12750	0.104	0.0298	197130	3717.8	25875
Resíduo	84	2972314	229195	4251723	11515	0.147	0.0398	249407	3393.9	32711

* - valores significativos pelo teste F ($P < 0,05$).

Em retomada de discussão já empreendida, sabe-se que a ocorrência de situações climáticas denominadas *veranicos*, quando em coincidência com períodos críticos da cultura, resultam em redução do ciclo, menor acúmulo de nutrientes e perda da produtividade (BERMASCHI; MATZENAUER, 2014).

Durante o período da safrinha, a ocorrência de variações de temperatura e de veranicos são bastante comuns e, portanto, percebe-se uma perda generalizada entre os híbridos, posto que as linhagens selecionadas durante o programa de seleção recorrente não foram submetidas à seleção para essas condições. Desse modo, seu desempenho é prejudicado pela interação do genótipo com o ambiente.

Conclui-se, assim, que os genótipos a serem selecionados e testados nessas condições devem ser oriundos de um programa específico para essa finalidade, conforme se observa na prática realizada por diversas empresas privadas, as quais, em observância da interação genótipo x ambiente, dividem seus programas de melhoramento em zoneamentos geográficos.

Destaca-se, nesse âmbito de discussão, o trabalho de Paterniani (2019), que promove debate acerca da importância do desenvolvimento de um programa específico e inovador de melhoramento, fazendo uso de germoplasma tropical dotado de variabilidade à tolerância à seca. Ainda que ocorram perdas na produtividade em um primeiro momento, a autora espera

que sejam atestados maiores ganhos nos próximos ciclos, demonstrando que, a depender da estratégia de melhoramento adotada, parentais e germoplasmas distintos devem ser utilizados para obter ganhos específicos ao objetivo do programa.

No decorrer dos anos, os parentais usados pelo programa de melhoramento genético da UFLA eram selecionados para condições de safra. Logo, urge que sejam explorados novos parentais e grupos heteróticos vinculados aos aspectos próprios da safrinha.

Neste momento, portanto, dedicar-se-á ao contato com os dados referentes à safra. A análise de variância foi considerável, a pelo menos 5% de significância pelo teste F, para os seguintes caracteres: PROD, PED, DE, NF, NGF e OS. Tal comportamento é ilustrado pela Tabela 5, disposta abaixo.

Tabela 5 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio em situação de safra, referentes aos caracteres produtividade (PROD), peso de espiga despalhada (PED), peso de 100 grãos (P100), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGFIL) e peso de sabugo (PS).

GL	PROD									
	PROD	P100	PED	CE	DE	DS	NF	NGF	PS	
Repetição	1	1138755	4684860	0.0988	11125	0.125028	0.0116	0.18673	155076	320.13
Híbrido	76	14132342*	17871083*	264561	27397	0.183874*	170251	267224*	13676*	36.00*
Resíduo	84	5885406	7270413	229195	27473	0.075424	123584	182.193	8713	34.52
CV %		24,17	23,23	14,26	10,33	5,83	13,45	8,91	8,57	23,37

* - valores significativos, pelo teste F ($P < 0,05$).

Fonte: da autora (2020).

Elevada precisão experimental proporciona maiores acurácias (DA COSTA et al., 2000). Altas acurácias ($0,70 < r_{gg} < 0,90$) foram obtidas para os caracteres PROD, PED e DE; moderadas ($0,50 < r_{gg} < 0,65$) foram observadas em DS, NFIL e NGF; baixas ($0,10 < r_{gg} < 0,40$), em P100, PS e CE, conforme pontuam Resende e Duarte (2007). Outra métrica para delimitar a qualidade experimental são os coeficientes de variação, que, neste caso, refletiram um bom controle das condições experimentais de acordo com Pimentel Gomes (2000), vez que se encontraram situados entre 5,833 e 24,174%.

Esses valores encontram-se próximos àqueles que se praticam em ensaios para a cultura do milho, porém inferiores aos relatados por Cunha et al. (2012) e Galvão et al. (2015), em virtude de se tratar de caracteres quantitativos, capazes de serem muito influenciados pelas condições ambientais.

A média geral apresentada pelos híbridos e pelas testemunhas, relativamente à característica produtividade de grãos (PROD), em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, foi de 10035,35 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, com amplitude de variação de 15737.245 kg/ha (híbrido 71) até 4246.295 (híbrido 5). Verificou-se, pelo teste Scott Knott (SCOTT; KNOTT, 1974), em conformidade com o que se observa na Tabela 6, a seguir, a existência de dois grupos entre os híbridos avaliados – as testemunhas ficaram agrupadas no mesmo grupo, A.

Tabela 6 – Valores médios para produtividade de grãos, peso de espiga despalhada, durante a safra em Lavras.

(Continua)

Produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$)				Peso espigas despalhadas ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$)			
Híbrido	Ciclo	Média	Grupo	Híbrido	Ciclo	Média	Grupo
71	C6	15737.25	a	34	C3	17897.00	a
34	C3	14977.7	a	71	C6	17737.00	a
65	C6	14708.09	a	54	C6	16736.00	a
54	C6	14647.02	a	65	C6	16736.00	a
66	C6	14511.07	a	66	C6	16135.00	a
62	C6	13843.84	a	62	C6	15775.50	a
77	T2	13512.05	a	15	C0	15335.00	a
4	C0	12956.5	a	77	T2	15241.33	a
64	C6	12951.94	a	4	C0	15134.50	a
15	C0	12835.46	a	53	C6	14894.00	a
53	C6	12832.83	a	64	C6	14854.50	a
49	C3	12489.72	a	60	C6	14614.00	a
60	C6	12477.23	a	49	C3	14573.50	a
61	C6	12446.73	a	59	C6	14453.50	a
59	C6	12427.88	a	61	C6	14213.50	a
25	C0	12098.44	a	12	C0	14133.50	a
58	C6	12053.42	a	58	C6	13813.50	a
68	C6	12020.87	a	68	C6	13773.00	a
76	T1	11955.72	a	51	C6	13733.50	a
12	C0	11792.97	a	25	C0	13653.00	a
51	C6	11783.74	a	76	T1	13613.17	a
3	C0	11711.15	a	3	C0	13172.50	a
42	C3	11508.67	a	42	C3	13092.50	a
7	C0	11457.26	a	70	C6	13092.50	a
70	C6	11303.79	a	29	C3	12812.50	a
29	C3	11198	a	10	C0	12812.00	a
13	C0	10923.12	a	7	C0	12772.50	a
41	C3	10896.28	a	47	C3	12652.00	a
10	C0	10774.26	a	17	C0	12532.00	a
47	C3	10753.09	a	13	C0	12331.50	a
2	C0	10706.57	a	2	C0	12292.00	a
26	C3	10475.52	a	26	C3	12252.00	a

Tabela 6 – Valores médios para produtividade de grãos, peso de espiga despalhada, durante a safra em Lavras.

(Continuação)

Produtividade de grãos (kg.ha ⁻¹)				Peso espigas despalhadas (kg.ha ⁻¹)			
Híbrido	Ciclo	Média	Grupo	Híbrido	Ciclo	Média	Grupo
6	C0	10457.28	a	41	C3	12251.50	a
46	C3	10335.53	a	6	C0	12011.50	a
38	C3	10112.53	a	20	C0	12011.50	a
16	C0	10065.48	a	46	C3	11891.50	a
17	C0	10017.5	a	38	C3	11771.00	a
32	C3	9945.325	a	32	C3	11731.00	a
37	C3	9882.38	a	37	C3	11371.00	b
55	C6	9847.15	a	55	C6	11371.00	b
48	C3	9846.765	a	31	C3	11291.00	b
31	C3	9814.375	a	16	C0	11251.00	b
20	C0	9777.83	a	48	C3	11210.50	b
11	C0	9671.99	a	11	C0	11010.50	b
67	C6	9385.775	b	33	C3	10770.50	b
33	C3	9302.13	b	67	C6	10530.00	b
23	C0	9177.195	b	23	C0	10370.00	b
24	C0	9086.045	b	22	C0	10330.00	b
22	C0	8700.26	b	39	C3	10249.50	b
9	C0	8610.975	b	24	C0	10209.50	b
39	C3	8497.59	b	14	C0	9969.50	b
69	C6	8456.745	b	69	C6	9849.50	b
14	C0	8303.525	b	9	C0	9769.00	b
40	C3	7951.3	b	74	C6	9208.50	b
1	C0	7777.34	b	40	C3	9088.50	b
75	C6	7714.92	b	45	C3	9088.50	b
19	C0	7673.315	b	75	C6	9048.50	b
56	C6	7589.1	b	1	C0	8929.00	b
74	C6	7585.815	b	19	C0	8928.50	b
28	C3	7554.815	b	56	C6	8888.50	b
45	C3	7551.34	b	28	C3	8848.50	b
44	C3	7420.975	b	44	C3	8688.50	b
30	C3	7400.995	b	30	C3	8408.50	b
50	C3	7223.115	b	50	C3	8408.00	b
72	C6	7145.74	b	8	C0	8328.00	b
8	C0	6971.48	b	35	C3	8208.00	b
57	C6	6862.22	b	72	C6	8168.00	b
21	C0	6861.28	b	57	C6	8128.00	b
35	C3	6838.88	b	21	C0	8048.00	b
43	C3	6782.87	b	18	C0	7847.50	b
18	C0	6601.22	b	43	C3	7767.50	b
63	C6	6421.9	b	27	C3	7727.50	b
27	C3	6328.765	b	36	C3	7647.50	b
36	C3	6320.685	b	63	C6	7327.00	b

Tabela 6 – Valores médios para produtividade de grãos, peso de espiga despalhada, durante a safra em Lavras.

(Conclusão)

Produtividade de grãos (kg.ha ⁻¹)				Peso espigas despalhadas (kg.ha ⁻¹)			
Híbrido	Ciclo	Média	Grupo	Híbrido	Ciclo	Média	Grupo
73	C6	6089.845	b	73	C6	6886.50	b
52	C6	4951	b	52	C6	5965.50	b
5	C0	4246.295	b	5	C0	4804.50	b

Fonte: da autora (2020).

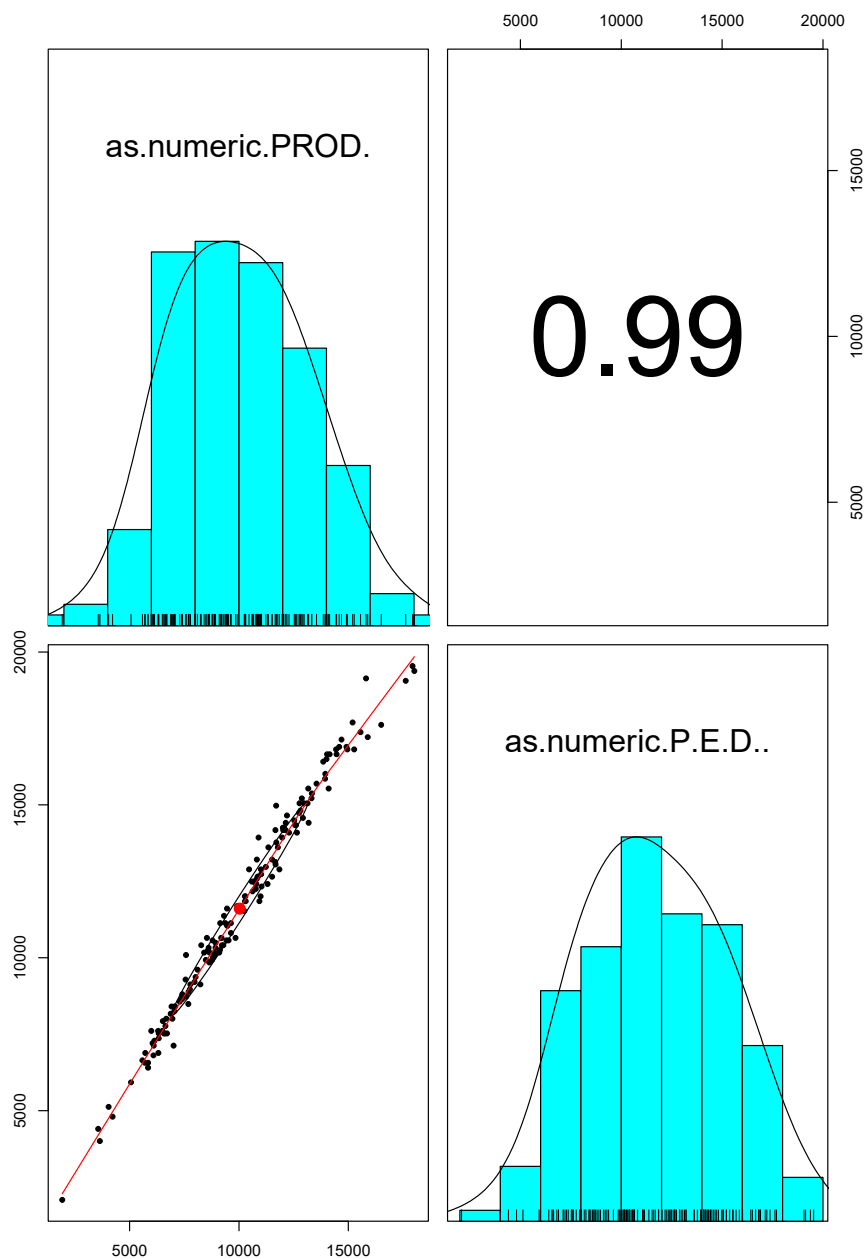
Pode-se, então, concluir que os híbridos superiores são tão produtivos quanto as testemunhas comerciais. Os resultados de produtividade são condizentes com o que afirma Junior (2019). Seu estudo obteve resultados de produtividade e de rendimento de grãos bem superiores à média nacional. O autor justifica que o rendimento médio nacional é baixo por mérito de levar em consideração todas as lavouras, independentemente do nível de tecnificação por elas apresentado.

Posto que os avanços tecnológicos na cadeia produtiva são acessados de modo desuniforme no país (Duarte e Kappes, 2015), em localidades onde vivem produtores mais tecnificados, beneficiados com melhores condições climáticas e aos quais se dirige farta assistência técnica, como se pode observar entre a maioria dos agricultores do estado de Santa Catarina, a média de produtividade aferida foi de 8580 kg.ha⁻¹ na safra 18/19, enquanto aqueles de perfil mais tradicional, localizados em regiões mais áridas e desprovidas de recursos para permitir o contato com avanços tecnológicos, como a maioria dos produtores do estado da Paraíba, apresentam média geral de produtividade de 480 kg.ha⁻¹ (CONAB, 2019). Portanto, a média geral nacional ou estadual não se apresenta como uma boa característica para comparações.

Para o caractere PED, a média geral dos híbridos e das testemunhas é de 11607.15671, em kg.ha⁻¹, com amplitude de variação contemplada entre 2082 kg.ha⁻¹ (híbrido 5) e 19138 kg.ha⁻¹ (híbrido 34). Diversos trabalhos fazem uso dessa característica como um meio de aferição do rendimento, pois ele demonstra alta correlação com a produtividade (REIS, 2009; ALVES, 2014; MATOS, 2018; GAMA et al., 2019). É possível constatar que, durante a realização de muitos ciclos de seleção recorrente no programa de melhoramento de milho da UFLA, essa característica foi utilizada para a seleção de materiais. O caractere peso de espigas despalhadas, PED, é mensurado diretamente no campo pesando os sacos de colheitas com as espigas de cada parcela. Essa estratégia gera ganhos por sua simplicidade, eficiência e praticidade, pois ao ser realizada no campo, não há possibilidade de perdas durante o

transporte, armazenagem e processamento dos grãos, além da economia de tempo, recursos e mão de obra que seriam gastos para esses processos. A Figura 4, a seguir, apresenta a alta correlação entre essas duas características, vez que $r = 0,992050$. Portanto, faz-se eminente neste trabalho constatar a possibilidade de utilizar PED para selecionar híbridos para maior produtividade com confiança, baseado na alta correlação entre esses caracteres e obter maiores ganhos na eficiência da coleta de dados para o programa.

Figura 4 – Distribuição normal das características PROD (3) e PED (2); coeficiente de correlação de Pearson (4); gráfico de correlação de Pearson (1).



Fonte: da autora (2020).

Relativamente ao diâmetro de espiga (DE), a média geral foi de 4,708 cm. Confere-se a tal atributo grande importância, visto que Nardino (2016), em um trabalho com 27 híbridos de milho, testado em diversos locais, obteve resultados em que se observa alta correlação entre o DE e rendimento dos grãos. Ainda segundo o referido trabalho, o DE apresentou efeitos significativos incidentes sobre as correlações fenotípicas e genéticas com todos os caracteres avaliados. Além disso, Munawar et al. (2013) obtiveram resultados dos quais se extrai a conclusão segundo a qual existe efeito direto positivo entre o diâmetro da espiga e o rendimento dos grãos, em um experimento em que foram utilizados sete híbridos de milho oriundos de diferentes países como Turquia, China e Paquistão. Essa alta correlação também foi encontrada para a altura da espiga, o número de fileiras por espiga, o número de grãos por fileira e o peso do sabugo.

Os caracteres número de fileiras por espiga (NF) e número de grãos por fileira (NGF) apresentaram médias de 15,15 e 34,41, respectivamente. Entretanto, há divergências na literatura sobre esse aspecto.

Khodarahmpour e Hamidi (2012), em um experimento iraniano voltado a selecionar os melhores híbridos, obtiveram valores que levaram à dedução de que a seleção para maior número de grãos por fileira, acompanhada de maior número de grãos por espiga, promove aumento no rendimento de grãos, ainda que é sabido que a ocorrência de maior número de fileiras ou número de grãos por fileiras, per se, não implica em maior rendimento de grãos.

Tal fato se opõe ao trabalho de Munawar et al. (2013), que atestou a existência de altas correlações entre esses caracteres per se e maior rendimento de grãos. Conclui-se que, apesar de possuírem relevante importância, esses caracteres não devem ser considerados como fator de seleção per se em programas de melhoramento de plantas.

Os caracteres diâmetro de sabugo (DS), peso de 100 grãos (P100) e comprimento de espiga (CE) não apresentaram diferenças significativas. Esse resultado pode ser explicado pela não correlação significativa entre o CE, o DS e o rendimento de grãos, observada por Nardino (2016). Em adição, um trabalho com dez gerações de seleção massal para CE, não foram observadas melhorias no rendimento dos grãos em virtude da seleção para espigas com maior comprimento (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Os autores justificam que a seleção para maior comprimento de espiga causa decréscimo na profundidade dos grãos, caráter altamente correlacionado com seu rendimento.

Olivoto (2018), em um experimento conduzido em três ambientes distintos e sete híbridos simples comerciais, constatou resultados não significativos para comprimento de espiga. Entretanto para diâmetro de sabugo e massa de mil grãos, o qual corresponde a peso

de 100 grãos, os resultados não foram significativos o que contrapõe aos resultados desse trabalho. O autor justifica que menores diâmetros de sabugo são desejáveis por apresentarem maior capacidade de perda de água pelos grãos durante a maturação, o que pode beneficiar o sistema produtivo já que estes passam menos tempo no campo, estão menos propensos a ocorrência de pragas e doenças.

4.3 Análises dialélicas

Tabela 7 – Quadrados médios da análise dialélica das médias de produtividade para o milho na safra 18/19.

FV	QM		
	C0	C3	C6
Cruzamentos	43513139,24 *	47661239,35 *	20081784,52 *
C.G.C I	151815082,5 *	21293733,29 *	14120644,7 *
C.G.C II	43306321,33 *	59555644,46 *	23054208,37 *
C.E.C. IxII	21991455,07 *	49676942,67 *	20828963,51 *
Resíduo	4942012	5337295	4976330
Média Geral	6956,260501	5509,745746	10631,83464

(ns) - Não significativo. * Significativo, a 5% de probabilidade pelo F ($P < 0,05$). CGC, capacidade geral de combinação; CEC, capacidade específica de combinação.

Fonte: da autora (2020).

A análise dialélica, disposta pela Tabela 7, apresentou valores de quadrados médios para a capacidade geral (CGC) e para a capacidade específica (CEC) de combinação significativos em todos os ciclos. Essa significância evidencia que a ação dos efeitos aditivos e não aditivos geram variabilidade na produtividade.

Em relação à capacidade geral de combinação, a significância está associada ao fato de que, pelo menos uma linhagem em cada conjunto de parentais difere das demais no que diz respeito à concentração de alelos favoráveis à produtividade, seja qual for o tipo de dominância desses alelos de maneira aditiva (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Na Tabela 8, a seguir, mostram-se as estimativas para a CGC (\hat{g}_i) referentes aos genitores do grupo A e B em todos os ciclos. Note-se que, para o genitor A, no ciclo 0 os genitores 2, 3 e 5 expressam estimativas positivas, no ciclo 3 os genitores em destaque são 1, 2 e 4, e, finalmente, no ciclo 6 os melhores genitores são 1, 3 e 4. Logo, esses são os genitores mais promissores, o que permite seu emprego em cruzamentos com outros grupos heteróticos, já que esse resultado está diretamente associado a uma maior probabilidade para acúmulo de alelos aditivos favoráveis à maior produtividade (CRUZ et al., 2012).

Tabela 8 – Estimativa da capacidade geral de combinação para produtividade resultante dos cruzamentos dos grupos heteróticos A e B, referente a todos os ciclos de seleção recorrente estudados neste trabalho.

Ciclo 0		Ciclo 3		Ciclo 6	
Genitores A	\hat{g}_i	Genitores A	\hat{g}_i	Genitores A	\hat{g}_i
1	-3015,4158	1	2042,38301	1	180,512802
2	1793,66209	2	52,214955	2	-349,86689
3	3631,49914	3	-315,61481	3	1442,66373
4	-4536,8278	4	626,032557	4	503,811934
5	2127,08233	5	-1048,7707	5	-1777,1216
		6	-1356,245		
DP(Gi):	573,992567	DP(Gi):	563,645395	DP(Gi):	630,956734
DP(Gi-Gi')	907,561935	DP(Gi-Gi')	873,195691	DP(Gi-Gi')	997,630192
Genitores B	\hat{g}_i	Genitores B	\hat{g}_i	Genitores B	\hat{g}_i
1'	-2855,3599	1	-1084,4599	1	1781,74118
2'	842,661622	2	2997,96548	2	-2194,1202
3'	-63,498791	3	1917,57087	3	-748,06315
4'	-1948,6947	4	1144,80133	4	582,044004
5'	2679,03492	5	-1311,9706	5	578,398186
6'	1345,85684	6	-3591,6338		
		7	-72,273328		
DP(Gj)	641,743199	DP(Gj)	617,442594	DP(Gj)	630,956734
DP(Gj-Gj')	994,184289	DP(Gj-Gj')	943,159142	DP(Gj-Gj')	997,630192

Fonte: da autora (2020).

Em sequência, relativamente ao grupo B, no ciclo 0 destacam-se os genitores 2, 5 e 6, no ciclo 3 são importantes os parentais 2, 3 e 4, e, no ciclo 6, os genitores 1, 4 e 5. Meirelles et al. (2016), Baldissera et al. (2012) e Pfann et al. (2009) também verificaram a existência de efeitos significativos da CGC na produção de grãos, reforçando que, entre o conjunto de genitores, ocorre diferenças na frequência de alelos favoráveis, existindo, dessa forma, genitores mais promissores no interior do conjunto do dialelo.

No que tange à CEC, conforme o disposto na Tabela 9, sua significância indica que a presença dos efeitos não-aditivos influencia a produtividade. Além disso, as combinações de maiores estimativas de \hat{s}_{ij} informam quais são as melhores combinações capazes de gerar híbridos com maior heterose (SALEEM; MIRZA; HAQ, 2010). Durante o ciclo 0, as melhores combinações foram 5x3' (híbrido 25), 2x3' (híbrido 7) e 5x4' (híbrido 20). No decorrer do ciclo 3, as melhores combinações em destaque foram 2x1' (híbrido 49), 1x3' (híbrido 34) e 1x6' (híbrido 42). O ciclo 6 apresentou como híbridos de melhor desempenho os seguintes cruzamentos: 5x1' (híbrido 71), 3x2' (híbrido 62), 1x4' (híbrido 54) e 3x5' (híbrido 65). Nota-se, nos cruzamentos, que a maioria dos genitores compartilham a

propriedade segundo a qual pelo menos um dos genitores tem alta CGC e, de acordo com Oliboni et al. (2013), combinações híbridas com estimativas de CEC mais altas e que envolvam pelo menos um genitor entre os cruzamentos dotado de efeitos decorrentes de altos valores de CGC são as mais desejáveis.

Contudo, nem sempre os genótipos parentais que apresentam elevados valores de CGC geram os melhores híbridos (DA SILVA et al., 2004), posto que os cruzamentos 6x7' e 5x5' do ciclo 3 e o cruzamento 2x3' do ciclo 6 não possuem genitores com altos valores de CGC, e possuem altos valores de CEC. A ocorrência desta é um reflexo dos efeitos das diferenças nas frequências alélicas dos genitores para *locos* presentes na expressão do caráter de interesse, além da manifestação dos efeitos de dominância e de epistasia (HALLAUER et al., 2010).

Tabela 9 – Estimativa da capacidade específica de combinação para produtividade resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos, A e B, referente a todos os ciclos de seleção recorrente estudados neste trabalho.

(Continua)

Ciclo 0							
Genitor A/ Genitor B	1'	2'	3'	4'	5'	6'	
1	-1088,48478	-4786,5063	-3880,3459	-1995,1501	4083,6935	7666,7936	
2	-1651,26798	861,69497	2767,8298	167,25123	-2820,9823	675,47431	
3	1936,591365	359,54829	395,85997	-338,54161	-434,34037	-1919,1176	
4	432,927211	4408,2216	-2358,9339	-473,73807	1759,8128	-3768,2896	
5	370,234188	-842,95851	3075,5901	2640,1785	-2588,1836	-2654,8607	
DP(sij)	1283,486						
DP(Sij-Sik)	1988,369						
DP(Sij-Skj)	2029,37						
DP(Sij-Skl)	1769,164						
Ciclo 3							
Genitor A/ Genitor B	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'
1	-6467,66885	-604,76787	5507,9954	1415,5935	-6240,1581	7548,1766	-1159,1707
2	8012,218943	1286,8377	-7479,5316	76,105621	5564,3836	-1970,3269	-5489,6874
3	2729,208479	1690,2818	3223,8268	2963,198	-3882,1603	-1602,4971	-5121,8576
4	-5051,3184	1762,537	2699,7347	-951,81239	2597,1665	-2544,1445	1487,837
5	3846,600672	-7458,9405	2119,0462	-5605,7764	4802,2985	-869,34121	3166,1127
6	-3069,04084	3324,0519	-6071,0716	2102,6916	-2841,5301	-561,86693	7116,766
DP(sij)	1380,644						
DP(Sij-Sik)	2108,968						
DP(Sij-Skj)	2138,884						
DP(Sij-Skl)	1919,707						

Tabela 9 – Estimativa da capacidade específica de combinação para produtividade resultante dos cruzamentos de dois grupos heteróticos, A e B, referente a todos os ciclos de seleção recorrente estudados neste trabalho.

(Conclusão)

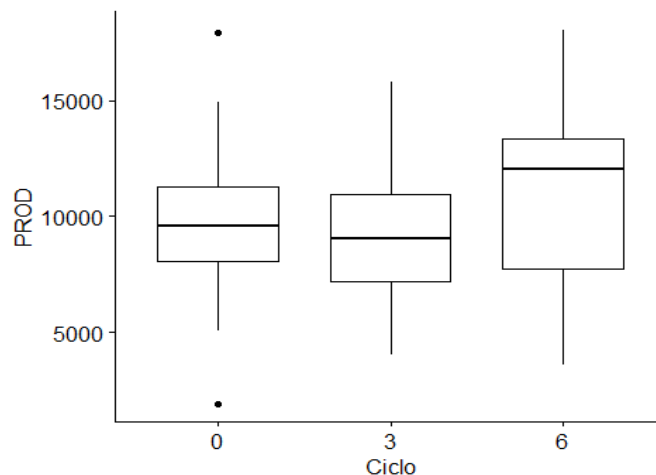
		Ciclo 6				
Genitor A/ Genitor B	1'	2'	3'	4'	5'	
1	-810,348834	-3667,2248	2768,5382	3252,6319	-1543,5964	
2	-4474,6079	-1225,6283	2519,5156	1563,8609	1616,8597	
3	-1409,51555	3963,4617	-4904,5338	295,39847	2055,1892	
4	1593,680843	444,2454	1633,2829	-3260,9475	-410,26165	
5	5100,791439	485,14594	-2016,8028	-1850,9438	-1718,1908	
DP(sij)	1261,913					
DP(Sij-Sik)	1995,26					
DP(Sij-Skj)	1995,26					
DP(Sij-Skl)	1727,946					

Fonte: da autora (2020).

4.4 Progressos genéticos

As médias obtidas em cada ciclo para os caracteres estudados foram ajustadas e, a partir dos seus valores, realizou-se uma regressão linear, conforme dispõe a Figura 5, mas o conjunto de dados não apresentou bom ajustamento, pois $R^2 = 2\%$. Resultados semelhantes foram obtidos por Ematné et al. (2018), que, em seu trabalho com progresso genético em quatro ciclos de seleção recorrente intrapopulacional, tiveram baixo valor de ajustes de R^2 na equação de regressão. A média da produtividade do ciclo 3 foi inferior à ocorrida no ciclo 0, o que se visualiza melhor no boxplot (FIGURA 6), portanto os dados não se ajustam de maneira adequada à regressão linear.

Figura 5 – Boxplot para produtividade de grãos por ciclo de SRR.



Fonte: da autora (2020).

Vale ressaltar que, em programas de seleção recorrente recíproca, os ganhos a cada ciclo não são lineares e a análise do progresso genético é, por isso mesmo, dinâmica e sujeita a mudanças de um ano para outro. Essa situação corrobora com os resultados aferidos por Médice (2018) em trabalho que se dedicou a estudar o progresso genético de híbridos de milho em uma década.

De acordo com o autor, entre os anos de 2004 e 2008 houve uma queda de produtividade, justificada por mudanças na estratégia de melhoramento. Essa mudança pode acarretar, em um primeiro momento, perdas na produtividade, mas ocorre recuperação e, inclusive, extrapolação dos ganhos no decorrer dos anos, se o programa for bem manejado (DUVICK, 2005). Pode-se notar esse comportamento no ciclo 6, no qual já é possível identificar a existência de ganhos consideráveis em relação aos dois outros ciclos analisados. Tal constatação sustenta o avanço das populações do programa de SRR de melhoramento genético de milho da UFLA.

Durante o processo de estimativa do ganho genético médio ocorrido ao longo dos ciclos de SRR, observou-se média de progresso genético por ciclo de $535,35 \text{ kg.ha}^{-1}.\text{ciclo}^{-1}$ (7%). Isso indica coerência do resultado com os constantes em relatos de progresso genético produzidos em todo o mundo.

Masuka (2017), objetivando avaliar o progresso genético ocorrido entre os anos 2000 e 2010 nas regiões sul e leste da África, avaliou 67 híbridos em 8 locais de 6 países, em diferentes condições de cultivo. Seu trabalho estimou, em condições normais de cultivo semelhantes ao irrigado, um ganho de $141,3 \text{ kg.ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$.

Na mesma toada, Badu-Apraku (2019) aferiu ganhos de $522 \text{ kg.ha}^{-1}.\text{ciclo}^{-1}$, cerca de 12,6%, em um experimento com híbridos de milho oriundos dos ciclos de SRR 0, 1, 2 e 4 na África subsaariana. O autor associa esse elevado ganho ao uso recente da seleção genômica.

Em adição, Ci et al. (2011) avaliaram os ganhos genéticos referentes ao rendimento de grãos entre os anos 1970 e 2000 em um experimento conduzido em dois locais da China e em duas safras. Os autores observaram um ganho médio de $94,7 \text{ kg.ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$, e associaram esse resultado à mudança de estratégia de melhoramento, não somente orientada para produtividade, mas também para estresse abiótico.

Resultados nos EUA foram estimados recentemente por Mueller (2019). Essa autora investigou o grau de progresso genético engajado tanto para melhorar a produtividade, quanto para otimizar do uso do nitrogênio na cultura do milho. Seu trabalho constatou um aumento na produtividade em 89% entre 1946 e 2015, cerca de $100 \text{ kg.ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$. O mesmo estudo também pontua que, entre 1946 e 1976, os ganhos mais notáveis concentraram-se no número

de grãos por espiga, seleção que foi indiretamente responsável pelo aumento da produtividade. Entre 1976 e 2015, a estratégia de melhoramento focalizou diretamente o incremento da produtividade.

Finalmente, no Brasil também têm sido atingidas conclusões nesse teor. Junior (2018) avaliou os ganhos genéticos de vinte anos de SRR em milho, e aferiu um ganho de $171 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ciclo}^{-1}$.

Desse modo, infere-se que os híbridos do programa de melhoramento genético de milho da Universidade Federal de Lavras têm apresentado ganhos genéticos condizentes com os relatos presentes na literatura. Além disso, também é possível afirmar que o método de SRR tem sido eficiente para a promoção do progresso genético.

5 CONCLUSÃO

A partir deste trabalho, ocorreu a possibilidade de destacar parentais com maiores valores de CGC em todos os ciclos, bem como selecionar híbridos-destaque em produtividade.

Os híbridos 71, 34, 65 e 54 com base em seus valores de CEC e da produtividade em si, que possam ser submetidos a um teste de VCU e lançados futuramente no mercado.

Foi possível quantificar o progresso genético dos híbridos envolvidos no programa de melhoramento genético de milho pela Universidade Federal de Lavras – um ganho de $535 \text{ kg.ha}^{-1}.\text{ciclo}^{-1}$.

Em último, conclui-se pelo ganho genético, inferir que o método de SRR tem sido eficiente para promover o progresso genético nesse âmbito.

REFERÊNCIAS

- ALVES, G. F. **Relações entre seleção de testadores de milho e suas divergências genéticas**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo, 2006.
- ARAÚJO, J. S. **Ganhos genéticos obtidos em híbridos e variedades de milho representativos de três décadas de melhoramento no Brasil**. 1995. 64 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.
- BADU-APRAKU, B. et al. Yield gains and associated changes in an early yellow bi-parental maize population following genomic selection for Striga resistance and drought tolerance. **BMC Plant Biol**, 19, 129, 2019.
- BEAL, W. J. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e Produção de Milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987.
- BERGAMASCHI, H.; MATZENAUER, R. **O milho e o clima**. Porto Alegre: Emater/RS-Ascar, 2014.
- BERNARDO, R. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 83, n. 5, p. 628-634, 1992.
- BORÉM, A.; FRITSCH NETO, R. **Biotechnology aplicada ao melhoramento de plantas**. [S.l: s.n.], 2013.
- BRUNINI, O; SANTOS, J; PINTO, H. Estudo micrometeorológico com cenouras (var. Nantes). II–influência da temperatura do solo. **Bragantia**, 35.4, 1976, 49-54.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimento**. 2. ed. Lavras: Editora UFLA, 2006.
- CABRERA, A. C. **Uso de linhagens parcialmente endogâmicas S3 para a produção de híbridos simples de milho**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo, 2001.
- CANTANHÊDE, I. S. L. **Avaliação de novos híbridos de mamona (ricinus communis L.) em condições de safra e safrinha no município de Bariri-SP**. 2009. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2009.
- CARVALHO, F. I. F.; LORENCERTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e Implicações da Correlação**. Pelotas: Editora UFPEL, 2004.
- CARDOSO, G. A. **Progresso genético e análise de trilha na seleção recorrente em milho**. 2018. 84 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2018.
- CI, X et al. Genetic contribution to advanced yield for maize hybrids released from 1970 to 2000 in China. **Crop Sci**, 51:13–20, 2011.

CIAMPITTI, I.; VYN, T. Understanding global and historical nutrient use efficiencies for closing maize yield gaps. **Agronomy Journal**, 106.6: 2107-2117, 2014.

COIMBRA, J. F. M. Capacidade combinatória e efeito recíproco em características agronômicas do feijão. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 2, p. 471-480, 2012.

COLOMBARI FILHO, J. M. et al. Uplandrice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, Wageningen, v. 192, n. 1, p. 117-129, 2013.

COMSTOCK, R. R.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, n. 8, p. 360 -367, 1949.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira – grãos**. Brasília, 2019.

CONANT, R. T; BERDANIER, A. B; GRACE, P. R. Patterns and trends in nitrogen use and nitrogen recovery efficiency in world agriculture. **Global Biogeochem. Cycles** 27, 558–566, 2013.

CROW, J. F.; DOVE, W. F. The beginning of hybrid maize. **Genetics**, v. 148, n. 3, p. 923–928, 1998.

CRUZ, C. D. **GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics**. Viçosa **Acta Scientiarum Agronomy**, 2013. Disponível em: <ftp://ftp.ufv.br/dbg/biodata/>.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012.

CUNHA, K. S. et al. Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 3, p. 3398-3408, 2012.

DA COSTA, R. B; RESENDE, M. D; DE ARAÚJO, A. J. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa agropecuária brasileira**. v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

DA CRUZ BALDISSERA, J. et al. Capacidade combinatória e efeito recíproco em características agronômicas do feijão. **Semina: Ciências Agrárias**, 2012, 33.2: 471-479.

DA SILVA, M. et al. Análise dialélica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. **Horticultura brasileira**, 2004, 22.2.

DALBOSCO, E. Z. **Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo**. 2015. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade do Estado de Mato Grosso, Tangará da Serra, 2015.

DOEBLEY, J.; STEC, A. Inheritance of the morphological differences between maize and teosinte: comparison of results for two F2 populations. **Genetics**, v. 134, n. 2, p. 559-570, 1993.

DOEBLEY, J. et al. Genetic and morphological analysis of a maize-teosinte F2 population: implications for the origin of maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 1990, 87.24: 9888-9892.

DUARTE, A. P.; KAPPES, C. **Evolução dos sistemas de cultivo de milho no Brasil**. Piracicaba: IPNI, 2015.

DUARTE, J; GARCIA, J; MIRANDA, R. **Cultivo do milho**: economia da produção. Brasília: Embrapa milho e sorgo, 2011.

DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 86, n. 1, p. 84-138, 2005.

EAST, E. M. Heterosis. **Genetics**, v. 24, p. 375-397. 1936.

EGLI, D. B. Is there a role for sink size in understanding maize population-yield relationships? **Crop Science** 55, 2453–2462, 2015

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. 2. ed. Piracicaba: Os autores, 2008.

FARIAS, P. O. L. et al. O cuscuz na alimentação brasileira. **Revista Contextos da Alimentação**. v. 3, n. 1, 2014.

FERREIRA JÚNIOR, J. A. **Vinte anos de seleção recorrente recíproca em milho: progressos genéticos**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2019.

FREITAS, R. M. **Progresso genético de três ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho**. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

FUJIMOTO, R. et al. Recent research on the mechanism of heterosis is important for crop and vegetable breeding systems. **Breeding science**, 2018, 17155.

GAFFNEY, J. et al. Industry-Scale Evaluation of Maize Hybrids Selected for Increased Yield in Drought-Stress Conditions of the US Corn Belt. **Crop Sci.** 55:1608-1618.

GALVÃO, K. S. C. et al. Functional molecular markers (EST-SSR) in the full-sib reciprocal recurrent selection program of maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Research**, 14:7344-7355, 2015.

GAMA, E. et al. Potencial da interpopulação de milho CMS 53 e CMS 61 para melhoramento. In: Anais do **Congresso Nacional de Milho e Sorgo**. Recife, 1998.

GARBUGLIO, D. D; MIRANDA FILHO J. B; CELLA, M. Variabilidade genética em famílias S1 de diferentes populações de milho. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 2, p. 209-213, 2009.

- GARBUGLIO, D; DE ARAÚJO, P. Avaliação de híbridos intervarietais de milho por meio de cruzamento dialélico parcial, considerando quatro ambientes. **Semina: Ciências Agrárias**, 2006, 27.3: 379-391.
- GARDNER, C.; EBERHART, S. Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.
- GOODMAN, M. M. Exotic germplasm: status, prospects and remedies. **Iowa State J. Res.** 59, 494-527, 1985.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 462-493, 1956.
- HALLAUER, A. Compendium of recurrent selection methods and their applications. **CRC Review in Plant Science**, Boca Raton, v. 3, p. 1-33, 1986.
- HALLAUER, A; CARENA, J. M.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. New York: **Springer**, 2010.
- HALLAUER, A; EBERHART, S. Reciprocal full-sib selection. **Crop Science** 10, 315—316, 1970.
- HALLAUER, A; MIRANDA, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Ames: Iowa State University Press, 1988.
- HALLAUER, A. Recurrent selection methods to improve germplasm in maize. **Maydica**, 57.4 (2012): 266-283.
- HALLAUER, A; DARRAH, L. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Critical Reviews in Plant Sciences**, 3.1: 1-33, 1985.
- HALLAUER, A; CARENA, M. J; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer-Verlag, 2010.
- HARLAN, J. R. **Crops and man**. Madison: American Society of Agronomy, 1992.
- HASSAN, A. A. et al. Study on Combining Ability and Heterosis in Maize (*Zea mays* L.) Using Partial Diallel Analysis. **International Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 6, n. 2, p. 520–526, 2019.
- HAYMAN, B. I. The Theory and Analysis of Diallel Crosses. **Genetics**, v. 45, n. 2, p. 789-809, 1954.
- HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability. **Journal American Society Agronomy**, v. 37, n. 1, p. 134-145, 1945.
- INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA, (INMET). **BDMEP - Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa**. 2019. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/>>. Acesso em: 17 nov 2019.
- JONES, D. F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station**, New Haven, 1918.

- KENNETT, D. J. et al. High-precision chronology for Central American maize diversification from El Gigante rockshelter, Honduras. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, 114 (34), p. 9026-9031, 2017
- KHODARAHMPOUR, Z; HAMIDI, J. Study of yield and yield components of corn (*Zea mays* L.) inbred lines to drought stress. **African Journal of Biotechnology**, v. 11, n. 13, p. 3099-3105, 2012.
- KRUG, C. A; VIÉGAS, G. P; PAOLIÉRI, L. Híbridos comerciais de milho. **Bragantia**, v. 3, p. 367-552, 1943.
- LIMA, M. W. P. **Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.
- LINARES, E. **Seleção recorrente recíproca em famílias de meios-irmãos em milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1987.
- MANGELSDORF, P. C. The origin of corn. **Sci. Am**, 1986.
- MASUKA, B. et al. Gains in Maize Genetic Improvement in Eastern and Southern Africa: I. CIMMYT Hybrid Breeding Pipeline. **Crop Science**, 57:168-179, 2017.
- MATOS, D. J. C. **Produtividade e caractereres agrônômicos de milho submetido a diferentes espaçamentos e densidades populacionais**. Goianésia, 2018.
- MÉDICE JUNIOR, H. **Progresso genético de híbridos de milho (*Zea mays* L.) na segunda safra ao longo de uma década**. 2018.
- MEIRELLES, W. et al. Análise dialéctica de linhagens de milho quanto à responsividade ao fósforo e à sua eficiência de uso. **Embrapa Tabuleiros Costeiros**, 2016.
- MENKIR, A. et al. Evaluating Testcross Performance and Genetic Divergence of Lines Derived from Reciprocal Tropical Maize Composites. **Maydica 60 - Electronic publication**, 2015.
- MIRANDA FILHO, J. B; GERALDI, I .O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 7, p. 667-668, 1984.
- MIRANDA FILHO, J. B; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. 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.
- MIRANDA FILHO, J. B; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: _____ (eds.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: **Fundação Cargill**, 1987. p. 277-340.
- MIRANDA, L. et al. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC-1. **Bragantia**, 1977, 36.1: 187-196.
- MUELLER, S. M; MESSINA, C. D; VYN, T. J. Simultaneous gains in grain yield and nitrogen efficiency over 70 years of maize genetic improvement. **Sci Rep**, 9, 9095 (2019)

- MUNAWAR, M. et al. Correlation and path analysis of grain yield components in exotic maize (*Zea mays* l.). **International Journal of Sciences: Basic and Applied Research**, v. 12, n. 1, p. 22-27, 2013.
- NARDINO, M. Association of secondary traits with yield in maize F1's. **Ciência Rural**. v. 10, n. 1 p. 10-25, 2016.
- OLIBONI, R. et al. Análise dialélica na avaliação do 575 potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de 576 linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18, 2013.
- OLIVOTO, T. et al. Caracteres morfológicos e rendimento de grãos de híbridos simples de milho em diferentes ambientes. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, 2018, 17.4: 462-471.
- PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978.
- PATERNIANI, M. et al. Estratégias de melhoramento para tolerância à seca em germoplasma de milho tropical. **Singular Meio Ambiente e Agrárias**, 1(1), 19-24.
- PATERNIANI, E; CAMPOS, M. **Melhoramento do milho** - melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, 1999.
- PATERNIANI, E; MIRANDA FILHO, J. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1978, p. 202-246.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas : **Fundação Cargill**, 1987. p. 217-265.
- PFANN, A. et al. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 3, p. 128-134, 2009.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14ª ed. Piracicaba – SP: Editora da Universidade de São Paulo, 2000. 477p.
- PINTO, R. et al. Análise dialélica parcial de linhagens de milho-pipoca. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 6, n. 3, p. 325-337, 2007.
- PIXLEY, K. Hybrid and Open-Pollinated Varieties in Modern Agriculture. In: **Plant breeding: the Arnel R. Hallauer international symposium**. Ames: Blackwell Publishing, 2006. p. 234-250.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Viena, 2018. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>.
- RAMALHO, M. et al. **Genética na agropecuária**. 5. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.
- REIS, M. C. et al. Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1667-1672, 2009.

RESENDE, M; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

REZENDE, J; MORAES, L. O agronegócio salva a pátria este ano. **Confederação Nacional da Agricultura (CNA)**. Disponível em:

<<http://www.canaldoprodutor.com.br/comunicacao/artigos>>.

ROSTAGNO, H. S. **Tabelas brasileiras para aves e suínos**: composição de alimentos e exigências nutricionais. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2011.

SALEEM, M. Y; MIRZA, J; HAQ, M. A. Combining ability analysis for yield and related Traits in basmati rice (*Oryza sativa* L.). **Pakistan Journal of Botany**, Faisalabad, v. 42, n. 1, p. 627-637, 2010.

SHULL, G. A pure-line method of corn breeding. **Am. Breeders Assoc. Rep.** v. 5, p. 51-59, 1909.

SHULL, G. What is "heterosis"?. **Genetics**, 1948, 33.5: 439.

SOUZA JUNIOR., C. L. Interpopulation genetic variances and hybrid breeding programs. **Revista Brasileira de Genética**, v. 15, n. 3, p. 643-656, 1992.

SOUZA JUNIOR, C. L. et al. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 4, p. 473-479, 1993.

SOUZA JUNIOR, C. L. Seleção recorrente. In: LIMA, R. O; BORÉM, A. **Melhoramento de milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018, p. 73-101.

SPRAGUE, G. F; RUSSELL, W. A; PENNY, L. H. Recurrent Selection for Specific Combining Ability and Type of Gene Action Involved in Yield Heterosis in Corn 1. **Agronomy Journal**, 1959, 51.7: 392-394.

SPRAGUE, G. F; TATUM, L. A. General and specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Agricultural research service**. Disponível em: <https://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/Secretary_Briefing.pdf>. Acesso em: 14 maio 2019.

VALÉRIO, I. P. et al. Estabilidade da produção e da capacidade de combinação de diferentes populações de aveia. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 2, p. 331-346, abr./jun. 2009.

VASCONCELOS, E. et al. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina**, Londrina, v. 36, n. 3, p. 1203-1214, 2015.

VEIGA, R. D.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1395-1406, jul. 2000.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargil, p. 137-209, 1987.

VENCOVSKY, R., MORAIS, A. R., GARCIA, J. C., TEIXEIRA, N. M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: **CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO**, 9, Belo Horizonte. Anais. Sete Lagoas: p. 300-307, 1986.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

VIANA, F. M. S.; SILVEIRA, M. G.; PACHECO, C. A. P.; CRUZ, C. D.; CARVALHO, C. R. Hibridação em milho. In: BORÉM, A. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: Editora da UFV, 1999. p. 401-426.

YAKUBU, A. et al. The Effects of Non-Synonymous Single Nucleotide Polymorphisms (nsSNPs) of DQB1. **Gene of Tropical Goats on Protein Function and Stability**. 32. 30-39, 2018.