

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO CENTRO-OESTE, UNICENTRO-
PR**

**POTENCIAL DO COMPOSTO CDT-1 DE MILHO
PARA SELEÇÃO RECORRENTE**

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

**ELIZANDRA DE OLIVEIRA
FRANCO**

GUARAPUAVA-PR

2023

ELIZANDRA DE OLIVEIRA FRANCO

**POTENCIAL DO COMPOSTO CDT-1 DE MILHO PARA SELEÇÃO
RECORRENTE**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Marcos Ventura Faria
Orientador

Prof. Dr. Marcelo Cruz Mendes
Coorientador

GUARAPUAVA-PR
2023

Catálogo na Publicação
Rede de Bibliotecas da Unicentro

F825p Franco, Elizandra de Oliveira
Potencial do composto CDT-1 de milho para seleção recorrente /
Elizandra de Oliveira Franco. -- Guarapuava, 2023.
xi, 53 f. : il. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual do Centro-Oeste,
Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Área de Concentração:
Produção Vegetal, 2023.

Orientador: Marcos Ventura Faria
Coorientador: Marcelo Cruz Mendes
Banca examinadora: Edson Perez Guerra, Alex Sandro Torre
Figueiredo

Bibliografia

1. *Zea mays* L. 2. Parâmetros genéticos. 3. Melhoramento genético. 4.
Produtividade de grãos. I. Título. II. Programa de Pós-Graduação em
Agronomia.

CDD 630

Elizandra de Oliveira Franco

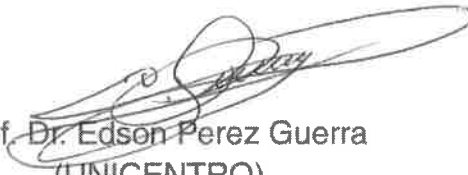
POTENCIAL DO COMPOSTO DE MILHO CDT-1 PARA SELEÇÃO RECORRENTE

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Aprovada em 10 de março de 2023.



Prof. Dr. Marcos Ventura Faria
(UNICENTRO)



Prof. Dr. Edson Perez Guerra
(UNICENTRO)



Dr. Alex Sandro Torre Figueiredo
(Sakata Seeds Sudamerica)

GUARAPUAVA-PR
2023

Aos meus pais, Antonio e Felicia, pelo eterno incentivo.
A memória do meu avô Ovidio, fonte de grande inspiração.

DEDICO.

Talvez não tenha conseguido fazer o melhor, mas lutei para que o melhor fosse feito. Não sou o que deveria ser, mas Graças a Deus, não sou o que era antes.”

Martin Luther King

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, pelo dom da vida e por cuidar de cada detalhe.

Aos meus pais, Antonio e Felicia, pelo amor, incentivo aos estudos, e o ensino dos valores da vida.

A toda a minha família, em especial ao meu irmão Elizandro de Oliveira Franco pelo apoio.

Ao meu orientador doutor Marcos Ventura Faria, por todo seu empenho para que este trabalho pudesse ser realizado, pela sua disponibilidade e boa vontade em ajudar, por todo conhecimento transmitido, e pela ajuda financeira para a realização do experimento.

Ao meu coorientador doutor Marcelo Cruz Mendes pela disponibilidade em ajudar, comprometimento e dedicação.

Aos membros da banca de qualificação, pelas valiosas contribuições para melhoria deste trabalho.

A todos os membros do grupo de estudo em Genética e Melhoramento de Plantas da UNICENTRO – GMP, sem os quais a realização deste trabalho não seria possível.

Aos funcionários do setor de máquinas e implementos agrícolas da Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO).

À Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), pela oportunidade de realização do curso e excelência em ensino, e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de Mestrado.

Agradeço a todos de forma especial, pois sem vocês nada disso seria possível. Muito obrigada!

SUMÁRIO

Resumo	I
Abstract	li
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
3. REFERENCIAL TEÓRICO	4
3.1. Cultura do milho	4
3.2. Melhoramento genético para produtividade de grãos	5
3.3. Seleção recorrente	7
3.4. Parâmetros genéticos de caracteres quantitativos	8
3.5. Interação progênes x ambientes	11
3.6. Caracteres de importância agrônômica no milho	12
4. MATERIAIS E MÉTODOS	14
4.1. Local do experimento	14
4.2. Material genético e delineamento experimental	14
4.3. Condução do experimento	14
4.4. Análises das características agrônômicas	16
4.5. Análises estatísticas	17
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
5.1. Análise de variância conjunta	21
5.2. Médias e estimativas de parâmetros genéticos	22
5.3. Ganho esperado por seleção (GS)	29
6. CONCLUSÃO	33
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	34
ANEXOS	42

LISTA DE TABELAS E ANEXOS

Tabela 1. Resumo das análises de variância conjunta de caracteres agronômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados em duas épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Tabela 2. Médias de 140 progênies meios-irmãos e quatro híbridos comerciais (DKB 235 PRO3, DKB 290 Trecepta, SHS 7970 PRO3, e P2501) de milho para os caracteres avaliados em duas épocas de semeadura. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Tabela 3. Estimativas da variância fenotípica (σ^2_f), variância genética (σ^2_g), variância ambiental (σ^2_e), variância da interação progênies x épocas (σ^2_{ga}), herdabilidade no sentido amplo (h^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e índice θ (CV_g/CV_e) para os caracteres avaliados nas 140 progênies de meios-irmãos de milho em duas épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Tabela 4. Médias das progênies na população original (\bar{x}_o), médias das progênies selecionadas pelo índice (\bar{x}_s), herdabilidade para seleção com base na média de progênies (h^2), estimativas dos ganhos com a seleção realizada a partir Índice de seleção Mulamba & Mock (I_{MM}) (GS e GS%), para os caracteres avaliados nas 140 progênies de meios-irmãos de milho do composto CDT-1 em duas épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Anexo A. Resumo da análise de variância individual de caracteres agronômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliadas na primeira época de semeadura (18/09/2021). Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Anexo B. Resumo da análise de variância individual de caracteres agronômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliadas na segunda época de semeadura (27/10/2021). Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Anexo C: Médias de caracteres agronômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados em ambas as épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Anexo D. Médias de caracteres agronômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados na primeira época de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Anexo E. Médias de caracteres agronômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados na segunda época de semeadura na safra 2021/2022, Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

LISTA DE FIGURA

Figura 1: Dados de precipitação pluviométrica (mm) e temperatura média (°C) por meses, no Município de Guarapuava (PR), no período de setembro a abril na safra agrícola 2021//2022. Guarapuava. IDR-Paraná/IAPAR-EMATER, 2022.

RESUMO

Franco, E. O. **Potencial do composto CDT-1 de milho para seleção recorrente**. 2023. 65 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava, 2023.

A seleção recorrente utilizando progênies de meios-irmãos é um método bastante utilizado no melhoramento de populações de milho. Para a eficácia desse método, é necessário que as populações possuam variabilidade genética ou genótipos superiores para caracteres agrônômicos de interesse. A cada ciclo é realizada a estimação de parâmetros genéticos com o intuito de verificar a magnitude e manutenção da variabilidade presente, os possíveis ganhos com a seleção e a permanência e potencial da população no programa de seleção recorrente. O objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial de melhoramento de um composto de milho CDT-1 para etapa de recombinação em primeiro ciclo sob seleção recorrente intrapopulacional. Foram avaliadas 140 progênies meios-irmãos e quatro testemunhas comerciais em duas épocas de semeadura (18 de setembro e 27 de outubro de 2021), no delineamento em blocos casualizados com três repetições. O experimento foi realizado na área experimental do campus Cedeteg da Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), Guarapuava-PR. Os caracteres avaliados foram florescimento masculino (FM), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), peso de mil grãos (PM), produtividade de grãos (PG). As progênies mostraram diferenças significativas para os caracteres, indicando a presença de variabilidade genética. O composto CDT-1 possui potencial de melhoramento para ser explorado em programa de seleção recorrente intrapopulacional. O ganho de seleção ($GS\%=7,42$) e os resultados obtidos para a herdabilidade ($h^2=47,61$) para o caractere produtividade de grãos apontam a possibilidade de seleção de genótipos com elevada produção. O índice de seleção de Mulamba & Mock foi eficiente na seleção das progênies a serem recombinadas na próxima etapa do primeiro ciclo de seleção.

Palavras-Chave: *Zea mays* L., parâmetros genéticos, melhoramento genético, produtividade de grãos

ABSTRACT

FRANCO, E. O. **Potential maize CDT-1 compost for recurrent selection.** 2023. 65f. Dissertation (Master's in Agronomy), Midwestern State University, Guarapuava, 2023.

Recurrent selection using half-sib progenies is a widely used method in the improvement of maize populations. For the efficacy of this method, it is necessary that the populations have genetic variability or superior genotypes for agronomic traits of interest. At each cycle, the estimation of genetic parameters is carried out in order to verify the magnitude and maintenance of the present variability, the possible gains with the selection and the permanence and potential of the population in the recurrent selection program. The objective of this work was to evaluate the potential for improvement of a CDT-1 maize compound for recombination stage in the first cycle under intrapopulation recurrent selection. A total of 140 half-sibling progenies and four commercial controls were evaluated at two sowing dates (September 18 and October 27, 2021), in a randomized block design with three replications. The experiment was carried out in the experimental area of the Cedeteg campus of the State University of the Midwest (UNICENTRO), Guarapuava-PR. The evaluated traits were male flowering (FM), plant height (AP), ear height (AE), relative ear position (PRE), thousand grain weight (PM), grain yield (PG). The progenies showed significant differences for the traits, indicating the presence of genetic variability. The CDT-1 compound has breeding potential to be explored in a recurrent intra-population selection program. The selection gain ($GS\%=7.42$) and the results obtained for heritability ($h^2=47.61$) for the grain yield trait point to the possibility of selection of genotypes with high yield. The selection index of Mulamba & Mock was efficient in the selection of the progenies to be recombined in the next stage of the first selection cycle.

Keywords: *Zea mays* L., genetic parameters, genetic improvement, grain yield

1. INTRODUÇÃO

Dentre os principais cereais cultivados no mundo, o milho (*Zea mays* L.) é o mais produzido (Fatemi; Singh; Kamruzzaman, 2022; Ferreira Júnior et al., 2020). O Brasil ocupa a terceira colocação entre os maiores produtores mundiais de milho, e na safra 2021/2022 a produção atingiu 113,27 milhões de toneladas em uma área de 21,58 milhões de hectares, o que representou aumento de 30,1% em relação à safra anterior (CONAB, 2022; USDA, 2022).

A produção e a produtividade de milho aumentaram significativamente no mundo e no Brasil desde o início do século passado. Isso se deve em virtude do seu expressivo valor econômico, boa aceitação no mercado como *commodity*, sua ampla utilização tanto como finalidade industrial, quanto destinado à alimentação humana. Além disso, este cereal tem sido destinado a várias outras finalidades, dentre as quais se pode destacar a produção de rações para animais ou forragem na forma de silagem (Balasubramanian et al., 2021; Ferreira Júnior et al., 2020; Sun et al., 2022).

O aumento na produtividade do milho a cada ano é devido à adoção de genótipos superiores, obtidos a partir de melhoramento genético, à utilização de alta tecnologia no campo, aumento da área de cultivo, entre outros fatores (Troyjack et al., 2019). A primeira etapa de um programa de melhoramento é a escolha dos genótipos que irão compor a população base, a qual deve apresentar alta frequência de alelos favoráveis e variabilidade para os caracteres de interesse (Freitas et al., 2012).

A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento que envolve basicamente quatro etapas: obtenção de progênies, avaliação, seleção das melhores progênies e recombinação das progênies selecionadas. A seleção recorrente visa o incremento da expressão de caracteres de interesse por meio do aumento da frequência dos alelos favoráveis, sem perdas significativas na variabilidade genética, permitindo assim, ganhos durante ciclos de seleção subsequentes (Ramalho et al., 2012). As populações melhoradas utilizando esse método podem ser utilizadas para fins comerciais como novas variedades ou como fonte de linhagens para obtenção de híbridos (Crispim Filho, 2018).

Para que a seleção seja eficiente, é necessário estimar os parâmetros genéticos da população a cada ciclo, a fim de estimar a magnitude e manutenção da variabilidade presente, os possíveis ganhos com a seleção e assim, o potencial e permanência da população no programa de seleção recorrente. Dessa forma, estimativas de componentes de variância, herdabilidade e ganho com a seleção, são essenciais no processo de melhoramento (Ertiro et al., 2020).

A seleção simultânea para múltiplos caracteres pode ser realizada através de índices de seleção e têm por objetivo selecionar genótipos que combinem, de forma mais equilibrada, as melhores características desejadas pelo melhorista com base na avaliação de um complexo de caracteres (Vieira et al., 2017). Assim, deseja-se que ocorra distribuição de ganhos genéticos para todos os caracteres de interesse agrônomo (Berilli et al., 2013). Dentre os índices descritos na literatura, destacam-se o de Mulamba & Mock (1978), Smith (1936) e Hazel (1943); Willians (1962); e Mendes et al. (2009).

Em relação aos caracteres avaliados em um programa de melhoramento de milho, a produtividade de grãos é um caractere de grande interesse, cuja expressão é controlada por vários genes e influenciada pelo ambiente, e apresenta baixa herdabilidade (Nardino et al., 2016; Owusu et al., 2018). Assim, é comum a avaliação de componentes da produção que são de mensuração relativamente fácil, possuem maior herdabilidade, e estão associados a produtividade de grãos (Cruz et al., 2012), tais como altura de plantas, peso de espigas, florescimento masculino e feminino, entre outros.

Em virtude da importância econômica e social do milho e a crescente demanda por elevadas produções, evidencia-se a necessidade de investimento proveniente de universidades, instituições de pesquisas públicas ou privadas em programas de melhoramento de milho com o objetivo de obter genótipos superiores com características agrônomicas desejáveis e alta produtividade de grãos, para que o milho alcance seu máximo potencial produtivo.

2. OBJETIVOS

Objetivo geral

Avaliar o potencial de melhoramento do composto de milho CDT-1 para etapa de recombinação em primeiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional.

Objetivos específicos:

- Obter estimativas dos componentes de variância na avaliação de progênies de meios-irmãos provenientes do composto CDT-1 (população-base);
- Obter estimativas da herdabilidade na avaliação de progênies de meios-irmãos;
- Discriminar as melhores progênies para as características avaliadas de produtividade de grãos; e
- Avaliar o potencial do composto CDT-1 (população-base) para futuros ciclos de seleção recorrente.

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1. Cultura do milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea diploide, monoica, anual e alógama que pertence à família *Poaceae*. É um dos principais cereais cultivados em todo o mundo, possui grande importância econômica e social, com utilização para a alimentação humana e animal e matéria-prima para a indústria (Sun et al., 2022). Possui centro de origem países do norte da América Central e o México, sua domesticação ocorreu cerca de 7 a 10 mil anos atrás, tendo contribuído efetivamente na manutenção de importantes civilizações, como os Astecas, Maias e Incas. A teoria mais aceita sobre sua origem indica que por processos evolutivos e intensas seleções, o milho teria se originado de outra gramínea sem sabugo e com inúmeras espigas, conhecida como teosinte (Hallauer, 2011).

Os maiores produtores mundiais de milho são os Estados Unidos, China e Brasil. É a segunda cultura com maior produção e área no Brasil, ficando atrás da soja. A produção nacional de milho é destinada ao consumo interno e à exportação, e atingiu 113,27 milhões de toneladas em 21,58 milhões de hectares na safra 2021/2022. A produtividade média brasileira é considerada baixa, cerca de 5.248 kg ha⁻¹, quando comparada à média de outros países produtores como os Estados Unidos, com 11.090 kg ha⁻¹ na safra 2021/2022 (CONAB, 2022; USDA, 2022).

O milho pode ser cultivado em duas épocas nas regiões Centro-Oeste, Sul e Sudeste do Brasil. Na primeira época, denominada safra, o milho é semeado entre setembro e dezembro, e na segunda época (antigamente denominada safrinha), a semeadura ocorre entre janeiro e abril (Oliveira et al., 2020). A época de semeadura do milho é um fator que influencia significativamente a produção de grãos, pois a semeadura tardia pode afetar a cultura em aspectos como redução na produtividade de grãos e na altura das plantas, aumento de plantas acamadas e quebradas, e aumento do número de dias para o florescimento (Munarini; Nodari, 2021).

Mundialmente, o milho é considerado uma das culturas alimentícias mais importantes, podendo ser consumido como processado, na forma de farinha, fubá, canjica, polenta, cuscuz, ou fresco, como milho verde, assado, cozido ou ainda como ingrediente na fabricação de pamonhas, mingaus, bolos, broas, sorvetes, dentre outros (Sun et al., 2022). Possui uma representatividade de 15% a 20% da dieta diária em mais de vinte países em desenvolvimento e com isso supre, a necessidade nutricional da população, principalmente, na América Latina

e África (Baretta et al., 2017; Beyene et al., 2016). A composição nutricional é formada por proteínas, carboidratos, lipídios, fibra alimentar, ferro, magnésio, zinco, selênio, vitaminas do complexo B e carotenoides (Thakur et al., 2022).

A elevada produção de milho no mundo está relacionada à sua grande utilização como matéria prima nas indústrias de ração animal, alimentícia e de biocombustíveis (Ferreira Júnior et al., 2020). Nas indústrias de ração animal, o milho é o principal cereal requerido como matéria-prima, devido ao grão apresentar alta digestibilidade, proteína (8% - 10% da matéria seca), elevada concentração de amido (70% - 75% da matéria seca) e óleo (4% - 5% da matéria seca), além de alta produção e custo relativamente baixo (Wen et al., 2016).

Por esse motivo, cerca de 70 a 80% do milho produzido no Brasil é direcionado na alimentação animal na forma de ração e assim convertido em proteínas presentes nas carnes ou bens primários, como o leite, destinados à alimentação humana (Obok et al., 2021). Para a pecuária em sistema intensivo, o milho é considerado alimento fundamental na dieta animal devido ao alto teor energético e versatilidade, podendo ser utilizado na forma de grãos em regime concentrado ou silagem como volumoso (Balasubramanian et al., 2021).

Devido à crescente demanda pela produção de milho no mundo e frente a dificuldades de produção, torna-se necessário o desenvolvimento de novas populações melhoradas ou cultivares, com informações detalhadas ao comportamento agrônomico e produtivas para serem disponíveis no mercado, ao produtor que buscar essas opções. Assim, a realização de pesquisas de caracterização dos genótipos é necessária para a recomendação adequada de populações melhoradas ou híbridos adaptados para cada região produtora.

3.2. Melhoramento genético para produtividade de grãos

É evidente a contribuição do melhoramento genético do milho para suprir as demandas cada vez maiores desse cereal para as mais variadas finalidades. Os programas de melhoramento buscam desenvolver genótipos com melhor desempenho e adaptabilidade aos diferentes ambientes de cultivo, visando principalmente aumentar a produtividade e agregar maior qualidade nutricional nos grãos, tanto em cultivares convencionais como nas transgênicas (Rovaris et al., 2017).

O melhoramento genético de milho é focado na obtenção de variedades melhoradas ou de novos híbridos. Esses objetivos são complementares, pois para a obtenção de híbridos superiores é necessário possuir variedades ou populações melhoradas para extração de linhagens elites (Alves et al., 2015). Em programas clássicos de melhoramento, a metodologia

inicia-se com a seleção de genitores em populações previamente avaliadas, autofecundações nessas populações para obtenção de linhagens, cruzamentos das linhagens e avaliação desses F1's para seleção de genótipos superiores (Hallauer et al., 2010).

A produtividade de grãos é o caractere de maior importância na cultura do milho e, também nos programas de melhoramento genético. Representa o produto final com valor econômico expressivo e comercializado no mercado. Contudo, elevar a expressão desse caractere por meio de seleção de genótipos superiores dentro dos programas de melhoramento não é tarefa fácil, devido ser de natureza poligênica, cuja expressão é influenciada pela interação de vários genes presentes no genoma da espécie, e a variações dos fatores ambientais (Owusu et al., 2018).

De acordo com Crispim Filho (2018), os componentes da produção não contribuem na mesma proporção para a produtividade, existindo hierarquia na influência desses caracteres na produtividade. Caracteres que estão diretamente associados à produtividade são o número de grãos por fileira da espiga, número de fileiras de grãos por espiga, peso de grãos, diâmetro e comprimento da espiga, número de plantas por área e o número de espigas por planta (prolificidade), entre outros.

Os componentes que possuem relação com o desenvolvimento da planta são denominados secundários, como altura da planta, altura da espiga, número de dias necessários para o florescimento masculino e/ou feminino, dentre outros. Esses não possuem a mesma eficiência para serem utilizados na seleção indireta para produtividade. Com isso a escolha dos caracteres a serem utilizados para a seleção indireta devem atender a algumas condições como estar correlacionado geneticamente à produtividade, possuir alta herdabilidade, e apresentar fácil mensuração (Nascimento Júnior; Môro; Môro, 2021).

O milho é uma das espécies mais estudadas nas ciências agronômicas e muitas informações sobre a herança de caracteres de interesse agronômico estão disponíveis na literatura (Baretta et al., 2017; Beyene et al., 2016; Ferreira Júnior et al., 2020). Entre os fatores que contribuíram para o interesse por essa cultura está seu elevado valor econômico, diversidade e variabilidade genética, e a facilidade de se obter diferentes tipos de progênies (Nass; Paterniani, 2000). Todavia, a obtenção de genótipos superiores é cada vez mais desafiadora para os programas de melhoramento, sendo necessária a avaliação de grande número de indivíduos e a obtenção de diferenças mínimas entre os genótipos. Assim, ainda há muito a ser estudado para que o milho alcance o seu máximo potencial produtivo.

3.3. Seleção recorrente

O melhoramento de plantas alógamas consiste em realizar cruzamentos entre genótipos ou populações com caracteres de interesse, conduzir a população utilizando os métodos de melhoramento estabelecidos, e selecionar genótipos com alta frequência de alelos favoráveis para formarem novas populações ou para servirem de fontes de novas linhagens (Hallauer et al., 2010; Sajjad et al., 2020).

A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento que envolve basicamente quatro etapas: a primeira é caracterizada pela obtenção de progênies; a segunda envolve a avaliação das progênies em experimentos com repetições em diferentes ambientes; a terceira fase é a seleção de progênies com melhor desempenho na fase de avaliação; e a quarta fase é a recombinação das progênies selecionadas para formar a próxima geração (Ramalho et al., 2012).

De acordo com Freitas et al. (2012) o programa de seleção recorrente inicia-se com o intercruzamento dos genitores com o objetivo de formação da população-base, os genitores devem ter o melhor desempenho possível para o caractere sob seleção. A obtenção de progênies de meios-irmãos se dá por meio da seleção dessa população base, em que amostras de sementes de cada espiga são semeadas em fileiras individuais. As plantas inter cruzam-se aleatoriamente e por ocasião da maturação, colhe-se a espiga de cada planta selecionada, iniciando novo ciclo de seleção.

A seleção recorrente pode ser realizada em esquema intrapopulacional ou interpopulacional. Na seleção recorrente intrapopulacional visa o melhoramento "per se" da população, ou seja, aumentar a frequência de alelos favoráveis naquela população. Na interpopulacional são utilizadas duas populações e visa melhorar o resultado do cruzamento entre estas duas populações, de forma que uma população serve como testadora da outra com intuito de explorar a heterose, e as duas populações são conduzidas paralelamente (Lima et al., 2018; Hallauer et al., 2010).

O método mais utilizado na seleção recorrente intrapopulacional é a seleção de progênies de meios-irmãos, devido à facilidade de condução já que não há necessidade de cruzamentos manuais ou controle de polinização; rapidez de implantação; e permite ganhos satisfatórios durante os ciclos de seleção recorrente (Rodvalho et al., 2014).

Os tipos de progênies para diferentes objetivos dentro de um programa de melhoramento de milho são as de meios-irmãos, as de irmãos-germanos e as endogâmicas. As progênies de meios-irmãos possuem apenas o genitor feminino conhecido. As progênies de

irmãos germanos ou irmãos completos são as obtidas pelo cruzamento em pares específicos de plantas selecionadas, ou seja, estas são originadas do mesmo genitor masculino e do mesmo genitor feminino. Já as progênies endogâmicas são as originadas pela autofecundação de plantas selecionadas, sejam elas originadas de progênies de meios-irmãos, irmãos-completos ou aleatórias na população (Hallauer et al., 2010). Independentemente do método de condução, a população melhorada pode ser utilizada como uma nova variedade ou como fonte de linhagens para a obtenção de híbridos (Crispim Filho, 2018).

Carvalho et al. (2003) verificaram aumento da produtividade de 6.914 a 7.807 kg ha⁻¹ (ciclo original e segundo ciclo), em três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional em progênies de meios-irmãos da população de milho CPATC-3, sendo que a população apresentou variabilidade genética e potencial de produtividade.

Com o uso da seleção recorrente interpopulacional Sajjad et al. (2020) em três ciclos sucessivos de seleção em progênies endogâmicas da população de milho PSEV3, conseguiram obter aumento de produtividade de 5.555,54 kg ha⁻¹, no ciclo original, a 7.102,90 kg ha⁻¹, no segundo ciclo de seleção, representando aumento de 13,93%, mostrando-se resposta positiva da seleção com ganho genético significativo para característica de rendimento de grãos.

3.4. Parâmetros genéticos de caracteres quantitativos

Para selecionar populações com alto potencial para serem utilizadas no melhoramento, é necessário estimar o efeito ambiental e o efeito genético na expressão desses caracteres através da estimação de parâmetros genéticos e seus componentes da variância (Vencovsky, 1987). A obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos como variância fenotípica, variância genética, herdabilidade, e ganho de seleção, permite que o melhorista estime o quanto da variabilidade existente numa população de interesse é herdável (Ribeiro et al., 2016).

O método clássico para estimar-se os componentes da variância fenotípica de um caractere é a análise de variância dos dados experimentais. Nessa abordagem, os quadrados médios da análise são igualados às respectivas esperanças matemáticas, de acordo com o modelo estatístico pré-estabelecido e assim são estimadas as variâncias de diferentes naturezas. Dessa forma, vários tipos de populações podem ser avaliados para diferentes caracteres, tais como linhagens, clones, linhagens, F₁'s, progênies, entre outras (Vencovsky & Barriga, 1992).

A variabilidade existente dentro de uma população é denominada variância fenotípica (σ^2_f) é o resultado da somatória entre os componentes da variância genética (σ^2_g) e a variância ambiental (σ^2_e) (Gage et al., 2017). A variância genética é composta pela variância aditiva (σ^2_A), de dominância (σ^2_D) e epistática (σ^2_{EP}), as quais são as ações gênicas envolvidas no controle genético da expressão de caracteres. O componente de variação ambiental é uma medida das fontes de variação não controláveis, denominado erro experimental (Hill; Goddard; Visscher, 2008). A interação progênies com ambientes se faz o principal fator que contribui para magnitude desses desvios de precisão nas estimativas de parâmetros genéticos (Vencovsky & Barriga, 1992; Bonomo et al., 2000).

O componente de variação genética é causado pelas diferenças genéticas entre os indivíduos. Torna-se importante quantificar a proporção da variação fenotípica que corresponde ao ambiente e a variação correspondente ao genótipo, para poder estimar com melhor precisão experimental a resposta dos genótipos nos ambientes testados. Os melhoristas não apenas escolhem populações com altas médias fenotípicas, mas também populações com larga e expressiva variância genética (Gage et al., 2017).

Carvalho et al. (2003) estudaram a população CPATC-3 de milho e verificaram variações nas estimativas de variância genética aditiva para produtividade de grãos de 303,04 a 481,02 g planta⁻¹ em três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional, com coeficientes de herdabilidade variando entre 40,0% a 48,6%. Ferreira Júnior et al. (2020) no 15º e 16º ciclos de seleção recorrente interpopulacional, encontraram estimativas de variância genética aditiva para peso de espiga de 3,51 e 0,22 kg e peso de 100 grãos de 21,82 e 9,41 g, respectivamente. Os resultados mostraram que, mesmo após dezesseis ciclos de seleção recorrente, as populações sob seleção apresentaram alto potencial para ganhos genéticos satisfatórios.

Com a estimação dos componentes de variância é possível estimar a herdabilidade (h^2), que é um dos parâmetros que mais auxilia a tomada de decisões no programa, pois reflete o quanto da variabilidade fenotípica é herdada pelas próximas gerações para um caractere em particular, ou seja, o quanto da variação fenotípica é devido às causas genéticas. É possível estimar a herdabilidade no sentido amplo, que considera o efeito da variância genética total da população, e herdabilidade no sentido restrito, que considera apenas o efeito da variância genética aditiva (Hallauer et al., 2010; Ramalho et al., 2012).

Beyene et al. (2016) avaliaram o rendimento de grãos em populações de milho em segundo ciclo de seleção recorrente e encontraram valores de herdabilidade entre 32% a 75% em condições hídricas ótimas e de 7% a 49% sob déficit hídrico. Baretta et al. (2017) observaram herdabilidades de 80%, 91% e 92% para altura de plantas, peso de grãos por

espiga e rendimento de grãos por parcela, respectivamente. Ainda estimativas de herdabilidade para produtividade de grãos em milho foram encontradas de 39 % a 56% (Berilli et al., 2013; Nardino et al., 2016).

Apesar da herdabilidade ser um parâmetro utilizado em diversos programas de melhoramento, suas estimativas em diferentes literaturas podem apresentar ampla variação. Os fatores que influenciam suas estimativas, são a natureza do caractere mensurado, a constituição genética de cada população, o nível de endogamia da população, as condições experimentais inerentes a cada estudo, entre outros (Hallauer et al., 2010).

Outra abordagem para otimizar o processo de melhoramento de milho por seleção recorrente é a utilização da seleção simultânea de caracteres por meio de índices de seleção. Esses índices têm por objetivo selecionar genótipos que combinem, de forma mais equilibrada, as melhores características desejadas pelo melhorista com base na avaliação de um complexo de caracteres (Vieira et al., 2017). Com isso, espera-se que haja melhor distribuição de ganhos genéticos para os caracteres (Berilli et al., 2013). Dentre os índices de seleção mais utilizados, pode-se citar o Índice de Smith (1936) & Hazel (1943), Índice de Williams (1962), Índice de Mulamba & Mock (1978) e o Índice Z de Mendes et al. (2009), cada um apresentando suas metodologias particulares de aplicação. O grande destaque se dá para o índice de Mulamba & Mock (1978), que consiste no ordenamento dos genótipos quanto ao caractere desejado e, posteriormente, na soma dos postos dos múltiplos caracteres (Berilli et al., 2013; Vieira et al., 2017).

A predição de ganho para um ou mais caracteres quantitativos, por diferentes métodos de seleção, é um dos pontos principais da aplicação da genética quantitativa no melhoramento. O conceito de ganho de seleção pode ser entendido como a alteração direcionada da média de um ou mais caracteres de dada população para patamares de interesse. A estimação desse parâmetro pode ser feita sob diferentes métodos de seleção. Geralmente, quando se pretende avaliar o potencial de ganho de uma população, o método mais utilizado é o de seleção de famílias, como as de meios-irmãos, irmãos-germanos ou famílias endogâmicas (Hallauer et al., 2010).

De acordo com Crispim Filho (2018), o ganho de seleção é estimado levando-se em consideração a herdabilidade, seja ela no sentido amplo ou restrito, e a diferença entre a média dos indivíduos selecionados e a média original, esse último denominado diferencial de seleção. Assim, altos ganhos genéticos aliados a altas estimativas de herdabilidade, oferecem condições mais adequadas para a seleção de genótipos superiores.

Carvalho e Souza (2007) avaliaram o comportamento da variabilidade genética de uma variedade de milho de polinização aberta proveniente de uma população Pool 21 e denominada BR5011 Sertanejo, no decorrer de dezessete ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos, e três ciclos de seleção massal no período de 1985 a 2005 em diferentes locais. Verificaram que o ganho acumulado de produtividade foi de 1.922,00 kg ha⁻¹ entre os ciclos quatro a dezessete, equivalente a 35,8%, demonstrando um alto potencial produtivo, associado a uma ampla base genética da variedade selecionada.

Silva (2018) ao utilizarem o índice IMM de Mulamba & Mock (1978) obtiveram ganhos de seleção para PG de 11,99% na população de milho CRE-01 e 13,68% para a população CRE-02, que é o principal caractere de interesse em um programa de melhoramento de milho. Além disso, na população CRE-02, este índice proporcionou ganhos negativos para FM (-0,25%).

3.5. Interação progênes x ambientes

O aumento significativo da produção de milho no Brasil principalmente na região centro-sul do país tem estimulado os programas de melhoramento da cultura a selecionar progênes que sejam adaptáveis às condições climáticas das diferentes épocas de semeadura.

A manifestação fenotípica diferenciada das progênes conforme a variação de ambiente, é o resultado da ação gênica sob influência do ambiente. Essa manifestação pode beneficiar ou prejudicar as progênes com adaptação específica aos ambientes favoráveis ou desfavoráveis. Porém, quando se avalia as progênes em vários ambientes, nota-se um efeito adicional em virtude da interação das progênes com os ambientes.

A interação entre progênes x ambientes ocorre quando há respostas diferenciadas das progênes avaliadas em diferentes ambientes. Segundo Cruz et al. (2004) a interação progênie x ambiente pode ser dividida em forma simples e complexa. A forma simples ocorre através da falta de variabilidade entre as progênes nos ambientes, sem alterar a posição relativa entre eles. Essa interação não dificulta o trabalho do melhorista, pois a progênie superior é a mesma em todos os ambientes. A interação complexa indica a inconsistência da superioridade das progênes com a variação ambiental o que dificulta a seleção para mais de um ambiente (Cargnin et al., 2006). Em estudo realizado por Candido et al. (2011) houve predomínio da interação do tipo simples para maioria dos caracteres avaliados, exceto para o caractere prolificidade, que revelou 86% de interação do tipo complexa.

A interação entre progênies x ambientes pode interferir na recomendação de cultivares de ampla adaptação e influenciar no ganho de seleção, além de dificultar o trabalho do melhorista, que precisa adotar critérios para a seleção de progênies superiores. Quando se selecionam progênies para cada local, ocorre o aproveitamento da interação e o maior ganho de seleção. Contudo, a seleção com base na média dos ambientes resulta em menor ganho por seleção, devido a menor variância genética (Cruz et al., 2004).

Devido às diferenças climáticas existentes entre os ambientes, é importante que os programas de melhoramento genético de milho avaliem a existência e magnitude da interação progênies x ambientes. Desse modo, permite indicar a necessidade ou não da condução de programas específicos para cada ambiente.

3.6. Caracteres de importância agronômica em milho

A produtividade de grãos é o principal objetivo dos trabalhos de melhoramento na cultura do milho. É um caractere de herança complexa, controlado por um grande número de genes e muito influenciado pelo ambiente. A forma mais eficiente para estimar a produtividade é a pesagem dos grãos colhidos de todas as plantas ou de uma amostra representativa da parcela após a colheita (Lauer, 2002). O controle genético da produtividade em milho apresenta efeitos não-aditivos mais pronunciados que os aditivos (Sibov et al., 2003) e possui herdabilidade muito variável, sendo relatada por Lima Neto e Souza Junior (2009) estimativas de 56,36% e 42,91%, em progênies de meios-irmãos de milho, em primeiro e segundo ciclo de recombinação, respectivamente. Porém Cândido et al. (2011) avaliaram progênies da população Isanão VF-1 de milho e estimaram herdabilidade de 81,26% para esse caractere.

A altura da planta é outro caractere agronômico de grande importância no melhoramento de milho (Wang et al., 2016). É um caractere quantitativo complexo controlado por um grande número de genes de pequeno efeito, com controle genético predominantemente aditivo (Sibov et al., 2003). Entre os caracteres agronômicos secundários, as maiores estimativas de herdabilidade são para altura das plantas. Li et al. (2017) verificaram estimativas de herdabilidade de 94%, para a população Z1 e 86% para Z2, em cinco ambientes. Em estudo realizado por Candido et al. (2011) em progênies de meios-irmãos do Composto Isanão VF-1 de milho observaram valor de herdabilidade de 81,26%.

Assim como a altura de plantas, a altura de espigas também é muito utilizada para a seleção de genótipos superiores de milho, devido estar relacionada com o acamamento e/ou quebramento de plantas. Espera-se que plantas com alturas similares, mas com altura de espigas menor, sejam mais resistentes ao acamamento e/ou quebramento (Wang et al., 2016). Também são caracteres poligênicos com efeitos aditivos mais pronunciados que os não-aditivos (Hallauer et al., 2010). Andrade; Miranda Filho (2008) encontraram herdabilidade de 68,6% em progênies de meios-irmãos de milho ESALQ-PB1.

A posição relativa da espiga é a relação entre a altura da espiga e a altura da planta. São caracteres poligênicos com efeitos aditivos mais pronunciados que os não-aditivos (Mahmood et al., 2004). Também na população de milho ESALQ-PB1, Andrade e Miranda Filho (2008) observaram herdabilidade de 56,5% para esse caractere. No trabalho de Lima Neto e Souza Júnior (2009) utilizando seleção recorrente em progênies de meios-irmãos, verificaram herdabilidade de 33,66% no primeiro ciclo de recombinação e 4,39% no segundo ciclo de recombinação, na população de milho EPB-4.

O número de dias necessários para o florescimento em milho é um caractere especialmente avaliado quando o objetivo é a obtenção de cultivares mais precoces, o que é cada vez mais necessário devido ao aumento do cultivo de segunda safra de milho, sucedendo principalmente a cultura da soja. As cultivares precoces são preferíveis devido ao menor período em campo e, conseqüentemente menos exposição ao estresse hídrico (Araus; Serret; Edmeades, 2012). É um caractere oligogênico com presença de efeitos gênicos aditivos e de dominância (Coles et al. 2010; Romay et al. 2013). Bello et al. (2012) avaliaram dez variedades de milho de polinização aberta e verificaram estimativas de herdabilidade de 77,54%. Câmara et al. (2007) ao estudarem duas populações de milho tropical, denominadas D e U, observaram herdabilidade de 94,12% e 95,30%, respectivamente.

Diante do exposto, é notória a grande importância da mensuração desses caracteres agrônômicos nos programas de melhoramento de milho. Esses são a chave do processo de seleção direta visando maior eficiência na obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados aos diferentes ambientes de cultivo. Porém, vale ressaltar que as estimativas de herdabilidade, desses componentes de produção podem variar de estudo para estudo, devido à constituição genética das populações, às interações com os ambientes e à metodologia utilizada na obtenção dessas informações.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Local do experimento

Os experimentos foram conduzidos no período de 2021/2022 na área experimental do *campus* CEDETEG da Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), em Guarapuava-PR. O clima da região é temperado, classificado como Cfb, de acordo com a classificação de Köppen (Dubreuil et al., 2018), altitude de 1100 m, precipitação média anual de 1.800 mm e temperatura média anual de 18,2 °C. O solo no local do experimento é classificado como Latossolo Bruno, esse tipo de solo tem como característica ser bem desenvolvido, bastante intemperizado, possuir textura muito argilosa e alta taxa de infiltração (EMBRAPA, 2006).

4.2. Material genético e delineamento experimental

A população de milho a partir da qual foram obtidas as progênies de meios-irmãos que foram avaliadas, caracteriza-se como um composto denominado de CDT-1, obtido na safra 2017/2018 a partir do intercruzamento de 52 híbridos de alto rendimento nas condições da safra de verão no Estado do Paraná. Inicialmente a população-base foi submetida a um ciclo de recombinação através do método Irlandês e dois ciclos de seleção massal, realizados em Guarapuava-PR.

Foram avaliadas 140 progênies de meios-irmãos do composto CDT-1 de milho e quatro testemunhas comerciais (DKB235 PRO3, DKB290 Trecepta, SHS7970 PRO3 e P2501), as quais foram semeadas em duas épocas: 18 de setembro e 27 de outubro de 2021.

O delineamento experimental foi em látice triplo 12 x 12, sendo a parcela constituída de uma linha de 5,0 m com dezessete plantas, espaçamento de 0,45 m entre linhas, totalizando população equivalente a 75.555 plantas ha⁻¹.

4.3. Condução dos experimentos

A área foi dessecada com Glifosato 30 dias antes da semeadura. A adubação de base foi realizada conforme a análise de solo da área e as recomendações para a região Centro Sul do Paraná na cultura do milho. Na semeadura foram aplicados 350 kg ha⁻¹ de N-P-K, formulação 08-20-20, e a adubação de cobertura foi realizada com duas aplicações de 200 kg ha⁻¹ de ureia

(46-00-00) cada, nos estádios V2-V3 e V5-V6.

A semeadura foi realizada manualmente com auxílio de matracas, com profundidade de 0,02m, sendo depositadas 25 sementes por linha. No estádio fenológico de V2 foi realizado o desbaste, a fim de manter o estande final uniforme nas parcelas (17 plantas por linha) com população equivalente a 75.555 plantas ha⁻¹. O manejo para o controle de insetos realizou-se com tratamento de sementes (Imidacloprido e Tiodicarbe) e de acordo com a necessidade e a recomendação técnica para a cultura na região. Outros tratos culturais foram realizados de acordo com a recomendação e necessidade da cultura. Em virtude de ser a segunda e terceira etapa do primeiro ciclo de seleção recorrente, não necessitou isolamento da área ou assíncrona como áreas vizinhas de milho.

A colheita das parcelas foi realizada de forma individual, quando as plantas atingiram a maturidade fisiológica dos grãos (R6), sendo da primeira época de semeadura (18/09/2021) a colheita ocorreu dia 14/03/2022, totalizando 177 dias a campo, e da segunda época de semeadura (27/10/2022) a colheita foi realizada no dia 06/04/2022, com 161 dias a campo. Todas as espigas foram colhidas, debulhadas e pesadas e encaminhadas para determinação da produtividade. Após, essa produção foi utilizada como grão.

Os dados meteorológicos quanto às precipitações pluviométricas e temperaturas médias desde o período da implantação dos dois experimentos até a colheita (setembro/2021 a abril/2022) para Guarapuava – PR, foram obtidas na estação meteorológica do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná/IAPAR-EMATER, localizada em Guarapuava – PR, e estão apresentados na Figura 1.

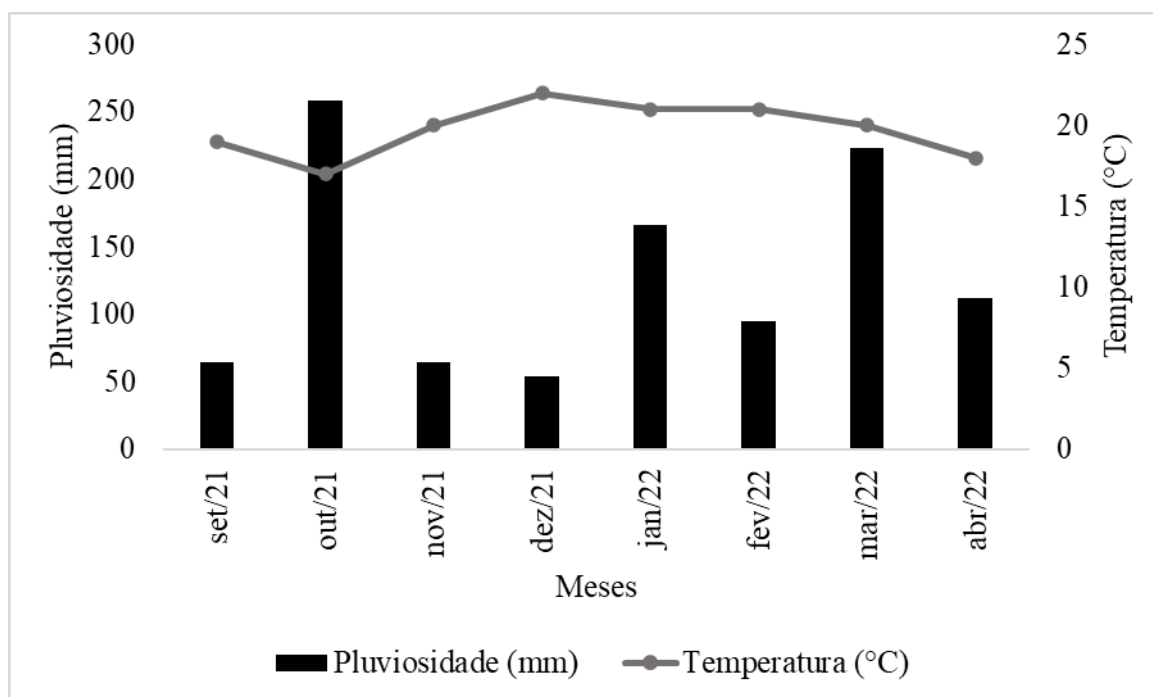


Figura 1: Dados de precipitação pluviométrica (mm) e temperatura média (°C) por meses, no Município de Guarapuava (PR), no período de setembro a abril na safra agrícola 2021//2022. Guarapuava. IDR-Paraná/IAPAR-EMATER, 2022.

4.4. Caracteres agronômicos avaliados

Foi realizada a avaliação das 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas comerciais, quanto às seguintes características:

- Florescimento masculino (FM): número de dias da semeadura até que 50% das plantas da parcela apresentassem anteras liberando pólen;
- Altura de plantas (AP): altura média, em cm, de cinco plantas aleatórias da parcela, medida após o florescimento masculino, do nível do solo até a inserção da última folha superior (folha bandeira);
- Altura de espigas (AE): média da altura das espigas, em cm, de cinco plantas aleatórias da parcela, sendo medida após o florescimento masculino, do nível do solo até a inserção da espiga superior no colmo;
- Posição relativa das espigas (AE/AP): média da razão entre altura de espigas e altura de plantas dos mesmos indivíduos a que se referem os itens “b” e “c”;
- Peso de mil grãos (PMG): obtido em uma amostra aleatória de 300 grãos da parcela, em gramas, e estimado para mil grãos (g), pela seguinte equação (Brasil, 2009):

$$\text{PMG} = \text{Peso da amostra} \times 1000 / \text{n}^\circ \text{ total de sementes}$$

- f) Produtividade de grãos (PG): peso de grãos colhidos em toda área útil da parcela em gramas por parcela, e posteriormente transformado para quilos por hectare (kg ha^{-1}).

O peso de 1000 grãos (PMG) foi corrigido a umidade para 13% e produtividade de grãos (PG) foram corrigidos para o estande ideal (17 plantas) por meio da análise de covariância ideal, e também para 13% de umidade pela seguinte equação, para ambos. Após estas correções, os dados de PG foram transformados para kg ha^{-1} .

$$PC = PS (100-UD)/87$$

em que:

PC: peso obtido para a variável padronizado para 13% de umidade;

PS: peso original obtido para a variável;

UD: porcentagem de umidade observada.

4.5. Análises estatísticas

Os dados foram submetidos à análise de variância individual, de acordo com o modelo em delineamento em látice triplo, porém, devido à baixa eficiência do látice (<110), as análises de variância foram realizadas no delineamento em blocos casualizados (DBC), com três repetições, considerando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{il} = m + t_i + b_j + e_{il}$$

Em que:

Y_{il} é a observação referente ao i -ésimo tratamento no bloco j ;

m é a média geral do experimento;

t_i é efeito aleatório do i -ésimo tratamento, $i = 1, 2, \dots, 144$;

b_j é o efeito aleatório do j -ésimo bloco, $j = 1, 2, 3$;

$e_{il(j)}$ é o erro aleatório associado à observação $y_{il(j)}$.

Na sequência foi realizado o teste de homocedasticidade (Bartlett, 1937), e após a constatação de variâncias homogêneas, foi realizada a análise de variância conjunta, considerando os experimentos em ambas as épocas de semeadura, segundo o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b/a_{jk} + a_j + ta_{ij} + e_{ijk}$$

Em que:

Y_{ilk} é valor observado para o tratamento i do bloco j no experimento k ;

m é a média geral dos experimentos;

t_i é o efeito aleatório do tratamento i ($i = 1, 2, 3, \dots, 144$);

b/a_{jk} é o efeito do bloco k ($k = 1, 2, 3$) dentro do ambiente j ($j = 1, 2$);

a_j é o efeito do ambiente j ($j = 1, 2$);

ta_{ij} é o efeito da interação do tratamento i com o ambiente j ; e

e_{ijk} é o erro associado à observação Y_{ilk} .

A partir dos quadrados médios da análise de variância conjunta, considerando o efeito aleatório dos tratamentos, foram estimados os componentes de variância conjunta fenotípica, variância genética, variância ambiental, variância da interação progênes x ambientes e herdabilidade para todos os caracteres, conforme Regazzi et al. (1999).

a) Variância fenotípica entre progênes de meios-irmãos:

$$\sigma^2_f = \text{QMP} / sr$$

QMP: quadrado médio das progênes;

s: número de ambientes;

r: número de repetições

b) Variância genética entre progênes de meios-irmãos:

$$\sigma^2_g = \text{QMP} - \text{QMR} / sr$$

Em que:

QMP: quadrado médio das progênes;

QMR: quadrado médio do resíduo;

s: número de ambientes;

r: número de repetições.

c) Variância da interação progênes x épocas:

$$\sigma^2_{PE} = (\text{QMPE} - \text{QMR}) / r$$

Em que:

QMPE: quadrado médio da interação progênes x épocas;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r: número de repetições.

- d) Coeficientes de herdabilidade no sentido amplo para seleção na média de progênies de meios-irmãos:

$$h^2 = \sigma^2_g / \sigma^2_f$$

Em que:

σ^2_g : variância genética;

σ^2_f : variância fenotípica.

Os coeficientes de variação ambiental ($CV_e\%$) e genético ($CV_g\%$), e índices de variação (θ) foram determinados utilizando os estimadores:

- a) Coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$)

$$CV_e\% = 100 * \sigma_e / m$$

Em que:

σ_e : desvio padrão residual;

m: média geral para o caractere.

- b) Coeficiente de variação genético ($CV_g\%$)

$$CV_g\% = 100 * \sigma_g / m$$

Em que:

σ_g : desvio padrão genético;

m: média geral para o caractere.

- c) Índice de variação

$$\theta = (CV_g / CV_e)$$

Foram estimados os ganhos genéticos com a seleção entre progênies de meios-irmãos de milho (GS e $GS\%$), conforme Regazzi et al. (1999), para os caracteres avaliados:

$$GS = ds * h^2_{mX}$$

$$GS\% = 100 * GS / m$$

Em que:

ds: diferencial de seleção ($\bar{X}_{sx} - \bar{X}_{ox}$), em que \bar{X}_{sx} é a média das progênes selecionadas numa intensidade de 20% e \bar{X}_{ox} é a média geral das progênes para o caráter X; e h^2_{mX} : é a herdabilidade na média das progênes para o caráter X.

Procedeu-se a seleção simultânea para os múltiplos caracteres utilizando o índice da soma de postos (IMM) de Mulamba & Mock (1978), o qual foi obtido a partir da transformação das observações fenotípicas das progênes em postos (ou *ranks*), de acordo com o estimador (Ramalho et al., 2012).

$$(IMM)_{(i)} = \sum_{k=1}^n r_{ik} = r_{i1} + r_{i2} + \dots + r_{in}$$

Em que:

(IMM): valor do índice de Mulamba & Mock associado à progênie i; e

r_{ik} : é o posto associado a observação fenotípica da progênie i para o caráter k.

Todas as análises estatísticas foram realizadas com a utilização do programa estatístico GENES (Cruz, 2013).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise de variância conjunta

As análises de variância preliminares mostraram baixa eficiência do delineamento em látice (< 110%) (Hallauer & Miranda Filho, 1988) para a maioria dos caracteres. Neste caso optou-se por realizar as análises no delineamento em blocos casualizados, uma vez que a eficiência variou entre 105,55 a 114,90% na primeira época de semeadura, e entre 99,98 a 102,73% na segunda época.

As progênes apresentaram diferenças significativas ($p \leq 0,01$) para a maioria dos caracteres nas análises individuais (Anexos A e B), e pra todos os caracteres na análise conjunta, considerando as duas épocas de semeadura (Tabela 1). Isso indica presença de variabilidade genética passível de ser explorada para obtenção de ganhos em caracteres de interesse com o melhoramento dessa população em ciclos recorrentes de seleção.

Houve diferença significativa ($p \leq 0,01$) do contraste entre os grupos (progênes vs testemunhas) para os caracteres AE, AE/AP, FM e PMG. Para testemunhas não houve efeito significativo para todos os caracteres. No desdobramento verificou-se efeito significativo da interação testemunhas x épocas ($p < 0,01$) para AE/AP e PG, e para AE e PMG ($p < 0,05$) e da interação progênes x épocas para AP, PG e PMG ($p < 0,01$), o que evidencia comportamento diferenciado das progênes frente às oscilações ambientais (Tabela 1). Assim, com exceção desses caracteres, a seleção pode ser com base no desempenho médio envolvendo as duas épocas, já que as progênes não apresentaram desempenho diferenciado face às variações ambientais.

Devido à fonte de variação “épocas” ter sido significativa para a maioria dos os caracteres ($p \leq 0,01$ e $p < 0,05$), exceto PG (Tabela 1), observa-se a influência diferenciada de cada época sobre o desempenho dos caracteres avaliados.

Os coeficientes de variação experimental foram satisfatórios para ambas as épocas, classificando os caracteres, como de baixa variação, cujo maior valor foi 10,32% para a produtividade de grãos. Esses valores são próximos aos relatados na literatura e indicam boa precisão experimental e consistência na estimação dos parâmetros genéticos para garantir eficiência na seleção (Scapim; Carvalho; Cruz, 1995; Berilli et al., 2013).

Tabela 1. Resumo das análises de variância conjunta de caracteres agronômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados em duas épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

FV	GL	Quadrados médios		
		AP	AE	AE/AP
Blocos/Ambiente	4	1070,48	1761,41	0,0144
Tratamentos (T)	143	194,06*	208,17**	0,0025**
Grupos (G)	1	38,79	88,94**	0,0048**
Progênies (P)	139	199,05**	213,04**	0,0025**
Testemunhas (Te)	3	14,78	22,28	0,0003
Épocas (E)	1	223526,17**	33127,89**	0,2041*
T x E	143	137,50**	87,33	0,0010
G x E	1	701,87**	73,42	0,0017
P x E	139	133,62**	84,31	0,0010
Te x E	3	129,17	232,05*	0,0046**
Resíduo	572	98,61	81,61	0,0010
Total	863			
Média Progênies		209,12	120,13	0,58
Médias testemunhas		207,83	122,08	0,59
CV%		4,75	7,52	5,40

FV	GL	Quadrados médios		
		FM	PG	PMG
Blocos/Ambiente	4	60,29	1186276,21	346,57
Tratamentos (T)	143	16,16**	7816457,88**	1823,63**
Grupos (G)	1	14,06**	2123482,28	343,61**
Progênie (P)	139	16,39**	7984484,58**	1837,89**
Testemunha (Te)	3	6,11	1928879,47	1656,28
Épocas (E)	1	31344,46**	59016677,09	64063,22**
T x E	143	5,61	4211436,36**	757,35**
G x E	1	1,27	3306275,87	117,37
P x E	139	5,66	4183249,11**	764,40**
Te x E	3	4,94	5819165,57**	644,26*
Resíduo	572	8,19	902096,19	216,08
Total	863			
Média Progênies		83,56	9.202,84	352,34
Média testemunhas		84,33	8.909,55	356,18
CV%		3,42	10,32	4,17

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

**, * significativo a 1% e 5% pelo teste F, respectivamente.

5.2. Médias e estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas de variância genética (σ_g^2) e de herdabilidade na média de progênies (h^2) para FM foram 1,79 e 65,58%, respectivamente (Tabela 3). Essa herdabilidade alta indica

que a seleção praticada para esse caractere deve proporcionar ganhos significativos. Paterniani et al. (2015) para esse caractere verificaram 1,47 para σ^2_g e 64,5% para h^2 em 150 progênies de irmãos-germanos de milho em dois ambientes de avaliação.

As médias de florescimento masculino (FM) variaram de 73,83 dias a 86,83 dias para as progênies de meios-irmãos da população CDT-1 de milho avaliada, considerando ambas as épocas de semeadura (Anexos C) e a amplitude das médias de FM foi de 13 dias. Essas diferenças indicam que a duração da fase vegetativa foi divergente entre as progênies. Pode-se sugerir que há possibilidade de seleção de progênies com menor ciclo, reduzindo o tempo da cultura no campo, principalmente em períodos críticos de desenvolvimento e tornando-a mais adequada para a prática de segunda safra (Câmara et al. 2007; Chavaglia, 2016).

Em relação às testemunhas comerciais, as progênies de meios-irmãos apresentaram, mesmo que discreto, menor número de dias para o FM, correspondendo de 89,67 dias a 91,67 dias; e de 76 dias a 80 dias a médias das testemunhas para FM, para primeira e segunda época de semeadura, respectivamente (Tabela 2). O contraste entre progênies e testemunhas, na primeira época de semeadura foi significativo (Anexo A).

De modo geral, as progênies de meios-irmãos apresentaram valores de FM semelhantes aos híbridos comerciais de ciclo precoce disponíveis no mercado e as progênies que se destacaram em ambas as épocas de semeadura estão apresentadas no Anexo C.

Juntamente com a herdabilidade, as estimativas do índice de variação (θ) constituem uma medida de influência do ambiente sobre a expressão dos fenótipos e fornece informações sobre a eficiência de realizar seleção. Para FM tiveram valores de 0,47, indicando situação pouco favorável à seleção, porém, os programas de melhoramento atuais buscam por populações mais precoces, devido ao aumento do cultivo de segunda safra de milho sucedendo principalmente a cultura da soja, visando maior aproveitamento de chuvas e evitação de veranicos em períodos críticos de desenvolvimento da cultura (Câmara et al., 2007; Araus; Serret; Edmeades, 2012).

Tabela 2. Médias de 140 progênies meios-irmãos e quatro híbridos comerciais (DKB 235 PRO3, DKB 290 Trecepta, SHS 7970 PRO3, e P2501) de milho para os caracteres avaliados em duas épocas de semeadura. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Primeira época de semeadura						
Médias	AP	AE	AE/AP	FM	PG	PMG
Progênies	193,19	113,99	0,59	89,57	8.960,32	361,01
DKB 235 PRO3	189,33	117,33	0,62	91,00	8.510,88	342,00
DKB 290 Trecepta	180,67	109,00	0,61	90,00	8.015,00	379,05
SHS 7970 PRO3	188,67	109,67	0,58	89,67	10.102,48	382,59
P2501	187,00	120,67	0,64	91,67	6.500,54	346,79
Segunda época de semeadura						
Médias	AP	AE	AE/AP	FM	PG	PMG
Progênies	225,17	126,27	0,56	77,55	9.462,12	343,67
DKB 235 PRO3	229,00	130,33	0,57	78,67	9.798,99	359,37
DKB 290 Trecepta	237,33	131,67	0,55	80,00	10.034,39	362,24
SHS 7970 PRO3	226,00	137,67	0,61	76,00	8.641,37	353,92
P2501	224,67	120,33	0,54	77,67	9.672,75	323,47

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; FM: florescimento masculino (dias); PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

As estimativas de σ_g^2 e h^2 para AP, AE e posição relativa das espigas (AE/AP) indicam variabilidade genética existente entre as progênies (σ_g^2 : 10,91 cm; 21,45 cm; 0,00027), alto grau de correspondência entre o fenótipo e o genótipo (h^2 : 32,89%; 60,40%; 62,79%) (Tabela 3) e, desta forma, favorecendo uma seleção eficiente. Contudo, esses caracteres, para o índice θ , apresentaram valores de 0,33, 0,51 e 0,52, o que caracteriza grande influência ambiental, e conseqüentemente em baixa eficiência seletiva (Vencovsky & Barriga, 1992).

Foram observados valores de 193,19 cm, 113,99 cm e 0,59 para altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e posição relativa das espigas (AE/AP) na média das progênies da população de milho, respectivamente, para primeira época de semeadura. Na segunda época de semeadura as médias de AP, AE e AE/AP foram de 225,17 cm, 126,27 cm e 0,56 cm, respectivamente (Tabela 2). Tal comparação indica que a população (composto CDT-1) já possui valores para AP, AE e AE/AP próximos aos híbridos, não necessitando uma seleção intensa para diminuir a média desses caracteres.

Tabela 3. Estimativas da variância fenotípica (σ^2_f), variância genética (σ^2_g), variância ambiental (σ^2_e), variância da interação progênes x épocas (σ^2_{ga}), herdabilidade no sentido amplo (h^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e índice θ (CV_g/CV_e) para os caracteres avaliados nas 140 progênes de meios-irmãos de milho em duas épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Característica	σ^2_f	σ^2_g	σ^2_e	σ^2_{ga}
AP	33,17	10,91	22,27	11,65
AE	35,51	21,45	14,06	0,68
AE/AP	0,00043	0,00027	0,00016	0
FM	2,73	1,79	0,94	0,85
PG	1330747,43	633539,24	697208,19	1090059,50
PMG	306,31	178,91	127,4	182,59
Característica	h^2	CV_g	CV_e	θ
AP	32,89	1,58	4,75	0,33
AE	60,40	3,85	7,55	0,51
AE/AP	62,79	2,81	5,45	0,52
FM	65,58	1,60	3,43	0,47
PG	47,61	8,64	10,37	0,83
PMG	58,41	3,79	4,18	0,91

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas

(cm); AE/AP: posição relativa das espigas; FM: florescimento masculino (dias); PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

Faluba et al. (2010) avaliaram o potencial genético da população de milho UFV7 para melhoramento e verificaram valores de h^2 (18,39% e 24,01%) e θ (0,29 e 0,32), para AP e AE, respectivamente, sendo valores semelhantes ao encontrado nesse trabalho. Andrade & Miranda Filho (2008) também encontraram valores semelhantes ao presente estudo, sendo σ^2_g e h^2 de 0,0002 e 56% para AE/AP na população de milho ESALQ-PB1.

De acordo com a escala proposta por Pinto et al. (2010), plantas com alturas de 2,20 m a 2,80 m são categorizadas como de porte médio, e plantas inferiores a 2,20 m como de porte baixo. Plantas de porte médio a baixo, além de serem mais desejadas para semeaduras com maior adensamento, são menos susceptíveis ao acamamento e quebramento e facilitam o processo de mecanização da colheita (Gabriel et al., 2018). Nesse contexto, as médias das progênes na primeira época de semeadura variaram de 172,67 cm a 215,00 cm (Anexo D),

sendo todas classificadas como de porte baixo. Porém na segunda época de semeadura as médias foram de 209,33 a 239,67 (Anexos E), sendo categorizadas como de porte baixo a médio. Em virtude da alta variabilidade genética, sendo uma condição favorável para a seleção, as 21 progênies destacadas para esse caractere, conforme a época de semeadura, estão mostradas nos Anexos D e E.

No melhoramento do milho busca-se por plantas menores, compactas e com menor altura de inserção de espigas, com o intuito de diminuir a porcentagem de acamamento e possibilitar o adensamento de plantio. Plantas mais altas e que possuem maior relação AE/AP resultam em aumento das taxas de acamamento e quebraimento, podendo reduzir drasticamente a produtividade de grãos (Teng et al., 2013; Xue et al., 2017). Nesse sentido, o acamamento pode reduzir a produtividade em até 28% durante o estágio V12 e em até 48% durante a fase de enchimento de grãos. Além disso, plantas acamadas ou quebradas são de difícil colheita e geralmente apresentam grãos mal formados (Li et al., 2015).

Em relação ao maior adensamento de plantio, plantas que possuem menores valores de AP, AE e AE/AP são vistas como desejáveis por possibilitarem melhor aproveitamento de luz interceptada pelas folhas no dossel das lavouras, reduzindo a competição entre plantas vizinhas e o seu estiolamento, por conseguinte, diminui o percentual de acamamento (Vieira et al., 2010). Outro fator que faz com que menores alturas da espiga sejam preferidas é a obtenção de maior número de folhas entre a espiga e o pendão. As folhas acima da espiga, além de contribuírem para o aumento da interceptação solar, são responsáveis por 50% a 80% do acúmulo de matéria seca nos grãos, resultando em maior rendimento e produção (Magalhães; Durães; Gomide, 1996). Estes fatos, aliados às estimativas de parâmetros genéticos na população (composto CDT-1) de progênies de meios-irmãos, da primeira época de semeadura, mostram que esta possui variabilidade para atender tais necessidades, mesmo apresentando θ baixo.

Em relação ao maior adensamento de plantio, plantas que possuem menores valores de AP, AE e AE/AP são vistas como desejáveis por possibilitarem melhor aproveitamento de luz interceptada pelas folhas no dossel das lavouras, reduzindo a competição entre plantas vizinhas e o seu estiolamento, e por conseguinte, diminui o percentual de acamamento (Vieira et al., 2010). Outro fator que faz com que menores alturas da espiga sejam preferidas é a obtenção de maior número de folhas entre a espiga e o pendão. As folhas acima da espiga, além de contribuírem para o aumento da interceptação solar, são responsáveis por 50% a 80% do acúmulo de matéria seca nos grãos, resultando em maior rendimento e produção (Magalhães; Durães; Gomide, 1996). Estes fatos, aliados às estimativas de parâmetros

genéticos na população de progênies de meios-irmãos, da primeira época de semeadura, mostram que esta possui variabilidade para atender tais necessidades, mesmo apresentando θ baixo.

Favaroto et al. (2016) ressaltam que plantas maiores tendem a ser mais produtivas, provavelmente porque acumulam maiores quantidades de reservas no colmo e estas são redistribuídas aos grãos na fase de enchimento. Todavia, Moraes e Brito (2017) comentam que plantas altas utilizam mais nutrientes durante o crescimento vegetativo ao invés de utilizá-los na fase reprodutiva, resultam em maturação tardia da espiga.

No estudo de Chavaglia et al. (2016), ao avaliarem 182 progênies de meios-irmãos do composto RV-02 de milho, observaram AP média de 203,4 cm e com variação de 179,80 cm a 232,80 cm, e AE média de 108,9 cm, com variação de 79 cm e 142 cm. Esses valores são semelhantes aos encontrados no presente trabalho na primeira época de semeadura. Oliveira et al. (2015) encontraram médias para AP de 233 cm a 234 cm, e para AE de 119 cm e 123 cm, para as populações CRE-01 e CRE-02, respectivamente, em segundo ciclo de seleção. Esses resultados corroboram com a média da segunda época de semeadura.

As estimativas de σ_{ga}^2 foi de elevada magnitude para produtividade de grãos (PG) ($\sigma_{ga}^2 = 1090059,50$) o que evidencia grande divergência entre as épocas de semeadura e comportamento diferenciado das progênies. Essa interação pode beneficiar ou prejudicar as progênies com adaptação específica a diferentes épocas de semeadura. Contudo, quando se selecionam progênies para cada local e que sejam adaptáveis às condições climáticas das diferentes épocas de semeadura ocorre o aproveitamento da interação e o maior ganho de seleção.

As estimativas da herdabilidade (h^2) foram de 58,41% para PMG e 47,61% para PG, o que indica expressivo efeito genético na expressão desses caracteres, já que as estimativas foram de ordem elevada. Alves et al. (2015) estimaram a herdabilidade para produtividade em progênies de irmãos-completos no quinto ciclo de seleção recorrente interpopulacional e encontraram valores de 59,8% e 74,2%, respectivamente para as duas populações estudadas, e herdabilidade conjunta de 64,2%. O aumento da magnitude das estimativas de herdabilidade nas sequências de ciclos apresentadas é indicativo do acúmulo de alelos favoráveis nas populações.

Chavaglia (2016) obteve herdabilidade de 59,17% ao avaliar 182 progênies de meios-irmãos do composto RV-02, sendo superior em relação às observadas nesse estudo para PG. Levando em consideração a natureza poligênica desses caracteres e a forte influência do

ambiente nas suas expressões, seus índices θ (0,91 para PMG e 0,83 para PG) foram baixos, indicando razoável consistência na seleção das melhores progênies.

O peso de mil grãos (PMG) e a produtividade de grãos (PG) apresentaram médias para as progênies de 361,01 g e 8.960,32 kg ha⁻¹, e 343,67 g e 9.462,12 kg ha⁻¹ na primeira e segunda época de semeadura, respectivamente. Pela maior importância desses caracteres no melhoramento, a média das progênies da população, na primeira época de semeadura, foi numericamente superior quando comparadas com as testemunhas, exceto para o híbrido SHS7970 PRO3, em ambos os caracteres e o híbrido BKB 290 Trecepta, para PMG (Tabela 4). Contudo, levando em consideração ser a segunda parte do primeiro ciclo de seleção recorrente e também quando comparadas com as médias de PG das testemunhas DKB 235 PRO3, DKB 290 Trecepta e P2501, pode-se dizer que o composto CDT-1 tem potencial produtivo a ser explorado. No contraste se obteve diferença significativa entre progênies e testemunhas comerciais na primeira época para PG ($p < 0,01$) (Anexo A).

As médias da PG das progênies de meios-irmãos variaram de 5.338,54 kg ha⁻¹ a 12.188,50 kg ha⁻¹ na primeira época de semeadura, e 5.855,26 kg ha⁻¹ a 12.501,88 kg ha⁻¹ na segunda época de semeadura. Essas amplitudes de variação confirmam a existência de variabilidade genética a ser explorada dentro do composto CDT-1 para esses caracteres. As 21 progênies que se destacaram, na primeira e segunda época, foram apresentadas, nos Anexos D e E.

As médias de produtividade do milho no Brasil e no estado do Paraná na safra 2021/2022 foram de 5.248,00 kg ha⁻¹ e de 5.129,00 kg ha⁻¹, respectivamente (CONAB, 2022; USDA, 2022). Verifica-se que as médias de produtividade de grãos dos experimentos, para primeira e segunda época de semeadura, foram superiores à média nacional e estadual, entretanto são progênies experimentais. Essas maiores médias demonstram que, além do elevado potencial genético apresentado pelas progênies do composto CDT-1, estão relacionadas ao nível de tecnologia adotado nos experimentos e à regularidade de chuvas durante todo o ciclo fenológico do milho (IDR-IAPAR/EMATER) (Figura 1), condição essencial para uma boa produtividade, além da realização da aplicação de ureia adequada e adubação conforme a análise de solo.

A temperatura é um dos principais fatores do ambiente que afetam o desenvolvimento da cultura do milho. Para o crescimento dessa cultura, a faixa adequada de temperatura do ar varia de 24 a 30°C. Cruz et al (2006) compararam temperaturas médias diurnas de 18°C, 21°C e 25°C e verificaram que o milho obteve maior produção de matéria seca e maior rendimento de grãos na temperatura de 21°C. Essa queda de rendimento sobre temperaturas altas se deve

pelo curto período de tempo de enchimento de grãos, devido à diminuição do ciclo da planta. Durante o experimento, ocorreram temperaturas relativamente próximas a este valor.

A produtividade de grãos na segunda época de semeadura é numericamente superior em relação à primeira, e para ambas foi levado em consideração o zoneamento agroclimático da cultura do milho para a região do Centro-Oeste do Paraná, porém, se tem risco climático (20%) (BRASIL, 2023). Dessa forma, é indicada a semeadura mais tardia, para não ocorrer problemas com baixas temperaturas ainda em outubro (CONAB, 2023), além da maior produtividade, sendo possível selecionar progênies que sejam adaptáveis às condições climáticas das diferentes épocas de semeadura.

Oliveira et al. (2015) avaliaram populações de milho no primeiro ciclo em Jataí (GO) e observaram médias de 5.860,00 Kg ha⁻¹ e 6.190,00 Kg ha⁻¹ para PG nas populações CRE-01 e CRE-02, respectivamente. Já o segundo ciclo realizado em Anhembi (SP) as médias das famílias de meios-irmãos para produtividade de grãos (Kg/ha) foram de 10.614,00 e 10.419,00. Carvalho e Souza (2007) constataram aumento da produtividade média de 6.024 a 8.340 kg ha⁻¹ entre o quarto e o décimo sétimo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em progênies de meios-irmãos de milho da variedade BR 5011 em ensaios foram realizados nos municípios de Gararu, Propriá, Poço Verde, Neópolis, Lagarto e Nossa Senhora das Dores, no Estado de Sergipe, e em Cruz das Almas na Bahia. Assim, o material apresentou alto potencial genético para produtividade.

De modo geral, as médias para os caracteres avaliados na população de meios-irmãos de milho foram maiores em relação às testemunhas (híbridos comerciais), e em alguns casos semelhantes, indicando potencial produtivo desta população para programas de seleção recorrente intrapopulacional. Além disso, as estimativas dos parâmetros genéticos deste estudo foram semelhantes, e em alguns casos, superiores a outros estudos com melhoramento de milho envolvendo progênies de meios-irmãos (Carvalho et al., 2003; Carvalho; Souza, 2007; Nardino et al. 2016). É importante destacar que as estimativas de parâmetros genéticos obtidas em diferentes ensaios são de difícil comparação, devido às peculiaridades de cada ensaio, como tipo de progênie utilizada, número de ambientes, número de repetições, entre outros (Hallauer et al., 2010). No entanto, é válida a abordagem de se levantar essas estimativas na literatura para os caracteres analisados, a fim de conhecer suas magnitudes.

5.3. Ganho esperado por seleção (GS)

Na seleção simultânea para todos os caracteres utilizando o índice de Mulamba & Mock (I_{MM}) (1978), a média para PG das progênies selecionadas foi de 9.547,05 kg ha⁻¹, representando um ganho de seleção de 656,01 kg ha⁻¹ (Tabela 4), em duas épocas de semeadura. Os valores para PG em ambas as épocas foram altos e superiores aos observados na literatura para progênies de meios-irmãos de outras populações de milho em processo de seleção recorrente (Heinz et al., 2012).

Tabela 4. Médias das progênies na população original (\bar{x}_o), médias das progênies selecionadas pelo índice (\bar{x}_s), herdabilidade para seleção com base na média de progênies (h^2), estimativas dos ganhos com a seleção realizada a partir Índice de seleção Mulamba & Mock (I_{MM}) (GS e GS%), para os caracteres avaliados nas 140 progênies de meios-irmãos de milho do composto CDT-1 em duas épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Caracteres	\bar{x}_o	\bar{x}_s	h^2 %	GS	GS%
AP	203,75	201,09	69,50	-1,85	-0,91
AE	118,46	112,48	71,76	-4,29	-3,62
AP/AE	0,58	0,56	71,80	-0,01	-2,48
FM	83,80	82,44	61,77	-0,84	-1,01
PG	8.836,87	9.547,05	92,37	656,01	7,42
PMG	350,27	364,56	91,46	13,07	3,73

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; Florescimento masculino (FM); PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

As estimativas do ganho de seleção (GS e GS%) foram de -0,84 dias e -1,01 dias, para FM, respectivamente (Tabela 4), em ambas épocas de semeadura. O sinal negativo indica a direção da seleção para reduzir o tempo de florescimento no próximo ciclo. Essa possível diminuição de dias necessários para o florescimento masculino é importante para caracterizar populações com potencial para melhoramento genético. Os programas de melhoramento moderno buscam populações mais precoces, que possam ser posicionadas nas janelas de safras de cultivo, e aproveitando melhor as chuvas (Câmara et al., 2007), embora a magnitude da estimativa tenha sido inferior a um dia.

Para PMG, na primeira e segunda época de semeadura, o resultado não foi expressivo para ganho percentual com a seleção artificial, de 3,73%. Isso pode ser explicado, porque são considerados componentes primários de produtividade por estarem diretamente ligados, de

forma quantitativa, à expressão da produtividade de grãos (Souza et al., 2014).

As estimativas GS e GS% também apresentaram valores considerados baixos para AP, AE e AE/AP (Tabela 4), de ordem de -1,85 cm e -0,91 cm, -4,29 cm e -3,62 cm, -0,01 cm e -2,48 cm, respectivamente. Os ganhos negativos para esses caracteres são vantajosos, visto que plantas altas e maior relação AE/AP contribuem para o acamamento, comprometendo a qualidade dos grãos ao entrarem em contato com o solo e também dificuldade na colheita mecanizada (Li et al., 2015; Xue et al., 2017). Essas estimativas são inferiores as observadas por Heinz et al. (2012) utilizando progênes de meios-irmãos, que encontraram variação de 0,99% a 8,56% para AP e AE. Santos et al. (2007), trabalhando com progênes de meios-irmãos em milho pipoca e com o índice de Mulamba e Mock (1978), obtiveram ganhos para os caracteres altura de planta (0,56%) e altura de espiga (0,57%).

As 21 progênes selecionadas sob intensidade de seleção de 15%, em duas épocas de semeadura são a P20, P36, P40, P48, P69, P76, P80, P81, P84, P85, P89, P94, P102, P103, P107, P108, P109, P111, P119, P141 e P142. Dessa forma, considerando o IMM, estas apresentaram características favoráveis ao melhoramento e serão utilizadas para a etapa de recombinação através do método Irlandês, em primeiro ciclo de seleção, no programa de melhoramento de milho da UNICENTRO.

A utilização dos índices promove a seleção simultânea para vários caracteres de forma a discriminar progênes que possuem maior quantidade de características favoráveis ao programa de melhoramento (Rodrigues et al., 2011; Vieira et al., 2017). A elevada razão entre os ganhos pelos índices e o ganho pela seleção direta, principalmente para o IMM, a seleção das progênes pelos índices torna-se eficaz devido à seleção simultânea para todos os caracteres analisados, e não apenas uma seleção isolada em PG.

Vieira et al. (2017) com a utilização da seleção recorrente em progênes de meios-irmãos, dos compostos UEM-CO1 e UEM-CO2 de milho pipoca, indicaram o índice de Mulamba & Mock, para seleção de progênes nas duas populações, em virtude da obtenção de ganhos genéticos mais equilibrados entre a PG e a capacidade de expansão, que são caracteres de maior relevância no melhoramento de milho pipoca.

Berilli et al. (2013) através dos índices de seleção de Mulamba & Mock (1978), Williams (1962) e de Smith & Hazel (1936, 1943) estudaram a resposta à seleção no décimo primeiro ciclo de seleção recorrente recíproca entre as populações de milho CIMMYT e Piranão, com progênes de irmãos completos. Entre esses, o índice de Mulamba & Mock foi o que obteve os maiores ganhos para o caractere produtividade de grãos, em torno de 12,90%. Entringer et al. (2016) realizaram a seleção de progênes S₁ de milho doce baseando-se em

índices de seleção e obtiveram maiores ganhos utilizando o índice de Mulamba & Mock (1978) em comparação aos índices de Smith (1936) e Hazel (1943), Williams (1962) e Pesek & Baker (1969).

Nesse sentido, a utilização de índices de seleção pode ser uma ferramenta importante na etapa de seleção de progênies, buscando aumento não só da produtividade de grãos, mas também o melhoramento em outros caracteres de interesse agrônômico, de forma equilibrada e eficiente.

6. CONCLUSÃO

As progênies mostraram diferenças significativas para os caracteres AP, AE, AE/AP, FM, PG e PMG, indicando presença de variabilidade genética satisfatória para obtenção de ganhos em caracteres de interesse.

O composto CDT-1 possui potencial para melhoramento populacional no programa de seleção recorrente.

A alta herdabilidade ($h^2=47,61$) associada às estimativas de ganho de seleção ($GS\%=7,42$) para o caractere produtividade de grãos indicam a possibilidade de seleção de genótipos com elevada produção.

O índice de Mulamba & Mock foi eficiente na seleção das progênies P20, P36, P40, P48, P69, P76, P80, P81, P84, P85, P89, P94, P102, P103, P107, P108, P109, P111, P119, P141 e P142 para a etapa de recombinação do primeiro ciclo de seleção.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, N. B.; PÁDUA, J. M. V.; DIAS, K. O.G.; DINIZ, R. P.; GUEDES, M. L.; CARDOSO, G. A.; SOUZA, J. C. Evaluation of progenies from the fifth reciprocal recurrent selection cycle in maize. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 3, p. 8236–8243, 2015.
- ANDRADE, J. A. D. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population, ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, v. 65, n. 2, p. 174–182, 2008.
- ARAUS, J. L.; SERRET, M. D.; EDMEADES, G. O. Phenotyping maize for adaptation to drought. **Frontiers in Physiology**, v. 3, n. 305, 2012.
- BALASUBRAMANIAN, B.; SOUNDHARRAJAN, I.; AL-DHABI, N.A.; VIJAYARAGHAVAN, P.; BALASUBRAMANIAN, K.; VALAN ARASU, M.; CHOI, K.C. Probiotic characteristics of *Ligilactobacillus salivarius* AS22 isolated from sheep dung and its application in corn-fox tail millet silage. **Applied Sciences (Switzerland)**, v. 11, n. 20, 2021.
- BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; PELEGRIN, A. J.; FERRARI, M.; SZARESKEI, V. J.; BARROS, W. S.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Estimates of genetic parameters and genotypic values prediction in maize landrace populations by REML/BLUP procedure. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, 2017.
- BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. Proceedings of the Royal Society of London. Series A. **Mathematical and Physical Sciences**, v. 160, p. 268–282, 1937.
- BELLO, O. B.; IGE, S. A.; AZEEZ, M. A.; AFOLABI, M. S.; ABDULMALIQ, S. Y.; MAHAMOOD, J. Heritability and genetic advance for grain yield and its component characters in maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Plant Research**, v. 2, n. 5, p. 138-145, 2012.
- BERILLI, A. P. C. G.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. S.; COSTA, F. R.; CUNHA, K. S. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 4, p. 435–441, 2013.
- BEYENE, Y.; SEMAGN, K.; MUGO, S.; BODDUPALLI, M. P.; TAREKEGNE, A.; GAKUNGA, J.; SEHABIAGUE, P.; MEISEL, B.; OIKEH, S. O.; OLSEN, M.; CROSSA, J. Performance and grain yield stability of maize populations developed using marker-assisted recurrent selection and pedigree selection procedures. **Euphytica**, v. 208, n. 2, p. 285–297, 2016.
- BONOMO, P.; SAMPAIO, N. F.; VIANA, J. M. S.; BORÉM, A. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da população de milho palha roxa. **Revista Ceres**, v. 47, n. 272, p. 383-392, 2000.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para análise de sementes**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília, 2009. 399 p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). PORTARIA SPA/MAPA Nº 187, DE 23 DE MAIO DE 2022. Zoneamento Agrícola de Risco Climático – ZARC para a cultura do milho 1ª safra no estado do Paraná, ano-safra 2022/2023. Publicado no Diário Oficial da União, Brasília, 2022. Seção 1.

CARGNIN, A. et. al. Interação ente genótipos e ambientes e implicações em ganhos com seleção em trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p. 987-993, 2006.

CÂMARA, T. M. M.; BENTO, D. A. V.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Genetic parameters of drought tolerance related traits in tropical maize. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 595–603, 2007.

CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C.; GARCIA, F. Q.; GONCALVES, L. S. A.; AMARAL JUNIOR, A. T. Seleção de progênies de meios-irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. **Ciência Rural**, v. 41, n. 6, p. 947-953, 2011.

CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X.; SOUZA, E. M. Genetic parameters estimates in the maize population CPATC-3 in two locals of Sergipe State, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 1, p. 73–78, 2003.

CARVALHO, H. W. L.; SOUZA, E. M. Selection cycles of half-sib families for the maize variety BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 803–809, 2007.

CHAVAGLIA, A. C. **Potencial produtivo, variabilidade genética e depressão por endogamia em população derivada de híbridos comerciais de milho**. 2016. 80 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Pós Graduação em Agronomia - Universidade Federal de Goiás Regional Jataí, 2016.

CHEN, L.; AN, Y.; LI, Y-X.; LI, C.; SHI, Y.; SONG, Y.; ZHANG, D., WANG, T.; LI, Y. Candidate loci for yield-related traits in maize revealed by a combination of meta QTL analysis and regional association mapping. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, n. 2190, 2017.

COLES, N. D.; MCMULLEN, M. D.; BALINT-KURTI, P. J.; PRATT, R. C.; HOLLAND, J. B. Genetic control of photoperiod sensitivity in maize revealed by joint multiple population analysis. **Genetics**, v. 184, p. 799-812, 2010.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira– grãos: 12º levantamento, setembro 2022 – safra 2021/2022**: Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2022. Disponível em <https://www.conab.gov.br/infoagro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso: 25 jan. 2023.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira– grãos: 4º levantamento, janeiro 2023 – safra 2022/2023**: Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2023. Disponível em <https://www.conab.gov.br/infoagro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso: 25 jan. 2023.

CRISPIM FILHO, A. J. **Estimação de parâmetros genéticos e análise de trilha em uma população de milho com potencial para seleção recorrente**. 2018. 97 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás,

Goiânia, 2018.

CRUZ, C.D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. V.1, 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 1, 2012. 514 p.

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

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; ALVARENGA, R. C.; GONTIJO NETO, M. M.; VIANA, J. H. M.; OLIVEIRA, M. F.; SANTANA, D. P. **Manejo da cultura do Milho**. Disponível em https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPMS/19631/1/Circ_87.pdf. Acesso em 23/01/2023.

DUBREUIL, V. et al. Os tipos de climas anuais no Brasil: uma aplicação da classificação de Köppen de 1961 a 2015. **Confins. Revue franco-brésilienne de géographie / Revista franco-brasileira de geografia**, n. 37, 24 set. 2018.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2. ed. Rio de Janeiro: EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos, 2006.

ENTRINGER, G. C. et al. Genetic gain estimates and selection of S1 progenies based on selection indices and REML/BLUP in super sweet corn. **Australian Journal of Crop Science**, v. 10, n. 3, p. 411–417, 2016.

ERTIRO, B. T.; MICHAEL, O.; BISWANATH, D.; GOWDA, M. LABUSCHAGNE, M. Efficiency of indirect selection for grain yield in maize (*Zea mays* L.) under low nitrogen conditions through secondary traits under low nitrogen and grain yield under optimum conditions. **Euphytica**, v. 216, n. 8, 2020.

FALUBA, J. F.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, v. 40, n. 6, p. 1250-1256, 2010.

FATEMI, A.; SINGH, V.; KAMRUZZAMAN, M. Identification of informative spectral ranges for predicting major chemical constituents in corn using NIR spectroscopy. **Food Chemistry**, v. 383, n. 4, 2022.

FAVARATO, L. F.; SOUZA, J. L.; GALVÃO, J. C. C.; SOUZA, C. M.; GUARCONI, R. C.; BALBINO, J. M. S. Crescimento e produtividade do milho-verde sobre diferentes coberturas de solo no sistema plantio direto orgânico. **Bragantia**, v. 75, n. 4, p. 497-506, 2016.

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; GONÇALVES, G. M. B.; CREVELARI, J. A.; VETTORAZZI, J. C. F.; GONÇALVES, V. M. L.; DURÃES, N. N. L.; VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G. Genetic progress in maize from advanced cycles of reciprocal recurrent selection through REML/BLUP. **Australian Journal of Crop Science**, v. 14, n. 8, p. 1295–1301, 2020.

FREITAS, J. P. X. et al. Formação de população base para seleção recorrente em

maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 47, n. 3, p. 393–401, 2012.

GABRIEL, A.; FARIA, M. V.; BATTISTELLI, G. M.; ROSSI, E. S.; SILVA, C. A.; MARCK, D. F.; GAVA, E. Desempenho agrônomo e estabilidade de topcrosses de milho avaliados em Minas Gerais e Paraná. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 17, n. 2, p. 303-316, 2018.

GAGE, J. L.; JARQUIN, D.; ROMAY, C.; LORENZ, A.; BUCKLER, E. S.; KAEPPLE, S.; ALKHALIFAH, N.; BOHN, M.; CAMPBELL, D. A.; EDWARDS, J.; ERTL, D.; FLINT-GARCIA, S.; GARDINER, J.; GOOD, B.; HIRSCH, C. N.; HOLLAND, J.; HOOKER, D. C.; KNOLL, J.; KOLKMAN, J.; KRUGER, G.; LAUTER, N.; LAWRENCE-DILL, C. J.; LEE, E.; LYNCH, J.; LEON, N. The effect of artificial selection on phenotypic plasticity in maize. **Nature Communications**, v. 8, n. 1, 2017.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.

HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 3, p. 197–206, 2011.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 6. ed. New York: Springer, 2010. 515 p.

HAZEL, H. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

HEINZ, R.; MOTA, L. H. S.; GONÇALVES, M. C.; VIEGAS NETO, A. L.; CARLESSO, A. Seleção. Selection of half-sib of maize for nitrogen use efficiency. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 4, p. 731–739, 2012.

HILL, W. G.; GODDARD, M. E.; VISSCHER, P. M. Data and theory point to mainly additive genetic variance for complex traits. **PLoS Genetics**, v. 4, n. 2, 2008.

LAUER, J. Methods for Calculating. **Agronomy Advice**. v. 3, n. 47, p. 1–4, 2002.

LI, S. Y.; MA, W.; PENG, J. Y.; CHEN, Z. M. Study on yield loss of summer maize due to lodging at the big flare stage and grain filling stage. **Scientia Agricultura Sinica**, v. 19, p. 3952–3964, 2015.

LI, H.; YANG, Q.; FAN, N.; ZHANG, M.; ZHAI, H.; NI, Z. Quantitative trait locus analysis of heterosis for plant height and ear height in an elite maize hybrid zhengdan 958 by design III. **BMC Genetics**, v. 18, n. 1, p. 1-10, 2017.

LIMA, V. J.; FREITAS JUNIOR, S. P.; SOUZA, Y. P.; SILVA, C. S.; FARIAS, J. E. C.; SOUZA, R. F.; CHAVES, M. M.; FEITOSA, J. V. Genetic gain capitalization in the first cycle of recurrent selection in popcorn at Ceará's Cariri. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 13, n. 3, 2018.

LIMA NETO, F. P.; SOUZA JUNIOR, C. L. Number of Recombinations and Genetic Properties of a Maize Population Undergoing. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 1, p. 52–58, 2009.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O.; GOMIDE, R. L. **Fisiologia da cultura do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 1996.

MAHMOOD, Z.; MALIK, S. R.; AKHTAR, R.; RAFIQUE, T. Heritability and genetic advance estimates for maize genotypes in Shishi Lusht a valley of Karakurm. **International Journal Of Agriculture And Biology**, v. 6, n. 5, p.790-791, 2004.

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes do feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 10, p. 1312-1318, 2009.

MORAES, D. F.; BRITO, C. H. Análise de possível correlação entre as características morfológicas do colmo do milho e o acamamento. **Plant Biotechnology Journal**, v. 15, n. 11, p. 1439–1452, 2017.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

MUNARINI, A.; NODARI, R. O. Effect of sowing time and density for vegetative and reproductive traits of genotypes of maize landrace in an agroecological system. **Ciência Rural**, v. 51, n. 5, 2021.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Correlações fenotípica, genética e de ambiente entre caracteres de milho híbrido da região sul do Brasil. **Revista Brasileira Biomassa**. v. 34, n. 3, p. 379–394, 2016.

NASCIMENTO JÚNIOR, I. R.; MÔRO, G. V.; MÔRO, F. V. Relationship between the agronomic and anatomical characteristics of the leaf with a view to indirect selection in maize plants1. **Revista Ciência Agronômica**, v. 52, n. 3, p. 21–28, 2021.

NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 3, p. 581–587, 2000.

OBOK, E. E.; UDO, I. A.; ITTAH, M. A.; ABUA, M. N.; IWO, G. A.; ENANG O. U.; ULAFOR, J. J. Growth and yield traits variation of African maize (*Zea mays* L.) accessions in the humid tropical rainforest of south-eastern Nigeria. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 20, n. 2, p. 305–312, 2021.

OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F.; NOGUEIRA, A. P. O.; CARDOSO, D. B. O.; JULIATTI, F. C. Genetic and phenotypical correlations, path analysis and genetic gain in two populations of corn with resistance to leaf spot, rust, and blight disease. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, p. 1–14, 2020.

OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 1, p. 1184–1199, 2015.

OWUSU, G. A.; NYADANU, D.; OWUSU-MENSAH, P.; AMOAH, R. A.; AMISSAH, S.;

DANSO, F. C. Determining the effect of genotype×environment interactions on grain yield and stability of hybrid maize cultivars under multiple environments in Ghana. **Ecological Genetics and Genomics**, v. 9, p. 7–15, 2018.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P. S.; BERNINI, C. S.; GALLO, P. B. Caracteres secundários relacionados à tolerância à seca em progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 14, n. 1, p. 130-144, 2015.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.

PINTO, A. P.; LANÇANOVA, J. A. C.; LUGÃO, S. M. B.; ROQUE, A. P.; ABRAHÃO, J. J. S.; OLIVEIRA, J. S.; LEME, M. C. J.; MIZUBUTI, I. Y. Avaliação de doze cultivares de milho (*Zea mays* L.) para silagem. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 31, n. 4, p.1071-1078, 2010.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A., GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 555 p.

REGAZZI, A. J.; SILVA, H. D.; VIANA, J. M. S; CRUZ, C. D. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 11, p.1987-1997, 1999.

RIBEIRO, L. P.; TEODORO, P. E.; CORRÊA, C. C. G.; OLIVEIRA, E. F.; SILVA, F. A.; TORRES, F. E. Correlations and genetic parameters in maize hybrids. **Bioscience Journal**, v. 32, n. 1, p. 48–54, 2016.

RODOVALHO, M. et al. Genetic evaluation of popcorn families using a Bayesian approach via the independence chain algorithm. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, n. 4, p. 261–265, 2014.

RODRIGUES, F. et al. Index of selection and estimation of genetic and phenotypical parameters for traits related with the production of vegetable corn. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 35, n. 2, p. 278–286, 2011.

ROMAY, M. C.; MILLARD, M. J. GLAUBITZ, J. C.; PEIFFER, J. A.; SWARTS, K. L.; CASSTEVENS, T. M.; ELSHIRE, R. J.; ACHARYA, C. B.; MITCHELL, S. E.; FLINT-GARCIA, S. A.; MCMULLEN, M. D.; HOLLAND, J. B.; BUCKLER, E. S.; GARDNER, C. A. Comprehensive genotyping of the USA national maize inbred seed bank. **Genome Biology**, v. 14, n. 6, 2013.

ROVARIS, S. R. S.; OLIVEIRA, A. L. B.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P. B., PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Genetic parameter estimates and identification of superior white maize populations. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 39, n. 2, p. 157–164, 2017.

SAJJAD, M.; KHAN, N. U.; GUL, S.; KHAN, S. U.; BIBI, Z.; ALI, S.; ALI, N.; KHAN, S. A. Maize improvement through selfed progeny recurrent selection across different environments. **Pakistan Journal of Botany**, v. 52, n. 2, p. 541–549, 2020.

SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca unB-2u sob seleção recorrente. **Bragantia**, v.66, n.3, p. 389-396, 2007.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SIBOV, S. T.; SOUZA JUNIOR, C. L.; GARCIA, A. A. F.; GARCIA, A. F.; SILVA, A. R.; MANGOLIN, C. A.; BENCHIMOL, L. L.; SOUZA, A. P. Molecular mapping in tropical maize (*Zea mays* L.) using microsatellite markers. 2. Quantitative trait loci (QTL) for grain yield, plant height, ear height and grain moisture. **Hereditas**, v. 139, n. 2, p. 107-115, 2003.

SILVA, E. M. **Estimação de parâmetros genéticos e seleção para múltiplos caracteres em populações de seleção recorrente de milho**. 2018. 72 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 2018.

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

SOUZA, T. V. et al. Relações entre componentes de rendimento e características morfológicas de milho. **Magistra**, v. 26, n. 4, p. 493-504, 2014.

SUN, X.; MA, L.; LUX, P. E.; WANG, X.; STUETZ, W.; FRANK, J.; LIANG, J. The distribution of phosphorus, carotenoids and tocopherols in grains of four Chinese maize (*Zea mays* L.) varieties. **Food Chemistry**, v. 367, 2022.

TENG, F.; ZHAI, L.; LIU, R.; BAI, W.; WANG, L.; HUO, D.; TAO, Y.; ZHENG, Y.; ZHANG, Z. *ZmGA3ox2*, a candidate gene for a major QTL, *qPH3.1*, for plant height in maize. **The Plant Journal**, v. 73, n. 3, p. 405-416, 2013.

THAKUR, A.; PANDEY, P.; DALBHAGAT, C. G.; MISHRA, H. N. Development of grain-based carbonated beverage premix using maize (*Zea mays*), Bengal gram (*Cicer arietinum*), and finger millet (*Eleusine coracana*). **Journal of Food Science and Technology**, v. 59, n. 4, p. 1637-1648, 2022.

TROYJACK, C.; PIMENTEL, J. R.; CARVALHO, I. R.; SZARESKI, V. J.; JUNIOR, G. T.; DUBAL, Í. T. P.; DEMARI, G. H.; LAUTENCHLEGER, F.; MARTINS, A. B. N.; VILLELA, F. A.; AUMONDE, T. Z.; PEDÓ, T. Productive performance and multivariate interrelations of open-pollinated and hybrid maize in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 3, 2019.

USDA. UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production** – Foreign Agricultural Service/USDA, dezembro 2022. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em: 11 dez. 2022.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap. 5, p. 137-209.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. 1. ed.

Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIEIRA, M. A.; CAMARGO, M. K.; DAROS, E.; ZAGONEL, J.; KOEHLER, H. S. Cultivares de milho e população de plantas que afetam a produtividade de espigas verdes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 1, p. 81–86, 2010.

VIEIRA, R. A. et al. Recurrent selection of popcorn composites UEM-CO1 and UEM-CO2 based on selection indices. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 3, p. 260–266, 2017.

XUE, J.; XIE, R.; ZHANG, W.; WANG, K.; HOU, P.; MING, B.; GOU, L.; LI, S. Research progress on reduced lodging of high-yield and density maize. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 16, n. 12, p. 2717-2725, 2017.

WANG, H. Q.; ZHANG, X-G.; YANG, H-L.; CHEN, Y-Q.; YUAN, L.; LI, W-H., LIU, Z-H., TANG, J-H., KANG, D-M. Heterotic loci identified for plant height and ear height using two CSSLs test populations in maize. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 15, n. 12, p. 2726-2735, 2016.

WEN, W.; LIU, H.; ZHOU, Y.; JIN, M.; YANG, N.; LI, D.; LUO, J.; XIAO, Y.; PAN, O.; TOHGE, T.; FERNIE, A. R.; YAN, J. Combining quantitative genetics approaches with regulatory network analysis to dissect the complex metabolism of the maize kernel. **Plant Physiology**, v. 170, n. 1, p. 136–146, 2016.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v. 18, n.3, p. 375-393, 1962.

Anexo A. Resumo da análise de variância individual de caracteres agrônômicos de 140 progênes de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliadas na primeira época de semeadura (18/09/2021). Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

FV	GL	Quadrado Médio					
		AP	AE	AE/AP	FM	PG	PMG
Blocos	2	1644,20	3131,30	0,0272	102,06	648101,74	222,52
Tratamentos	143	218,89**	177,69**	0,0023**	5,81**	6442988,75**	1242,70**
Progênes (P)	139	220,32**	180,66**	0,0022**	5,84**	6447111,77**	1249,24**
Test. (T)	3	46,97	99,22	0,0019	2,53	6611430,84**	1344,14**
P vs T	1	535,32*	0,37	0,0061*	11,89**	5364561,74*	29,67
Resíduo	286	98,82	79,13	0,0011	1,33	98316470	167,60
CV%		3,29	7,80	5,66	1,29	11,09	3,58
Médias(P)		193,19	113,99	0,59	89,57	8.960,32	361,01

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; FM: florescimento masculino (dias); PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

**, *: significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F.

Anexo B. Resumo da análise de variância individual de caracteres agrônômicos de 140 progênes de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliadas na segunda época de semeadura (27/10/2021). Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

FV	GL	Quadrado Médio					
		AP	AE	AE/AP	FM	PG	PMG
Blocos	2	496,77	391,53	0,0015	18,52	1724450,68	470,62
Tratamentos	143	112,67	117,81**	0,0013**	15,96	5584905,49	1338,28
Progênes (P)	139	112,35	116,69*	0,0013**	16,21	5720621,91**	1353,05
Test. (T)	3	96,97	155,11	0,0029*	8,53	1136614,19**	956,40
P vs T	1	205,33	161,98	0,0037	3,44	65196,41	431,31
Resíduo	286	98,41	84,09	0,0008	15,06	821027,68	264,56
CV%		4,40	7,25	5,08	5,00	9,57	4,73
Médias (P)		225,05	126,27	0,56	77,54	9.462,12	343,67

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; FM: florescimento masculino (dias); PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

**, *: significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F.

Anexo C: Médias de caracteres agrônômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados em ambas as épocas de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Tratamentos	AE	AE/AP	FM
P1	122,67	0,59	85,33
P2	130,50	0,62	85,50
P3	119,17	0,58	83,33
P4	121,50	0,59	83,17
P5	119,33	0,56	82,33
P6	129,50	0,60	84,67
P7	119,17	0,60	84,50
P8	127,83	0,60	84,00
P9	117,17	0,57	84,67
P10	119,83	0,60	84,00
P11	130,17	0,59	83,83
P12	120,50	0,56	85,00
P13	117,17	0,56	80,67
P14	109,33	0,53	81,00
P15	128,50	0,60	83,50
P16	128,00	0,59	85,50
P17	137,17	0,64	86,33
P18	123,17	0,58	83,17
P19	125,83	0,57	85,50
P20	116,50	0,56	82,67
P21	126,33	0,60	84,50
P22	130,00	0,59	83,67
P23	118,17	0,57	81,33
P24	112,67	0,55	83,33
P25	125,50	0,58	86,17
P26	118,83	0,58	83,67
P27	127,50	0,58	83,67
P28	117,83	0,58	82,17
P29	115,33	0,57	83,33
P30	110,17	0,55	81,83
P31	121,33	0,59	82,83
P32	115,83	0,57	84,67
P33	127,50	0,60	85,17
P34	119,50	0,58	83,33
P35	123,83	0,58	83,17
P36	126,00	0,59	84,17
P37	117,83	0,56	84,17
P38	122,50	0,56	84,00
P39	128,00	0,62	83,00

P40	115,33	0,59	84,83
P41	128,33	0,61	85,00
P42	116,17	0,57	82,33
P43	119,83	0,58	82,00
P44	125,00	0,61	83,83
P45	117,50	0,58	84,83
P46	125,17	0,58	85,67
P47	125,17	0,59	85,00
P48	123,83	0,58	82,50
P49	109,50	0,53	82,83
P50	125,83	0,59	85,17
P51	121,67	0,59	85,83
P52	121,83	0,58	82,83
P53	118,17	0,57	82,17
P54	115,00	0,56	81,67
P55	112,17	0,57	81,33
P56	120,00	0,60	83,50
P57	113,67	0,55	84,33
P58	121,33	0,57	85,33
P59	115,00	0,56	83,50
P60	115,50	0,55	82,83
P61	124,83	0,59	82,50
P62	112,33	0,55	84,50
P63	124,33	0,59	84,33
P64	113,83	0,58	85,17
P65	120,33	0,59	84,17
P66	115,83	0,55	83,67
P67	121,50	0,60	84,00
P68	117,50	0,58	82,83
P69	114,50	0,56	82,50
P70	131,50	0,60	86,67
P71	123,83	0,61	86,00
P72	107,67	0,53	80,83
P73	118,33	0,56	81,33
P74	119,67	0,59	85,00
P75	130,00	0,61	84,50
P76	112,33	0,57	82,17
P77	115,33	0,58	81,67
P78	125,17	0,59	84,67
P79	120,83	0,57	83,83
P80	114,50	0,55	84,17
P81	114,33	0,55	83,67
P82	117,33	0,57	83,83
P83	116,50	0,57	84,00

P84	117,83	0,57	83,33
P85	121,33	0,57	81,33
P86	117,67	0,56	83,50
P87	118,17	0,57	83,17
P88	120,33	0,58	83,83
P89	113,33	0,55	81,50
P90	115,50	0,57	84,00
P91	114,33	0,56	83,50
P92	116,50	0,57	84,17
P93	118,17	0,57	82,67
P94	109,17	0,54	80,67
P95	121,00	0,59	83,00
P96	121,00	0,58	84,67
P97	124,67	0,60	86,50
P98	121,50	0,58	83,67
P99	121,00	0,58	82,00
P100	128,17	0,59	83,67
P101	128,17	0,60	84,17
P102	117,50	0,57	81,67
P103	105,50	0,55	81,00
P104	117,67	0,57	82,50
P105	123,50	0,59	84,00
P106	119,17	0,58	84,67
P107	118,17	0,56	80,67
P108	117,67	0,57	82,67
P109	122,83	0,55	83,17
DKB 235 PRO3	123,83	0,60	84,83
P111	115,83	0,56	81,17
P112	122,00	0,58	82,00
P113	116,50	0,56	83,83
DKB 290 TRE	120,33	0,58	85,00
P115	118,00	0,56	83,50
P116	114,50	0,58	83,00
SHS 7970 PRO3	123,67	0,60	82,83
P118	119,50	0,58	85,83
P119	121,50	0,58	86,83
P2501	120,50	0,59	84,67
P121	114,83	0,58	85,50
P122	123,50	0,61	85,33
P123	120,50	0,57	84,67
P124	123,00	0,58	83,67
P125	118,17	0,56	84,50
P126	118,50	0,59	83,33
P127	117,83	0,59	85,33

P128	111,67	0,57	85,67
P129	115,67	0,57	84,83
P130	129,00	0,60	83,67
P131	107,00	0,54	82,50
P132	124,83	0,58	83,67
P133	126,83	0,61	83,83
P134	140,83	0,64	85,50
P135	124,83	0,59	83,33
P136	123,83	0,59	81,33
P137	116,83	0,55	82,00
P138	117,83	0,55	86,50
P139	120,50	0,56	84,33
P140	115,50	0,56	83,00
P141	113,50	0,53	80,83
P142	113,33	0,55	81,83
P143	121,33	0,57	83,00
P144	135,00	0,64	73,83

AE: altura de espigas (cm); AE/AP: posição relativa das espigas; FM: florescimento masculino (dias).

Obs.: As 21 progênies que se destacaram estão em negrito.

Anexo D. Médias de caracteres agrônômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados na primeira época de semeadura na safra 2021/2022. Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Tratamentos	AP	PG	PMG
P1	188,00	12082,18	389,25
P2	195,67	8463,62	375,50
P3	189,33	8754,28	331,68
P4	185,00	9188,96	369,43
P5	199,67	9621,10	354,24
P6	200,67	8979,93	328,97
P7	181,33	10269,74	379,21
P8	199,33	8764,15	356,63
P9	188,33	8262,64	339,32
P10	185,00	9645,03	345,74
P11	200,33	8646,34	374,16
P12	207,33	7597,69	342,14
P13	198,00	7236,07	339,80
P14	206,67	7251,26	356,88
P15	203,33	8608,81	414,69
P16	194,00	8838,17	361,76
P17	183,67	5939,30	321,24
P18	203,67	9311,78	350,15
P19	205,33	11002,56	377,35
P20	202,00	11271,32	371,63
P21	190,00	9175,85	362,94
P22	214,67	10162,36	345,45
P23	194,00	8848,91	354,96
P24	189,67	6166,40	408,32
P25	198,33	7260,99	400,35
P26	185,33	7940,76	363,75
P27	215,00	8932,31	375,67
P28	189,67	6509,48	348,29
P29	181,67	9065,87	329,88
P30	187,00	5338,54	368,19
P31	192,67	9459,55	358,31
P32	192,67	8533,13	377,41
P33	201,33	9079,87	381,88
P34	192,67	7699,68	351,52
P35	204,33	7520,50	368,93
P36	203,67	8037,51	350,69
P37	195,33	11056,31	351,16
P38	208,67	8152,82	339,02
P39	184,00	10046,71	378,04

P40	175,67	12181,50	404,40
P41	195,00	7389,67	371,00
P42	182,67	8108,39	374,29
P43	190,00	9376,50	344,98
P44	191,67	7879,51	342,86
P45	182,33	11508,07	385,65
P46	193,67	10224,10	388,28
P47	197,33	8515,78	340,85
P48	209,67	10988,40	356,62
P49	190,33	9500,97	325,62
P50	196,00	10753,33	386,56
P51	186,33	9174,62	381,95
P52	193,00	10798,77	345,67
P53	199,67	8756,19	368,90
P54	191,33	9748,33	380,51
P55	179,67	8762,28	320,09
P56	185,67	7903,02	363,94
P57	184,67	5798,53	309,38
P58	201,67	10305,48	355,21
P59	188,67	7641,06	291,19
P60	193,67	7677,04	355,26
P61	196,33	8376,90	334,37
P62	184,00	9742,62	378,30
P63	194,00	8287,98	363,44
P64	174,67	7961,61	340,54
P65	189,33	8714,77	349,59
P66	195,00	7910,03	350,46
P67	191,33	11700,48	373,23
P68	182,00	9862,66	351,24
P69	189,33	8436,90	358,09
P70	206,00	10156,84	345,35
P71	187,67	10064,21	352,06
P72	197,00	5963,38	341,28
P73	195,67	10201,34	411,68
P74	193,67	10564,80	357,62
P75	199,67	7604,25	349,86
P76	176,33	8341,96	364,02
P77	186,33	6599,03	349,72
P78	193,67	8841,21	328,77
P79	203,33	10363,92	353,02
P80	185,67	7376,37	377,30
P81	203,33	9234,09	344,28
P82	190,00	7591,57	366,77
P83	183,00	8889,43	361,01

P84	197,00	7859,71	385,64
P85	198,00	8848,49	342,18
P86	197,33	9154,73	348,41
P87	194,33	5807,54	354,15
P88	187,67	10806,12	353,16
P89	195,67	8319,99	388,52
P90	178,00	8736,03	349,78
P91	188,00	8190,53	350,36
P92	179,67	7725,13	364,93
P93	192,33	8807,61	339,49
P94	186,67	7640,60	319,61
P95	191,00	8838,00	372,66
P96	194,67	7726,21	348,93
P97	197,67	9048,59	371,71
P98	197,67	7258,02	345,43
P99	206,00	9348,36	372,92
P100	210,33	11816,03	357,78
P101	203,00	10720,67	365,37
P102	192,67	9310,65	376,03
P103	172,67	6568,81	351,33
P104	187,67	9711,28	359,93
P105	189,33	11286,50	376,98
P106	189,67	9094,57	374,33
P107	198,33	11925,58	406,40
P108	194,00	9750,95	358,92
P109	207,33	9186,66	361,09
DKB 235 PRO3	189,33	8510,88	342,00
P111	192,33	8493,40	366,40
P112	190,00	10018,44	385,48
P113	194,00	8550,33	351,00
DKB 290 Ter.	180,67	8015,00	379,05
P115	195,33	8599,26	372,87
P116	179,33	7609,04	375,91
SHS 7970 PRO3	188,67	10102,48	382,59
P118	188,00	9862,91	353,89
P119	190,67	9328,09	384,11
P2501	187,00	6500,54	346,79
P121	187,00	10966,42	350,07
P122	188,00	8158,00	407,06
P123	193,00	8942,46	371,53
P124	190,67	10510,27	365,48
P125	195,67	9511,52	353,17
P126	184,00	11055,10	356,07
P127	181,00	6293,26	378,92

P128	173,00	10397,37	353,73
P129	188,00	10784,25	359,01
P130	201,00	11874,78	335,81
P131	180,00	7610,75	364,90
P132	209,33	8293,46	377,24
P133	191,67	11435,49	386,35
P134	205,00	6977,75	342,17
P135	194,33	9510,93	393,04
P136	197,67	8607,82	365,94
P137	200,00	7714,92	342,23
P138	191,33	7988,25	371,21
P139	201,67	9379,74	363,56
P140	191,00	6959,41	357,07
P141	207,67	11533,14	358,38
P142	198,67	10005,08	359,14
P143	197,00	9995,92	379,85
P144	200,33	9490,25	374,61

AP: altura de plantas (cm); PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

Obs.: As 21 progênies que se destacaram estão em negrito.

Anexo E. Médias de caracteres agrônômicos de 140 progênies de meios-irmãos de milho e quatro testemunhas (híbridos comerciais), avaliados na segunda época de semeadura na safra 2021/2022, Guarapuava – PR, UNICENTRO, 2022.

Tratamentos	AP	PG	PMG
P1	228,67	11004,08	367,48
P2	227,00	9613,45	368,82
P3	225,33	10922,40	316,82
P4	225,67	11321,86	325,51
P5	224,67	9348,55	316,12
P6	230,67	5855,26	302,16
P7	222,67	8200,14	363,10
P8	227,67	10996,83	349,82
P9	224,00	10718,25	311,97
P10	218,67	6594,46	314,35
P11	238,33	11399,01	334,93
P12	227,67	9787,75	333,07
P13	218,67	6659,19	347,51
P14	223,67	9076,19	326,25
P15	231,00	10643,59	346,77
P16	239,67	8345,05	331,22
P17	227,67	7732,17	334,80
P18	222,00	7954,47	324,20
P19	235,67	10243,79	385,24

P20	218,00	7650,26	383,07
P21	233,67	11624,14	335,51
P22	227,67	9334,66	337,87
P23	226,33	9715,01	330,40
P24	220,67	6353,94	362,94
P25	232,33	7952,98	359,80
P26	228,00	11458,54	304,67
P27	224,67	10408,49	362,23
P28	217,33	8872,80	312,75
P29	226,67	8826,72	353,60
P30	217,67	7137,13	373,67
P31	223,00	7001,45	305,92
P32	212,33	8008,10	343,83
P33	227,67	9573,92	358,17
P34	221,33	11801,86	361,39
P35	227,67	9803,55	319,60
P36	225,67	11969,34	370,07
P37	228,67	7793,73	399,70
P38	231,33	8392,49	330,18
P39	232,67	11678,54	344,40
P40	220,67	11610,78	384,29
P41	233,67	10894,92	353,01
P42	224,67	7793,90	358,46
P43	227,00	9781,93	343,57
P44	222,33	7767,53	337,65
P45	224,33	10060,37	339,81
P46	237,33	11143,48	338,52
P47	225,67	9658,21	305,01
P48	220,67	11581,69	343,67
P49	223,33	9136,84	282,36
P50	230,67	9147,34	340,56
P51	231,67	12145,71	348,52
P52	229,33	10360,02	359,15
P53	217,00	8645,78	319,96
P54	221,00	7883,64	342,00
P55	216,67	7654,61	328,15
P56	217,00	10021,22	322,91
P57	227,33	9759,05	298,56
P58	226,67	10323,34	338,29
P59	223,33	8977,42	316,99
P60	224,67	8736,49	333,30
P61	228,67	7768,09	346,96
P62	224,67	8743,35	316,09
P63	231,00	10091,57	337,61

P64	219,67	9542,18	332,49
P65	218,33	10195,42	346,72
P66	226,33	7934,61	331,89
P67	217,67	11534,56	369,19
P68	227,67	9489,67	339,41
P69	220,00	9581,31	362,41
P70	234,00	12501,88	370,89
P71	218,67	9865,82	332,12
P72	209,33	6959,30	342,27
P73	227,00	8310,01	340,57
P74	214,67	8912,16	351,39
P75	227,00	10721,27	350,10
P76	221,00	9757,69	369,44
P77	215,67	7002,97	333,81
P78	236,00	9166,12	287,17
P79	225,00	9105,68	333,91
P80	236,67	9840,26	343,00
P81	215,00	11417,74	335,19
P82	226,33	9689,03	350,57
P83	227,33	8831,15	329,96
P84	221,00	11469,39	351,91
P85	227,67	10962,71	321,92
P86	222,00	8893,72	316,77
P87	223,67	6376,99	317,03
P88	228,33	9879,85	326,71
P89	220,67	8948,46	382,08
P90	230,00	9697,97	328,34
P91	224,33	9020,30	350,44
P92	231,00	9466,18	353,69
P93	222,33	10525,66	324,23
P94	223,67	8588,60	348,20
P95	216,33	9281,95	329,98
P96	228,00	9617,88	345,53
P97	222,33	8218,05	350,40
P98	223,67	7851,87	345,44
P99	213,33	9791,53	352,72
P100	230,00	10648,87	338,10
P101	226,33	10801,08	346,72
P102	225,33	10529,31	338,42
P103	210,00	7021,34	406,47
P104	225,33	10452,85	331,11
P105	231,33	9424,83	355,45
P106	221,00	8937,98	366,40
P107	223,67	7931,60	367,56

P108	222,00	10261,17	328,19
P109	235,33	12065,86	363,40
DKB 235 PRO3	229,00	9799,00	359,37
P111	220,67	10109,03	340,55
P112	232,00	9389,87	366,32
P113	226,67	9149,45	337,23
DKB 290 TRE	237,33	10034,39	362,24
P115	231,67	9140,57	344,01
P116	216,00	8277,34	355,70
SHS 7970 PRO3	226,00	8641,37	353,92
P118	225,67	8493,38	335,02
P119	229,67	11952,86	377,00
P2501	224,67	9672,75	323,47
P121	211,67	9937,04	352,98
P122	218,33	10064,25	330,42
P123	233,00	10176,37	353,97
P124	235,00	9603,56	368,71
P125	225,00	10001,49	330,98
P126	220,33	8859,73	370,77
P127	222,33	9319,01	372,73
P128	220,00	9285,09	347,54
P129	219,67	9450,66	354,59
P130	232,67	10714,98	347,76
P131	216,67	6588,53	327,71
P132	220,67	9516,15	332,50
P133	227,33	9447,62	334,66
P134	235,33	9399,53	363,95
P135	231,67	11121,46	355,17
P136	225,00	9703,85	377,49
P137	222,00	9682,00	352,04
P138	238,00	10374,92	355,29
P139	228,33	7870,52	328,29
P140	226,67	9407,62	334,21
P141	218,67	10243,19	368,34
P142	216,67	10169,40	335,50
P143	228,00	9077,15	386,30
P144	228,33	9684,22	350,77

AP: altura de plantas; PG: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PMG: peso de mil grãos (g).

Obs.: As 21 progênies que se destacaram estão em negrito.