

MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO SUPERDOCE:
POTENCIAL AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS INTERPOPULACIONAIS
E CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS EM GERAÇÃO
PRECOCE

GEOVANA CREMONINI ENTRINGER

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2015

MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO SUPERDOCE:
POTENCIAL AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS INTERPOPULACIONAIS
E CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS EM GERAÇÃO
PRECOCE

GEOVANA CREMONINI ENTRINGER

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas”.

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES, RJ
FEVEREIRO – 2015

MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO SUPERDOCE:
POTENCIAL AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS INTERPOPULACIONAIS
E CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS EM GERAÇÃO
PRECOCE

GEOVANA CREMONINI ENTRINGER

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas”.

Aprovada em:09 de fevereiro de 2015

Comissão Examinadora:

Ana Paula Gabriel Berilli (D.Sc. em Genética e Melhoramento de Plantas) –
IFES/Campus Itapina

Telma Nair Santana Pereira (Ph. D., Plant Breeding) - UENF

Alexandre Pio Viana (Ds., Produção Vegetal) - UENF

Messias Gonzaga Pereira (Ph. D., Plant Breeding) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

Ao meu amado Deus, por todas as bênçãos concedidas em minha vida.

Aos meus pais Valdemir e Rosimeri, pela confiança, incentivo e apoio em todos os momentos da minha vida e pelo amor incondicional que sempre dedicaram a mim. Ao meu irmão Tulio, pelo companheirismo durante toda essa jornada.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pois sem Ele nada seria possível, socorro bem presente na angústia, meu refúgio e minha fortaleza, em quem encontro paz e descanso.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela formação acadêmica que me fará ultrapassar inúmeras fronteiras no campo profissional.

Ao meu orientador, Messias Gonzaga Pereira, muito obrigada por ter acreditado em mim, por estar sempre disponível, pela troca de experiência e aprendizado.

À professora Telma, pela amizade, pelos ensinamentos transmitidos e por estar sempre disponível para esclarecer dúvidas e dar aconselhamentos ao longo desta minha caminhada.

Ao professor Alexandre, muito obrigada pela amizade, pelos ensinamentos transmitidos, pelo seu bom humor e alegria.

À professora Ana Paula Berilli, por ter aceitado o convite para compor a banca avaliadora deste trabalho.

Aos técnicos de campo, Geraldo, José Manuel e Valdinei, pelo grande auxílio nas atividades de campo durante as etapas desta pesquisa.

Aos estagiários do Colégio Agrícola, Luzimara e Larisse, pela amizade e pela valiosa ajuda durante toda condução dos experimentos sem medir esforços.

Aos amigos do laboratório, Vitória, Marcela, Fernandinha, Aline e Lucas, pela amizade sincera e apoio não só nas atividades acadêmicas, mas também na vida pessoal. Sem vocês, essa jornada seria muito mais difícil.

Ao meu amigo Júlio e Renato, pela valiosa ajuda nos trabalhos de campo e por sempre me fazer sorrir.

À Eileen e Daniele, que não posso chamar simplesmente de amigas, pois a palavra certa seria “irmãe” uma mistura de irmã com mãe, por sempre terem estado presentes e dispostas a me ajudar e me escutar em todos os momentos da minha vida, cada uma com seu jeitinho especial.

À Andressa, por ser minha companheira de fé, pela amizade sincera e mais meiga que tive. Obrigada por me fazer ser uma pessoa melhor, pois, observando sua forma leve de levar a vida, aprendi a ser um pouco mais paciente e tranquila.

Ao secretário Daniel, pela amizade, aconselhamentos, por estar sempre disponível em nos ajudar.

À família, aos meus pais, Valdemir e Rosimere, pelo amor, apoio, ensinamentos de vida e por transmitirem o mais importante legado, a educação. Ao meu irmão Túlio, pelo convívio e companheirismo durante esses quatro anos.

A todos que me ajudaram direta ou indiretamente.

SUMÁRIO

| | |
|---|------|
| RESUMO _____ | viii |
| ABSTRACT _____ | x |
| 1. INTRODUÇÃO _____ | 1 |
| 2. OBJETIVOS _____ | 5 |
| 2.1 Gerais _____ | 5 |
| 2.2 Específicos _____ | 5 |
| 3. CAPÍTULOS _____ | 6 |
| 3.1 OBTENÇÃO E DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE A PARTIR DE RETROCRUZAMENTOS _____ | 6 |
| 3.1.1 INTRODUÇÃO _____ | 6 |
| 3.1.2 REVISÃO _____ | 8 |
| 3.1.2.1 Milho doce _____ | 8 |
| 3.1.2.2 Aspectos econômico e alimentar _____ | 12 |
| 3.1.2.3 Melhoramento genético _____ | 13 |
| 3.1.2.4 Características do milho braquítico _____ | 15 |
| 3.1.2.5 Heterose _____ | 16 |
| 3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS _____ | 17 |
| 3.1.3.1 Obtenção do germoplasma superdoce _____ | 17 |
| 3.1.3.2 Genótipos usados no ensaio _____ | 20 |

| | |
|--|----|
| 3.1.3.3 Condições de cultivo _____ | 20 |
| 3.1.3.4 Características Avaliadas _____ | 21 |
| 3.1.3.5 Análises estatísticas _____ | 22 |
| 3.1.3.5.1 Análise de variância _____ | 22 |
| 3.1.3.5.2 Estimação dos parâmetros genéticos _____ | 24 |
| 3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO _____ | 25 |
| 3.1.5 CONCLUSÕES _____ | 37 |
| | |
| 3.2 CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S ₁ DE MILHO SUPERDOCE ESTIMADA POR TESTADORES DE BASE AMPLA _____ | 38 |
| 3.2.1 INTRODUÇÃO _____ | 38 |
| 3.2.2 REVISÃO _____ | 39 |
| 3.2.2.1 O método <i>topcross</i> na avaliação de progênies _____ | 39 |
| 3.2.2.2 Teste precoce de progênies _____ | 42 |
| 3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS _____ | 43 |
| 3.2.3.1 Obtenção das progênies S ₁ e dos híbridos <i>topcrosses</i> _____ | 43 |
| 3.2.3.2 Material genético e condição de cultivo _____ | 44 |
| 3.1.3.4 Características Avaliadas _____ | 45 |
| 3.2.3.4 Análises estatísticas _____ | 46 |
| 3.2.3.4.1 Análise de variância _____ | 46 |
| 3.1.5.2 Capacidade Geral de Combinação _____ | 47 |
| 3.1.3.5.3 Teste de agrupamento de médias _____ | 48 |
| 3.1.3.5.4 Estimação dos parâmetros genéticos _____ | 48 |
| 3.2.5 CONCLUSÕES _____ | 65 |
| | |
| 3.3 ESTIMATIVAS DE GANHOS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S ₁ COM BASE EM DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO E REML/BLUP EM MILHO SUPERDOCE _____ | 66 |
| 3.3.1 INTRODUÇÃO _____ | 66 |
| 3.3.2 REVISÃO _____ | 68 |
| 3.3.2.1 Seleção no melhoramento de milho _____ | 68 |
| 3.3.2.2 Índice de seleção _____ | 70 |
| 3.3.2.3 Metodologia REML/BLUP na seleção de plantas anuais _____ | 72 |
| 3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS _____ | 74 |
| 3.3.3.1 Genótipos avaliados e condições de cultivo _____ | 75 |

| | |
|--|----|
| 3.3.3.2 Características Avaliadas | 76 |
| 3.3.3.3.1 Análise de variância | 76 |
| 3.3.3.3.2 Estimativas por meio dos índices de seleção baseado na ANAVA | 77 |
| 3.3.3.3.2.1 Índice de Smith (1936) e Hazel (1943) | 78 |
| 3.3.3.3.2.2 Índice de Williams (1962) | 80 |
| 3.3.3.3.2.3 Índice de Pesek e Baker (1969) | 80 |
| 3.3.3.3.2.4 Índice Clássico de Mulamba e Mock (1978) | 81 |
| 3.3.3.3.3 Metodologia REML/BLUP | 81 |
| 3.3.3.3.4 Índice de coincidência | 82 |
| 3.3.3.3.5 Avanço das gerações de endogamia em <i>Bulk</i> | 82 |
| 3.3.5 CONCLUSÕES | 93 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 94 |

RESUMO

ENTRINGER, Geovana Cremonini; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Janeiro de 2015; MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO SUPERDOCE: POTENCIAL AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS INTERPOPULACIONAIS E CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS EM GERAÇÃO PRECOCE; Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira; Conselheiros: Prof^a. Telma Nair Santana Pereira e Prof. Alexandre Pio Viana.

O milho-doce é caracterizado por ter grãos com elevados teores de açúcares e pouco amido no endosperma, o que os torna enrugados e translúcidos quando secos. Essa expressão fenotípica é devida à ocorrência de genes mutantes que desencadeiam alterações não só no aspecto do grão, mas também na viabilidade da semente. Em virtude de suas características agronômicas desejáveis como pericarpo fino, endosperma com textura delicada, e pela qualidade do grão, principalmente pelo seu caráter doce presente no endosperma do grão, esta hortaliça é uma excelente alternativa econômica, principalmente para pequenos agricultores que produzem para consumo *in natura* e para a indústria. Um aspecto que merece destaque é a estreita base genética do milho doce, que poderá, em um futuro próximo, impedir os avanços dos programas de melhoramento. Desta forma, com o intuito de ampliar a variabilidade genética e lançar novas cultivares superiores no mercado, a conversão de genótipos de milho comum em genótipos de milho-doce é uma excelente estratégia. O presente estudo teve por objetivos: i) Obter quatro populações de milho superdoce a partir de sucessivos retrocruzamentos e avaliar o desempenho agronômico *per se* e em suas

combinações bem como estimar os parâmetros genéticos inerentes a estas populações; ii) obter progênies S_1 e, por meio de cruzamentos *topcrosses*, estimar a capacidade geral de combinação, estimar os parâmetros genéticos e experimentais inerentes a estas progênies; iii) comparar quatro índices de seleção com base no método dos quadrados mínimos e o índice aditivo por meio do método REML/BLUP multicaracterísticas na avaliação de ganhos genéticos preditos e, conseqüentemente, proceder a uma seleção branda precoce; e iv) avançar as gerações de endogamia em *bulk* até a geração S_6 . Para isto, as populações de milho doce, superdoce sintético SH_2 (SDSH) e superdoce sintético $SH_2 \times HS$ (SD8HS) foram utilizadas como genitores doadores, e como genitores recorrentes, foram utilizadas as populações, CIMMYT-8 (C8) e Piranão-8 (P8). Após as cinco gerações de retrocruzamentos, quatro populações de milho superdoce foram obtidas: PSH, CSH, P8HS e C8HS. Essas populações foram submetidas a diferentes cruzamentos controlados, com o intuito de obter os genótipos avaliados no presente trabalho. É evidente a eficácia do método de retrocruzamento em obter populações de milho superdoce com bom desempenho agrônômico. Em virtude de os híbridos interpopulacionais de milho superdoce apresentarem comportamentos semelhantes ao híbrido interpopulacional de milho comum (P8 x C8), conclui-se que todas as populações de milho superdoce retrocruzadas são recomendadas para uso na obtenção de linhagens, visando à obtenção de híbridos de alto valor agrônômico, ou até mesmo, diretamente, como híbridos comerciais após avaliações complementares. O desempenho agrônômico das progênies S_1 em testecrosses é superior às testemunhas, sendo justificável o avanço das gerações de endogamia para obtenção de híbridos simples de milho superdoce. Entre os quatro índices de seleção testados, que têm como base a ANAVA, o de Mulamba & Mock é o mais adequado para a seleção de progênies S_1 em milho superdoce. A alta coincidência entre os índices REML/BLUP multicaracterísticas e Mulamba & Mock indica que, para fins de seleção, a eficiência é similar para esta população de milho superdoce e para índices multiefeitos para casos balanceados.

ABSTRACT

ENTRINGER, Geovana Cremonini; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Janeiro de 2015; SUPER SWEET CORN BREEDING: AGRONOMIC POTENTIAL OF INTERPOPULATIONAL HYBRID AND COMBINING ABILITY OF LINES IN EARLY GENERATION; Advisor: Messias Gonzaga Pereira; Committee members: Prof^a. Telma Nair Santana Pereira and Prof. Alexandre Pio Viana.

Sweet corn is characterized by having grains with high sugar content and little starch in the endosperm, which makes translucent when dry and shriveled. This is due to the phenotypic expression occurring mutant genes, which trigger changes not only in the grain appearance but also the viability of the seed. Because of its agronomic characteristics desirable as thin pericarp, endosperm with delicate texture, and the quality of grain, mainly for its sweet trait in the grain endosperm, this vegetable is an excellent economic alternative, especially for small farmers producing for fresh market and industry. An aspect that deserves attention, as it may in the near future to prevent the progress of breeding programs is the narrow genetic base of sweet corn. Thus, with the intent of expanding the genetic variability and release new cultivars in the market, the conversion of common corn genotypes in sweet corn genotypes is an excellent strategy. This study aimed to: i) obtain four populations of sweet corn from successive backcross and evaluate the agronomic performance per se and combinations of these and to estimate genetic parameters inherent in these populations; ii) obtain S₁ progenies through topcross

crossings, estimate the general combining ability, estimate the genetic and experimental parameters inherent in these progenies; iii) compare four selection indices based on the method of least squares and the additive index through the REML / BLUP multi traits method to evaluate genetic gain and consequently make a mild early selection; iv) advance the generations of inbreeding in bulk to the S_6 generation. For this, the populations of sweet corn, super sweet synthetic SH₂ (SDSH) and supersweet synthetic SH₂8HS (SD8HS) were used as donors and as recurrent parents were populations, CIMMYT-8 (C8) and Piranão-8 (P8). After five generations of backcrossing, four populations of supersweet corn were obtained, namely: PSH, CSH, P8HS and C8HS. These populations were subjected to different controlled crossings, with the aim of obtaining the genotypes that were evaluated in this study. It is clear the effectiveness of the backcross method to obtain maize populations supersweet with good agronomic performance. Because of corn interpopulation hybrids super sweet corn exhibit behaviors similar to interpopulation hybrid of normal corn (P8 x C8), it is concluded that all population super sweet corn backcrossed are recommended for use in obtaining lines, aiming to produce high value agronomic hybrid or even directly as commercial hybrids after additional evaluations. The agronomic performance of S_1 progenies in testcrosses is superior to witnesses, justifying the advance of generations of inbreeding, aiming obtain super sweetcorn hybrids. Among the four selection index that is based on the tested ANAVA, the Mulamba & Mock is the most appropriate for the selection of S_1 progenies in supersweet corn. The high coincidence between the indexes REML / BLUP and multi characteristic Mulamba & Mock indicates that for selection purposes efficiency is similar to this supersweet corn population and multi-effect index for balanced cases

1. INTRODUÇÃO

O milho-doce é caracterizado por ter grãos com elevados teores de açúcares e pouco amido no endosperma, o que os torna enrugados e translúcidos quando secos. Essa expressão fenotípica é devida à ocorrência de genes mutantes que desencadeiam alterações não só no aspecto do grão, mas também na viabilidade da semente (Gama et al., 1992). Pesquisas com milho-doce têm mostrado qualidade inferior de suas sementes e maior suscetibilidade e sensibilidade aos danos físicos, possivelmente decorrentes das alterações nas rotas bioquímicas e no manejo pós-colheita (Pereira et al., 2008).

A doçura é um caráter recessivo e os genes mutantes mais conhecidos são o *sugary* (*su₁*), *shrunk* (*sh₂*) e *brittle* (*bt₁*). O gene *su* não condiciona elevados teores de açúcares como é o caso dos mutantes *sh₂* e *bt₁*. Em consequência dos elevados teores de açúcares, cultivares contendo os genes *sh₂* e *bt₁* são denominadas de superdoce (Tracy, 1994).

O milho superdoce é um alimento rico em carboidratos, considerado energético e também fonte de óleo e fibras, fornece pequenas quantidades de vitaminas E, B1, B2 e ácido pantotênico, além de alguns minerais como fósforo e potássio. Apresenta uma alta versatilidade de uso. Pode ser utilizado em conserva, congelado na forma de espigas ou grãos, desidratado, consumido *in natura*, colhido antes da polinização e usado como *Baby Corn* ou Minimilho e, ainda, após a colheita, a palhada pode ser utilizada para ensilagem (Souza et al., 1990).

A exploração desta cultura pode ser feita durante todo o ano, utilizando irrigação, e o escalonamento da produção permite o fluxo constante do produto para a comercialização. Este fato, conjugado com a colheita precoce, 20 dias após o florescimento, possibilitará ao agricultor mais de uma safra por ano agrícola (Teixeira et al., 2001).

Dessa forma, a exploração do milho-doce pode ser uma alternativa econômica tanto para hortigranjeiros dos cinturões verdes das grandes metrópoles, especialmente os agricultores familiares que produzem milho para consumo *in natura*, como para aqueles de locais distantes com produção de milho destinado ao processamento industrial (Zárate et al., 2009).

Segundo dados do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA, 2010), na safra de 2009, a área mundial cultivada com este tipo de milho foi de aproximadamente 1,04 milhões de hectares, sendo os Estados Unidos, o país com a maior área, com cerca de 107 mil hectares. Neste mesmo ano, a produção de milho-doce no país atingiu a marca de 1,17 bilhão de dólares, e o consumo *in natura* correspondeu a 71% do mercado. Este segmento tem crescido nos últimos anos e a tendência é a manutenção deste crescimento, visando, principalmente, ao mercado para exportação (USDA, 2013). No Brasil, no ano de 2009, foram cultivados aproximadamente 43,2 mil hectares (Abrasem, 2011), e praticamente 100% da produção foi destinada ao processamento industrial.

Como grande produtor de milho comum, o Brasil apresenta elevado potencial para a produção de milho doce. Pesquisas reportam o grande potencial consumidor de milho-doce em alguns estados brasileiros. O Rio de Janeiro, por exemplo, principalmente na região metropolitana e nas Baixadas Litorâneas, vem se destacando com o aumento progressivo do consumo, ocasionando a importação da hortaliça de outros estados. Em consequência desta demanda, é imperativo o desenvolvimento de cultivares de milho-doce adaptadas às condições regionais e que atendam as exigências fixadas pela indústria de processamento, permitindo que ela possa ser abastecida pelos produtores locais (Bordallo et al., 2005).

Um aspecto que merece destaque é a estreita base genética do milho doce, que poderá, em um futuro próximo, impedir os avanços dos programas de melhoramento e, conseqüentemente, o desenvolvimento de novas cultivares. A conversão de genótipos de milho comum em genótipos de milho-doce por meio

do método dos retrocruzamentos é uma excelente estratégia para contornar esse problema, visto que no Brasil existem excelentes programas de melhoramento de milho comum, além de cultivares comerciais com elevado desempenho agrônômico. Este método foi usado nos Estados Unidos por Garwood e colaboradores em 1976. Estes pesquisadores converteram linhagens elite de milho comum em milho-doce e, posteriormente, geraram compostos de milho-doce de ampla base genética (Texeira et al., 2013).

Em programa de melhoramento genético visando ao lançamento de híbridos comerciais, a obtenção de linhagem proveniente de populações com expressivo desempenho “per se”, a avaliação do seu comportamento em combinações híbridas e a seleção de genótipos são objetivos básicos (Lemos et al., 2002). Nesse processo, a etapa de avaliação da capacidade de combinação das linhagens é a que exige maior dispêndio de recursos, atenção dos melhoristas e, sobretudo, boa precisão experimental.

A produção comercial de milho híbrido exige delineamento de métodos para testar linhagens em combinações híbridas. Um desses métodos utilizados é a seleção visual ou fenotípica, contestável por se basear apenas na percepção visual do melhorista (Elias et al., 2000). O método de cruzamentos dialélicos é amplamente utilizado por melhoristas, mas na prática esses dialélicos apresentam como limitação o número de linhagens a serem utilizadas, requerendo muito esforço nas polinizações manuais para obtenção de todos os cruzamentos desejados. Um terceiro método é o *top cross*, que permite a avaliação do mérito relativo de um grande número de linhagens, com um testador comum, tornando mais prático e eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos.

A seleção de linhagens no decorrer do processo de endogamia deve ser feita corretamente, pois um erro nesta etapa irá comprometer todo o programa de melhoramento (Ramalho et al., 2012). A Seleção com base em uma ou poucas características nem sempre é adequada para o melhorista. No caso do milho doce, a rejeição pelo produto no mercado é favorecida quando as cultivares apresentam espigas com diâmetro, comprimento ou cor fora dos padrões desejados. Dessa forma, a seleção com base em uma ou poucas características nem sempre é adequada para os melhoristas. Uma ferramenta utilizada para auxiliar na seleção simultânea de várias características é o índice de seleção. (Rodrigues et al., 2011; Freitas Junior et al., 2009).

Os índices de seleção constituem técnicas multivariadas que associam as informações referentes a várias características sob seleção com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção, são criados valores numéricos, que funcionam como uma característica adicional, teórica, resultante da combinação de determinadas características selecionadas pelo melhorista, sobre as quais se deseja manter seleção simultânea. Diferentes índices - Mulamba e Mock (1978), Pesek e Baker (1969), Smith (1936) e Hazel (1943), Williams (1962) e REML/BLUP - representam várias alternativas de seleção nos programas de melhoramento e, conseqüentemente, de ganhos percentuais (Henderson, 1974; Cruz e Carneiro, 2003). Embora o REML/BLUP seja ainda pouco usado em plantas anuais, nos últimos anos, esta metodologia tem sido incorporada aos programas de melhoramento de culturas anuais tanto alógamas como autógamas (Piepho et al., 2008; Baldissera et al., 2012; Freitas et al., 2013).

2. OBJETIVOS

2.1 Gerais

Obter e avaliar diferentes populações de milho superdoce, visando à seleção de progênies parcialmente endogâmicas de elevado desempenho com o intuito de obter híbridos simples, que possam ser utilizados comercialmente nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

2.2 Específicos

i) Obter quatro populações de milho superdoce a partir de sucessivos retrocruzamentos e avaliar o desempenho agrônômico *per se* e em suas combinações, bem como estimar os parâmetros genéticos inerentes a estas populações; ii) obter progênies S_1 e, por meio de cruzamentos *topcrosses*, estimar a capacidade geral de combinação, estimar os parâmetros genéticos e experimentais inerentes a estas progênies; iii) comparar quatro índices de seleção com base no método dos quadrados mínimos e o índice aditivo por meio do método REML/BLUP multicaracterísticas na avaliação de ganhos genéticos preditos e, conseqüentemente, proceder a uma seleção precoce branda; e iv) avançar as gerações de endogamia em *bulk* até a geração S_6 .

3. CAPÍTULOS

3.1 OBTENÇÃO E DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE A PARTIR DE RETROCRUZAMENTOS

3.1.1 INTRODUÇÃO

Os diferentes tipos de milho que se conhecem hoje e que são utilizados pelo homem surgiram na natureza por processos de seleção empírica, alicerçados no reconhecimento de características relevantes à população local em associação com a alta diversidade genética da espécie. A produção de milho tem diversas finalidades, uma vez que apresenta usos e tipos especiais (Souza et al.,1990).

Entre os tipos de milho especiais, pode-se citar o milho doce, além do branco e pipoca. O milho-doce é considerado uma hortaliça de alto valor nutricional. Tem genes que limitam a biossíntese de amido, o que causa acúmulo de polissacarídeos solúveis de caráter adocicado no endosperma, acarretando modificações na textura e na viabilidade das sementes (Valentini et al., 2002; Teixeira et al.,2013).

Aspectos como a baixa disponibilidade de sementes, a pouca oferta no mercado e a falta de conhecimento por parte dos consumidores têm feito com que o interesse dos agricultores pelo cultivo de milho-doce seja pequeno (Gama et al.,1992). Mas esse quadro vem sendo modificado, pois o cultivo do milho-doce no Brasil já foi mais restrito, apresentando, atualmente, um mercado crescente e com amplo potencial (ABRASEM, 2011).

Em decorrência do crescimento da demanda, da alta tecnologia que vem sendo empregada no cultivo e das exigências requeridas pelos produtores, indústrias de processamentos e consumidores de milho doce, são necessários estudos para a obtenção de mais informações a respeito dessa cultura, possibilitando, assim, selecionar e identificar genótipos portadores de genes que conferem características agronômicas e industriais importantes para serem utilizadas em programas de melhoramento genético.

Em contrapartida, um aspecto que merece destaque, pois poderá em um futuro próximo impedir os avanços dos programas de melhoramento, é a estreita base genética do milho doce. Apesar de existirem aproximadamente 300 variedades de polinização aberta no mundo, no BAG de Milho no Brasil apenas 45 acessos estão registrados e apenas 3 são comercializados. Essa situação fica ainda mais complicada quando se analisa a base genética do milho-doce cultivado, em que a cultivar Tropical Plus, desenvolvida pela Syngenta Seeds, domina o mercado (Texeira et al.,2013; Brasil, 2014).

Desta forma, com o intuito de ampliar a variabilidade genética e lançar novas cultivares superiores no mercado, a conversão de genótipos de milho comum em genótipos de milho-doce por meio de sucessivos retrocruzamentos é uma excelente estratégia, visto que existem no Brasil excelentes programas de melhoramento de milho comum, além de cultivares comerciais com elevado desempenho agronômico.

Contudo, para que esta variabilidade genética explorada seja preservada durante todo o programa de melhoramento, é preciso que a diversidade genética entre as “novas populações retrocruzadas” seja mantida para maximizar os efeitos heteróticos. A maximização dos efeitos de heterose deve ser considerada em qualquer programa de melhoramento de milho, sendo que o agrupamento dos genitores de acordo com o padrão heterótico auxilia na demarcação de cruzamentos promissores. Entretanto, ainda não há uma definição de quais

genitores seriam indicados como padrões contrastantes para milho-doce (Teixeira et al.,2013). Talvez um caminho para garantir a heterose entre genótipos de milho-doce seja a introgressão do gene responsável pelo fenótipo doce em grupos heteróticos distintos de milho comum já conhecidos, como, por exemplo, os grupos duro e dentado.

Diante do exposto, os objetivos desse trabalho foram avaliar o desempenho agrônômico *per se* e em combinações híbridas de quatro populações retrocruzadas de milho superdoce bem como estimar os parâmetros genéticos inerentes a estas populações com o intuito de extrair linhagens promissoras para a obtenção de híbridos.

3.1.2 REVISÃO

3.1.2.1 Milho-doce

O milho doce, espécie *Zea mays* L., grupo saccharata, pertence à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Andropogoneae, gênero *Zea* (Filgueira, 1972). De acordo com Tracy (2001), o milho-doce assim como o milho comum se originaram na América Central e do Sul, no período pré-colombiano. Acredita-se que o milho-doce tenha surgido como produto de uma mutação e, posteriormente, domesticação. Possivelmente, o milho-doce foi identificado pelas civilizações como uma nova fonte de carboidrato, utilizado então como alimento.

Uma das hipóteses para explicar esta teoria é considerar que a presença do alelo *su₁* (*sugary*) em homozigose no genoma da planta de milho está diretamente correlacionada com a baixa viabilidade das sementes. Este gene resultaria em uma baixa capacidade evolutiva comparativamente ao milho comum. Um exemplo claro deste efeito é verificado quando, por meio de retrocruzamento, se introduz o alelo mutante em genótipos de milho comum, resultando em sementes com baixa germinação, sendo necessária uma seleção para aumentar a viabilidade da semente (Tracy, 2001). Hendry (1930) sugeriu que, pela menor capacidade de acúmulo de reservas na semente, o milho-doce

tem menor capacidade de sobrevivência no estado selvagem, o que levou à suposição de que esses mutantes de endosperma sejam recentes.

A principal diferença entre o milho-doce e o milho convencional é a presença de alelos mutantes homocigotos recessivos, que alteram a taxa de conversão do açúcar em amido no endosperma, Figura 1, conferindo o referido fenótipo (Machado, 1980).

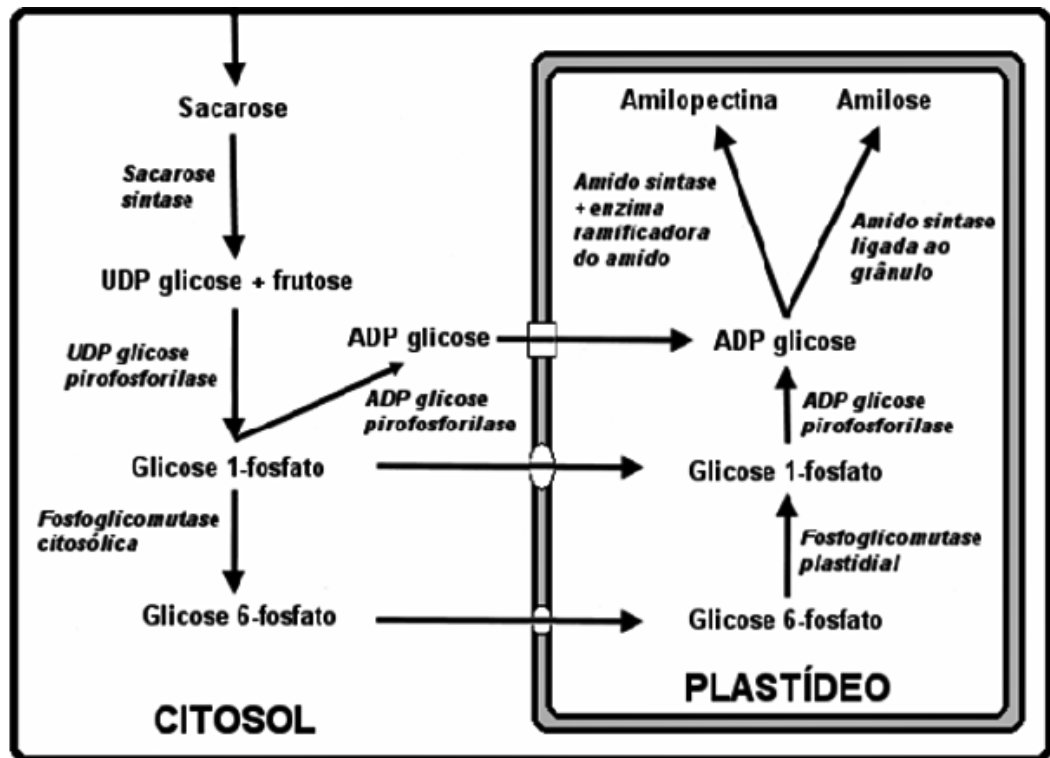


Figura 1 –Rota metabólica da conversão de açúcar em amido no endosperma do milho.

Com a evolução da espécie, vários alelos foram identificados e empregados em programas de melhoramento, como pode ser observado na Tabela 1.

Tabela 1 - Alelos mutantes de endosperma utilizados em híbridos de milho doce

| Alelo | Símbolo | Enzima | Fenótipo |
|------------------------|------------------------|--|-----------|
| amylose- extender 1 | <i>ae</i> ₁ | Starch branching enzyme lib | Doce |
| brittle 1 | <i>bt</i> ₁ | Starch granule bound phosphooligosaccharide syntase | Superdoce |
| brittle 2 | <i>bt</i> ₂ | ADP-glucose pyrophosphorylase | Superdoce |
| dull 1 | <i>du</i> ₁ | Soluble starch synthase | Doce |
| shrunken 2 | <i>sh</i> ₂ | ADP-glicose fosforilase | Superdoce |
| sugary 1 | <i>su</i> ₁ | Starch debranching isoamylase | Doce |
| sugary enhancer 1 | <i>se</i> ₁ | Desconhecido | Superdoce |

Fonte: Adaptado de Tracy (2001).

Caracterizados por promoverem alterações na composição dos carboidratos do endosperma, os alelos se diferenciam quanto à proporção de amido e açúcar no grão e em relação à posição nos cromossomos em que se localizam. Tais genes podem atuar de forma simples ou em combinações duplas ou triplas e podem ser divididos em duas classes, de acordo com a composição do endosperma (Boyer e Shannon, 1984).

Na classe 1, o alelo *brittle*₁(*bt*₁), localizado no cromossomo 5, *brittle*₂ (*bt*₂), no cromossomo 4, e *shrunken*₂(*sh*₂), no cromossomo 3 acumulam 15 a 25% de açúcares em detrimento do amido. Na ocasião da colheita, os grãos contêm de quatro a oito vezes a quantidade de açúcar quando comparados aos grãos de milho comum, sendo, por conseguinte, classificado como superdoce (Tracy, 2001).

Na classe 2, os alelos *amilose extender*₁(*ae*₁), no cromossomo 5, *dull*₁ (*du*₁), no cromossomo 10, *sugary* (*su*₁), no cromossomo 4, e *waxy*₁ (*wx*₁), no cromossomo 9 alteram o tipo e a quantidade de polissacarídeos produzidos. Os alelos *ae*₁, *du*₁e *wx*₁ resultam em menor quantidade de amido quando comparado ao milho convencional, entretanto, não são utilizados como milho doce, exceto quando combinado com outros alelos, o que pode resultar em teores de açúcar similares aos encontrados na classe 1. Já o *su*₁ aumenta a concentração de

polissacarídeos solúveis em água, aumentando, por conseguinte, de 9 a 14% o teor de açúcar, sendo, então, utilizado na forma simples ou em conjunto com outros mutantes. Por esta razão, é classificado como do tipo doce. Os híbridos deste grupo, geralmente, apresentam melhor vigor e germinação das sementes, quando comparados com os do grupo superdoce (Tracy, 2001).

Por fim, o alelo *sugary enhancer*₁(*se*₁), localizado no cromossomo 4, não se enquadra em nenhuma das duas classes propostas, além de não ser conhecido o seu modo bioquímico de ação. Quando combinado em homozigose com *su*₁, também resulta em teores de açúcares próximos da classe 1 (Tracy, 2001). Todavia, correlacionadas a estes genes, estão algumas características indesejáveis, tais como baixa produtividade, baixa viabilidade das sementes e menor resistência ao ataque de pragas e doenças (Oliveira Junior et al., 2006).

Grande parte dos híbridos utilizados no Brasil contêm o alelo *sh*₂, por propiciar maior período de colheita, ocasionada pelo alto potencial osmótico (conferido pela alta concentração de açúcar) e,consequentemente, pela perda de água dos grãos de plantas dos genótipos ser mais lenta. Em contrapartida, a cristalização de açúcares no endosperma e a formação de espaços internos entre a camada de aleurona e o pericarpo das sementes fazem com que elas apresentem aspecto enrugado, o que torna o pericarpo frágil e, conseqüentemente, suscetível a danos físicos e à entrada de patógenos. O baixo teor de amido contido nestas sementes implica perda do vigor e baixa germinação. Sendo assim, muitos agricultores optam por semear maior quantidade de sementes e, posteriormente, fazer o desbaste (Araujo et al, 2006; Tracy, 2001).

A textura do pericarpo é fator primário na determinação da qualidade do milho doce. Todas as cultivares de milho-doce apresentam espessamento do pericarpo no decorrer da maturação, mas a taxa varia conforme a cultivar. Embora informações a respeito da herança desse caráter sejam escassas, parece haver uma relação de dominância do pericarpo tenro sobre o de textura grosseira, portanto, é um fator hereditário e ao mesmo tempo fisiológico, uma vez que todas as variedades se tornam mais espessas com o avanço da maturação (Kwiatkowski e Clemente, 2008). O pericarpo tenro é preferível para a indústria de processamento, mas ao mesmo tempo quanto mais tenro maior é a probabilidade

de perda da viabilidade da semente, seja por danos mecânicos ou pela entrada de patógenos.

3.1.2.2 Aspectos econômico e alimentar

O milho-doce é uma das mais populares hortaliças nos Estados Unidos, Canadá e Europa. A respeito da área mundial cultivada, os últimos dados são de 2009, quando cerca de 1,04 milhão de hectares foram cultivados (USDA, 2010), sendo os Estados Unidos, o país com a maior área produtiva, aproximadamente 107 mil hectares. Este segmento tem crescido nos últimos anos e a tendência é a sustentação deste crescimento, visando, principalmente, ao mercado para exportação (USDA, 2013).

É sabido que o Brasil é um dos maiores produtores mundiais de milho comum, tendo, portanto, grande potencial produtivo de milho doce. Entretanto, não é hábito do brasileiro consumir milho-doce (Pereira Filho, 2003; Aragão, 2002). No ano de 2009, foram cultivados aproximadamente 40,9 mil hectares (Abrasem, 2011), e praticamente 100% da produção foi destinada ao processamento industrial. Atualmente, o mercado brasileiro de sementes de milho-doce é dominado pela empresa anglo-suíça Syngenta Seeds Ltda., com a cultivar híbrida Tropical Plus (Texeira et al., 2013).

A performance da produção de hortaliças em 2013 permitiu leve incremento na exportação geral de hortaliças: 2,2% em volume e 4,7% em valor, atingindo 265 mil toneladas e US\$ 234 milhões, respectivamente. Algumas culturas registraram algum acréscimo, como, por exemplo, o milho doce, que galgou o terceiro lugar no *ranking*, com 23% de incremento na exportação.

Esta hortaliça é empregada em escala comercial como conserva ou para ser consumida "*in natura*" ou como milho verde debulhado e congelado ou colhido antes da polinização e usado como minimilho. Ademais, após a colheita, a palhada da cultura pode ser utilizada para ensilagem (Aragão, 2002; Pedrotti et al., 2003). Na região Nordeste do Brasil, este produto, principalmente na forma de espiga, tem expressiva importância econômica pelo expressivo consumo regional e utilização como matéria-prima de muitos pratos da culinária local (Pedrotti et al., 2003). Todavia, esta preferência pode inviabilizar o processamento de alguns pratos, como o curau e a pamonha, pelo baixo teor de amido.

A qualidade nutricional deste cereal pode ser aferida pela sua composição química e propriedades físicas. Os carboidratos são os componentes mais importantes dos cereais, somando cerca de 83% da matéria seca total das sementes de milho. Entre os carboidratos relevantes, destacam-se os açúcares e o amido (Carvalho e Nakagawa, 2000). O milho comum tem em torno de 3% de açúcar e entre 60% e 70% de amido, enquanto o milho-doce tem em torno de 9 % a 14% de açúcar e 30 a 35% de amido, e o superdoce, em torno de 25% de açúcar e 15 a 25% de amido (Silva e Karan, 1994).

Os lipídios estão presentes em toda a semente na forma de glicerídeos de ácidos graxos, sendo predominantes os insaturados (Carvalho, 2000). O conteúdo de lipídios do milho está em torno de 4% (Paes, 2006). As proteínas estão em menores proporções que os carboidratos. As mais abundantes são as glutelinas e as prolaminas (80 a 90%). Albuminas e globulinas estão em menor proporção (20%).

Tabela 1 - Composição química média de genótipos de milho superdoce, doce e comum.

| | Milho superdoce | Milho doce | Milho comum |
|-------------------------|-----------------|------------|-------------|
| Sólidos Solúveis (Brix) | 20,8 | 20 | 13,6 |
| Cinzas (%) | 0,8 | 1,0 | 1,4 |
| Proteínas (%) | 11,6 | 10,9 | 10,3 |
| Lipídeos (%) | 3,7 | 4,4 | 4,8 |
| Amido | 20,2 | 23,5 | 71,5 |
| Açúcares redutores | 2,1 | 1,7 | 0,55 |
| Açúcares totais | 5,2 | 4,5 | 2 |

Fonte: Adaptado de Pereira (1987).

3.1.2.3 Melhoramento genético

O melhoramento de milho-doce segue basicamente as mesmas metodologias desenvolvidas para milho comum. Contudo, apresenta algumas particularidades, como a presença do efeito xenia e a alta perecibilidade do produto final, fatores que afetam os métodos usados na avaliação dos genótipos (Tracy, 2001).

Em linhas gerais, o melhoramento pode ser conduzido por duas vertentes, sendo a principal delas a introdução de alelos via retrocruzamentos, ou seja, a

introdução do caráter doce, que é monogênico e recessivo, em um germoplasma de milho, que tenha características agrônômicas superiores. A segunda envolve submeter o germoplasma doce aos diferentes métodos de melhoramento, segundo os objetivos mais convenientes para cada programa, sendo os métodos de seleção recorrente os mais empregados (Parentoni et al., 1990).

O método dos retrocruzamentos, segundo Allard (1971), consiste em uma maneira precisa de melhorar variedades que já são superiores, com relação a um grande número de atributos, todavia são deficientes em uma ou poucas características. Por meio de sucessivos cruzamentos entre a progênie resultante de dois genótipos selecionados com um de seus genitores, um dos genótipos participa apenas do cruzamento inicial, recebendo o nome de genitor doador. Já o outro continua sendo usado nos cruzamentos seguintes, desde o cruzamento inicial, e é chamado de genitor recorrente. Assim, o retrocruzamento vislumbra restaurar o genótipo do genitor recorrente, a exceção das características que se buscam obter do genitor doador. Para que o melhoramento por retrocruzamento tenha um sucesso confiável, o genótipo do genitor recorrente carece ser recuperado nas suas características essenciais.

Os cruzamentos dialélicos têm recebido espaço entre os melhoristas de milho doce, por admitirem avaliar diferentes genótipos e suas combinações híbridas. Por este método, é possível avaliar o tipo de ação gênica atuante, assim como a capacidade geral e a capacidade específica de combinação (Hallauer e Miranda Filho, 1995). Vários trabalhos, como, por exemplo, de Tracy (1990), Teixeira et al. (2001), Bordallo et al. (2005) e de Teixeira et al. (2009), mostraram a eficiência deste método.

De modo geral, os programas de melhoramento de milho-doce objetivam a obtenção de cultivares superiores que atendam as exigências do mercado. Estas cultivares devem ter espigas de boa aparência, grãos uniformes, ser cilíndricas, de tamanho médio a grande, textura, consistência e sabor agradáveis (Parentoni et al., 1990).

Informações sobre o mercado de sementes de milho-doce no Brasil indicam que a área plantada e a quantidade de sementes vendidas no país na última década não oscilaram. Contudo, é fato que a produção tem crescido e isso se deve ao melhoramento genético das novas cultivares disponíveis no mercado. Um indício disso é o aumento do faturamento do setor de sementes. Entre os

anos de 2001 e 2009, o faturamento do setor de sementes de milho-doce cresceu 210,6%, reflexo do uso de sementes com alta tecnologia (Texeira et al., 2013).

No Brasil, são poucas empresas governamentais e privadas que vêm desenvolvendo programas de melhoramento para produção de cultivares de milho doce. Estão registradas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares 45 cultivares de milho doce, porém apenas três estão sendo comercializadas para os agricultores em todo o país (Brasil, 2014). De acordo com a Embrapa Hortaliças, principal empresa governamental que tem como foco o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras, entre os anos de 1981 e 2013, apenas 5 cultivares foram lançadas no mercado: Milho-doce Cristal, Milho-doce de ouro, Milho Docemel, Milho-doce Lili e Milho Superdoce (Cultivares da Embrapa Hortaliças, 2014). É oportuno salientar que hoje essas cultivares não estão sendo comercializadas. As cultivares comercializadas são: Milho-doce Havaí, comercializado pela Isla Sementes; o Honey Sweetter, um híbrido adaptado no país pela Seminis; e o híbrido Tropical Plus, produzido e comercializado pela Syngenta Seeds.

3.1.2.4 Características do milho braquítico

Em vegetais superiores, o termo “Braquismo” foi proposto para caracterizar plantas de porte baixo, resultantes da introdução de um gene que provoca redução dos entrenós inferiores à espiga. O encurtamento do colmo não afeta as demais partes da planta, fazendo com que as cultivares portadoras desta característica mantenham o potencial produtivo original (Cook, 1915).

O encurtamento dos internódios, associado à constância do número dos mesmos, promove redução na altura da planta e da espiga comparativamente às plantas normais (Castiglioni, citado por Berilli, 2009). Tais plantas tendem a apresentar maior diâmetro de colmo (Kempton, 1920; Anderson e Chow, 1963; Leite, 1973), maior largura de folhas (Paterniani, 1973), maior tolerância à seca, causada, provavelmente, pelo maior desenvolvimento do sistema radicular (Campbell, 1965; Tregubenko e Nepomnjascij, 1969), e produtividade semelhante, quando comparadas com plantas de milho comum (Campbell, 1965). O efeito principal do alelo braquítico é a redução no acamamento e no quebramento das plantas, sendo tais plantas indicadas para regiões cujas lavouras sofram ação de

ventos fortes. De acordo com o trabalho de Zanette e Paterniani (1992), os milhos braquíticos apresentam boa adaptabilidade geral a diferentes ambientes.

Pesquisadores afirmam que existem dois mecanismos que controlam geneticamente o crescimento de plantas braquíticas: i) presença do gene maior recessivo e em homozigose (br_2) localizado no braço longo do cromossomo 1, responsável pelo crescimento da planta; ii) poligenes, que controlam a expressão do crescimento por promoverem formação de um tipo diferente de giberelina, menos ativa na promoção do crescimento (Anderson e Chow 1963; Lambert 1963; Galston e Davies, 1972).

3.1.2.5 Heterose

Os precursores das pesquisas sobre heterose foram Shull (1909) e East (1909), que conceituaram a heterose para explicar os efeitos da expressão favorável da hibridação, cujo produto do cruzamento é robusto, apresentando média superior à média dos pais ou do pai superior (heterobeltiose). Verificaram ainda que o cruzamento entre linhagens endogâmicas de milho resultava em uma geração F_1 vigorosa. No entanto, tal prática não foi utilizada comercialmente pelo elevado custo das sementes híbridas, que eram geradas em linhagens endogâmicas, normalmente pouco produtivas. Em 1918, Jones preconizou a utilização de híbridos duplos para resolver o problema da produção de sementes, apresentando ainda maior variabilidade genética e menor vulnerabilidade.

As vantagens da utilização da heterose são: (1) associar características de genitores distintos no menor espaço de tempo possível; (2) obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto; (3) utilizar interações gênicas na geração híbrida; (4) produzir genótipos uniformes; (5) alcançar menor interação com o ambiente na geração F_1 ; e (6) produzir sementes de milho híbrido com reflexos favoráveis sobre a economia da região (Paterniani, 1978).

O milho é a espécie de maior diversidade genética na natureza (Bull, 1993). Isso facilita a exploração da heterose especialmente em programas que almejam o desenvolvimento de cultivares. O aproveitamento comercial da heterose em milho é inquestionável, sendo uma das maiores contribuições da ciência para o agronegócio. O acréscimo em produtividade de grãos ocorreu, com

base no emprego do milho híbrido, cooperando para um aumento expressivo na produtividade da cultura (Hallauer et al., 2010)

Existem,entre outros, dois grupos heteróticos principais, denominados duro e dentado. A maioria dos híbridos de milho pertence a tais grupos heteróticos (Fancelli e Dourado Neto, 2000). Contudo, para o milho doce, não existem padrões heteróticos definidos, apesar de a exploração da heterose já ter sido identificada em estudos (Reis et al.,2011; Assunção et al., 2010) e ser um fator preponderante no desenvolvimento de milho doce, especialmente quando se considera que no mercado de sementes brasileiro existem apenas híbridos de milho doce.

Para a cultura do milho doce, outro fenômeno a ser considerado é a xenia, que é o efeito do pólen no embrião e endosperma, alterando as características genéticas e proporcionando mudanças no fenótipo do grão. Desta forma, os resultados da xenia podem ser interpretados como a manifestação precoce da heterose, aumentando a habilidade do endosperma em acumular os foto assimilados que determinam o peso final do grão, em virtude da modificação genética ocasionada pela polinização cruzada (Denney, 1992). Nesse sentido, recomenda-se que os plantios de milho-doce devam ser feitos em sistema de isolamento no espaço e/ou no tempo, ou seja, distanciados em pelo menos 400m de lavouras de milho comum ou esperar pelo menos 30 dias de intervalo entre um plantio de lavoura de milho comum e a de milho especial (Parentoni et al.,1990).

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1 Obtenção do germoplasma superdoce

A escolha dos germoplasmas a serem trabalhados é uma etapa crucial de qualquer programa de melhoramento genético. Se na hibridação for obtida uma população segregante que não origina genótipos superiores aos existentes, haverá perda de tempo e de recursos financeiros. Deste modo, populações com elevado potencial *per se* foram definidas para a condução do programa de melhoramento via retrocruzamentos:

Superdoce sintético SH₂(SDSH) e a superdoce sintético SH₂8HS (SD8HS): populações de milho superdoce, oriundas do Centro Nacional de Pesquisa em Milho e Sorgo (CNPMS), ambas portadoras do gene *shrunken-2* (*sh₂*). Populações utilizadas como genitores doadores.

CIMMYT-8(C8): População de milho comum pertencente ao grupo heterótico tipo 'FLINT'. Esta população tem um gene braquítico, ou seja, de porte mais baixo e foi utilizada como genitor recorrente.

Piranão-8 (P8): População de milho comum pertencente ao grupo heterótico tipo "DENT". Esta população também tem um gene braquítico e foi utilizada como genitor recorrente.

As populações CIMMYT e Piranão foram doadas pela Universidade Federal de Viçosa e estavam no quinto ciclo de seleção recorrente. Desde então, elas são trabalhadas pelo programa de melhoramento genético da Universidade Estadual do Norte Fluminense. Por ocasião deste projeto, as populações utilizadas (C8 e P8) são produto do oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos.

Assim, no segundo semestre do ano de 2004, com o intuito de gerar genótipos de milho superdoce com características agrônômicas superiores, as variedades SDSH e SD8HS foram cruzados com as variedades de milho comum CIMMYT 8 e Piranão 8, gerando quatro populações de milho superdoce (Tabela 2).

Tabela 2- Esquema dos cruzamentos utilizados para obtenção dos genitores superdoce via retrocruzamentos.

| Populações Recorrentes | Populações Doadoras | |
|------------------------|---------------------|-------|
| | SDSH | SD8HS |
| C8 | CSH | C8HS |
| P8 | PSH | P8HS |

Posteriormente, estes quatro híbridos foram retrocruzados por cinco gerações com os genitores recorrentes, visando à recuperação do genoma dos

genitores recorrentes em conjunto com o caráter superdoce. Os retrocruzamentos foram iniciados em 2005 e finalizados em 2009.

Basicamente, o processo pode ser explicado da seguinte forma: para cada cruzamento, foi obtida uma população, que foi retrocruzada com o respectivo genitor recorrente, Tabela 2, dando origem ao primeiro retrocruzamento (RC_1F_1). Para cada população, aproximadamente trezentas plantas de cada população RC_1F_1 foram levadas a campo para a classificação. A priori, as plantas foram analisadas quanto à altura, ou seja, apenas as plantas braquíticas (br_2br_2) foram selecionadas para posterior autofecundação e, por ocasião da colheita, proceder-se à avaliação da textura do grão. Após a colheita dos grãos, eles foram analisados e aqueles que apresentaram semente rugosa (sh_2sh_2) foram semeados a campo e, posteriormente, usados para obtenção das progênes RC_2F_1 . A partir desta geração, todas as plantas obtidas no RC_2F_1 são homozigotas recessivas para o caráter altura de planta. Por conseguinte, a seleção nas gerações seguintes foi alicerçada somente para o caráter textura de sementes, ou seja, apenas as sementes rugosas foram selecionadas. Este processo foi repetido por cinco gerações, ou seja, até que, aproximadamente, 98% do genoma dos genitores recorrentes fossem recuperado em conjunto com o caráter superdoce. Após as cinco gerações de retrocruzamentos, quatro populações de milho superdoce foram obtidas -PSH, CSH, P8HS e C8HS-as quais foram cruzadas entre si, gerando os seguintes híbridos intervarietais: PSH x CSH, PSH x C8HS, P8HS x C8HS e P8HS x CSH.

Durante todo o processo de cruzamento, os seguintes procedimentos foram adotados: as espigas foram cobertas, antes de emitir os estigmas, com sacolas plásticas próprias a este fim. Do mesmo modo, os pendões foram cobertos com sacolas de papel *Kraft* de forma que não ocorresse contaminação por pólen exógeno. Este procedimento é extremamente necessário, pois o pólen perde sua viabilidade após oito horas do início de sua liberação. De modo que qualquer pólen viável que se encontre no saco de papel do dia seguinte ao preparo só poderá ter sido proveniente do pendão coberto, evitando, assim, contaminação por pólen exógeno.

3.1.3.2 Genótipos usados no ensaio

Foram avaliados 13 genótipos, que podem ser vistos na Tabela 3.

Tabela 3. Genótipos avaliados no ensaio de avaliação de desempenho agrônômico.

| | Grupos | Siglas |
|--|---------------|--|
| Populações doadoras do gene <i>sh</i> (PD) | G1 | SDSH SD8HS |
| Populações recorrentes (PR) | G2 | P8 C8 |
| Híbridos Interpopulacionais de milho comum (HIC) | G2 | P8 x C8 |
| Populações superdoce (PSD) | G3 | CSH C8HS PSH P8HS |
| Híbridos Interpopulacionais superdoce (HISD) | G4 | CSH x PSH CSH x P8HS C8HS x PSH C8HS x P8HS |

3.1.3.3 Condições de cultivo

O experimento foi implantado no mês de agosto de 2010, em delineamento experimental de blocos ao acaso, com cinco repetições e dois locais de avaliação: Colégio Agrícola Antônio Sarlo e Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, ambos no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro, localizado a 21° 45' de latitude sul e 41° 20' W de longitude e a 11 m de altitude (Oliveira, 1996), classificado como tropical chuvoso, clima de bosque com uma precipitação média anual de 1023 mm. Tem evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23° C (Koeppen, citado por Ometto, 1981). Cada parcela experimental

foi composta por duas linhas de 5m, com espaçamento de 0,3m entre plantas e 1m entre fileiras, sendo utilizadas quatro linhas contínuas em torno da área de plantio como bordadura. No plantio, foram semeadas seis sementes por cova, com posterior desbaste para uma planta por cova, aos 30 dias após a semeadura.

A adubação de plantio foi constituída pela aplicação de 400 kg.ha⁻¹ do formulado N-P-K 8-28-16. Posteriormente, foram efetuadas duas adubações de cobertura: uma aos 30 dias após o plantio, com 300 kg.ha⁻¹ do formulado N-P-K 20-00-20, e outra após 45 dias de plantio, com 200 kg.ha⁻¹ de uréia. O controle de plantas invasoras foi feito com a aplicação do herbicida Roundup antes do plantio e uma capina manual. As plantas dos genótipos de milho comum foram emasculadas no final do estágio VT para evitar a ocorrência de efeito xenia.

As colheitas foram feitas por etapas, ou seja, quando aproximadamente 50% das espigas de cada parcela estavam no estágio de grãos leitosos (+/- 25 dias após o florescimento feminino), a parcela foi colhida.

3.1.3.4 Características Avaliadas

As avaliações foram feitas em duas etapas: antes e após a colheita das espigas.

Características avaliadas antes da colheita:

- Altura de planta (AP) – altura média de cinco plantas competitivas, medidas do nível do solo até o nó de inserção da folha bandeira, em metros.
- Estande (ST) – número de plantas por parcela no momento da colheita.
- Número de espigas (NE) – número total de espigas por parcela no momento da colheita.

Características avaliadas após a colheita:

- Prolificidade (PRO) - obtida pela razão NE/ST, que mostra o número médio de espigas por planta.
- Número de fileiras de grãos (NFG) – número médio total de fileiras de grãos de 10 espigas.
- Diâmetro médio de espigas (DE) – média do diâmetro de 10 espigas sem palha, em milímetros.
- Diâmetro médio de sabugo (DS) – média do diâmetro de 10 sabugos, em milímetros.
- Comprimento médio das espigas com palha (CCP) – média do comprimento de 10 espigas com palha, em centímetros.
- Comprimento médio das espigas sem palha (CSP) – média do comprimento de 10 espigas sem palha, em centímetros.
- Peso médio de espigas com palha (PCP) – média do peso de 10 espigas com palha, em gramas.
- Peso médio de espiga sem palha (PSP) – média do peso de 10 espigas sem palhas, em gramas.
- Relação de espigas (RE) – obtida pela divisão PSP/PCP, que mostra de forma indireta a proporção de palhas da parcela.
- Produtividade de espigas com palha (PROCP) – peso total da parcela em quilogramas por metro quadrado, posteriormente convertido em toneladas por hectare.
- Produtividade de espigas sem palha (PROSP) – peso total da parcela despilhada em quilogramas por metro quadrado, posteriormente convertido em toneladas por hectare.

3.1.3.5 Análises estatísticas

3.1.3.5.1 Análise de variância

Os genótipos foram submetidos a uma análise de variância conjunta, Tabela 4, conforme o delineamento de blocos casualizados, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + (B/A)_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} é a observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente;

μ é a média geral do ensaio;

$(B/A)_{jk}$ é o efeito do bloco k no ambiente j;

G_i é o efeito fixo de genótipo i;

A_j é o efeito fixo do ambiente j;

GA_{ij} é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e

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

Tabela 4. Esquema da análise de variância conjunta e a esperança de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

| FV | GL | QM | E (QM) | F |
|--------------|-------------|------|-------------------------|----------|
| Bloco/A | a -1 | QMB | $\sigma^2 + p\sigma^2B$ | QMB/QMR |
| Ambiente (A) | (r-1) a | QMA | $\sigma^2 + rg\Phi A$ | QMA/QMR |
| Genótipo (G) | g-1 | QMG | $\sigma^2 + ra \Phi P$ | QMG/QMR |
| G x A | (a-1)(g-1) | QMGA | $\sigma^2 + r \Phi PA$ | QMGA/QMR |
| Resíduo | a(g-1)(r-1) | QMR | σ^2 | |

a= número de ambientes; r= número de repetições; g = número de genótipos

Para verificar as diferenças entre cada grupo de genótipos em estudo, os graus de liberdade de genótipos foram decompostos, sendo cada grupo avaliado via contrastes ortogonais. Desta forma, cada contraste gera uma hipótese a ser testada e está associado a uma soma de quadrados com diferentes graus de liberdade. As comparações foram elaboradas com o objetivo de testar os efeitos de grupos e a interação entre eles.

Para as análises estatísticas, foram utilizados os recursos computacionais do Programa Genes (Cruz, 2013).

3.1.3.5.2 Estimação dos parâmetros genéticos

De posse das esperanças dos quadrados médios, Tabela3, foram obtidas as estimativas dos componentes da variância:

$$\text{Coeficiente de determinação genotípico: } H^2 = \frac{QMP - QMR}{QMR}$$

$$\text{Coeficiente de variação experimental: } CV_e(\%) = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \right)$$

$$\text{Coeficiente de variação genético: } CV_g(\%) = 100 \left(\frac{\sqrt{\phi_g^2}}{\bar{X}} \right)$$

$$\text{Índice de variação: } I_V(\%) = 100 \left(\frac{CV_g}{CV_e} \right)$$

$$\text{Acurácia: } r_{gg}^{\wedge} = \sqrt{1 - \frac{1}{Fc}}$$

$$\text{Heterose: } H(\%) = 100 \left(\frac{F_1 - MP}{MP} \right)$$

Em que:

QMG é o Quadrado médio de genótipo;

QMR é o Quadrado médio de resíduo;

F_1 é o híbrido interpopulacional;

a é o número de ambientes;

r é o número de repetições;

MP é a média dos parentais; e

Fc é o QMG/QMR .

3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Inicialmente foi feita uma análise de variância para cada um dos ambientes, isoladamente. Em seguida, foi verificada a homogeneidade dos quadrados médios do erro pelo Teste de Bartlett (1937), e uma vez constatada a não significância do teste, pôde-se inferir que as variâncias residuais eram iguais e, na sequência, procedeu-se à análise de variância conjunta.

A análise de variância conjunta mostrou diferenças significativas de população para todos os caracteres avaliados, expressando a existência de variabilidade genética entre elas, o que é de fundamental importância para o melhoramento genético (Tabela 5).

Quanto à interação genótipos por ambientes, os efeitos foram significativos para altura de planta (AP), estande (ST), número de espigas (NE), prolificidade (PRO), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), peso de espiga sem palha (PSP), relação PSP/PCP (RE) e produtividade de espigas sem palha (PROSP), Tabela 5, indicando distinção no comportamento dos genótipos entre os ambientes avaliados para estas variáveis, logo, as inferências sobre o desempenho das progênies devem ser para cada um dos ambientes.

Houve efeito significativo de contraste entre os quatro grupos de genótipos avaliados (genitores doadores, variedades de milho comum, populações retrocruzados superdoce, híbridos superdoce) para todas as características avaliadas, Tabela 5, mostrando distinção entre os grupos e reforçando a coerência da classificação dos genótipos em grupos.

Tabela 5. Estimativa de quadrados médios de 13 genótipos de *Zea mays* L., avaliados em dois locais, Colégio Agrícola e Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, na cidade de Campos dos Goytacazes - RJ, no ano agrícola de 2010/2011.

| Quadrado Médio | | | | | | | | |
|----------------|-----|---------------------|---------------------|---------------------|-----------------------|--------------------|---------------------|--------------------|
| FV | GL | AP | ST | NE | PRO | NFG | DE | DS |
| Ambiente (A) | 1 | 0,22** | 906,24** | 2940,47** | 0,0002 ^{ns} | 0,05 ^{ns} | 23,33** | 5,86 ^{ns} |
| Bloco/A | 6 | 0,05** | 11,80 ^{ns} | 81,81 ^{ns} | 0,06 ^{ns} | 0,07 ^{ns} | 2,09 ^{ns} | 2,23 ^{ns} |
| Genótipo (G) | 12 | 0,10** | 308,99** | 410,51** | 0,34** | 12,25** | 22,61** | 9,94** |
| GD | 1 | 0,006 ^{ns} | 30,25 ^{ns} | 45,56 ^{ns} | 0,002 ^{ns} | 1,10* | 4,63 ^{ns} | 0,09 ^{ns} |
| VMC | 2 | 0,01 ^{ns} | 3,04 ^{ns} | 9,87 ^{ns} | 0,00005 ^{ns} | 4,53** | 15,07** | 1,71 ^{ns} |
| PRDS | 3 | 0,03** | 805,08** | 1230,41** | 0,86** | 1,54** | 8,76** | 20,98** |
| HSD | 3 | 0,03** | 66,11** | 52,58 ^{ns} | 0,038 | 2,79** | 13,68** | 0,87 ^{ns} |
| Grupos | 3 | 0,33** | 352,66** | 337,28** | 0,46** | 41,28** | 56,41** | 16,74** |
| G x A | 12 | 0,04** | 25,16** | 105,45** | 0,10* | 0,21 ^{ns} | 11,63** | 4,89** |
| GD x A | 1 | 0,002 ^{ns} | 6,25 ^{ns} | 248,06* | 0,11 ^{ns} | 0,72 ^{ns} | 8,10 ^{ns} | 0,04 ^{ns} |
| VMC x A | 2 | 0,03 ^{ns} | 5,29 ^{ns} | 58,62 ^{ns} | 0,03 ^{ns} | 0,28 ^{ns} | 1,80 ^{ns} | 2,85 ^{ns} |
| PRDS x A | 3 | 0,01 ^{ns} | 37,87** | 100,70** | 0,02 ^{ns} | 0,07 ^{ns} | 15,52** | 7,28** |
| HSD x A | 3 | 0,005 ^{ns} | 48,19** | 64,75 ^{ns} | 0,10 ^{ns} | 0,12 ^{ns} | 7,93** | 6,83** |
| Grupos X A | 3 | 0,19** | 9,37 ^{ns} | 134,60** | 0,22** | 0,22 ^{ns} | 19,17 ^{ns} | 3,53** |
| Erro | 72 | 0,01 | 10,21 | 44,75 | 0,052 | 0,27 | 2,88 | 1,67 |
| Total | 103 | | | | | | | |

*, ** Significativo a 5 e 1% pelo teste F, respectivamente. ^{ns} Não significativo pelo teste F. GD= genitores doadores superdoce, VMC= variedades de milho comum, PRSD= populações retrocruzadas de milho superdoce, HSD= híbridos superdoce, AP= altura de planta, ST= número de plantas por parcela, NE=número de espigas, PRO= prolificidade, NFG = número de fileiras de grãos, DE= diâmetro de espiga, DS= diâmetro de espiga

Tabela 5, cont.

| FV | GL | Quadrados Médios | | | | | | |
|--------------|-----|---------------------|--------------------|-----------------------|----------------------|---------------------|---------------------|--------------------|
| | | CCP | CSP | PCP | PSP | RE | PROCP | PROSP |
| Ambiente (A) | 1 | 300,51** | 15,87** | 32368,69** | 121,84 ^{ns} | 0,15** | 118,81** | 0,20 ^{ns} |
| Bloco/A | 6 | 2,44 ^{ns} | 1,09 ^{ns} | 910,66 ^{ns} | 951,80 ^{ns} | 0,001 ^{ns} | 8,09 ^{ns} | 3,50 ^{ns} |
| Genótipo (G) | 12 | 19,01** | 9,20** | 7017,39** | 4281,76** | 0,02** | 68,10** | 26,51** |
| GD | 1 | 0,082 ^{ns} | 0,10 ^{ns} | 430,56 ^{ns} | 81,00 ^{ns} | 0,006 ^{ns} | 12,45 ^{ns} | 1,72 ^{ns} |
| VMC | 2 | 18,91** | 11,04** | 5653,63** | 3649,25** | 0,003 ^{ns} | 14,72* | 5,09* |
| PRDS | 3 | 7,29** | 10,00** | 2755,54** | 579,25 ^{ns} | 0,003 ^{ns} | 101,79** | 41,51** |
| HSD | 3 | 5,82** | 0,53 ^{ns} | 343,04 ^{ns} | 747,21 ^{ns} | 0,004 ^{ns} | 1,41 ^{ns} | 2,99 ^{ns} |
| Grupos | 3 | 50,29** | 38,37** | 21058,37** | 13340,74** | 0,069** | 155,23** | 57,57** |
| G x A | 12 | 2,12 ^{ns} | 0,92 ^{ns} | 778,65 ^{ns} | 1209,98** | 0,005** | 5,51 ^{ns} | 4,11** |
| GD x A | 1 | 1,18 ^{ns} | 0,02 ^{ns} | 162,56 ^{ns} | 517,56 ^{ns} | 0,01** | 15,80 ^{ns} | 1,88 ^{ns} |
| VMC x A | 2 | 2,63 ^{ns} | 0,83 ^{ns} | 218,58 ^{ns} | 481,49 ^{ns} | 0,005* | 2,67 ^{ns} | 1,69 ^{ns} |
| PRDS x A | 3 | 2,09 ^{ns} | 0,48 ^{ns} | 1277,03 ^{ns} | 1507,81** | 0,004 ^{ns} | 7,46 ^{ns} | 6,79** |
| HSD x A | 3 | 1,60 ^{ns} | 0,23 ^{ns} | 140,56 ^{ns} | 944,57** | 0,004 ^{ns} | 6,19 ^{ns} | 7,58* |
| Grupos x A | 3 | 2,64 ^{ns} | 2,41 ^{ns} | 1497,1 ^{ns} | 1894,03** | 0,005** | 1,34 ^{ns} | 0,31 ^{ns} |
| Erro | 72 | 2,89 | 0,64 | 623,93 ^{ns} | 367,93 | 0,002 | 4,25 | 1,60 |
| Total | 103 | | | | | | | |

*, ** Significativo a 5 e 1% pelo teste F, respectivamente. ^{ns} Não significativo pelo teste F. GD= genitores doadores superdoce, VMC= variedades de milho comum, PRSD= populações retrocruzados de milho superdoce, CCP= comprimento médio de espiga com palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, PCP= peso médio de espiga com palha, PSP= peso médio de espiga sem palha, RE= relação PSP/PCP, PROCP=produtividade de espiga com palha, PROSP= produtividade de espiga sem palha.

Com relação a diferenças intragrupos, Tabela 5, não foram observadas diferenças significativas entre os doadores para todas as características morfoagronômicas avaliadas, exceto para a característica NFG, que apresentou diferenças significativas a 5% de probabilidade. As variedades de milho comum expressaram diferenças significativas para NFG, DE, CCP, CSP, PCP, PSP, PROCP e PROSP, sugerindo diferenças com relação aos componentes do rendimento entre os genótipos avaliados, o que pode se relacionar diretamente ao nível de avanço dos ciclos de seleção recorrente aplicados a estes materiais e ao alto efeito heterótico do híbrido P8xC8. Com exceção do PSP e RE, foram observadas diferenças significativas para todas as características morfoagronômicas avaliadas nas quatro populações retrocruzadas de milho superdoce. Isto mostra que a conversão de genótipos CIMMYT 8 e Piranão 8 para milho superdoce foi eficiente em gerar novas populações de milho-doce distintas dos parentais originais.

Para os híbridos interpopulacionais superdoce, foram encontradas diferenças significativas para AP, ST, NFG, DE e CCP. As variações no ST para os genótipos contendo o alelo *sh₂* em homozigose podem se relacionar com falhas de germinação, problema comum, sobretudo em variedades com o caráter superdoce. Cultivares com o alelo *sh₂* em homozigose tem grande conteúdo de açúcares solúveis e baixas taxas de conversão para amido no endosperma da semente, o que reduz suas reservas no endosperma, que é a fonte principal de nutrientes para a germinação do embrião, além de um pericarpo mais tenro (Borowski et al., 1991). Por conseguinte, esses fatores colaboram para um baixovigor da semente, germinação reduzida e rápida perda da viabilidade, o que ocasiona desuniformidade do estande (Aragão et al., 2003; Reis et al., 2011).

As médias gerais do experimento, Tabela 6, atendem as exigências de mercado de milho verde, exceto para a variável NFG. Apesar de a média geral resultar de valores obtidos tanto de genótipos de milho superdoce quanto de milho comum, os dados salientam o alto valor agrônômico bem como os efeitos heteróticos derivados dos híbridos superdoce dos genótipos em estudo. A altura média de plantas, 2,02 m, está dentro da faixa citada por Barbosa (1983) e Gama et al. (1983) para milhos de porte baixo, com tolerância a altas densidades e à colheita mecanizada. É oportuno salientar que quando se deseja incorporar restos

culturais no solo, cultivares com menor porte são mais indicadas, de forma que não prejudique o plantio posterior e que seja possível um maior número de colheitas por ano (Bordallo et al.,2005).

A relação entre o peso de espigas sem palha e o peso de espigas com palha (RE) informa indiretamente a quantidade de palha presente nas progênes, e o valor médio encontrado (0,65) confirma o trabalho feito por Marino (2013), que afirma ser o rendimento industrial positivamente correlacionado com RE. Isto indica que o aumento do rendimento industrial passa pela redução do peso de palhas, o que é vantajoso para a indústria, porque proporciona maior rendimento no processamento. Contudo, é preciso atentar para não reduzir o empalhamento a ponto de aumentar os danos nas espigas por ataque de pragas (Cutolo Filho, 2003).

Para o caráter PRO, foi obtido um valor médio de 1,65. Esses dados expressam valores relevantes, visto indicarem o grau de prolificidade dos materiais. Pereira et al. (2009), estudando caracteres agronômicos e nutricionais de genótipos de milho doce, obtiveram média de 1,38 para PRO. Em decorrência das exigências do mercado de milho-doce (espigas grandes e bem granadas), é necessária uma maior atenção para o caráter prolificidade, pois ele é negativamente correlacionado com a porcentagem de espigas comerciais (Younes e Andrew, 1978). Apesar de o índice apresentar valores maiores que a unidade e, conseqüentemente, as progênes serem prolíferas, as espigas apresentaram em média excelente qualidade, tanto para o consumo *in natura*, quanto para a aceitação industrial.

Tabela 6. Média Geral e parâmetros genéticos experimentais com base nos dois ambientes, Colégio Agrícola e Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, na cidade de Campos dos Goytacazes – RJ, no ano agrícola de 2010/2011.

| Características | \bar{X} | $CV_e(\%)$ | $CV_g(\%)$ | $I_v(\%)$ | \hat{r}_{gg} | H^2 |
|------------------------|-----------|------------|------------|-----------|----------------|-------|
| AP | 2,02 | 5,57 | 6,49 | 116,5 | 0,94 | 91,67 |
| ST | 33,35 | 9,57 | 18,32 | 191,4 | 0,98 | 96,69 |
| NE | 53,74 | 14,15 | 12,78 | 90,31 | 0,94 | 89,11 |
| PRO | 1,65 | 13,92 | 11,59 | 83,26 | 0,92 | 75,00 |
| NFG | 12,75 | 4,11 | 9,59 | 233,3 | 0,98 | 97,39 |
| DE | 45,45 | 3,37 | 3,45 | 102,3 | 0,93 | 87,23 |
| DS | 26,31 | 4,91 | 3,86 | 78,61 | 0,91 | 83,06 |
| CCP | 28,27 | 9,15 | 5,91 | 64,59 | 0,92 | 84,79 |
| CSP | 20,27 | 3,95 | 5,10 | 129,1 | 0,96 | 93,04 |
| PCP | 329,54 | 7,57 | 8,57 | 113,2 | 0,95 | 91,11 |
| PSP | 214,24 | 8,95 | 10,32 | 115,2 | 0,95 | 91,41 |
| RE | 0,65 | 7,3 | 6,80 | 93,15 | 0,94 | 88,00 |
| PROCP | 15,66 | 13,66 | 18,03 | 131,9 | 0,96 | 93,77 |
| PROSP | 10,13 | 12,51 | 17,40 | 139,0 | 0,96 | 93,96 |

\bar{X} = média geral, $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação experimental, $CV_g(\%)$ = coeficiente de variação genético, \hat{r}_{gg} = acurácia seletiva, H^2 = coeficiente de determinação genotípico, AP= altura de planta, ST= número de plantas por parcela, NE=número de espigas, PRO= prolificidade, NFG = número de fileiras de grãos, DE= diâmetro de espiga, DS= diâmetro de espiga, CCP= comprimento médio de espiga com palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, PCP= peso médio de espiga com palha, PSP= peso médio de espiga sem palha, RE= relação PSP/PCP, PROCP=produtividade de espiga com palha, PROSP= produtividade de espiga sem palha.

Para ST, a média em torno de 33 plantas parcela⁻¹ denota perda de plantas para alguns tratamentos, uma vez que o estande ideal seria de 50 plantas parcela⁻¹. Pesquisas com milho doce, de uma maneira geral, têm evidenciado qualidade inferior de suas sementes, possivelmente pela maior sensibilidade aos danos físicos e àqueles vindos de suas modificações bioquímicas. Não está inteiramente elucidado se o baixo vigor das sementes é decorrente da menor reserva de amido no endosperma, ou do fato de o embrião ser, por si mesmo, geneticamente inferior e inábil para exibir um alto vigor, ou se ainda é provocado pelo manuseio incorreto das sementes (Walters Jr e Blanchette, 1983; Mc Donald et al., 1994). Avaliando genótipos de milho superdoce contendo o alelo *sh₂* em homozigose quanto à resposta ao transplântio de mudas em comparação com a semeadura direta, Welbaum et al. (2001) obtiveram maior porcentagem de germinação utilizando o transplântio, com diferenças de produtividade de 12,08 t ha⁻¹ para o transplântio versus 8,74 t ha⁻¹ com semeadura direta. Neste contexto, pode-se inferir que efeitos genotípicos podem estar envolvidos tanto na formação do estande final quanto na produtividade dos genótipos de milho superdoce presentes neste estudo.

As estimativas do coeficiente genotípico de determinação variaram de 75,00 a 96,69 (Tabela 6). Este parâmetro é uma medida da importância relativa da hereditariedade. Estimativas altas como as encontradas neste trabalho permitem inferir que a maior parte da variação dos genótipos é devida a causas genéticas. Estes dados são corroborados pela acurácia seletiva observada, uma vez que os valores oscilaram entre 0,91 e 0,98, Tabela 6, e de acordo com a escala proposta por Resende e Duarte (2007), estimativas de acurácia maiores que 0,90 são classificadas como muito altas. Os valores do índice de variação (I_V) expressaram valores acima de 1 para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção do NE, PRO, DE, DS, CCP e RE, que estão próximos da unidade, indicando predominância da variação genotípica sobre a variação experimental (Tabela 6). Ademais, cabe salientar que os valores de CV_e estão dentro da normalidade proposta por Scapim et al. (1995) para experimentos com milho, uma vez que oscilaram entre 3,37 e 14,15%.

Resende e Duarte (2007) destacam as vantagens de estatísticas como herdabilidade, coeficiente de determinação, teste F, acurácia, entre outros, para medir a precisão experimental. E recomendam que os ensaios de avaliação sejam

abordados tanto do ponto de vista genético quanto estatístico. Do mesmo modo, propõem o uso da acurácia seletiva pela sua propriedade de informar sobre a eficácia da inferência do valor genético, sendo produto da proporção entre as variações de natureza genética e residual, além do número de repetições. De acordo com o exposto, percebe-se que, neste trabalho, os efeitos ambientais relativos aos locais de avaliação não foram predominantes ou deletérios sobre a variabilidade genética dos genótipos em avaliação.

A Tabela 7 mostra o desempenho médio de cada grupo nos diferentes ambientes em separado bem como as estimativas da heterose para as características exigidas pelo mercado para a cultura do milho doce. Características como PSP, CSP, DE, NFG e PROCP merecem maior atenção dos melhoristas de milho doce, pois as cultivares que não atendem as exigências do mercado podem não ser comercializadas. Deste modo, as cultivares devem apresentar peso médio de espiga sem palha maior ou igual a 200g, comprimento médio de espigas sem palha com cerca de 20 cm, diâmetro igual ou superior a 30 mm, número de fileiras de grão igual a 14 e produtividade a campo igual ou superior a 12tha⁻¹ (Pereira Filho, 2003).

Na comparação entre as médias dos indivíduos de cada grupo, cabe ênfase para o desempenho *per se* do genitor doador SD8HS, que mostrou superioridade para todas as características avaliadas. Analisando o caráter NFG, pode-se inferir que as populações SDSSH e SDS8HS, ou seja, as doadoras do caráter doce apresentam, em média, 15,1 e 15,6, respectivamente, valores superiores aos pais recorrentes e também ao imposto pelo mercado. Contudo, esta média não foi mantida nas populações retrocruzadas, tendo o NFG variado entre 11,8 e 12,9, e também nos híbridos intrapopulacionais, que apresentaram desempenho semelhante aos parentais, vista a baixa estimativa da heterose (Tabela 7). Este resultado era esperado, pois os doadores só foram cruzados uma única vez, com o intuito de transferir apenas o gene *sh₂e*, posteriormente, cerca de 98% do genoma do pai recorrente foi recuperado. Segundo Vencovsky (1970), a manifestação da heterose leva à conclusão de que há diversidade genética entre os genótipos em estudo. Porém o contrário não é sempre verdadeiro, isto é, a ausência de heterose não implica necessariamente falta de diversidade genética entre os genitores ou ausência de dominância, uma vez que o somatório dos desvios de dominância pode ser nulo, quando eles apresentam sinais opostos

(Scapim et al., 2002). Somados a esta afirmativa, há o efeito de genótipo significativo, a estimativa de herdabilidade (97,39) e o índice de variação genético (2,33), podendo-se inferir pela variabilidade genética dentro dos híbridos intrapopulacionais para esta característica, com possibilidade de ganhos genéticos com a seleção (Tabela 6).

Tabela 7. Médias (\bar{X}) e estimativa da heterose (H) de 13 genótipos de *Zea mays* L., avaliados em dois ambientes, Colégio Agrícola e Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos na cidade de Campos dos Goytacazes - RJ, no ano agrícola de 2010/2011.

| PD | PSP | | | | CSP | | | | DE | | | |
|--------------|--------|--------|-----------|---------|--------|--------|-----------|---------|--------|--------|-----------|---------|
| | Amb. 1 | Amb. 2 | \bar{X} | $H(\%)$ | Amb. 1 | Amb. 2 | \bar{X} | $H(\%)$ | Amb. 1 | Amb. 2 | \bar{X} | $H(\%)$ |
| SDSH | 190,3 | 229,8 | 210,0 | | 18,0 | 19,7 | 18,9 | | 43,6 | 46,5 | 45,1 | |
| SD8HS | 206,1 | 222,9 | 214,5 | | 18,1 | 19,9 | 19,0 | | 46,1 | 46,2 | 46,2 | |
| PR | | | | | | | | | | | | |
| P8 | 182,1 | 184,5 | 183,3 | | 20,1 | 20,7 | 20,4 | | 42,9 | 42,9 | 42,6 | |
| C8 | 169,6 | 201,5 | 185,6 | | 18,7 | 19,2 | 19,0 | | 43,7 | 44,6 | 44,1 | |
| HIC | | | | | | | | | | | | |
| P8 x C8 | 216,9 | 225,9 | 221,4 | | 21,6 | 21,1 | 21,3 | | 44,7 | 45,9 | 45,3 | |
| PSD | | | | | | | | | | | | |
| CSH | 194,0 | 205,5 | 200,1 | | 17,9 | 19,6 | 18,7 | | 45,5 | 45,2 | 45,3 | |
| C8HS | 205,3 | 202,6 | 203,0 | | 20,8 | 22,2 | 21,5 | | 44,9 | 43,0 | 43,9 | |
| PSH | 213,8 | 162,2 | 187,9 | | 19,7 | 20,5 | 20,1 | | 46,9 | 40,5 | 43,7 | |
| P8HS | 209,0 | 206,0 | 207,5 | | 19,8 | 20,4 | 20,1 | | 46,2 | 45,4 | 45,8 | |
| HISD | | | | | | | | | | | | |
| CSH x PSH | 257,9 | 230,1 | 244,0 | 25,7 | 20,7 | 21,6 | 21,0 | 8,2 | 49,4 | 45,6 | 47,5 | 6,7 |
| CSH x P8HS | 230,1 | 243,5 | 236,8 | 16,2 | 20,9 | 21,5 | 21,2 | 8,8 | 46,4 | 46,1 | 46,2 | 1,4 |
| C8HS x PSH | 250,1 | 261,6 | 255,9 | 31,4 | 20,6 | 21,3 | 21,0 | 0,9 | 48,9 | 49,0 | 48,9 | 11,6 |
| C8HS x P8HS | 245,4 | 223,3 | 234,3 | 14,1 | 21,6 | 21,5 | 21,5 | 3,3 | 47,8 | 44,5 | 46,2 | 3,0 |
| DMS Amb. 1 | 28,37 | | | | 1,07 | | | | 2,40 | | | |
| DMS Amb. 2 | 25,24 | | | | 1,16 | | | | 2,34 | | | |
| DMS Conjunta | 18,99 | | | | 0,31 | | | | 1,68 | | | |

PD = População doadora do gene sh_2 , PR = População recorrente, HIC= Híbrido interpopulacional de milho comum, PSD= População retrocruzada de milho superdoce, HISD = Híbrido interpopulacional de milho superdoce, PSP= peso médio de espiga sem palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, DE= diâmetro de espiga.

Tabela 7, cont.

| PD | NFG | | | | PROCP | | | |
|--------------|--------|--------|-----------|---------|--------|--------|-----------|---------|
| | Amb. 1 | Amb. 2 | \bar{X} | $H(\%)$ | Amb. 1 | Amb. 2 | \bar{X} | $H(\%)$ |
| SDSH | 15,3 | 14,8 | 15,1 | | 12,1 | 11,4 | 11,7 | |
| SD8HS | 15,4 | 15,8 | 15,6 | | 15,0 | 11,6 | 13,3 | |
| PR | | | | | | | | |
| P8 | 12,7 | 12,9 | 12,8 | | 20,5 | 16,6 | 18,5 | |
| C8 | 11,4 | 11,3 | 11,4 | | 17,0 | 14,8 | 15,9 | |
| HIC | | | | | | | | |
| P8 x C8 | 12,1 | 12,8 | 12,4 | | 18,8 | 17,0 | 17,9 | |
| PSD | | | | | | | | |
| CSH | 12,0 | 11,7 | 11,8 | | 14,9 | 14,1 | 14,5 | |
| C8HS | 12,4 | 12,3 | 12,4 | | 15,6 | 15,7 | 15,7 | |
| PSH | 12,5 | 12,3 | 12,4 | | 10,7 | 6,3 | 8,5 | |
| P8HS | 12,9 | 13,0 | 12,9 | | 17,0 | 15,5 | 16,2 | |
| HISD | | | | | | | | |
| CSH x PSH | 12,4 | 12,8 | 12,6 | 4,1 | 19,8 | 15,5 | 17,7 | 53,9 |
| CSH x P8HS | 11,5 | 11,8 | 11,6 | -6,0 | 18,7 | 17,6 | 18,2 | 18,5 |
| C8HS x PSH | 13,0 | 12,9 | 12,9 | 4,0 | 18,1 | 17,8 | 17,9 | 47,9 |
| C8HS x P8HS | 12,1 | 12,1 | 12,1 | -4,3 | 18,5 | 15,8 | 17,2 | 7,83 |
| DMS Amb. 1 | 0,56 | | | | 5,04 | | | |
| DMS Amb. 2 | 0,86 | | | | 1,98 | | | |
| DMS Conjunta | 0,51 | | | | 2,88 | | | |

PD = População doadora do gene sh_2 , PR = População recorrente, HIC= Híbrido interpopulacional de milho comum, PSD= População retrocruzada de milho superdoce, HISD = Híbrido interpopulacional de milho superdoce, NFG = número de fileiras de grãos, PROSP= produtividade de espiga sem palha.

Destaque também deve ser dado à queda no desempenho *per se* da população superdoce PSH, tanto para PSP quanto para PROCP, principalmente no ambiente 2. Pela proximidade dos ambientes, este fato pode estar relacionado com falhas na prática dos tratos culturais durante seu desenvolvimento neste ambiente, podendo, assim, ter prejudicado seu desempenho. Apesar de a produtividade da população PSH no ambiente 1 (10,7 t ha⁻¹) ter apresentado desempenho superior ao ambiente 2 (6,3 t ha⁻¹), ele apresentou o pior desempenho dentro do seu grupo em ambos os ambientes. Deste modo, efeitos genéticos, como, por exemplo, a não complementaridade alélica, podem estar também envolvidos.

Comparando as médias entre os grupos, cabe destacar a similaridade entre os valores obtidos para os híbridos interpopulacionais de milho superdoce e os híbridos intrapopulacionais de milho comum em todas as características (Tabela 7). Estes nivelamentos indicam efeitos heteróticos derivados do inter cruzamento entre os parentais retrocruzados para milho superdoce e a efetividade dos retrocruzamentos na recuperação dos respectivos genomas. Para todas as características avaliadas, foram observados efeitos heteróticos, Tabela 7, indicando que o desenvolvimento de híbridos de linhagens oriundas das populações superdoce retrocruzadas é uma excelente alternativa para a obtenção de cultivares promissoras.

Apesar de estarem em estágio inicial de melhoramento, estas populações de milho superdoce já atendem aos requisitos estabelecidos para a comercialização, sendo superiores a algumas variedades. Trabalhando com 16 variedades híbridas, Pereira et al.(2009) obtiveram produtividade média de 11,13 t ha⁻¹, enquanto, neste trabalho, avaliando este mesmo caráter, foram obtidos híbridos interpopulacionais com desempenho 37,29% superior. Ao avaliar híbridos de milho superdoce quanto ao diâmetro e comprimento de espigas sem palha, Souza et al.(2013) encontraram 45,7 mm e 17,8 cm, respectivamente. Em contrapartida, o presente trabalho apresenta estimativa média similar para DE (46,3) e para CSP, valores 15,91% maiores do que os publicados por estes autores. Os resultados médios *per se* das populações superdoce retrocruzadas e dos híbridos interpopulacionais superdoce revelam o elevado potencial destas populações para o melhoramento de milho superdoce.

3.1.5 CONCLUSÕES

- É evidente a eficácia do método de retrocruzamento em obter populações de milho superdoce com bom desempenho agronômico
- Apesar de o desempenho *per se* da população PSH ter sido inferior para as variáveis PSP e PROCP quando comparado com as demais populações, sua performance em combinações híbridas apresentou expressivos efeitos heteróticos, bem como as demais populações deste grupo.
- Em virtude de os híbridos interpopulacionais de milho superdoce apresentarem desempenho agronômico semelhante ao híbrido interpopulacional P8 x C8, pode-se inferir que todas as populações superdoce retrocruzadas (CSH, C8HS, PSH e P8HS) são recomendadas para uso na obtenção de linhagens, visando à obtenção de híbridos de alto valor em programas de melhoramento, ou até mesmo, diretamente, como híbridos comerciais após avaliações complementares.

3.2 CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S₁ DE MILHO SUPERDOCE ESTIMADA POR TESTADORES DE BASE AMPLA

3.2.1 INTRODUÇÃO

No Brasil, assim como em outros países, o milho-doce é considerado, juntamente com o milho verde, um produto hortícola. Conforme dados da Associação Brasileira do Comércio de Sementes (2011), não houve variação na quantidade de sementes vendidas no país na última década, assim como nos Estados Unidos. Todavia, é fato que a produção tem crescido e isso se deve ao melhoramento genético de novas cultivares, que têm levado aumento da produtividade.

A alta tecnologia que vem sendo empregada no cultivo do milho-doce e sua utilização pela indústria requerem que, além de produtivas, as cultivares sejam uniformes quanto à maturação, tamanho e formato de espigas. Em relação ao consumidor, as características mais exigidas são a coloração amarela e o pericarpo fino, que contribui para maior maciez do grão (Teixeira et al., 2001).

Em programas de melhoramento genético vegetal, visando à obtenção de híbridos comerciais de milho, a etapa de avaliação do potencial “per se” bem como a estimação da capacidade de combinação das linhagens são as que exigem maior recurso e atenção dos melhoristas, sobretudo na necessidade de uma boa precisão experimental (Ramalho et al., 2012). Sprague e Tatum (1942) refinaram o conceito de capacidade de combinação e propuseram os conceitos de

capacidade geral e capacidade específica de combinação, relacionando-os, respectivamente, aos efeitos aditivos e não aditivos.

A estimação da capacidade de combinação das linhagens pode ser feita tanto em gerações iniciais de endogamia, quanto em gerações finais. Contudo, se for feita em gerações iniciais de endogamia, é possível descartar genótipos pouco promissores que, seguramente, não terão uso potencial, reduzindo mão de obra e recursos gastos, assegurando maior número de progênies com desempenho superior à média da população original (Fehr, 1987).

Entre os possíveis métodos empregados para a avaliação de progênies, o método *top cross* permite a avaliação do mérito relativo de um grande número de linhagens, em nível intermediário de endogamia, com um testador comum, permitindo a eliminação das linhagens de desempenho inferior, tornando mais racional e eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos (Miranda Filho e Viégas, 1987).

Diante disso, os objetivos desse trabalho foram estimar a capacidade geral de combinação de 80 progênies S_1 de milho superdoce bem como os parâmetros genéticos e experimentais inerentes a estas progênies.

3.2.2 REVISÃO

3.2.2.10 método *topcross* na avaliação de progênies

Em um programa de melhoramento para a obtenção de híbridos, estão envolvidas quatro etapas: escolha de populações, obtenção de linhagens, avaliação da sua capacidade de combinação e testes extensivos das combinações híbridas obtidas (Paterniani e Campos, 1999). É relativamente fácil obter um grande número de linhagens, com performance satisfatória para a produção comercial de híbridos. Entretanto, a maior dificuldade encontrada pelos melhoristas está na avaliação das linhagens em combinações híbridas (Hallauer et al., 1995).

Os cruzamentos dialélicos são amplamente empregados na grande maioria das espécies cultivadas, em virtude do grande número de informações genéticas

que podem oferecer como interferência sobre a capacidade combinatória de genitores e híbridos (Cruz et al., 2004). Contudo, sua praticidade é reduzida quando o número de linhagens é elevado. Não sendo possível fazer todas as combinações híbridas, os melhoristas devem avaliar a capacidade de combinação relativa das linhagens, ou seja, utilizar um testador comum.

O uso do cruzamento *topcross* para avaliar o valor genético de linhagens em cruzamentos é eficiente, sendo as linhagens de um determinado conjunto cruzadas com um mesmo testador e o seu valor genético determinado com base em contrastes de médias de caracteres quantitativos (Davis, 1924).

De acordo com Hallauer et al. (2010), a fundamental diferença entre a capacidade geral e específica de combinação é conferida à base genética do testador (base ampla ou estreita). Tais contrastes são, basicamente, uma questão na diferença das frequências genéticas. No testador de base ampla, a frequência genética para determinado loco pode assumir valores entre 0 e 1, enquanto, para um testador de base estreita, esses valores se limitam a 1 ou 0. Já para o uso de testadores resultantes do cruzamento de duas linhagens homozigotas, como, por exemplo, o uso de híbridos simples, tais valores podem ser de 0, 0,5 ou 1. Em ambos os casos (base ampla ou base estreita), a seleção pode gerar mudança na média da população em função da predominância dos efeitos aditivos quando são utilizados testadores de base ampla ou a predominância dos efeitos de dominância quando são utilizados testadores de base estreita.

Todavia, a maior dificuldade encontrada nessa metodologia é a escolha do testador a ser utilizado. De acordo com Hull (1945), o testador mais eficiente seria aquele em que todos os locos desfavoráveis estivessem fixados. Hallauer (1988) sugeriu que o testador ideal deveria classificar corretamente as linhagens e maximizar os ganhos genéticos. Este autor afirma ainda que a questão central para aplicação da metodologia do *topcross* é a escolha do testador e que o objetivo é encontrar um testador que discrimine com maior eficiência os genótipos de acordo com os fins da seleção. Em geral, um testador adequado deve ser de fácil manipulação, fornecer informações que classifiquem o mérito relativo de linhagens e maximizar o ganho genético.

Bernardo (2002), considerando vários locos, relata que, com base em cruzamentos de linhagens de um grupo heterótico com um testador de baixo desempenho do mesmo grupo heterótico e um testador elite de um grupo

heterótico oposto, as variâncias genéticas liberadas nos testecrosses apresentaram valores similares. Entretanto, os testecrosses com o testador elite do grupo heterótico oposto obtiveram maior média. Isto ocorre porque somente o testador do grupo heterótico oposto tem alelos presentes no outro grupo heterótico, fazendo com que sejam maximizadas tanto a variância quanto a média.

Cruzamentos teste feitos por Hallauer e Lopez-Perez (1979) com um grupo de 50 linhagens S_7 e S_8 da população Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS), cruzadas com cinco testadores (a) população de origem (BSSS), (b) população BSSS submetida à seleção recorrente (BS13(S)C1), (c) linhagem de baixo desempenho oriunda da população BSSS (BSSS-222), (d) linhagem elite da população BSSS, oriunda de seleção recorrente (B73) e (e) linhagem elite de outro grupo heterótico (Mo17) concluíram que as variâncias genéticas entre os testecrosses foram superiores entre as linhagens S_8 do que entre as linhagens S_7 , dentro de cada geração de endogamia, não diferiram, pois as estimativas estavam dentro dos erros associados a elas. Nos testadores oriundos da população BSSS, foi observada tendência de os testadores com menor concentração de alelos favoráveis (BSSS população de origem e linhagem BSSS-222) apresentarem maiores estimativas de variância genética, possibilitando melhor discriminação das linhagens testadas. Todavia, esta situação não é prática em termos de melhoramento, pois, além de as variâncias, apesar de maiores, não diferirem das demais, a média dos testecrosses é superior para os testadores elite do mesmo grupo heterótico população BS13(S)C1 e linhagem B73.

Quando feita a comparação com o testador elite do grupo heterótico oposto, a situação é mais favorável em relação aos testadores de baixo desempenho do outro grupo heterótico (BSSS população de origem e linhagem BSSS-222), e com variâncias genéticas entre os testecrosses de mesma magnitude. Dessa forma, ao utilizar como testadores, genótipos (linhagens ou híbridos simples) elite de grupos heteróticos diferentes das linhagens a serem avaliadas, elas são discriminadas de forma tão hábil quanto uma linhagem de baixo desempenho do mesmo grupo heterótico.

Porém, ao utilizar linhagens ou híbridos simples elites, tem-se a oportunidade de, além de selecionar as linhagens com maior concentração de

alelos favoráveis, selecionar, também, híbridos simples ou triplos a serem liberados comercialmente.

3.2.2.2 Teste precoce de progênies

A avaliação da capacidade de combinação das linhagens, conforme relatado anteriormente é a etapa que requer mais atenção e habilidade do melhorista. Pode ser feita tanto em gerações iniciais de endogamia (teste precoce), quanto em gerações finais. Este teste despertou o interesse de muitos melhoristas durante as décadas de 1960 a 1980, quando foi alvo de diversos estudos e vem sendo usado até hoje por muitos pesquisadores (Borém e Miranda, 2009).

O teste precoce foi proposto por Jenkins (1940), com o objetivo de descartar genótipos pouco promissores, que, seguramente, não terão uso potencial para dar origem a cultivares superiores, assegurando o maior número de progênies com desempenho superior à média da população original. Com a identificação das progênies menos promissoras, que são descartadas, o melhorista pode concentrar seus recursos na avaliação de linhagens remanescentes, aumentando a eficiência do seu programa (Borém e Miranda, 2009).

O teste precoce pode ser aplicado a qualquer fonte de material endogâmico a partir da geração S_1 (Lonquist e Lindsey, 1964). Contudo, algumas limitações do método são discutidas, como, por exemplo, a onerosidade, que é decorrente da necessidade de avaliação das progênies e do maior tempo despendido até a fase final de endogamia (Fehr, 1987).

Antes mesmo de Jenkins e Sprague proporem o teste precoce, Davis (1924), por meio de avaliações de sucessivas gerações de endogamia, concluiu que na geração S_2 já ocorria à fixação de alguns caracteres relacionados à produção em combinações híbridas, inferindo assim a possibilidade de sucesso com a seleção.

Contudo, os trabalhos que deram base para a proposta de se aplicar o teste precoce podem ser resumidos da seguinte forma: i) trabalhando com topcrosses, Jenkins (1940) concluiu, depois de analisar oito gerações de endogamia, que, a partir da primeira geração de autofecundação, as progênies

adquirem sua individualidade, permanecendo relativamente estáveis nas gerações subsequentes; ii) Sprague (1946) avaliou o comportamento de *topcrosses* em progênies S_0 e S_1 , constatando que em ambos os casos havia diferenças significativas para capacidade de combinação. O autor concluiu que o comportamento médio em combinações simples das progênies obtidas pela técnica de teste precoce era consistentemente superior às aquelas obtidas pelo método tradicional, sendo o teste precoce uma ferramenta útil em programas de melhoramento, pelo fato de a capacidade de combinação ser uma característica herdável.

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Obtenção das progênies S_1 e dos híbridos *topcrosses*

Inicialmente, quatro populações de milho superdoce foram autofecundadas para gerar as progênies S_1 , a saber: CIMMYT-SH (CSH), CIMMYT-8HS, Piranão-SH (PSH) e Piranão-8HS (P8HS). A autofecundação foi feita de forma controlada, ou seja, as espigas foram cobertas antes de emitir os estigmas com sacolas plásticas próprias a este fim. Do mesmo modo, os pendões foram cobertos com sacolas de papel *Kraft* de forma que não ocorresse contaminação por pólen exógeno. Este procedimento é necessário, pois o pólen perde sua viabilidade após oito horas do início de sua liberação. Assim, qualquer pólen viável que se encontre no saco de papel do dia seguinte ao preparo só poderá ter sido proveniente do pendão coberto, evitando a contaminação por polens exógenos.

Após a colheita das sementes S_1 de cada população em separado, elas foram usadas para obter os híbridos *topcrosses*. É oportuno salientar que metade das sementes de cada espiga S_1 foi reservada para o avanço das gerações de endogamia. Os cruzamentos foram feitos da seguinte forma: as progênies S_1 , pertencentes ao grupo CIMMYT (CSH e C8HS), foram cruzadas com o testador P8HS; e as do grupo Piranão, com o testador C8HS. Por ocasião do plantio, a

cada quatro linhas das progênies S₁semeadas, foram intercaladas duas linhas do testador, que foi usado como genitor masculino, e as progênies S₁, como genitor feminino, que, por sua vez, foram despendoadas, permitindo assim o cruzamento natural.

Os testadores são de base ampla e não relacionados. Para não haver contaminação de pólen exógeno, cada grupo de progênies S₁ foi plantado separadamente, tanto no tempo quanto no espaço.

Vale ressaltar que todas as populações (CSH, C8HS, PSH e P8HS) são de base ampla convertidas para superdoce, via incorporação do gene *sh2*, via retrocruzamentos. Contudo, por motivo de um grande período chuvoso e, conseqüentemente, um alagamento prolongado da área onde as progênies dos grupos PSH e P8HS estavam plantadas, não foi possível a obtenção das sementes híbridas desses grupos.

3.2.3.2 Material genético e condição de cultivo

Foram avaliados 80 híbridos *topcrosses* S₁, oriundos das populações CSH e C8HS, divididos proporcionalmente. As testemunhas utilizadas foram as populações de polinização aberta, CSH e C8HS, e um híbrido interpopulacional de milho comum oriundo do décimo primeiro ciclo de seleção recorrente (P11 x C11).

O teste de avaliação foi implantado na safra de 2012/2013. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com 3 repetições, em dois locais de avaliação, Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro, localizado a 21° 45' de latitude sul e 41° 20' W de longitude e a 11 m de altitude (Oliveira, 1996), classificado como tropical chuvoso, clima de bosque com uma precipitação média anual de 1023mm. Tem evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23° C (Koeppen, citado por Ometto, 1981). O outro experimento foi implantado na Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara, Rio de Janeiro, localizada na Região Noroeste Fluminense, a 21° 39' 12" de latitude sul e 42° 04' 36" W de longitude e a 60 m de altitude, com temperatura média anual de 22,5° C e precipitação média anual de 1041 mm (Oliveira, 1996). A distância entre as localidades é de 117 km.

Cada unidade experimental (famílias de meios-irmãos) foi cultivada em uma linha de 3,6m, com espaçamento de 0,3m entre plantas e 0,90 m entre fileiras. Foram utilizadas 3 linhas contínuas em torno da área de plantio como bordadura.

No plantio, foram semeadas 5 sementes por cova, com posterior desbaste para uma planta por cova, aos 30 dias após a semeadura.

A adubação de plantio consistiu da aplicação de 400 kg.ha⁻¹ do formulado N-P-K 8-28-16. Posteriormente, foram efetuadas duas adubações de cobertura: uma aos 30 dias após o plantio, com 300 kg.ha⁻¹ do formulado N-P-K 20-00-20, e outra após 45 dias de plantio, com 200 kg.ha⁻¹ de ureia. O controle de plantas invasoras foi feito com a aplicação do herbicida Roundup antes do plantio e uma capina manual.

As colheitas foram feitas em etapas, ou seja, quando aproximadamente 50% das espigas de cada parcela estavam no estágio de grãos leitosos (+/- 25 dias após o florescimento feminino), a parcela era colhida.

3.1.3.4 Características Avaliadas

As avaliações foram feitas em duas etapas: antes e após a colheita das espigas.

Características avaliadas antes da colheita:

- Altura de planta (AP) – altura média de cinco plantas competitivas por parcela, medidas do nível do solo até o nó de inserção da folha bandeira, em metros.
- Estande (ST) – número de plantas por parcela no momento da colheita.
- Número de espigas (NE) – número total de espigas por parcela no momento da colheita.

Características avaliadas após a colheita:

- Prolifidade (PRO) - obtida pela razão NE/ST, que mostra o número médio de espigas por planta.

- Número de fileiras de grãos (NFG) – número médio total de fileiras de grãos de 10 espigas.
- Diâmetro médio de espigas (DE) – média do diâmetro de 10 espigas sem palha, em milímetros.
- Diâmetro médio de sabugo (DS) – média do diâmetro de 10 sabugos, em milímetros.
- Comprimento médio das espigas com palha (CCP) – média do comprimento de 10 espigas com palha, em centímetros.
- Comprimento médio das espigas sem palha (CSP) – média do comprimento de 10 espigas sem palha, em centímetros.
- Peso médio de espigas com palha (PCP) – média do peso de 10 espigas com palha, em gramas.
- Peso médio de espiga sem palha (PSP) – média do peso de 10 espigas sem palhas, em gramas.
- Relação de espigas (RE) – obtida pela divisão PSP/PCP, que mostra de forma indireta a proporção de palhas da parcela.
- Produtividade de espigas com palha (PROCP) – peso total da parcela em quilogramas por metro quadrado, posteriormente convertido em toneladas por hectare.
Produtividade de espigas sem palha (PROSP) – peso total da parcela despalhada em quilogramas por metro quadrado, posteriormente convertido em toneladas por hectare.

3.2.3.4 Análises estatísticas

3.2.3.4.1 Análise de variância

Foi considerado o seguinte modelo estatístico para a análise de variância conjunta:

$$Y_{ijk} = \mu + (B/A)_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} é a observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente;

μ é a média geral do ensaio;

$(B/A)_{jk}$ é o efeito do bloco k no ambiente j;

G_i é o efeito do genótipo i;

A_j é o efeito do ambiente j;

GA_{ij} é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e

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

A Tabela 1 apresenta o esquema da análise de variância conjunta, com as respectivas esperanças de quadrados médios, sendo que, com exceção de ambiente, as demais fontes de variação foram consideradas aleatórias.

Tabela 1. Esquema da análise de variância conjunta e a esperança de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

| FV | GL | QM | E (QM) | F |
|--------------|-------------|------|--|----------------------|
| Bloco/A | a - 1 | QMB | $\sigma^2 + g\sigma^2B$ | QMB/QMR |
| Ambiente (A) | (r-1) a | QMA | $\sigma^2 + r\sigma^2GA + g\sigma^2B + rg\Phi A$ | QMA+QMR/ QMB+QMGA |
| Genótipo (G) | g-1 | QMG | $\sigma^2 + ra\sigma^2G$ | QMG/QMR |
| G x A | (a-1)(g-1) | QMGA | $\sigma^2 + r\sigma^2GA$ | QMGA/QMR |
| Resíduo | a(g-1)(r-1) | QMR | σ^2 | |

a= número de ambientes; r= número de repetições; g = número de genótipos

Para verificar as diferenças entre cada grupo de progênies em estudo, os graus de liberdade de genótipos foram decompostos, sendo cada grupo avaliado via contrastes ortogonais. Desta forma, cada contraste gera uma hipótese a ser testada e está associado a uma soma de quadrados com 1 grau de liberdade. As comparações foram elaboradas com o objetivo de testar os efeitos de grupos e a interação entre eles. Para essas análises estatísticas, foram utilizados os recursos computacionais do Programa Genes (Cruz, 2013).

3.1.5.2 Capacidade Geral de Combinação

As estimativas da capacidade geral de combinação foram obtidas pelo método proposto por Hallauer et al. (2010), sendo tal estimativa obtida pelo desvio do cruzamento em relação à média do conjunto de híbridos obtidos para o mesmo

testador. Tais estimativas foram obtidas com o auxílio da planilha do Microsoft Office Excel.

3.1.3.5.3 Teste de agrupamento de médias

Havendo diferenças significativas pelo teste de F para os caracteres avaliados nas duas gerações, aplicou-se o critério de agrupamentos de média pela metodologia desenvolvida por Scott e Knott (1974).

3.1.3.5.4 Estimação dos parâmetros genéticos

De posse das esperanças dos quadrados médios, apresentados na Tabela 1, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância:

$$\text{Variância genotípica: } \sigma_g^2 = \frac{QMG - QMR}{ra}$$

$$\text{Variância fenotípica: } \sigma_f^2 = \frac{QMG}{ra}$$

$$\text{Herdabilidade com base na média da família: } h_{mf} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

$$\text{Coeficiente de variação experimental: } CV_e(\%) = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{X} \right)$$

$$\text{Coeficiente de variação genético: } CV_g(\%) = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{X} \right)$$

$$\text{Índice de variação: } I_v(\%) = 100 \left(\frac{CV_g}{CV_e} \right)$$

$$\text{Acurácia: } \hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{1}{Fc}}$$

$$\text{Heterose: } H(\%) = 100 \left(\frac{F_1 - MP}{MP} \right)$$

Em que:

QMG é o Quadrado médio de genótipo;

r é o número de repetições;

QMR é o Quadrado médio de resíduo;

F₁ é o híbrido interpopulacional; e

A é o número de ambientes;

MP é a média dos parentais.

F_c é o QMG/QMR;

3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Inicialmente foi feita uma análise de variância para cada um dos ambientes isoladamente. Em seguida, verificou-se a homogeneidade dos quadrados médios do erro pelo Teste de Bartlett (1937), e uma vez constatada a não significância do teste, pôde-se inferir que as variâncias residuais eram iguais e, na sequência, procedeu-se à análise de variância conjunta.

Os resultados das análises de variância conjunta envolvendo os dois locais estão apresentados na Tabela 2. Para a maioria das características avaliadas, foram observadas diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para fonte de variação genótipos, exceto para diâmetro do sabugo (DS). Ficou constatada também diferença significativa entre ambientes ($P \leq 0,01$) para todas as características avaliadas. Para interação genótipos por ambientes, não foram constatadas diferenças significativas para a maioria dos caracteres, sendo que somente para número de espigas (NE) e prolificidade (PRO) houve significância a 1% de probabilidade, indicando que para a maioria dos caracteres avaliados os genótipos apresentaram comportamento coincidente nos dois ambientes, sendo possível inferir sobre desempenho das progênies com base na média nos dois ambientes.

Com a decomposição da fonte de variação genótipo nos dois grupos (CSH e C8HS), pode-se observar que, com exceção da variável DS, todas as demais características apresentaram diferenças significativas ($P \leq 0,01$). Quanto ao contraste entre esses dois grupos (CSH x C8HS), para a maioria das características foram evidenciadas diferenças significativas. Tal fato indica que, para as principais características exigidas pelo mercado de milho superdoce, o grupo de progênies CSH diferiu do grupo C8HS, inferindo que existem diferenças entre os grupos heteróticos no que se refere a tais características.

Tabela 2– Estimativas de quadrados médios para 14 características morfoagronômicas avaliadas em 80 híbridos *topcrosses* em dois ambientes, Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, no ano agrícola de 2012/2013.

| Quadrados Médios | | | | | | | | |
|------------------|-----|--------------------|--------------------|---------------------|--------------------|---------------------|--------------------|---------------------|
| FV | GL | AP | ST | NE | PRO | NFG | DE | DS |
| Ambiente (A) | 1 | 29,56** | 0,41** | 529,20** | 3,81** | 0,002 ^{ns} | 504,58** | 219,14** |
| Bloco/A | 4 | 0,16** | 1,55** | 12,67 ^{ns} | 0,18** | 0,99** | 62,11** | 29,12 ^{ns} |
| Genótipo (G)/A | 79 | 0,08** | 1,49** | 20,60** | 0,15** | 1,27** | 15,35** | 10,39 ^{ns} |
| CSH | 39 | 0,06** | 1,38** | 20,42** | 0,16** | 1,23** | 16,58** | 11,45 ^{ns} |
| C8HS | 39 | 0,06** | 1,64** | 17,92** | 0,12* | 1,54** | 11,54** | 8,96 ^{ns} |
| CSH x C8HS | 1 | 1,60** | 0,01 ^{ns} | 132,30** | 1,09** | 7,42** | 112,53** | 24,56 ^{ns} |
| G x A | 79 | 0,03 ^{ns} | 0,69 ^{ns} | 18,04** | 0,12** | 0,34 ^{ns} | 5,50 ^{ns} | 9,41 ^{ns} |
| CSH x A | 39 | 0,04 ^{ns} | 0,49 ^{ns} | 19,66** | 0,15** | 0,31 ^{ns} | 5,07 ^{ns} | 9,47 ^{ns} |
| C8HSx A | 39 | 0,03 ^{ns} | 0,88 ^{ns} | 16,89** | 0,11** | 0,37 ^{ns} | 5,91 ^{ns} | 9,53 ^{ns} |
| CSH x C8HSx A | 1 | 0,01 ^{ns} | 1,20 ^{ns} | 0,01 ^{ns} | 0,01 ^{ns} | 0,04 ^{ns} | 5,94 ^{ns} | 1,59 ^{ns} |
| Erro | 316 | 0,03 | 0,63 | 9,87 | 0,07 | 0,29 | 4,99 | 8,39 |
| Total | 479 | | | | | | | |

*, ** Significativo a 5 e 1% pelo teste F, respectivamente. ^{ns} Não significativo pelo teste F. CSH= progênies S₁oriundas do grupo CIMMYT-SH₂, C8HS = progênies S₁oriundas do grupo CIMMYT-8HS, AP= altura de planta, ST= número de plantas por parcela, NE=número de espigas,PRO= prolificidade,DE= diâmetro de espiga, DS= diâmetro de espiga.

Tabela 2, cont.

| Quadrado Médio | | | | | | | | |
|----------------|-----|---------------------|---------------------|-----------------------|-----------------------|---------------------|----------------------|---------------------|
| FV | GL | CCP | CSP | PCP | PSP | RE | PROCP | PROSP |
| Ambiente (A) | 1 | 339,93** | 57,34** | 414346,72** | 129804,00** | 0,038** | 56,67 ^{ns} | 98,32** |
| Bloco/A | 4 | 16,36** | 6,57** | 35524,70** | 13908,97** | 0,002 ^{ns} | 17,52 ^{ns} | 1,34 ^{ns} |
| Genótipo (G)/A | 79 | 9,69** | 3,02** | 2639,01** | 2409,16** | 0,007** | 34,90** | 22,89** |
| CSH | 39 | 10,10** | 4,01** | 2805,54** | 2655,13** | 0,007** | 35,610** | 24,83** |
| C8HS | 39 | 8,44** | 2,10** | 2013,90** | 1544,17** | 0,006** | 20,42* | 10,65** |
| CSH x C8HS | 1 | 42,19** | 0,001 ^{ns} | 20520,56** | 44709,14** | 0,033** | 572,12** | 424,12** |
| G x A | 79 | 3,63 ^{ns} | 1,21 ^{ns} | 1369,64 ^{ns} | 781,474 ^{ns} | 0,002 ^{ns} | 17,65 ^{ns} | 10,94 ^{ns} |
| CSH x A | 39 | 4,154 ^{ns} | 1,18 ^{ns} | 1170,89 ^{ns} | 692,408 ^{ns} | 0,002 ^{ns} | 23,09 ^{ns} | 14,25 ^{ns} |
| C8HS x A | 39 | 3,21 ^{ns} | 1,23 ^{ns} | 1598,18 ^{ns} | 873,03 ^{ns} | 0,002 ^{ns} | 12,665 ^{ns} | 7,91 ^{ns} |
| CSHxC8HSxA | 1 | 0,03 ^{ns} | 1,76 ^{ns} | 208,06 ^{ns} | 684,147 ^{ns} | 0,001 ^{ns} | 0,040 ^{ns} | 0,07 ^{ns} |
| Erro | 316 | 3,980 | 1,17 | 1361,87 | 780,334 | 0,002 | 15,56 | 8,47 |
| Total | 479 | | | | | | | |

*, ** Significativo a 5 e 1% pelo teste F, respectivamente. ^{ns} Não significativo pelo teste F CSH= progênies S₁oriundas do grupo CIMMYT-SH₂, C8HS = progênies S₁oriundas do grupo CIMMYT-8HS, CCP= comprimento médio de espiga com palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, PCP= peso médio de espiga com palha, PSP= peso médio de espiga sem palha, RE= relação PSP/PCP, PROCP=produtividade de espiga com palha, PROSP= produtividade de espiga sem palha

Com base na Tabela 3, pode-se inferir que os resultados apresentados neste trabalho têm boa precisão experimental, segundo escala proposta por Scapim et al. (1995) para experimentos com milho, uma vez que os coeficientes de variação experimental variaram de 4,37 a 19,55%. Os maiores valores encontrados foram para as características produtividade de espigas com palha e produtividade de espigas sem palha, indicando que estas características são mais influenciadas por fatores não controlados durante o processo de avaliação. Estes dados são corroborados pela acurácia seletiva observada, uma vez que os valores oscilaram entre 0,47 e 0,94e, de acordo com a escala proposta por Resende e Duarte (2007), estimativas de acurácia entre 0,70 e 0,90 são classificadas como altas e acima de 0,90, muito altas. Com exceção da variável diâmetro de sabugo (DS), que apresentou baixa acurácia, as demais características foram satisfatórias.

Nota-se que a herdabilidade com base na média da família oscilou entre 24,27 e 76,19%. É possível antever a possibilidade de sucesso na seleção em programas de melhoramento em função da magnitude das estimativas de herdabilidade. Apesar de a estimativa da herdabilidade apontar baixa magnitude para duas características (DS e PSP), para as demais características, a estimativa apresenta valores médios a altos. Ainda é oportuno salientar que a variável DS, que apresentou a menor estimativa (24,27), apresentou também variância não significativa para a fonte de variação genótipo, portanto, para este caráter não é possível praticar seleção (Tabela 3).

Os valores das estimativas dos índices de variação foram satisfatórios para todas as características. Tal parâmetro contribui para indicar presença de variabilidade genética suficiente na população em estudo e contribui para a tomada de decisão quanto ao método de melhoramento a ser utilizado no programa em questão (Tabela 3).

Resende e Duarte (2007) destacam vantagens de estatísticas como herdabilidade, coeficiente de determinação, teste F, acurácia, entre outras, para medir a precisão experimental. E recomendam que os ensaios de avaliação sejam abordados tanto do ponto de vista genético quanto estatístico. Do mesmo modo, propõem o uso da acurácia seletiva pela sua propriedade de informar sobre a eficácia da inferência do valor genético, sendo produto da proporção entre as variações de natureza genética e residual, além do número de repetições. De

acordo com o exposto, percebe-se que, neste trabalho, os efeitos ambientais relativos aos locais de avaliação não foram predominantes ou deletérios sobre a variabilidade genética dos genótipos em avaliação. Assim, pode-se inferir que a seleção poderá ser feita com grande possibilidade de sucesso para as diferentes características do milho superdoce.

A média geral para todas as características avaliadas apresentou resultados satisfatórios, ou seja, as progênies têm potencial para gerar cultivares híbridas com boas características morfoagronômicas. Quando as médias das progênies são comparadas com as das testemunhas, verifica-se que as progênies foram superiores para a maioria das variáveis (Tabela 3).

Para atender tanto aos interesses da indústria de enlatados quando à produção para o consumo *in natura* é preciso atender a alguns requisitos como produtividade a campo acima de 12 tha^{-1} , espigas com diâmetro maior que 30 mm, comprimento de espigas sem palha maior que 20 cm e número de fileiras de grãos igual ou superior a 14 (Pereira Filho et al., 2003). De acordo com essas exigências, observa-se que, com exceção dos números de fileiras de grãos (NFG), todas as variáveis estão dentro do padrão de espiga imposto, o que não impede que se obtenham ganhos com a seleção para esta variável, uma vez que existe variabilidade genética para esta variável (Tabela 3).

Para número de plantas por parcela (ST), a média em torno de 12,65 plantas.parcela⁻¹ denota perda mínima de plantas para alguns tratamentos, uma vez que o estande ideal seria de 13 plantas parcela⁻¹. Apesar de a literatura informar sobre a baixa germinação de sementes de milho superdoce (Pereira et al., 2008; Guissem et al., 2002), e conseqüentemente uma baixa população de plantas, isto não foi verificado neste experimento. Este fato pode ser explicado pela cautela que se teve desde a colheita até o armazenamento das sementes.

Para altura média de plantas, o valor estimado foi de 2,23 m, valor dentro do limite proposto por Barbosa (1983) e Gama et al. (1983) para a classe de milhos de porte baixo, ou seja, plantas tolerantes a altas densidades e à colheita mecanizada. Zarate e Vieira (2003) relataram para cultivares de milho superdoce altura média de plantas de 2,28 m, valor superior ao encontrado neste trabalho. Sabe-se que cultivares com menor porte são mais indicadas quando se deseja incorporar restos culturais ao solo (Bordallo et al., 2005).

Para a relação entre peso de espigas em palha e peso de espigas com palha (RE), que informa de forma indireta a quantidade de palha presente nas progênes, o valor médio encontrado (0,66) corrobora o trabalho feito por Marino (2013). Este autor afirma que o rendimento industrial é positivamente correlacionado com RE. Isto indica que o aumento do rendimento industrial passa pela redução do peso de palhas, o que é vantajoso para a indústria por proporcionar maior rendimento no processamento. Contudo, é preciso atentar para não reduzir o empalhamento ao ponto de aumentar os danos nas espigas por ataque de pragas (Cutolo Filho, 2003).

Para o caráter PRO, foi obtido valor médio de 1,62. Esses dados expressam valores relevantes, visto que indicam o grau de prolificidade dos materiais. Pereira et al. (2009), estudando caracteres agrônômicos e nutricionais de genótipos de milho doce, obtiveram média de 1,38 para PRO. Em consequência das exigências do mercado de milho-doce (espigas grandes e bem granadas), é preciso maior atenção para o caráter prolificidade. Magalhães e Silva (1987) asseguraram que os incrementos da prolificidade acarretariam aumento na produção do milho. Quanto menos prolífico, maior a capacidade de obter espigas maiores, com maior possibilidade de obtenção de melhores rendimentos industriais. Apesar de o índice apresentar valores maiores que a unidade e, conseqüentemente, as progênes serem prolíferas, as espigas apresentaram em média excelente qualidade tanto para o consumo *in natura* quanto para a aceitação industrial.

Explorando os dados médios de produtividade (tha^{-1}) nos dois ambientes, as progênes apresentaram produtividade para espigas com palha (PROCP) igual a 22,39 e para produtividade de espigas sem palha (PROSP), de 14,89. Valores superiores aos encontrados por Pereira et al.(2009), que, trabalhando com combinações híbridas entre cultivares comerciais, obtiveram, em média, 11,13 tha^{-1} para PROCP. Marino (2013), avaliando progênes de meios-irmãos, obteve, em média, 19,6 tha^{-1} para PROCP e 13,65 tha^{-1} para PROSP.

Tabela 3. Média Geral e parâmetros genéticos experimentais com base nos dois ambientes, Colégio Agrícola e Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, na cidade de Campos dos Goytacazes – RJ, no ano agrícola de 2012/2013.

| Características | \bar{X} | \bar{X}_T | $CV_e(\%)$ | $CV_g(\%)$ | $I_V(\%)$ | \hat{r}_{gg} | σ_g^2 | σ_f^2 | h_{mf}^2 |
|-----------------|-----------|-------------|------------|------------|-----------|----------------|--------------|--------------|------------|
| AP | 2,23 | 1,97 | 7,83 | 4,01 | 51,97 | 0,79 | 0,008 | 0,013 | 61,53 |
| ST | 12,65 | 12,83 | 6,27 | 2,96 | 47,20 | 0,76 | 0,14 | 0,23 | 60,86 |
| NE | 20,59 | 22,06 | 15,26 | 6,48 | 42,52 | 0,73 | 1,78 | 3,43 | 51,89 |
| PRO | 1,62 | 1,72 | 16,97 | 6,10 | 35,94 | 0,74 | 0,01 | 0,02 | 50,00 |
| NFG | 12,50 | 13,96 | 4,37 | 3,20 | 73,22 | 0,88 | 0,16 | 0,21 | 76,19 |
| DE | 46,02 | 41,86 | 4,85 | 2,85 | 58,72 | 0,94 | 1,72 | 2,55 | 67,45 |
| DS | 25,79 | 23,60 | 11,23 | 2,51 | 22,35 | 0,47 | 0,42 | 1,73 | 24,27 |
| CCP | 30,56 | 26,87 | 6,53 | 3,19 | 48,85 | 0,72 | 0,95 | 1,61 | 59,00 |
| CSP | 20,64 | 18,94 | 5,24 | 2,70 | 51,52 | 0,79 | 0,31 | 0,50 | 62,00 |
| PCP | 346,68 | 255,43 | 10,64 | 4,21 | 39,56 | 0,70 | 212,85 | 439,83 | 48,53 |
| PSP | 230,24 | 164,29 | 12,14 | 7,16 | 58,97 | 0,82 | 271,47 | 401,52 | 67,61 |
| RE | 0,66 | 0,65 | 7,51 | 4,01 | 53,39 | 0,84 | 0,0007 | 0,001 | 70,00 |
| PROCP | 22,39 | 21,74 | 17,61 | 8,01 | 45,48 | 0,75 | 3,22 | 5,81 | 55,42 |
| PROSP | 14,89 | 14,17 | 19,55 | 11,08 | 56,67 | 0,79 | 2,72 | 4,13 | 65,85 |

\bar{X} = média geral das progênies, \bar{X}_T = média geral das testemunhas, $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação experimental, $CV_g(\%)$ = coeficiente de variação genético, \hat{r}_{gg} = acurácia seletiva, σ_g^2 = variância genética, σ_f^2 = variância fenotípica, h_{mf}^2 = herdabilidade com base na média da família, AP= altura de planta, ST= número de plantas por parcela, NE=número de espigas, PRO= prolificidade, DE= diâmetro de espiga, DS= diâmetro de espiga, CCP= comprimento médio de espiga com palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, PCP= peso médio de espiga com palha, PSP= peso médio de espiga sem palha, RE= relação PSP/PCP, PROCP=produtividade de espiga com palha, PROSP= produtividade de espiga sem palha

Como a interação genótipo por ambientes não foi significativa para a maioria dos caracteres, a aplicação dos contrastes ortogonais para os grupos de híbridos foi feita com base na análise conjunta dos ambientes (Tabela 4).

Para o contraste Progênes S_1 x Testemunhas, a maioria das características apresentou diferenças significativas. Entre as exigências impostas pelo mercado consumidor, com exceção da característica NFG, as demais apresentaram valores superiores. Apesar da não significância para PROCP e PROSP, numericamente as progênes S_1 foram superiores às testemunhas (Tabela 4).

Considerando o contraste entre os dois grupos de progênes, apenas para as características ST e comprimento médio de espiga sem palha (CSP), os contrastes não diferiram significativamente. Este resultado é positivo quando analisamos ST, por indicar que as qualidades das sementes dos dois grupos são similares e, como visto anteriormente na Tabela 3, as progênes têm uma ótima germinação, uma vez que o estande final de plantas por parcela observado foi bem próximo do estande ideal. Ao analisar as características que se diferenciaram significativamente entre os dois grupos, constata-se, para todas, superioridade do grupo CSH sobre o grupo C8HS. Tal fato pode estar relacionado à maior frequência de alelos favoráveis no grupo CSH, o que já era esperado, uma vez que o desempenho da população doadora SDSH foi superior à SD8HS em todas as variáveis analisadas. Estes resultados podem gerar no fim deste programa de milho-doce uma proporção maior de híbridos com desempenho superior do grupo CSH, quando comparado com o outro grupo, o que não descarta a possibilidade de sucesso na geração de híbridos superiores do grupo C8HS (Tabela 4).

Santos (2012) e Ferreira et al. (2009), trabalhando com híbridos topcrosses visando à extração de linhagens promissoras quanto ao seu valor genético, também utilizaram contrastes ortogonais para comparar grupos tratamentos de acordo com a origem dos genótipos.

Tabela 4 - Valores de F dos contrastes ortogonais entre médias de 14 características morfoagronômicas, avaliados em dois grupos distintos de genótipos de milho superdoce, em dois ambientes, Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, no ano agrícola de 2012/2013.

| Características | CSH x C8HS | | | Progênes S ₁ x Testemunhas | | |
|-----------------|------------------|-------------------|----------------------|---------------------------------------|--------------------------|--------------------|
| | \bar{X} CSH | \bar{X} C8HS | F | \bar{X} Progênes | \bar{X} Testemunhas | F |
| AP | 2,29 | 2,18 | 53,33** | 2,23 | 1,93 | 43,69** |
| ST | 12,64 | 12,65 | 0,0063 ^{ns} | 12,65 | 12,83 | 0,95 ^{ns} |
| NE | 21,12 | 20,07 | 13,39** | 20,59 | 22,05 | 3,55 ^{ns} |
| PRO | 1,68 | 1,57 | 15,63** | 1,64 | 1,71 | 1,41 ^{ns} |
| NFG | 12,63 | 12,38 | 25,62** | 12,50 | 13,96 | 123,06** |
| DE | 46,5 | 45,53 | 22,55** | 46,02 | 41,86 | 59,93** |
| DS | 26,00 | 25,56 | 2,92 ^{ns} | 25,79 | 23,60 | 10,10** |
| CCP | 30,27 | 30,86 | 10,60** | 30,56 | 26,87 | 58,72** |
| CSP | 20,64 | 20,64 | 0,0005 ^{ns} | 20,65 | 18,95 | 44,37** |
| PCP | 353,22 | 340,14 | 15,06** | 346,68 | 255,42 | 107,65** |
| PSP | 237,91 | 222,58 | 57,29** | 231,74 | 164,29 | 98,93** |
| RE | 0,67 | 0,65 | 16,50** | 0,66 | 0,69 | 2,19** |
| PROCP | 23,48 | 21,29 | 36,76** | 22,39 | 21,73 | 0,47 ^{ns} |
| PROSP | 15,83 | 13,95 | 50,07** | 14,89 | 14,17 | 1,06 ^{ns} |

AP= altura de planta, ST= número de plantas por parcela, NE=número de espigas,PRO= prolificidade,DE= diâmetro de espiga, DS= diâmetro de espiga, CCP= comprimento médio de espiga com palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, PCP= peso médio de espiga com palha, PSP= peso médio de espiga sem palha, RE= relação PSP/PCP, PROCP=produtividade de espiga com palha, PROSP= produtividade de espiga sem palha

A Tabela 5 mostra o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott e os valores médios para os principais componentes do rendimento das 80 progêneses S_1 experimentais e das três testemunhas.

Entre os tratamentos avaliados, é nítida a superioridade das progêneses em relação às testemunhas para todas as variáveis analisadas. São constatadas também variações entre, dentro e entre os grupos de progêneses. Dentro do grupo C8HS, por exemplo, a variável PSP variou de 190,21 a 254,98 g; para CSP, esta variação foi de 19,56 a 21,56cm; e para PROSP, ficou entre 16,87 e 10,69 tha^{-1} . Para o grupo CHS, a característica PSP variou entre 199,56 e 271,78 g; para CSP, entre 19,21 a 22,41cm; e para PROSP, os valores ficaram entre 19,94 e 9,19 tha^{-1} . Já para as testemunhas, os valores oscilaram entre 157,07 e 173,40g, 18,29 e 19,80cm e 17,60 e 10,53 tha^{-1} , para PSP, CSP e PROSP, respectivamente (Tabela 5).

Um ponto que merece destaque é o baixo desempenho do híbrido interpopulacional de milho comum (P11x C11). Pelo fato de este híbrido ser oriundo de populações do décimo primeiro ciclo de seleção recorrente, era esperado um melhor desempenho agrônômico, quando comparado com as progêneses de milho superdoce, contudo, esse fato pode ser explicado quando entendemos que a heterose explorada entre progêneses S_1 é superior à explorada entre populações.

Apesar de a Tabela 4 apresentar resultados que indicam superioridade do desempenho das progêneses S_1 , pertencentes ao grupo CSH, a Tabela 5 nos sugere que, dentro do grupo C8HS, há progêneses com desempenho igual e/ou superior às do grupo CSH. Deste modo, pode-se inferir que, apesar de o teste de agrupamento de média ter separado as progêneses em classes distintas, é possível selecionar genótipos que atendam as exigências do mercado nas diferentes classes em ambos os grupos. Este resultado era esperado, uma vez que estamos trabalhando com progêneses S_1 , em que temos uma grande variação entre e dentro de um grupo de progêneses. Contudo, ao analisarmos a proporção de progêneses agrupadas seguidas pela letra a, para PROSP, por exemplo, verifica-se que 75% dessas progêneses são oriundas do grupo CSH, enquanto apenas 25% delas são do grupo C8HS.

Tabela 5 – Médias conjuntas dos dois ambientes para peso de espiga sem palha em gramas (PSP), comprimento de espiga sem palha em cm (CSP) e produtividade de espigas sem palhas em t.ha⁻¹ (PROSP),

| Progênes S₁ | PSP | CSP | PROSP |
|-------------------------------|------------|------------|-----------------------|
| C8HS-1 | 206,08c | 19,95b | 11,01 b ^{1/} |
| C8HS-2 | 227,21b | 19,77b | 13,20 b |
| C8HS-3 | 231,42b | 20,84a | 12,11 b |
| C8HS-4 | 208,73c | 20,08b | 13,59 b |
| C8HS-5 | 194,80c | 20,30b | 14,37 b |
| C8HS-6 | 245,06a | 20,31b | 13,68 b |
| C8HS-7 | 222,68b | 21,06a | 15,46 a |
| C8HS-8 | 225,61b | 21,03a | 12,87 b |
| C8HS-9 | 238,71b | 20,85a | 15,58 a |
| C8HS-10 | 241,33b | 21,56a | 12,65 b |
| C8HS-11 | 223,78b | 20,16b | 13,50 b |
| C8HS-12 | 224,38b | 21,05a | 13,89 b |
| C8HS-13 | 248,36a | 21,53a | 14,39 b |
| C8HS-14 | 234,38b | 21,13a | 13,16 b |
| C8HS-15 | 203,83c | 19,56b | 10,69 b |
| C8HS-16 | 215,73c | 20,78a | 14,02 b |
| C8HS-17 | 224,56b | 20,31b | 12,84 b |
| C8HS-18 | 239,30b | 21,29a | 15,78 a |
| C8HS-19 | 196,71c | 19,78b | 13,31 b |
| C8HS-20 | 217,86c | 20,71a | 15,10 a |
| C8HS-21 | 230,41b | 20,15b | 14,23 b |
| C8HS-22 | 238,01b | 20,25b | 13,67 b |
| C8HS-23 | 254,98a | 21,11a | 14,80 b |
| C8HS-24 | 204,23c | 20,76a | 12,95 b |
| C8HS-25 | 246,71a | 20,68a | 16,75 a |
| C8HS-26 | 222,40b | 21,21a | 13,26 b |
| C8HS-27 | 190,21c | 20,26b | 13,33 b |
| C8HS-28 | 215,36c | 19,81b | 14,57 b |
| C8HS-29 | 234,38b | 21,00a | 12,86 b |
| C8HS-30 | 213,00c | 21,01a | 14,04 b |

Tabela 5, cont.

| | | | |
|---------|---------|--------|---------|
| C8HS-31 | 232,25b | 20,66a | 16,87 a |
| C8HS-32 | 217,01c | 21,45a | 12,76 b |
| C8HS-33 | 212,40c | 21,00a | 15,30 a |
| C8HS-34 | 193,18c | 21,81a | 13,86 b |
| C8HS-35 | 212,56c | 19,73b | 15,40 a |
| C8HS-36 | 210,20c | 20,86a | 14,08 b |
| C8HS-37 | 228,80b | 20,90a | 14,59 b |
| C8HS-38 | 225,30b | 19,77b | 14,82 b |
| C8HS-39 | 238,16b | 20,73a | 15,51a |
| C8HS-40 | 213,25c | 20,55a | 13,01b |
| CSH-1 | 224,48b | 19,83b | 9,19 b |
| CSH-2 | 247,08a | 20,91a | 16,16 a |
| CSH-3 | 268,75a | 19,93b | 13,19 b |
| CSH-4 | 225,11b | 20,40b | 14,07 b |
| CSH-5 | 211,80c | 20,21b | 14,27 b |
| CSH-6 | 248,03a | 21,21b | 16,02 a |
| CSH-7 | 213,40c | 20,41b | 14,98 a |
| CSH-8 | 240,81b | 20,56a | 13,29 b |
| CSH-9 | 271,33a | 21,73a | 17,26 a |
| CSH-10 | 269,15a | 21,18a | 16,85 a |
| CSH-11 | 237,26b | 20,00b | 15,77 a |
| CSH-12 | 225,26b | 20,60a | 15,62 a |
| CSH-13 | 236,70b | 21,41a | 15,37 a |
| CSH-14 | 232,35b | 19,21b | 11,31 b |
| CSH-15 | 243,01a | 21,00a | 14,85 b |
| CSH-16 | 266,91a | 20,75a | 15,88 a |
| CSH-17 | 242,61a | 21,50a | 14,04 b |
| CSH-18 | 245,65a | 20,30b | 17,41 a |
| CSH-19 | 245,13a | 20,10b | 13,51 b |
| CSH-20 | 249,33a | 22,15a | 15,31 a |
| CSH-21 | 199,56c | 19,71b | 14,51 b |

Tabela 5, cont.

| | | | |
|----------------|----------------|---------------|----------------|
| CSH-22 | 227,86b | 19,88b | 15,17 a |
| CSH-23 | 247,86a | 20,91a | 15,57 a |
| CSH-24 | 222,56b | 20,21b | 14,93 b |
| CSH-25 | 240,86b | 20,55a | 17,99 a |
| CSH-26 | 250,60a | 22,41a | 15,67 a |
| CSH-27 | 254,56a | 20,86a | 19,94 a |
| CSH-28 | 230,45b | 19,57b | 17,18 a |
| CSH-29 | 245,06a | 20,21b | 15,60a |
| CSH-30 | 221,46b | 19,21b | 18,20 a |
| CSH-31 | 262,81a | 21,36a | 16,83 a |
| CSH-32 | 249,83a | 22,05a | 17,33 a |
| CSH-33 | 271,78a | 21,83a | 17,49 a |
| CSH-34 | 233,21b | 19,53b | 17,03 a |
| CSH-35 | 232,31b | 20,51a | 18,21 a |
| CSH-36 | 236,75b | 20,81a | 16,82 a |
| CSH-37 | 233,23b | 21,11a | 17,50a |
| CSH-38 | 226,80b | 21,23a | 16,29 a |
| CSH-39 | 243,53a | 19,33b | 18,80a |
| CSH-40 | 261,03a | 21,06a | 17,62 a |
| SDSH | 162,40d | 18,72b | 17,60 a |
| SD8HS | 157,07d | 18,29b | 14,38 b |
| P11xC11 | 173,40d | 19,80b | 10,53 b |

^{1/}Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias Scott & Knott.

A Tabela 6 mostra as estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) para as características PSP, CSP e PROSP das progênies dos dois grupos (C8HS e CSH). Ambos os grupos apresentaram grande variação nas estimativas para todas as características apresentadas na Tabela 6. Para o grupo C8HS, para a característica PSP, o intervalo de variação foi de - 32,37 a 32,40; para CSP, foi de -1,08 a 1,17; e para PROSP, foi de -2,94 a 2,80. Já para o grupo CSH, o intervalo de variação oscilou entre -41,35 e 30,87; para PSP, entre -1,43 e 1,77; e para CSP e PROSP, de -6,63 a 4,11. Esta variação dos efeitos da

CGC já era esperada pela procedência heterogênea dos materiais-base utilizados na obtenção das progênies S_1 (Allard, 1971). De acordo com Sprague e Tatum (1942), baixas estimativas para CGC indicam genótipos com combinações que não diferem muito da média, e todos os cruzamentos com altos valores, sejam eles positivos ou negativos, indicam genótipos superiores ou inferiores aos demais, com os quais se compara, indicando, estes valores, existência dos genes de efeitos predominantemente aditivos.

Ambos os grupos apresentaram distintas progênies S_1 com valores altos e positivos para CGC para as três variáveis, logo, existem progênies com potencial para contribuir satisfatoriamente na obtenção de linhagens promissoras. Contudo, é sabido que não é indicado que se faça a seleção embasada em uma ou poucas variáveis, uma vez que o mercado faz uma série de exigências, assim, o indicado é que a seleção seja feita com base em índices.

Tabela 6 - Capacidade geral de combinações obtidas nos dois ambientes para peso de espiga sem palha em gramas (PSP), comprimento de espiga sem palha em cm (CSP) e produtividade de espigas sem palhas em $t.ha^{-1}$ (PROSP).

| Progênies S_1 | PSP | CGC | CSP | CGC | PROSP | CGC |
|-----------------|--------|--------|-------|-------|-------|-------|
| C8HS-1 | 206,08 | -16,50 | 19,95 | -0,69 | 11,01 | -2,94 |
| C8HS-2 | 227,21 | 4,63 | 19,77 | -0,87 | 13,20 | -0,74 |
| C8HS-3 | 231,42 | 8,84 | 20,84 | 0,20 | 12,11 | -1,84 |
| C8HS-4 | 208,73 | -13,85 | 20,08 | -0,56 | 13,59 | -0,35 |
| C8HS-5 | 194,80 | -27,78 | 20,3 | -0,34 | 14,37 | 0,42 |
| C8HS-6 | 245,06 | 22,48 | 20,31 | -0,33 | 13,68 | -0,27 |
| C8HS-7 | 222,68 | 0,10 | 21,06 | -0,42 | 15,46 | 1,51 |
| C8HS-8 | 225,61 | 3,03 | 21,03 | 0,39 | 12,87 | -1,08 |
| C8HS-9 | 238,71 | 16,13 | 20,85 | 0,21 | 15,58 | 1,63 |
| C8HS10 | 241,33 | 18,75 | 21,56 | 0,92 | 12,65 | -1,29 |
| C8HS-11 | 223,78 | 1,20 | 20,16 | -0,48 | 13,50 | -0,45 |
| C8HS-12 | 224,38 | 1,80 | 21,05 | 0,41 | 13,89 | -0,06 |
| C8HS-13 | 248,36 | 25,78 | 21,53 | 0,89 | 14,39 | 0,45 |
| C8HS-14 | 234,38 | 11,80 | 21,13 | 0,49 | 13,16 | -0,79 |
| C8HS-15 | 203,83 | -18,75 | 19,56 | -1,08 | 10,69 | -3,26 |

Tabela 6, cont.

| | | | | | | |
|---------|--------|--------|-------|-------|-------|-------|
| C8HS-16 | 215,73 | -6,85 | 20,78 | 0,14 | 14,02 | 0,08 |
| C8HS-17 | 224,56 | 1,98 | 20,31 | -0,33 | 12,84 | -1,11 |
| C8HS-18 | 239,30 | 16,72 | 21,29 | -0,65 | 15,78 | 1,83 |
| C8HS-19 | 196,71 | -25,87 | 19,78 | -0,86 | 13,31 | -0,64 |
| C8HS-20 | 217,86 | -4,72 | 20,71 | 0,07 | 15,10 | 1,15 |
| C8HS-21 | 230,41 | 7,83 | 20,15 | -0,49 | 14,23 | 0,28 |
| C8HS-22 | 238,01 | 15,43 | 20,25 | -0,39 | 13,67 | -0,27 |
| C8HS-23 | 254,98 | 32,40 | 21,11 | 0,47 | 14,80 | 0,85 |
| C8HS-24 | 204,23 | -18,35 | 20,76 | 0,12 | 12,95 | -0,99 |
| C8HS-25 | 246,71 | 24,13 | 20,68 | 0,04 | 16,75 | 2,80 |
| C8HS-26 | 222,40 | -0,18 | 21,21 | 0,57 | 13,26 | -0,69 |
| C8HS-27 | 190,21 | -32,37 | 20,26 | -0,38 | 13,33 | -0,62 |
| C8HS-28 | 215,36 | -7,22 | 19,81 | -0,83 | 14,57 | 0,62 |
| C8HS-29 | 234,38 | 11,80 | 21,00 | 0,36 | 12,86 | -1,09 |
| C8HS-30 | 213,00 | -9,57 | 21,01 | 0,37 | 14,04 | 0,10 |
| C8HS-31 | 232,25 | 9,67 | 20,66 | 0,02 | 16,87 | 2,92 |
| C8HS-32 | 217,01 | -5,57 | 21,45 | 0,81 | 12,76 | -1,19 |
| C8HS-33 | 212,40 | -10,18 | 21,00 | 0,36 | 15,30 | 1,35 |
| C8HS-34 | 193,18 | -29,40 | 21,81 | 1,17 | 13,86 | -0,09 |
| C8HS-35 | 212,56 | -10,02 | 19,73 | -0,91 | 15,40 | 1,45 |
| C8HS-36 | 210,20 | -12,38 | 20,86 | 0,22 | 14,08 | 0,13 |
| C8HS-37 | 228,80 | 6,22 | 20,9 | 0,26 | 14,59 | 0,64 |
| C8HS-38 | 225,30 | 2,72 | 19,77 | -0,87 | 14,82 | 0,87 |
| C8HS-39 | 238,16 | 15,58 | 20,73 | 0,09 | 15,51 | 1,56 |
| C8HS-40 | 213,25 | -9,33 | 20,55 | -0,09 | 13,01 | -0,94 |
| CSH-1 | 224,48 | -16,43 | 19,83 | -0,81 | 9,19 | -6,63 |
| CSH-2 | 247,08 | 6,17 | 20,91 | 0,27 | 16,16 | 0,33 |
| CSH-3 | 268,75 | 27,84 | 19,93 | -0,71 | 13,19 | -2,63 |
| CSH-4 | 225,11 | -15,80 | 20,40 | -0,24 | 14,07 | -1,75 |
| CSH-5 | 211,80 | -29,11 | 20,21 | -0,43 | 14,27 | -1,55 |
| CSH-6 | 248,03 | 7,12 | 21,21 | 0,57 | 16,02 | 0,19 |
| CSH-7 | 213,40 | -27,51 | 20,41 | -0,23 | 14,98 | -0,85 |

Tabela 6, cont

| | | | | | | |
|--------|--------|--------|-------|-------|-------|-------|
| CSH-8 | 240,81 | -0,10 | 20,56 | -0,08 | 13,29 | -2,53 |
| CSH-9 | 271,33 | 30,42 | 21,73 | 1,09 | 17,26 | 1,43 |
| CSH-10 | 269,15 | 28,24 | 21,18 | 0,54 | 16,85 | 1,03 |
| CSH-11 | 237,26 | -3,65 | 20,00 | -0,64 | 15,77 | -0,05 |
| CSH-12 | 225,26 | -15,65 | 20,60 | -0,04 | 15,62 | -0,20 |
| CSH-13 | 236,70 | -4,21 | 21,41 | 0,77 | 15,37 | -0,45 |
| CSH-14 | 232,35 | -8,56 | 19,21 | -1,43 | 11,31 | -4,51 |
| CSH-15 | 243,01 | 2,10 | 21,00 | 0,36 | 14,85 | -0,98 |
| CSH-16 | 266,91 | 26,00 | 20,75 | 0,11 | 15,88 | 0,05 |
| CSH-17 | 242,61 | 1,70 | 21,50 | 0,86 | 14,04 | -1,78 |
| CSH-18 | 245,65 | 4,74 | 20,30 | -0,34 | 17,41 | 1,58 |
| CSH-19 | 245,13 | 4,22 | 20,10 | -0,54 | 13,51 | -2,31 |
| CSH-20 | 249,33 | 8,42 | 22,15 | 1,51 | 15,31 | -0,51 |
| CSH-21 | 199,56 | -41,35 | 19,71 | -0,93 | 14,51 | -1,31 |
| CSH-22 | 227,86 | -13,05 | 19,88 | -0,76 | 15,17 | -0,65 |
| CSH-23 | 247,86 | 6,95 | 20,91 | 0,27 | 15,57 | -0,25 |
| CSH-24 | 222,56 | -18,35 | 20,21 | -0,43 | 14,93 | -0,89 |
| CSH-25 | 240,86 | -0,05 | 20,55 | -0,09 | 17,99 | 2,16 |
| CSH-26 | 250,60 | 9,69 | 22,41 | 1,77 | 15,67 | -0,15 |
| CSH-27 | 254,56 | 13,65 | 20,86 | 0,22 | 19,94 | 4,11 |
| CSH-28 | 230,45 | -10,46 | 19,57 | -1,07 | 17,18 | 1,35 |
| CSH-29 | 245,06 | 4,15 | 20,21 | -0,43 | 15,60 | -0,22 |
| CSH-30 | 221,46 | -19,45 | 19,21 | -1,43 | 18,20 | 2,37 |
| CSH-31 | 262,81 | 21,90 | 21,36 | 0,72 | 16,83 | 1,00 |
| CSH-32 | 249,83 | 8,92 | 22,05 | 1,41 | 17,33 | 1,50 |
| CSH-33 | 271,78 | 30,87 | 21,83 | 1,19 | 17,49 | 1,66 |
| CSH-34 | 233,21 | -7,70 | 19,53 | -1,11 | 17,03 | 1,20 |
| CSH-35 | 232,31 | -8,60 | 20,51 | -0,13 | 18,21 | 2,38 |
| CSH-36 | 236,75 | -4,16 | 20,81 | 0,17 | 16,82 | 0,99 |
| CSH-37 | 233,23 | -7,68 | 21,11 | 0,47 | 17,50 | 1,67 |
| CSH-38 | 226,80 | -14,11 | 21,23 | 0,59 | 16,29 | 0,46 |
| CSH-39 | 243,53 | 2,62 | 19,33 | -1,31 | 18,80 | 2,97 |

| | | | | | | |
|------------------|---------------|-------|--------------|------|--------------|------|
| CSH-40 | 261,03 | 20,12 | 21,06 | 0,42 | 17,62 | 1,79 |
| \bar{X} – C8HS | 222,58 | | 20,66 | | 13,95 | |
| \bar{X} – CSH | 237,91 | | 20,66 | | 15,83 | |

3.2.5 CONCLUSÕES

- O desempenho agrônômico das progênes S₁ é superior às testemunhas, sendo justificável o avanço das gerações de endogamia para obtenção de híbridos simples de milho superdoce.
- A presença de valores altos e positivos para CGC indica que estas progênes têm potencial para contribuir satisfatoriamente na obtenção de linhagens promissoras.
- A seleção das melhores progênes para o avanço das gerações de endogamia só será efetiva por meio de índices de seleção.

3.3 ESTIMATIVAS DE GANHOS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S_1 COM BASE EM DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO E REML/BLUP EM MILHO SUPERDOCE

3.3.1 INTRODUÇÃO

Diversos estudos envolvendo a obtenção e a recomendação de cultivares de milho comum tem recebido bastante atenção da comunidade científica. Entretanto, o mesmo não tem ocorrido para cultivares de milho verde, sejam elas oriundas de milho superdoce ou até mesmo de milho comum (Albuquerque, 2008).

Até 2001, havia cerca de 300 variedades de milho-doce de polinização aberta no mundo, das quais apenas três formaram a base genética para o desenvolvimento de todos os programas de melhoramento de milho-doce (Tracy, 2001). Como o melhoramento de milho superdoce no Brasil ainda é incipiente, poucas são as cultivares nacionais com alta produtividade e qualidade disponíveis no mercado para os agricultores. No Brasil, são registradas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares apenas 45 cultivares de milho doce, entretanto, apenas três estão sendo comercializadas (Brasil, 2014). O número de variedades disponíveis desta hortaliça nas coleções elite e nos bancos de germoplasma é reduzido, quando comparado com o milho comum (Texeira et al., 2013).

A cultura do milho superdoce é explorada durante todo o ano usando sistemas de irrigação, escalonando a produção, o que possibilita maior constância

do produto para a comercialização (Texeira et al., 2001). O cultivo do milho superdoce pode ser uma alternativa rentável e, a curto prazo, a cultura se tornará uma importante olerícola no Brasil. Um dos principais entraves para o desenvolvimento dessa cultura, como dito anteriormente, é o reduzido número de cultivares melhoradas no mercado (Araújo et al., 2006).

Diante disso, com o intuito de acelerar o desenvolvimento desta cultura, principalmente na região Norte e Noroeste Fluminense do Estado do Rio de Janeiro, o Programa de Melhoramento de Milho da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) iniciou, em 2004, uma nova linha de pesquisa, o melhoramento genético de milho superdoce, cujo objetivo a longo prazo é o lançamento de híbridos simples agronomicamente superiores aos existentes no mercado.

A decisão mais importante do melhorista é a escolha dos genitores para o programa de hibridação. Para tanto, é sabido que a seleção de linhagens no decorrer do processo de endogamia precisa ser feita corretamente, pois um erro nesta etapa irá comprometer todo o programa de melhoramento (Ramalho et al., 2012). A indicação de cultivares, baseando-se em apenas uma ou poucas características, não é a melhor opção a ser adotada nos programas de melhoramento, uma vez que, ao produtor, interessa a capacidade produtiva, ao consumidor e à indústria de processamento, a qualidade do produto (Freitas Junior et al., 2009).

É necessário resaltar que uma cultivar de milho-doce ou superdoce, para atender tanto aos interesses da indústria de envasamento quanto para a produção para o uso in natura e ao próprio consumidor, deverá apresentar comprimento de espiga superior a 15 cm e diâmetro acima de 3 cm para aumentar a eficácia das máquinas industriais desgranadoras. Além disso, espigas bem granadas com número de fileiras de grãos maior ou igual a 14 e produtividade em campo superior a 12 toneladas por hectare também são desejáveis (Barbieri et al., 2005; Souza et al., 2013).

Nos aspectos relacionados à seleção de novos genótipos, os índices de seleção constituem técnicas multivariadas que associam as informações referentes a várias características sob seleção com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção, criam-se valores numéricos, que funcionam como uma característica adicional, teórica, resultante da combinação

de determinadas características selecionadas pelo melhorista, sobre as quais se deseja manter seleção simultânea. Diferentes índices - Mulamba e Mock (1978), Pesek e Baker (1969), Smith (1936) e Hazel (1943) e Williams (1962) - representam várias alternativas de seleção nos programas de melhoramento e, conseqüentemente, ganhos percentuais (Cruz; Carneiro, 2008).

De acordo com Resende (2001), a estruturação dos procedimentos de seleção, responsáveis pelo sucesso dos programas de melhoramento genético, baseia-se na estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção. A realização de inferências sobre genótipos sob seleção, seja em fase inicial ou final de um programa de melhoramento, deve recair sobre os verdadeiros valores genotípicos, ou seja, deve ser embasada em dados genotípicos e não fenotípicos (Borges et al., 2010). Uma alternativa muito utilizada atualmente e com grande acurácia no processo seletivo no melhoramento animal e de espécies perenes é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e por valores genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) (Henderson, 1974). Embora este método ainda seja pouco usado em plantas anuais, nos últimos anos esta metodologia tem sido incorporada aos programas de melhoramento de plantas anuais alógamas e autógamas (Piepho et al., 2008; Baldissera et al., 2012; Freitas et al., 2013).

Assim, os objetivos desse trabalho foram comparar quatro índices de seleção com base no método dos quadrados mínimos e no índice aditivo por meio do método REML/BLUP multicaracterísticas na avaliação de ganhos genéticos preditos e, conseqüentemente, proceder a uma seleção branda precoce (descarte dos indivíduos com pior desempenho) das 80 progênies S_1 avaliadas, de acordo com as principais características exigidas pelo mercado.

3.3.2 REVISÃO

3.3.2.1 Seleção no melhoramento de milho

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa é a indicação de estratégias de melhoramento que proporcionem avanços na direção desejada, em relação às características de interesse (Cruz e Carneiro, 2003).

O melhoramento genético de plantas alógamas, caso do milho, tem duas alternativas que podem ser conduzidas de forma conjunta: a obtenção de populações melhoradas e a obtenção de híbridos. No primeiro caso, a utilização adequada de estratégias de seleção possibilita aumento gradativo da frequência de alelos favoráveis na população de trabalho; no segundo caso, os métodos de melhoramento visam à obtenção de linhagens endogâmicas que, quando em combinação adequada, produzirão híbridos superiores às populações de origem dessas linhagens (Paterniani e Miranda Filho, 1978).

Em um programa de melhoramento vegetal, cujo objetivo final é a obtenção de híbridos, a decisão mais importante é a escolha correta dos genitores, porque o sucesso do programa é diretamente relacionado com a escolha criteriosa dos genótipos a serem cruzados (Ramalho et al.,1993). Para que o sucesso seja alcançado, é exigido que se obtenha um quantitativo elevado de prováveis genitores em gerações iniciais de endogamia e que essas gerações sejam avançadas até atingir a homozigose (Rosal et al.,2000).

É sabido que a seleção precoce é eficiente, sobretudo na eliminação das famílias com pior desempenho, reduzindo, assim, o trabalho dos melhoristas em gerações avançadas. A eliminação dos genótipos inferiores o mais cedo possível, por menor que seja a pressão de seleção, envolve redução de gastos com mão de obra, materiais de consumo e área de plantio nas sucessivas gerações de cultivo, possibilitando direcionar esforços para os genótipos que proporcionem maior probabilidade de obtenção de cultivares superiores (Rosal et al.,2000; Silva e Pereira,2012).

Neste sentido, a eficiência no processo de seleção de genótipos é crucial em um programa de melhoramento genético. A identificação de genótipos superiores exige métodos de seleção capazes de explorar eficientemente o material genético disponível, maximizando o ganho genético em relação às características alvo. A seleção pode ser truncada, quando feita com base em apenas uma característica, ou combinada, quando um conjunto de características é levado em consideração.

Sabe-se que, em testes experimentais, são analisados diversos caracteres, com o intuito de agrupá-los em um ou poucos genótipos. No caso do milho verde, a rejeição pelo produto no mercado é favorecida quando as cultivares apresentam espigas com diâmetro, comprimento ou mesmo cor fora dos padrões desejados (Rodrigues et al.,2011). Entretanto, podem surgir alguns entraves, como, por exemplo, a resposta correlacionada à seleção,o que dificulta o trabalho da seleção.Neste caso, o método de seleção truncada, na maioria das vezes, não permite a obtenção de ganhos satisfatórios (Martins et al., 2006). Assim, a seleção para múltiplos caracteres possibilita a obtenção de genótipos mais promissores, pela reunião de diversos atributos favoráveis (Silva, 1982; Cruz et al., 2004).

3.3.2.2 Índice de seleção

Na seleção de genótipos agronomicamente superiores no melhoramento genético vegetal, a utilização dos índices e de grande valor para os profissionais da área. De forma geral, os índices de seleção são técnicas multivariadas que permitem gerar um agregado fenotípico sobre o qual se exerce a seleção. Funciona como caráter adicional, resultante da combinação de determinadas características escolhidas pelo melhorista, nas quais se deseja exercer a seleção simultânea, permitindo separar genótipos superiores, independentemente ou não de correlações entre as características (Vilarinho et al., 2003;Cruz et al., 2004).

A indicação de cultivares, baseando-se em apenas um caráter, pode não ser a melhor opção, pois o valor do genótipo é estreitamente relacionado por várias características. Para obter genótipos superiores, é necessário que as plantas selecionadas reúnam, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhe confirmem rendimento comparativamente elevado e que satisfaça às exigências do consumidor. Assim, ao decidir quais são os melhores genótipos, seja como genitores ou para recomendação de cultivares, é racional que o melhorista leve em consideração as características de maior interesse, as quais podem não ter o mesmo peso econômico, mas agregam valores àqueles genótipos (Rangel et al.,2008; Freitas Júnior et al.,2009).

Para tanto, uma alternativa viável é o uso dos índices de seleção. Com o auxílio desta ferramenta, criam-se valores numéricos que funcionam como um

caráter adicional, teórico, resultante da combinação linear de determinados caracteres selecionados pelo melhorista, sobre os quais se deseja manter seleção simultânea (Cruz et al., 2004). Diferentes índices apresentam alternativas de seleção e, conseqüentemente, diferentes ganhos percentuais. Estes ganhos identificam, de maneira rápida e eficiente, materiais genéticos que podem ser mais adequados para os propósitos do melhorista.

Smith (1936) propôs o uso de índice de seleção nos programas de melhoramento de plantas como critério de seleção simultânea de duas ou mais características correlacionadas. Este procedimento foi adaptado ao melhoramento genético animal por Hazel (1943). Esta técnica vem passando por modificações, avaliações e comparações com outros métodos de seleção, para que se possa garantir maior confiabilidade nos resultados (Martins et al., 2006; Gonçalves et al., 2007).

Willians (1962) propôs o denominado índice-base, objetivando evitar a interferência de imprecisões das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas na estimação dos coeficientes que constituem o índice. Esse método propõe o estabelecimento de índices, mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios das características, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos (Cruz e Carneiro, 2003). Este índice tem apresentado boa aceitação pelos melhoristas, por dispensar as estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas e ter revelado resultados satisfatórios, quando utilizado com critério de seleção em vários trabalhos científicos (Cruz e Carneiro, 2003).

Pesek e Baker (1969) sugeriram o uso de 'ganhos genéticos desejados' de características individuais, para substituir os pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. Para esta proposta, é necessária a média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica. De tal modo, é possível calcular os coeficientes dos índices sem designar pesos econômicos, e o índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado, sujeito às restrições impostas pela constituição fenotípica e genotípica da população.

Mulamba e Mock (1978) sugeriram o índice com base na soma de postos (ou "ranks"), que consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a

cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificadas, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Cada uma dessas metodologias pode ser utilizada, adotando um critério ou “peso” diferente para constituição do índice. Pelas dificuldades de estabelecer pesos econômicos, Cruz (1990) propôs que os pesos econômicos poderiam ser estimados pelas estimativas dos parâmetros genéticos dos dados experimentais, como, por exemplo, a herdabilidade, o coeficiente de variação genotípico, o índice de variação das características avaliadas, além de pesos econômicos atribuídos arbitrariamente (Cruz et al., 2004).

Todos estes índices citados anteriormente vêm sendo usados com eficácia na seleção de genótipos promissores na cultura do milho, seja o milho comum ou o especial (milho doce, milho superdoce, milho-pipoca e milho branco). Contudo, o índice de Mulamba e Mock (1978) tem-se mostrado o de melhor eficiência por diversos autores (Vilarinho et al., 2003; Santos et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2013; Berilli et al., 2013).

3.3.2.3 Metodologia REML/BLUP na seleção de plantas anuais

As inferências sobre o desempenho dos genótipos em experimentos de campo para classificar aqueles a serem lançados como cultivares no mercado são uma tarefa complexa. Essas inferências devem ser embasadas nos reais valores genotípicos. Ou seja, inferências de genótipos, em qualquer fase de um programa de melhoramento, devem ser baseadas em médias genéticas, não fenotípicas, pois as médias genotípicas serão as médias do desempenho das cultivares em campos de produção (Hallauer e Miranda Filho, 1995; Borges et al., 2010).

Resende (2004) diz que a análise de variância (ANAVA), desde sua criação por Ronald Fisher, junto à análise de regressão, foi, por muito tempo, a base da análise da modelagem estatística. Contudo, posteriormente, o desenvolvimento dos métodos BLUP (Melhor preditor linear não viciado) por Henderson, na década de 1940 (Bernardo, 2002), e REML (Máxima verossimilhança restrita) por Patterson e Thompson, em 1971 (Resende, 2002), fez com que se tornassem modelos de maior precisão para a análise em uma gama de aplicações, suprimindo, com vantagem, o método ANAVA, muito embora, como afirma Bernardo (2002), o

procedimento BLUP não fosse usado no melhoramento de plantas até o início dos anos 90.

Assim, os procedimentos ótimos de estimação/predição podem ser resumidos em dois: (i) análise de variância/índice multifeitos para os casos balanceados; (ii) REML/BLUP para os casos balanceados e desbalanceados. No caso de dados balanceados, os dois procedimentos acarretam resultados análogos; em casos de dados com pequenos desbalanceamentos, ambos os procedimentos conduzem a resultados similares e, na presença de grande desbalanceamento, o procedimento (ii) é em alto grau superior ao (i) (Resende, 2002).

A predição acurada dos valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção é componente fundamental de qualquer programa de melhoramento genético. De maneira geral, os valores genéticos preditos são diferentes dos valores genéticos verdadeiros. A adjacência entre estes dois valores pode ser aferida com base na estimativa da acurácia (Vleck et al., 1987).

Para Henderson (1975), a acurácia pode ser otimizada utilizando todas as informações de parentesco entre todos os indivíduos que estão sendo avaliados. Isto pode ser feito pela metodologia de modelos mistos para a obtenção do BLUP, o qual utiliza a matriz de parentesco completa. Os indivíduos mais aparentados têm uma proporção maior de alelos em comum, o que está relacionado ao grau de parentesco (por exemplo, o parentesco genético aditivo entre pai e filho é de 0,50, entre meios irmãos, de 0,25, e assim por diante). A utilização desta matriz faz com que o BLUP apresente superioridade sobre os outros métodos, especialmente para caracteres de baixa herdabilidade.

Em um programa de melhoramento genético vegetal, geralmente a seleção é feita com base em mais de uma característica, que pode ser genética e/ou fenotipicamente correlacionada. Viés de seleção pode ocorrer se tais características forem avaliadas e selecionadas individualmente. Com o intuito de contornar este problema e obter predições dos valores genéticos mais precisos, Henderson e Quaas (1976) propuseram uma expansão da metodologia de modelos mistos, denominada BLUP multicaracterística. Esta análise propõe maior acurácia por considerar simultaneamente diferentes variáveis e utilizar as correlações genéticas e fenotípicas entre elas.

Inicialmente, os métodos de predição BLUP foram propostos para o melhoramento genético animal e de espécies vegetais perenes. Ao longo dos últimos anos, aplicações relevantes foram incorporadas a programas de melhoramento de espécies anuais alógamas e autógamas (Resende, 2002).

Flachenecker et al. (2006) empregaram o BLUP na predição dos valores genéticos aditivos médios dos pais de famílias de irmãos completos em uma população de milho, que permitiram satisfatória predição do desempenho das progênes do ciclo subsequente, em relação à umidade dos grãos e/ou ao caráter índice de seleção, calculado como função da produção de grãos e do conteúdo de matéria-seca.

Melhoristas de batata-doce iniciaram a aplicação da técnica REML/BLUP para conseguir selecionar e oferecer aos produtores das mais diversas regiões de cultivo, cultivares de amplo aspecto genético e produtivo, com maior acurácia. E concluíram que o procedimento REML/BLUP foi altamente eficiente na classificação e no ordenamento dos genótipos, especialmente pelo desbalanceamento (Borges et al., 2010)

Trabalhando com a cultura do feijoeiro, Baldissera et al. (2012) compararam resultados obtidos pelas análises dialélicas e pelo BLUP e avaliaram a eficiência do BLUP para predizer o desempenho dos híbridos com base em seus genitores, tendo concluído que o melhor preditor linear não viesado não foi suficiente para predizer o comportamento dos híbridos em relação à média dos pais. Porém a associação do BLUP às análises dialélicas possibilitou identificar populações segregantes promissoras, permitindo rapidez no desenvolvimento de cultivares.

Comparando quatro índices de seleção e o método REML/BLUP na avaliação de ganhos genéticos preditos das características de interesse em famílias de meios-irmãos em milho-pipoca, Freitas et al. (2013) puderam concluir que o método REML/BLUP apresentou os melhores ganhos genéticos preditos, em comparação aos obtidos pelos índices de seleção.

3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1 Genótipos avaliados e condições de cultivo

Foram avaliados 80 híbridos *topcrosses* S₁, divididos proporcionalmente em dois grupos distintos: a população CIMMYT-SH (CSH) e a população CIMMYT-8HS (C8HS). O testador (base ampla e não relacionado) utilizado foi a população Piranão 8HS (P8HS). Todos os genótipos avaliados foram obtidos pelo programa de melhoramento de milho superdoce da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Vale ressaltar que tanto as populações CSH e C8HS quanto o testador (P8HS) são populações de base ampla (CIMMYT e Piranão), convertidas para superdoce, com a incorporação do gene *sh2*, via retrocruzamento.

O teste de avaliação foi implantado na safra de 2012/2013. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com 3 repetições em dois locais de avaliação: Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro, localizado a 21° 45' de latitude sul e 41° 20' W de longitude e a 11 m de altitude (Oliveira, 1996), classificado como tropical chuvoso, clima de bosque com uma precipitação média anual de 1023mm. Tem evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23° C (Koeppen, citado por Ometto, 1981). O outro experimento foi implantado na Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara, Rio de Janeiro, localizada na Região Noroeste Fluminense, 21° 39' 12" de latitude sul e 42° 04' 36" W de longitude e a 60 m de altitude, com temperatura média anual de 22,5° C e precipitação média anual de 1041 mm (Oliveira, 1996). A distância entre as localidades é de 117 km.

Cada unidade experimental (famílias de meios-irmãos) foi cultivada em 1 linha de 3,6m, com espaçamento de 0,3m entre plantas e 0,90 m entre fileiras. Foram utilizadas 3 linhas contínuas em torno da área de plantio como bordadura.

No plantio, foram semeadas 5 sementes por cova, com posterior desbaste para uma planta por cova, aos 30 dias após a semeadura.

A adubação de plantio constituiu da aplicação de 400 kg.ha⁻¹ do formulado N-P-K 8-28-16. Posteriormente, foram efetuadas duas adubações de cobertura: uma aos 30 dias após o plantio, com 300 kg.ha⁻¹ do formulado N-P-K 20-00-20, e outra após 45 dias de plantio, com 200 kg.ha⁻¹ de ureia. O controle de plantas

invasoras foi feito com a aplicação do herbicida Roundup antes do plantio e uma capina manual.

As colheitas foram feitas em etapas, ou seja, quando aproximadamente 50% das espigas de cada parcela estavam no estágio de grãos leitosos (+/- 25 dias após o florescimento feminino), a parcela era colhida.

3.3.3.2 Características Avaliadas

As avaliações foram feitas em duas etapas: antes e após a colheita das espigas.

Característica avaliada antes da colheita:

- Altura de planta (AP) – altura média de cinco plantas competitivas, medidas do nível do solo até o nó de inserção da folha bandeira, em metros.

Características avaliadas após a colheita:

- Peso médio de espiga sem palha em gramas (PSP) – média do peso de 10 espigas sem palhas, em gramas.
- Comprimento médio das espigas sem palha (CSP) – média do comprimento de 10 espigas sem palha, em centímetros.
- Número de fileiras de grãos (NFG) – número médio total de fileiras de grãos de 10 espigas.
- Diâmetro médio de espigas em milímetros (DE) – média do diâmetro de 10 espigas sem palha, em milímetros.
- Produtividade de espigas sem palha (PROSP) – peso total da parcela despilhada em quilogramas por metro quadrado, posteriormente convertido em toneladas por hectare.

3.3.3.3 Análises estatísticas

3.3.3.3.1 Análise de variância

Foi considerado o seguinte modelo estatístico para a análise de variância conjunta:

$$Y_{ijk} = \mu + (B/A)_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} é a observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente;

μ é a média geral do ensaio;

$(B/A)_{jk}$ é o efeito do bloco k no ambiente j;

G_i é o efeito do genótipo i;

A_j é o efeito do ambiente j;

GA_{ij} é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e

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

A Tabela 1 apresenta o esquema da análise de variância conjunta, com as respectivas esperanças de quadrados médios, sendo que, com exceção de ambiente, as demais fontes de variação foram consideradas aleatórias.

Tabela 1. Esquema da análise de variância conjunta e a esperança de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

| FV | GL | QM | E (QM) | F |
|--------------|-------------|------|--|----------------------|
| Bloco/A | a - 1 | QMB | $\sigma^2 + g\sigma^2B$ | QMB/QMR |
| Ambiente (A) | (r-1) a | QMA | $\sigma^2 + r\sigma^2GA + g\sigma^2B + rg\Phi A$ | QMA+QMR/ QMB+QMGA |
| Genótipo (G) | g-1 | QMG | $\sigma^2 + ra\sigma^2G$ | QMG/QMR |
| G x A | (a-1)(g-1) | QMGA | $\sigma^2 + r\sigma^2GA$ | QMGA/QMR |
| Resíduo | a(g-1)(r-1) | QMR | σ^2 | |

a= número de ambientes; r= número de repetições; g = número de genótipos

3.3.3.3.2 Estimativas por meio dos índices de seleção baseado na ANAVA

A predição dos ganhos por índices de seleção foi fundamentada em um genótipo ideal. Procurou-se obter genótipos com incrementos nas médias do peso e comprimento de espigas e principalmente no número de fileiras de grãos. Quanto às variáveis altura de planta e diâmetro de espigas, buscou-se manter as médias estimadas na família original, uma vez que estas satisfazem as exigências

do programa. Para tanto, foram atribuídos os seguintes pesos para a constituição dos índices: 1, 20, 10, 30, 1, 20, respectivamente, para as características AP, PSP, CSP, NFG, DE e PROSP.

Para as análises estatísticas, foram utilizados os recursos computacionais do Programa Genes (Cruz, 2013).

3.3.3.3.2.1 Índice de Smith (1936) e Hazel (1943)

Esse índice foi idealizado como uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características. O valor observado de cada característica é ponderado por um dos coeficientes do índice (Baker, 1986; Cruzet al., 2004), obtendo-se o seguinte conjunto fenotípico:

$$I = b_1P_1 + b_iP_i + \dots + b_nP_n$$

em que:

I é o índice de seleção;

b_i é o peso atribuído à característica P_i no índice de seleção; e

n é o número de características avaliadas.

O valor genético total é constituído por uma combinação linear dos valores genéticos de cada característica, ponderados por pesos econômicos conhecidos, deliberados pelo pesquisador (Baker, 1986; Marques, 2000). A combinação linear é designada do agregado genotípico:

$$W = a_1G_1 + a_iG_i + \dots + a_nG_n$$

em que:

W é o valor genético ou agregado genotípico;

a_i é o peso econômico atribuído ao valor genético G_i de cada característica; e

n é o número de características avaliadas.

A variação no agregado genotípico, devida ao uso do índice de seleção, é (Baker, 1986):

$$\Delta W = W_s - W_o = b_w (I_s - I_o) \quad (1)$$

em que:

ΔW é a variação esperada no valor genotípico;
 W_s é o valor genotípico dos indivíduos selecionados;
 W_o é o valor genotípico da população original;
 b_w é o coeficiente de regressão linear;
 I_s é o valor do índice de seleção nos indivíduos selecionados; e
 I_o é o valor do índice de seleção da população original.

A expressão (1) pode ser apresentada da seguinte forma:

$$\Delta W = (Cov(W, I) / V(I)) * (I_s - I_o) \quad (2)$$

em que:

$Cov(W, I)$ é a covariância entre o valor genético e o índice; e

$V(I)$ é a variância do índice.

Se a variação for expressa em unidades de desvio padrão, tem-se a expressão (Baker, 1986):

$$\Delta W / \sigma_w = ((I_s - I_o) \sigma_{w,I}) / (\sigma_I * \sigma_w \sigma_I) = ((I_s - I) / \sigma_I) r_{wI} \quad (3)$$

em que:

σ_w é o desvio padrão do agregado genotípico;

σ_I é o desvio padrão do índice de seleção;

$\sigma_w \sigma_I$ é a covariância entre o valor genotípico e o índice de seleção; e

r_{wI} é o coeficiente de correlação entre o valor genotípico e o índice de seleção.

Como o diferencial de seleção expresso em unidades de desvio padrão fenotípico está sujeito à intensidade de seleção, para maximizar a expressão (3), faz-se necessários coeficientes que maximizem a correlação. Smith (1936), citado por Baker (1986), mostrou que a solução do seguinte sistema de equações na forma matricial é a que eleva ao máximo o coeficiente de correlação:

$$Pb = Ga$$

em que:

P é a matriz n por n das variâncias e covariâncias fenotípicas;

b é a vetor $n \times 1$ de coeficientes do índice clássico, a ser determinado;

G é a matriz n por n das variâncias e covariâncias genotípicas; e a é o vetor $n \times 1$ dos pesos econômicos atribuídos aos valores genéticos.

Com a resolução em ordem a b , obtém-se $b = P^{-1} G a$, que permite obter os coeficientes do Índice Clássico.

3.3.3.3.2 Índice de Williams (1962)

Também denominado Índice Base, é uma combinação linear das características de interesse no melhoramento, em que os pesos econômicos são os coeficientes de ponderação do índice, o que dispensa o uso de matrizes de variância e covariâncias (Baker, 1986; Cruz et al., 2004).

Este índice é representado do seguinte modo:

$$I = a_1 x_1 + a_2 x_2 + \dots + a_n x_n = a' X$$

em que:

I é o índice de seleção;

a_i é o peso econômico atribuído à característica i , sendo $i = 1, \dots, n$;

a' é o vetor dos pesos econômicos;

x_i é a média da característica i , sendo $i = 1, \dots, n$; e

X é o vetor de médias das n características que entram no índice.

3.3.3.3.3 Índice de Pesek e Baker (1969)

Os pesos econômicos constituem uma das dificuldades da aplicação do Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e, por essa razão, foi proposto por Pesek e Baker, em 1969, um índice de seleção respaldado nos ganhos desejados, os quais são mais fáceis de definir. Segundo Cruz et al. (2004), com base na expressão fornecida pelo Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), obtém-se a expressão dos ganhos esperados:

$$\Delta g = G b_i / \sigma_i$$

em que:

Δg é o vetor de ganhos esperados;

G é a matriz das variâncias e covariâncias genotípicas;

b é o vetor $n \times 1$ de coeficientes do índice;

i é a intensidade de seleção; e
 σ_I é o desvio padrão do índice.

Por substituição do vetor dos ganhos esperados por um vetor com os ganhos desejados, Δg_d , é possível estimar o vetor b dos coeficientes do índice:

$$b = G - 1\Delta g_d \sigma_I / i$$

em que:

σ_I / i é um escalar que não influi na proporcionalidade dos coeficientes e pode ser eliminado.

3.3.3.3.2.4 Índice Clássico de Mulamba e Mock (1978)

O índice de Mulamba e Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, pela atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos “ranks”, assinalando a classificação dos genótipos (Cruz et al., 2004).

3.3.3.3.3 Índice aditivo REML/Blup multicaracterísticas

As variáveis fenotípicas foram avaliadas por meio do *software* Selegen-REML/BLUP, com o modelo estatístico 22: avaliação de progênies de meios-irmãos em blocos completos e vários locais (Resende, 2009). Segue o modelo estatístico:

$$y = Xr + Za + Wi + e$$

em que:

y é o vetor de dados;

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

w é o vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios); e

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição/local).

As distribuições e estruturas de variância associadas aos termos do modelo foram:

$$\begin{aligned} y|r, V &\sim N(Xr, V) \\ a | I\sigma_a^2 &\sim N(0, I\sigma_a^2) \\ w | \sigma_w^2 &\sim N(0, I\sigma_w^2) \\ \varepsilon | \sigma_\varepsilon^2 &\sim N(0, I\sigma_\varepsilon^2) \\ V &= Z \sigma_a^2 Z' + W I \sigma_w^2 W' + I \sigma_\varepsilon^2 \end{aligned}$$

Os valores genéticos de cada progênie foram obtidos pela soma de cada efeito genotípico à média geral do experimento. O ganho genético equivale à média dos vetores dos efeitos genéticos preditos para as progênies selecionadas. A média geral somada ao ganho genético resulta na média da população melhorada.

3.3.3.3.4 Índice de coincidência

O índice de coincidência foi obtido pela relação entre o dobro do número de progênies, em que ambos os índices de seleção coincidem, e a soma do número total de progênies que contêm o índice de seleção A, mais o número total de progênies que contêm o índice de seleção B (Pedrozo et al., 2009)

3.3.3.3.5 Avanço das gerações de endogamia em *Bulk*

Em decorrência da baixa germinação inerente às sementes de milho superdoce, o avanço das gerações de endogamia foi feito em *Bulk* da seguinte forma: por ocasião da colheita das espigas S_1 no segundo semestre de 2011, elas foram semeadas em linhas individuais, autofecundadas e colhidas individualmente. Após a colheita, 4 espigas foram selecionadas de acordo a qualidade das sementes (presença ou ausência de fungos), e debulhadas em conjunto. Na safra de 2011/2012, uma mistura das sementes S_1 de cada progênie foi semeada individualmente em uma linha de 5 metros, com espaçamento de

0,20 x 1,00m, originando progênies $S_{0:2}$. Esse processo foi repetido até o ano de 2014, que culminou na sexta geração de autofecundação, ou seja, a geração $S_{0:6}$. Após a colheita das espigas $S_{0:6}$, procedeu-se à “abertura do *bulk*” com o intuito de dar sequência ao melhoramento, visando à obtenção de híbridos simples.

3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta evidenciou a existência de variabilidade genética e ausência de interação genótipos por ambientes para todas as variáveis sob seleção (Tabela 2). Sendo assim, é possível praticar a seleção com base na média dos dois ambientes. As estimativas de herdabilidade apresentaram um valor alto, variando de 61,53 a 76,19. Com base nas estimativas de herdabilidades, é possível antever a possibilidade de sucesso na seleção em programas de melhoramento, visando à obtenção de cultivares superiores (Pereira, 1985; Cruz et al., 2004). Assim, com os valores altos de herdabilidade, a seleção poderá ser conduzida com grande possibilidade de sucesso, para todas as características de interesse da cultura. Mais comentários sobre a análise de variância da Tabela 2 estão apresentados no capítulo 2 deste documento. Ainda na Tabela 2, podem ser verificados os valores médios para cada característica sob seleção. A literatura relata que, para que uma cultivar de milho superdoce seja aceita no mercado, é necessário que atenda a alguns prerrequisitos, destacando-se, entre eles: espigas com cerca de 20 cm de comprimento, de formato cilíndrico com número de fileiras igual ou superior a 14 e diâmetro superior a 30 mm; e produtividade em campo de pelo menos 12tha^{-1} (Pereira Filho et al., 2003). Com o objetivo de atender todas as necessidades do mercado consumidor, maior atenção será dada à variável número de fileiras de grãos, visto ser a única que ainda não atende o padrão comercial. Por se tratar de uma seleção precoce e branda, foi decidido que cada uma das populações fosse trabalhada em separado para manter a diversidade genética entre as populações ou grupos (CSH e C8HS). Esta decisão tem por consequência a

garantia de obtenção de híbridos de maiores efeitos heteróticos, que possibilitem o aparecimento de transgressivos (Cruz et al.,2011).

Tabela 2. Resumo da análise de variância e estimativas do coeficiente de herdabilidade (h_{mf}^2) e do coeficiente de variação experimental (CV_e) da média dos experimentos nos dois ambientes, Campos dos Goytacazes e Itaocara – RJ no ano agrícola de 2012/2013.

| Quadrados Médios | | | | | | | |
|------------------|-----|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|-----------------------|---------------------|
| FV | GL | AP | NFG | DE | CSP | PSP | PROSP ^{1/} |
| Ambiente (A) | 1 | 29,56** | 0,002 ^{ns} | 504,58** | 57,34** | 129804,00** | 98,32** |
| Bloco/A | 4 | 0,16** | 0,99** | 62,11** | 6,57** | 13908,97** | 1,34 ^{ns} |
| Genótipo (G) | 79 | 0,08** | 1,27** | 45,35** | 3,02** | 2409,16** | 22,89** |
| CSH | 39 | 0,06** | 1,23** | 16,58** | 4,01** | 2655,13** | 24,83** |
| C8HS | 39 | 0,06** | 1,54** | 11,54** | 2,10** | 1544,17** | 10,65** |
| CSH x C8HS | 1 | 1,59** | 7,42** | 112,53** | 0,001 ^{ns} | 44709,14** | 424,12** |
| G x A | 79 | 0,03 ^{ns} | 0,34 ^{ns} | 50,50 ^{ns} | 1,21 ^{ns} | 781,474 ^{ns} | 10,94 ^{ns} |
| CSH x A | 39 | 0,04 ^{ns} | 0,31 ^{ns} | 5,07 ^{ns} | 1,18 ^{ns} | 692,408 ^{ns} | 14,25 ^{ns} |
| C8HS x A | 39 | 0,03 ^{ns} | 0,37 ^{ns} | 5,91 ^{ns} | 1,23 ^{ns} | 873,03 ^{ns} | 7,91 ^{ns} |
| CSHxC8HSxA | 1 | 0,006 ^{ns} | 0,04 ^{ns} | 5,94 ^{ns} | 1,76 ^{ns} | 684,147 ^{ns} | 0,07 ^{ns} |
| Erro | 316 | 0,03 | 0,29 | 4,99 | 1,17 | 780,334 | 8,47 |
| h_{mf}^2 | | 61,53 | 76,19 | 67,45 | 62,00 | 67,61 | 65,85 |
| CV_e (%) | | 7,83 | 12,5 | 4,85 | 5,24 | 12,14 | 19,55 |
| \bar{X} | | 2,23 | 12,5 | 46,02 | 20,65 | 230,05 | 14,89 |

^{1/} AP= altura de planta, PSP= peso de espiga sem palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, NFG= número de fileiras de grãos, DE=diâmetro de espiga, e PROSP = produtividade de espiga sem palha.

As análises das estimativas de ganhos preditos pelos procedimentos que têm como base a análise de variância revelaram que o índice de Mulamba & Mock foi o que proporcionou melhores ganhos para ambos os grupos ou populações. O índice de seleção de Mulamba & Mock permitiu a predição de ganhos que melhor se adaptaram aos objetivos do programa, ou seja, um maior ganho para número de fileiras de grãos, considerado a característica de maior importância para as populações em avaliação e para as demais características ganhos expressivos (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas dos ganhos percentuais com base em diferentes índices de seleção, por seleção simultânea de seis características de progênies de meios-irmãos de milho superdoce, oriundas da população CSH.

| Características ^{1/} | Índices de seleção | | | |
|-------------------------------|--------------------|---------------|----------------|----------|
| | Pesek & Baker | Smith & Hazel | Mulamba & Mock | Williams |
| AP | 0,27 | 0,80 | 0,12 | 0,85 |
| PSP | 3,8 | 4,05 | 3,37 | 4,49 |
| CSP | 2,39 | 2,01 | 1,05 | 1,53 |
| NFG | 0,81 | 1,01 | 1,79 | 0,95 |
| DE | 0,69 | 1,11 | 1,12 | 1,11 |
| PROSP | 2,53 | 3,11 | 3,93 | 2,41 |

^{1/} AP= altura de planta, PSP= peso de espiga sem palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, NFG= número de fileiras de grãos, DE=diâmetro de espiga, e PROSP = produtividade de espiga sem palha.

Fazendo uma comparação entre o índice de Mulamba & Mock e o índice de Williams, por exemplo, para a população CSH, pode-se observar que o ganho predito para peso de espigas sem palha com o índice de Williams foi de 4,49%, ligeiramente superior ao Mulamba & Mock (3,37%). Em contrapartida, o índice de Mulamba & Mock foi 88,42% superior para número de fileiras de grãos e 63,07% superior para produtividade de espigas sem palha, quando comparado com o índice de Williams (Tabela 2).

Resultados similares são verificados quando a comparação é feita entre Mulamba & Mock e Smith & Hazel. Para a variável peso de espiga sem palha, o índice de Smith & Hazel estimou um ganho médio de 4,05%, 20,18% superior ao estimado por Mulamba & Mock. Entretanto, para as características número de

fileiras de grãos e produtividade de espigas sem palha, a predição dos ganhos por Mulamba & Mock foi superior em 77,23% e 26,36%, respectivamente (Tabela 3).

Comparando as estimativas dos ganhos preditos entre os índices de Pesek & Baker e Mulamba & Mock, para o grupo C8HS, constata-se que apenas para a característica produtividade de espigas sem palha o primeiro é 94,40% em média superior ao segundo. Todavia, o índice de Mulamba e Mock apresenta, por exemplo, superioridade de 700,00 e 100,00% para número de fileiras de grãos e para comprimento de espigas, respectivamente (Tabela 4).

Tabela 4. Estimativas dos ganhos percentuais com base em diferentes índices de seleção, por seleção simultânea de seis características de progênies de meios-irmãos de milho superdoce, oriundas da população C8HS.

| Características ^{1/} | Índices de seleção | | | |
|-------------------------------|--------------------|---------------|----------------|----------|
| | Pesek & Baker | Smith & Hazel | Mulamba & Mock | Willians |
| AP | -0,68 | 0,09 | -0,25 | 0,14 |
| PSP | 1,18 | 3,01 | 2,24 | 3,02 |
| CSP | 0,14 | 0,18 | 0,28 | 0,25 |
| NFG | 0,2 | 1,46 | 1,60 | 1,02 |
| DE | 0,38 | 1,03 | 0,79 | 0,09 |
| PROSP | 2,93 | 1,04 | 1,51 | 1,04 |

^{1/} AP= altura de planta, PSP= peso de espiga sem palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, NFG= número de fileiras de grãos, DE=diâmetro de espiga, e PROSP = produtividade de espiga sem palha.

Também comparando o índice de Mulamba & Mock com o de Smith & Hazel, pode-se chegar às mesmas conclusões apresentadas para o primeiro grupo (CSH), ou seja, Mulamba & Mock proporcionou as melhores predições de ganhos genéticos preditos de acordo com as necessidades do programa de melhoramento de milho superdoce da UENF (Tabela 4).

Por sua vez, Vilarinho et al. (2003), avaliando a eficiência de seleção truncada dos índices de Smith & Hazel, Willians, Pesek & Baker, Mulamba & Mock e Elston, na identificação de progênies S₁ e S₂ em milho pipoca, concluíram que, na estratégia de seleção recomendada, o índice de Mulamba & Mock foi o que proporcionou resultados mais desejáveis para ganhos satisfatórios em produção e capacidade de expansão.

Santos et al. (2007), ao testarem quatro índices de seleção para a composição de uma população de famílias de meios-irmãos em milho pipoca, concluíram que a seleção embasada no índice de Mulamba & Mock produziu ganhos preditos mais adequados para alcançar os objetivos do programa de melhoramento da cultura.

Trabalhando com seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos completos entre as variedades braquíticas de milho 'Piranão' e 'Cimmyt', Berilli et al. (2013) mostram que o índice de Mulamba & Mock, entre os índices testados, foi o que mais se adaptou aos objetivos do programa, ou seja, os ganhos preditos com o índice de seleção Mulamba & Mock foram superiores aos preditos com os outros índices.

Uma vez constatado que dos índices de seleção alicerçados nos métodos dos quadrados mínimos, o Mulamba & Mock foi o mais satisfatório, suas estimativas dos ganhos genéticos preditos foram comparadas com o índice de seleção aditivo, com base no procedimento REML/BLUP multicaracterísticas (Tabela 5). Tal índice de seleção aditivo, com base na metodologia REML/BLUP multicaracterísticas, apresentou ganhos preditos superiores para todas as características quando comparado com o índice de Mulamba e Mock.

Para mostrar numericamente a superioridade do procedimento REML/BLUP, pode-se comparar, por exemplo, a variável número de fileiras de grãos. Esta variável, por sua vez, apresentou diferenças de ganhos preditos de 4,66% na população CSH e de 4,13% na população C8HS. Estimativas semelhantes foram verificadas para as demais variáveis avaliadas (Tabela 5).

De acordo com o REML/BLUP, a variável altura de planta apresentou um ganho elevado para ambos os grupos (CHS e C8HS), ao contrário do índice de Mulamba & Mock (Tabela 5). A literatura relata que plantas altas de milho comum e até mesmo milho-pipoca não são indicadas para a seleção, visto plantas de porte alto tenderem ao tombamento (Freitas et al., 2013). Contudo, esta afirmativa não é válida para a cultura do milho, quando colhido verde. De acordo com as estimativas apresentadas nos capítulos anteriores deste documento, a porcentagem de plantas quebradas e/ou acamadas é insignificante

Tabela 5. Estimativas dos ganhos percentuais com base em dois índices de seleção, por seleção simultânea de seis características de progênies de meios-irmãos de milho superdoce das duas populações.

| Índices de Seleção | | | | |
|-------------------------------|----------------|-----------|----------------|-----------|
| Características ^{1/} | CSH | | C8HS | |
| | Mulamba & Mock | REML/BLUP | Mulamba & Mock | REML/BLUP |
| AP | 0,12 | 2,62 | -0,25 | 2,24 |
| PSP | 3,37 | 12,00 | 2,24 | 6,64 |
| CSP | 1,05 | 6,29 | 0,28 | 1,75 |
| NFG | 1,79 | 6,45 | 1,60 | 5,73 |
| DE | 1,12 | 4,30 | 0,79 | 2,56 |
| PROSP | 3,93 | 8,97 | 1,51 | 5,16 |

^{1/} AP= altura de planta, PSP= peso de espiga sem palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, NFG= número de fileiras de grãos, DE=diâmetro de espiga, e PROSP = produtividade de espiga sem palha.

Um segundo ponto, e não menos importante, é que uma característica destas populações de milho superdoce é a presença do alelo *br2*. Tal alelo, quando em homozigose, confere menor porte à planta em virtude de promover a formação de um tipo diferente de giberelina, menos ativa na promoção do crescimento (Galston e Davies, 1972). Deste modo, os ganhos de 2,62% e 2,24% para os grupos CSH e C8HS, respectivamente, não expõem dificuldades para alcançar os objetivos finais do programa.

As diferenças nas estimativas dos ganhos preditos entre os dois procedimentos podem ser explicadas pelo fato de o índice de Mulamba & Mock ser formado pelas combinações lineares das medidas de diversos caracteres com base em estimativas de parâmetros genéticos e médias fenotípicas obtidas pelo método da análise de variância. Já o método REML/BLUP utiliza, na construção de índices, os componentes de variância estimados pela máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) (Resende, 2002). Por conseguinte, resulta em um processo de seleção mais acurado, uma vez que emprega, como vetor das soluções, os efeitos genótipos preditos e os ganhos de seleção de cada família, o que corrige os valores para os efeitos ambientais, prediz de maneira precisa e não viciada os valores genotípicos e conduz à maximização do ganho genético com a seleção (Resende e Sturion, 2001; Rodrigues et al., 2013)

Com base nos ganhos preditos apresentados na Tabela 5, fica evidente que o método REML/BLUP multicaracterísticas foi o que apresentou maior eficiência em predizer os ganhos genéticos, sendo, portanto o procedimento mais adequado para classificar os genótipos mais promissores a serem candidatos a futuros híbridos comerciais. Todavia, Pedrozo et al. (2009) afirmam que a eficiência dos índices de seleção pode ser testada com a estimação do coeficiente de coincidência entre dois índices. Quanto mais próximo da unidade for este valor, maior será a concordância dos resultados de seleção entre eles.

Os coeficientes de coincidência das 20 progênies de meios-irmãos, selecionadas pelos índices Pesek & Baker, Smith & Hazel, Mulamba & Mock, Willians, bem como pelo método REML/BLUP multicaracterísticas, estão apresentados na Tabela 6.

Os valores encontrados oscilaram entre 0,65 a 0,95, que podem ser considerados de medianos a altos. Entre os coeficientes, destaca-se a coincidência de 95% entre os índices Mulamba & Mock e REML/BLUP nos dois grupos selecionados. Isto era esperado, pois, como afirmou Resende, a metodologia REML/BLUP apresenta modelos de maior precisão em relação à metodologia dos quadrados mínimos, quando os dados têm algum grau de desbalanceamento, fato não apresentado nesta pesquisa.

No processo de seleção, valores genotípicos devem ser os preferíveis pelos melhoristas, ou seja, a seleção deve ser embasada em médias genotípicas. Sendo assim, optou-se por ranquear os genótipos mais promissores, tendo por base os valores preditos pelo índice aditivo obtido pelo REML/BLUP multicaracterísticas (Tabela 7). Pela metodologia REML/BLUP, o que realmente se estima e/ou se prediz são estes valores. Estudo feito por Borges et al. (2010) mostra que os valores genotípicos são bem próximos da nova média e vice-versa. Assim, pode-se inferir que esta metodologia foi eficiente em selecionar progênies com desempenhos relativos elevados e que o desempenho no próximo ciclo de cultivo será bem próximo do predito.

Tabela 6. Coeficientes de coincidência de 20 progênies selecionadas com base em diferentes índices de seleção, por seleção simultânea de seis características. Acima da diagonal, estão as estimativas referentes à população CSH e abaixo, as referentes à população C8HS de progênies de meios-irmãos de milho superdoce.

| | Pesek & Baker | Smith & Hazel | Mulamba & Mock | Willians | REML/ BLUP |
|-------------------|------------------|------------------|-------------------|----------|---------------|
| Pesek & Baker | - | 0,75 | 0,70 | 0,8 | 0,75 |
| Smith & Hazel | 0,65 | - | 0,75 | 0,8 | 0,70 |
| Mulamba & Mock | 0,75 | 0,85 | - | 0,85 | 0,95 |
| Willians | 0,65 | 0,95 | 0,85 | - | 0,70 |
| REML /BLUP | 0,75 | 0,85 | 0,95 | 0,85 | - |

Tabela 7. Ranqueamento das 20 progênies de meios-irmãos, oriundas das duas populações e estimativa da nova média predita (BLUP), quanto às seis principais características de interesse para a cultura do milho doce.

| CSH | | | | | | | | C8HS | | | | | | |
|-----------|-----------|--------------|--------|-------|-------|-------|-------|--------------|------|--------|-------|-------|-------|---------------------|
| Ranque | Progênies | Novas médias | | | | | | Novas médias | | | | | | |
| | | AP | PSP | CSP | NFG | DE | PROSP | Progênies | AP | PSP | CSP | NFG | DE | PROSP ¹⁷ |
| 1 | 27 | 2,31 | 275,6 | 20,95 | 13,88 | 47,96 | 19,33 | 25 | 2,21 | 246,79 | 20,95 | 13,13 | 47,16 | 15,42 |
| 2 | 32 | 2,32 | 271,01 | 21,2 | 14,18 | 47,76 | 17,72 | 23 | 2,31 | 250,71 | 21,2 | 13,7 | 46,48 | 14,79 |
| 3 | 31 | 2,29 | 279,74 | 21,03 | 13,42 | 49,49 | 17,43 | 9 | 2,21 | 242,16 | 21,03 | 13,34 | 47,02 | 15,13 |
| 4 | 37 | 2,37 | 254,28 | 20,94 | 14,12 | 48,09 | 16,15 | 31 | 2,22 | 238,65 | 20,94 | 12,96 | 47,07 | 15,45 |
| 5 | 33 | 2,39 | 284,37 | 20,98 | 13,46 | 49,18 | 16,4 | 39 | 2,24 | 241,4 | 20,98 | 13,23 | 47,28 | 15,05 |
| 6 | 26 | 2,43 | 273,08 | 20,91 | 14,05 | 48,77 | 16,99 | 6 | 2,19 | 245,63 | 20,91 | 13,11 | 47,37 | 14,42 |
| 7 | 16 | 2,43 | 262,24 | 21,23 | 13,24 | 50,59 | 17,12 | 14 | 2,26 | 240,00 | 21,23 | 13,65 | 47,21 | 14,22 |
| 8 | 15 | 2,33 | 260,37 | 21,13 | 13,29 | 47,37 | 16,52 | 12 | 2,23 | 233,83 | 21,13 | 13,28 | 46,87 | 14,48 |
| 9 | 9 | 2,37 | 284,06 | 20,82 | 13,50 | 49,92 | 17,66 | 21 | 2,25 | 237,39 | 20,82 | 13,2 | 46,32 | 14,6 |
| 10 | 25 | 2,34 | 258,66 | 21,43 | 13,27 | 48,02 | 18,21 | 10 | 2,34 | 244,28 | 21,43 | 13,41 | 47,11 | 14,06 |
| 11 | 34 | 2,30 | 253,41 | 21,17 | 13,36 | 48,22 | 17,55 | 7 | 2,29 | 232,86 | 21,17 | 12,99 | 46,18 | 15,00 |
| 12 | 10 | 2,35 | 282,96 | 21,31 | 13,06 | 48,86 | 17,49 | 18 | 2,26 | 243,08 | 21,31 | 12,6 | 46,47 | 15,24 |
| 13 | 2 | 2,35 | 265,33 | 20,8 | 13,29 | 47,82 | 17,25 | 22 | 2,24 | 240,8 | 20,8 | 13,16 | 46,73 | 14,08 |
| 14 | 22 | 2,35 | 250,73 | 21,02 | 13,50 | 49,69 | 16,67 | 3 | 2,27 | 238,01 | 21,02 | 13,5 | 46,44 | 14,03 |
| 15 | 30 | 2,34 | 245,37 | 20,71 | 13,67 | 47,51 | 18,35 | 38 | 2,2 | 234,9 | 20,71 | 12,67 | 46,14 | 14,82 |
| 16 | 40 | 2,29 | 278,06 | 21,01 | 13,6 | 49,57 | 18,07 | 16 | 2,22 | 230,7 | 21,01 | 13,02 | 46,63 | 14,51 |
| 17 | 13 | 2,31 | 255,28 | 21,1 | 13,09 | 48,15 | 16,78 | 13 | 2,29 | 248,26 | 21,1 | 12,58 | 47,61 | 14,67 |
| 18 | 18 | 2,39 | 264,25 | 20,99 | 13,17 | 48,54 | 17,79 | 24 | 2,19 | 225,95 | 20,99 | 13,05 | 45,71 | 14,17 |
| 19 | 20 | 2,44 | 269,34 | 21,07 | 13,12 | 47,89 | 16,72 | 37 | 2,19 | 224,72 | 21,07 | 12,71 | 46,93 | 14,74 |
| 20 | 28 | 2,33 | 251,68 | 20,84 | 13,14 | 48,39 | 17,61 | 30 | 2,18 | 229,08 | 20,84 | 12,53 | 46,04 | 14,53 |
| \bar{X} | | 2,35 | 265,99 | 21,03 | 13,47 | 48,58 | 17,39 | | 2,23 | 238,46 | 21,03 | 13,09 | 46,73 | 14,67 |

¹⁷ AP= altura de planta, PSP= peso de espiga sem palha, CSP= comprimento médio de espiga sem palha, NFG= número de fileiras de grãos, DE=diâmetro de espiga, e PROSP = produtividade de espiga sem palha.

3.3.5 CONCLUSÕES

Considerando que os materiais genéticos realmente superiores são aqueles que reúnem simultaneamente uma série de atributos favoráveis que satisfaçam as exigências do consumidor, pode-se concluir que:

- Entre os quatro índices de seleção testados, que têm como base a ANAVA, o de Mulamba & Mock foi o mais adequado para a seleção de progênies S_1 em milho superdoce.
- O índice aditivo REML/BLUP multicaracterísticas apresentou melhores ganhos preditos em comparação com Mulamba & Mock e foi eficiente para a seleção de progênies S_1 em milho superdoce.
- A alta coincidência entre os índices REML/BLUP multicaracterísticas e Mulamba & Mock indica que para fins de seleção a eficiência é similar para estas progênies S_1 de milho superdoce, para índices multiefeitos e experimentos balanceados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABRASEM - Associação brasileira do comércio de sementes e mudas (2011) *Pesquisa de mercado de sementes de hortaliças 2011*. Campinas. Disponível em: <<http://www.abcsem.com.br/dadosdosegmento.php>>. (acesso em 30 julho. 2014).
- Allard, R.W., (1971) *Princípios de melhoramento genético das plantas*. São Paulo, Edgar Blucher, 381p.
- Albuquerque, C.J.B., Von Pinho, R.G., Silva, R., (2008) Produtividade de híbridos de milho verde experimentais e comerciais. *Bioscience Journal*, 24(2):69-76.
- Andreson, J.C., Chow, P.N.,(1963) Phenotypes and grain yield associate whit br-2 gene in single-cross hybrids of dent corn. *Crop Science*, 3:111-113.
- Araújo, E.F., Araújo, R.F., Sofiatti, V., Silva, R. F.,(2006) Qualidade fisiológica de sementes de milho-doce colhidas em diferentes épocas. *Bragantia*, 65(4): 687 – 692.
- Aragão, C.A.,(2002) *Avaliação de híbridos simples braquíticos de milho super doce (Zea mays L.) portadores do gene shrunken (sh2sh2), utilizando esquema dialélico parcial*. Botucatu, Tese de Doutorado. Faculdade de Ciências Agrônômicas, 112p.

- Assunção, A., Brasil, E.M., Oliveira, J.P., Reis, A.J.S., Pereira, L.G.B., Bueno, L.G., Ramos, M.R.,(2010) Heterosis performance in industrial and yield components of sweet corn. *Crop Breeding and Applied Biotechnonology* 10:183-190.
- Baker, R. J. (1986) Index Selection in plant breeding. *CRC Press, Boca Raton-Florida*, 218p.
- Baldissera, J.N.C., Bertoldo, J.G., Valentini, G., Coan M.M.D., Rozeto, D.S., Guidolin, A.F., Coimbra, J.L.M., (2012) Using the best linear unbiased predictor (BLUP) for predicting hybrid beans. *Bioscience Journal*, 28(3):395-403
- Barbieri, V.H.B.,Luz, J.M.Q.,Brito, C.H.,Duarte, J.M.,Gomes, L.S.,Santana, D.G.,(2005) Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho-doce em função de espaçamentos e populações deplantas. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 23(3):826 - 830.
- Barbosa, J.V.A. (1983). Fisiologia do Milho. In: Empresa Brasileira de Assistência técnica e extensão rural. *Cultura do Milho*, 7-12.
- Bartlett, M.S.,(1937).Properties of sufficiency and statistical test. *Proceedings of the Royal Society*, 160: 318-335.
- Bernardo, R., (2002) *Breeding for quantitative traits in plant*. Woodbury: Stemma Press.
- Berilli, A.P.C.G., Pereira, M.G., Trindade, R.s., Costa, F.R.C., Cunha, K.S., (2013) Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. *Acta Scientiarum*,35(4): 435-441
- Berilli, A.P.C.G., (2009) Seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L..) monitorada por marcadores moleculares: avanço de gerações e avaliação do progresso genético. Tese(Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos

- Goytacazes RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 115p.
- Brasil (2014). Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. *Registro Nacional de Cultivares - RNC/ Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília. Disponível em: http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. (acesso em julho de 2014).
- Boyer, C.D., Shannon, J.C., (1984) The use of endosperm genes for sweet corn improvement. *Plant Breeding Review*, 1, 139p
- Bordallo, P.N.; Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T., Gabriel, A.P.C., (2005) Análise dialélica de genótipos de milho-doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 23(1):123-127
- Borém, A; Miranda, G.V., (2009) *Melhoramento de plantas*. Viçosa: UFV, 529p.
- Borges, V., Ferreira, P.V.P., Soares, L., Santos, G.M., Santos, A.M.M., (2010). Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento de REML/BLUP. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 25:643-649.
- Borowski, A.M., Vicente, A.F., Waters J.R., (1991). Seed maturity influences germination and vigor two shrunken-2 sweet corn hybrids. *Journal American Society Horticultural Science*, 116(3):401-404.
- Bull, L.T., Cantarella, H., (1993). *Cultura do milho: Fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba. Potafos, 301p.
- Campbeel, C.M., (1965) *New dwarf modifiers*. IN: AN. HY. CORN IND. CONF. Proceedings, 22-30.

- Carvalho, N.M., Nakagawa, J. (2000) *Composição química de sementes*. In: Carvalho, N.M., Nakagawa, J. *Sementes: ciência, tecnologia e produção*. 4.ed. Jaboticabal: Funep, 5:66-97.
- Cook, G.M., (1915) Brachysm, a hereditary deformity of cotton and plants. *Journal of Agricultural Research*, 3:387-399.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2ed Viçosa:UFV, 585p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S., (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa:UFV, v.1. 480p.
- Cruz, C.D., Ferreira, M.F. Pessoni, L.A, (2011) *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Viçosa: UFV, 620p.
- Cruz C.D (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics - *Acta Scientiarum. Agronomy* 35: 271-276.
- Cultivares da Embrapa Hortaliças 1981-2013 (2014) Embrapa Hortaliças. - Brasília, DF:Embrapa. 182 p.
- Cutolo Filho, A. A. (2003) Potencial de utilização do germoplasma temperado no melhoramento de milho (*Zea mays* L.) portador do gene shrunken-2. Tese (Doutorado em Agronomia/Agricultura) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 108p.
- Davis, R. L. (1927) *Report of the plant breeder*. Puerto Rico Agricultural Experimental Station Annual Reporter, Puerto Rico, p.14-15.
- Denney, J. O. (1992) Xenia Includes metaxenia. *Hort Science*. Califórnia, 27 (7): 722-728.
- Elias, H.T., Carvalho, S.P., André, C.G.M (2000). Comparação de testadores na avaliação de famílias S2 de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 35(6): 1135-1142.

- East, E.M., (1909). The distinction between development and heredity in inbreeding. *American Naturalist*, Chicago, 43:173-188.
- Facelli, A.L., Dourado Neto, D., (2000). *Produtividade de milho*. Guaíba:Agropecuária, 360p.
- Fehr, W. R.(1987). *Principles of cultivar development: Theory and Technique*. New York(USA): Mc-Graw Hill, 536 p.
- Ferreira, E. A. et al. Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S3 demilho em três locais do Estado de São Paulo. *Bragantia*, Campinas, v. 68, n.2, p. 319- 327, 2009.
- Filgueira, F.(1972) *Manual de olericultura; Cultura e comercialização das hortaliças*. São Paulo :451
- Flachenecker C, Frisch M, Falke K.C., Melchinger A.E., (2006) Modified full-sib selection and best linear unbiased prediction of progeny performance in a European F2 maize population. *Plant Breeding* 125:248-253.
- Freitas Júnior, S.P., Amaral Júnior, A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P., (2009) Predição de ganhos genéticos de milho de pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. *Semina: Ciências Agrárias*,30(4):803-814.
- Freitas, I.L.J., Amaral Júnior, A.T., Viana, A.P., Pena, G.P.,Cabral, P.S., Vittorazzi, C. Silva, T.R.C., (2013) Ganho genético com índices de seleção e com REML/BLUP em milho de pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(11): 1464-1471.
- Fornasieri Filho, D., (1992) *A cultura do milho*.Jaboticabal: FUNEP. 273 p.
- Galston,A.W., Davies, P.J., (1972) Reações e ferimentos. In: FERRI, M.G. *Mecanismos de controle no desenvolvimento vegetal*. São Paulo, Edgard Blücher :139-151.

- Gama, E.E.G., Parentoni, S.N., Reifschneider, F.J.B., (1992) Origem e importância do milho doce. In: EMPRESA AGROPECUÁRIA BRASILEIRA. *A cultura do milho doce*. SeteLagoas, (Circular Técnica, 18) 5-34.
- Gama, E.E.G., Morô, J.R., Magnavaca, R., Viana, R.T., Naspolini Filho, V., (1983).Melhoramento do Milho. In: Empresa Brasileira de Assistência técnica e extensão rural. *Cultura do Milho*, 23-38.
- Guissem, J.M.; Nakagawa, J.; Zucareli, C.(2002) Qualidade fisiológica de sementes de milho-doce BR 400 (BT) em função do teor de água na colheita e da temperatura de secagem. *Revista Brasileira de Sementes*, Pelotas, 24(1):220-228.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J.; Miranda Filho, J.B.,(2010) *Quantitative Genetics in MaizeBreeding*. Iowa: Springer, 680p.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B.,(1995) *Quantitative Genetics in MaizeBreeding*. 2nd ed. Iowa State Univ. Press, Ames, 468p.
- Hazel, L. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics, Austin*, 28:476-490.
- Hendry, G.W., (1930) Archaeological evidence concerning the origin of sweet maize. *Journal os the America Society of Afronomy*. Geneva, 22:508p.
- Henderson, C.R., (1974) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31(2):423-447.
- Henderson, C.R., Quaas, R.L., (1976) Multiple trait evaluation using relatives records. *J. Anim. Sci.*,43(6) :1188-1197.
- Hull, F. H. (1945) Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal of the American Society the Agronomy*, New York, 33, (3):200-206.

- Younes, M. H.; Andrews, R. H. (1978) Productivity and prolificacy in a diallel series of Market sweet corn hybrids. *Crop Science*, 18: 224-226.
- Jenkins, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. *Agronomy Journal*, 32(1):55-63.
- Jones, D.F. (1918) The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. *Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station*, 207:5-100.
- Kempton, J.H., (1920) Heritable caracteres of maize. *Journal of Heredity*, 11:111-115.
- Kwiatkowski, A., Clemente E., (2007) Características do milho-doce (*Zeamays L.*) para industrialização. *Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial*, 01(02): 93 – 103.
- Lambert, R. J. (1963) Location of branchytic-2 dwarf. *Maize Genetics Coop. Newsl.* 3 7: 41-42.
- Leite, D.R.,(1973) Comportamento de milho (*Zea mays L.*) braquítico-2 em diferentes densidades de plantio; Piracicaba: ESALQ/USP, Tese de Mestrado, 60p.
- Lemos, A.R., Gama, E.E.G., Menezes, D., Santos V.F., Tabosa J.N., (2002) Avaliação de dez linhagens de milho superdoce em um dialelo completo. *Horticultura Brasileira*, 20: 167-170.
- Lonquist, J. H., Lindsey, M. F.(1964) Topcross versus S₁ line performance in corn (*Zea mays L.*). *Crop Science, Madison*, 4:580-584.
- Machado, J. A., (1980) *Melhoramento genético do milho doce, Zea mays L.* Piracicaba. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz, 78p.

- Magalhães, A.C., Silva, W.J. (1987). *Determinantes genético-fisiológico do milho*. Fundação Cargil, 452p.
- Marques, M. J. B. S. G. S. M. (2000) *Número mínimo de famílias de meios-irmãos de milho pipoca: critério de seleção e predição de ganhos por seleção*. Tese(Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Viçosa MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 236p.
- Marino, T.B., (2013) *Estimação de parâmetros genéticos em populações de milho superdoce utilizando progênies de meios-irmãos*. Dissertação de Mestrado (Genética e Biologia Molecular) Universidade Estadual de Londrina – UEL, 80p,
- Martins, I.S., Martins, R.C.C., Pinho, D.S., (2006) Alternativas de índices de seleção e uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Cerne*, 12:287-29.
- McDonald, M.B., Sullivan, J., Lawer, M.J., The pathway of water uptake en maize seeds. *Seed Science and Tecnology*, 22(1):79-90.
- Miranda Filho, J. B.; Viégas, G. P.,(1987) Milho híbrido. In: Paterniani, E.; Viégas, G. P. (Ed.). *Melhoramento e produção do milho*. 2. ed. Campinas:Fundação Cargill, Cap.7, p. 275-340.
- Mulamba, N. N.; Mock, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt J. Gen. Cytol. Alexandria*, 7:40-51..
- Oliveira Junior, L.F.G., Deliza, R., Bressan-Smith, R.; Pereira, M.G., Chiquiere, T.B.,(2006). Seleção de genótipos de milho mais promissores para o consumo *in natura*. *Ciências Tecnologia Alimentos*, 26(1):159-165.

- Oliveira, V.P.S. (1996) *Avaliação do sistema de irrigação por sulco da Fazenda do Alto em Campos dos Goytacazes - RJ*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 94p.
- Ometto, J.C. (1981) *Bioclimatologia tropical*. São Paulo: Agronômica Ceres, p.390-398.
- Paes, M.C.D., (2006) Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. *Circular Técnica, Embrapa Milho e Sorgo: Sete Lagoas, 75:1-6*
- Parentoni, S.N., Gama, E.E.G., Magnavaca, R., Reifschneider, F.J.B., Villas-boas, G.L. (1990) Milho Doce. *Informe Agropecuário*, 14(165):17-22.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B., (1978) Melhoramento de Populações. In: Paterniani, E., *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba: ESALQ, 6:202-246.
- Pedrotti, A.; Holanda, F.S.R.; Mann, E.N.; Aguiar Neto, A.O.; Barreto, M.C.V.; Viegas, P.R.A. (2003). *Parâmetros de produção do milho-doce em sistemas de cultivo e sucessão de culturas no Tabuleiro Costeiro Sergipano*. In: SEMINÁRIO DE PESQUISA FAP-SE, Sergipe. Anais...Sergipe: FAP.
- Pedrozo, C.Â., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V. de, Silva, F.L. da. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, 10:31-36.
- Pesek, J.; Baker, R.J. (1969) Desired improvement in relation to selection indices. *Can. J. Plant. Science*, Ottawa, 1:215-274.
- Pereira, A.F., Melo, P.G.S., Pereira, J.M., Assunção, A., Nascimento, A.R., Ximenes, P.A., (2009). Caracteres agronômicos e nutricionais de genótipos de milho doce. *Bioscience Journal* 25(1):104-112

- Pereira, A.F., Melo, P.G.S., Oliveira, J.P., Assunção, A., Bueno, L.G. (2008). Qualidade fisiológica de sementes de desempenho agrônômico de genótipos de milho doce. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 38(4): 249 - 261.
- Pereira Filho, I.A., Cruz, J.C., Gama, E.E.G.,(2003). *Cultivares para o consumo verde*. In: Pereira Filho, I.A., (Ed.). *O cultivo do milho verde*. 17-30.
- Pereira, A.S., (1987) Composição, avaliação organoléptica e padrão de qualidade de cultivares de milho doce. *Horticultura Brasileira*, 5(2):22- 24.
- Pereira, J. R. (1985) Seleção de irmãos completos, visando a qualidade da semente e outros caracteres agrônômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Viçosa: UFV. 85p. Tese (Mestrado)
- Piepho, H.P., Mohring, J., Melchinger, A.E, Buchse, A., (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*,161:209-228.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J.B.; Zimmermann, M. J. O. (1993) *Genética Quantitativa em Plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*.Goiânia, GO, 271p
- Ramalho, M.A.P., Abreu,F.B.A., Santos,J.B.,Nunes, J.A.R (2012) *Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas*. 1ed. Lavras. Editora UFLA, 522p.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T., Scapim, C.A., Freitas Júnior, S.P., Pereira, M.G. (2008) Genetics parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetic and Molecular Research*, 7(4):1020:1030.
- Reis, S.R.,Pereira, M.G., Silva, R.F., Meireles, R.C., (2011) Efeito da heterose na qualidade de sementes de milho doce. *Revista Brasileira de Sementes*. 33(2):310-315.

- Resende, M.D.V.; Duarte, J.B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, 37(3): 182-194.
- Resende, M.D.V.,(2002) Software Selegen–REML/BLUP. Curitiba: Embrapa Florestas. (Documentos, 77).
- Resende, M.D.V. de; Sturion, J.A. (2001). Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geoestatísticos e de séries ganho genético avaliado com índices de seleção temporais empregando REML/BLUP ao nível individual. Colombo: Embrapa Florestas, 2001. 80p. (Embrapa Florestas. Documentos, 65)
- Rodrigues, F., Von Pinho R.G., Albuquerque, C.J.B., Von Pinho, E.V.R., (2011) Index of selection and estimation of genetic and phenotypical parameters for traits related with the production of vegetable corn, *Ciência e Agrotecnologia*, 35(2):278-286
- Rodrigues, W.P., Vieira, H.D., Barbosa, D.H., Souza Filho, G.R., Candido, L.S.,(2013) Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, *Genetics and Molecular Research*, 12:2391-2399.
- Rosal, C.J.S., Ramalho, M.A.P., Gonçalves, F.M.A., Abreu, A.F. B.,(2000) Seleção precoce para a produtividade de grãos no feijoeiro. *Bragantia*,59(2): 189-195.
- Santos, P.H.A.D., Pereira, M.G., Trindade, R.S., Cunha, K.S., Entringer G.C., Vettorazzi (2011). Agronomic performance of super-sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 14: 8-14 2014
- Santos, F.S.S., Amaral Júnior, A.T., Freitas Júnior, S.P., Rangel, R.M., Pereira, M.P., (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na

- população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia* 66 (3): 389:396.
- Scapim, C.A., Pacheco, C.A.P., Tonet, A.; Braccini, A. L., Pinto, R. J. B. (2002).Análise dialéctica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia*, 61(3):219-230
- Scapim, C. A.; Carvalho, C. G. P.; Cruz, C. D. (1995) Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30(4): 683-686.
- Shull, G.H.A., (1909). A pure line method of corn breeding. *Report American Breeders Association*, Washington, 5:51-59.
- Silva, R.G.,(1982) *Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162p.
- Silva, G.O., Pereira, A.S., (2011). Seleção em gerações iniciais para caracteres agronômicos em batata. *Horticultura Brasileira* 29: 449-455.
- Silva, J.B., Karam, D.,(1994) Manejo integrado de plantas daninhas na cultura do milho. *O ruralista*, Belo Horizonte, 32(414):5-9.
- Souza, R.S., Vidigal Filho, P.S., Scapim, C.A., Marques, O.J., Queiroz, D.C., Okumura, R.S., Reche, D.L., Cortinove, V.B., (2013). Qualidade e produtividade do milho-doce em diferentes populações de plantas. *Semina: Ciências Agrárias*, 34(3):995-1010.
- Souza, I.R.P, Maia, A.H.N.; Andrade, C.L.T., (1990). *Introdução e avaliação de milho-doce na região do baixo Paranaíba*. Teresina: Embrapa/CNPAl.
- Syngenta Brasil (2010) *Alimentar nosso maior desafio: 2010-2050*. São Paulo, 80 p. Relatório de sustentabilidade.

- Smith, H. F. (1936) A discriminant function for planta selection. *Ann. Eugen*,7:240-250.
- Sprague, G.F., Tatum, L.A., (1942). General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of the American Society of Agronomy*, 34(10):923-932.
- Teixeira, F.F., Miranda, R.A., Paes, M.C.D., Souza, S.M., Gama, E.E.G., (2013) *Melhoramento do milho doce*. Documentos (INFOTECA-E). Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo.
- Teixeira, F.F.,(2009) Aspectos agrônômicos e de qualidade de espiga em famílias endogâmicas de milho doce. *Circular Técnica – 121*, 6p.
- Teixeira, F.F., Souza, I.R.P., Gama E.E.G., Pacheco, C.A.P., Santos, M.X., Meirelles, W.F.,(2001) . Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce. *Ciência e Agrotecnologia*, 25(3):483-488.
- Tracy, W.F., (2001) Sweet corn. In: Hallauer AR (ed) *Specialty corn*. Boca Raton, :155-198.
- Tracy, W.F. Sweet Corn. In: Hallauer, A. R. (1994) New York: *Specialty Corns*. CRC Press, p.147-187.
- Tregubenko, M.J., Nepommjascij, V.I. The water consumption of brachytic maize hybrids in relation to their yield.*Bulletin All-Union Science Research Maize Institute*, 6:20-26
- USDA (2013) *Sweet Corn for Fresh Market Area Planted and Harvested, Yield, Production, Price and Value – States and United States: 2010-2012*. Disponível em :<http://usda01.library.cornell.edu/usda/current/VegeSumm/VegeSumm-01-29-2013.pdf>>. (acesso em setembro de 2014).
- USDA (2010) *Table 99 - World sweet corn (green maize): Area harvested (hectares)*,Disponível:<<http://usda.mannlib.cornell.edu/usda/ers/SweetCorn/sweetcorn2010.pdf>>. (acesso em junho de 2012).

- Valentini, L., Shimoya, A., Costa C.C.S., (2002) *Milho doce: viabilidade técnica de produção em Campos dos Goytacazes* – RJ. PESAGRO –RJ 14p (comunicado técnico)
- Van Vleck, L.D., Pollak, E.J., Oltenacu, E.A.B.,(1987) *Genetics for the animal sciences*. W.H. Freeman, New York. 391p.
- Vilarinho, A.A., Viana, J.M.S., Santos, J.F., Câmara, T.M.M.,(2003) Eficiência da seleção de progênes S1 e S2 de milho pipoca, visando à produção de linhagens. *Bragantia*,62:9-17.
- Vencovsky, R. (1970). Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Phd Thesis, ESALQ/USP, São Paulo, 59p.
- Waters, L., Blanchette, B., (1983). Prediction of sweet corn field emergence by conductivity and cold tests. *Journal of American Society Horticultural Science*, 108(5): 778-781.
- Willians, J. S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, North Carolina, 18:375-393.
- Zanette, V.A., Paterniani, E., (1992) Efeito do gene braquítico-2 em populações melhoradas de milho de porte baixo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 27(8):1173-1181.
- Zárate, N.A.H., Vieira, M.C., Souza, T.M., Ramos, D.D.,(2009) Produção e renda líquida de milho verde em função da época de amontoa. *Semina: Ciências Agrárias*, 30(1): 95-100.
- Zárate, N.A.H., Vieira, M.C.,(2003). Produção de milho-doce cv. Superdoce em sucessão ao plantio de diferentes cultivares de inhame e adição de cama-de-frango. *Horticultura Brasileira*, 21(1):05-09.