

YRLE DA ROCHA FONTINELE

**VARIABILIDADE E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM
VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO**



RIO BRANCO – AC

2019

YRLE DA ROCHA FONTINELE

**VARIABILIDADE E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM
VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos
Coorientadora: Dra. Marilene Santos de Lima

RIO BRANCO – AC

2019

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

F684v Fontinele, Yrle da Rocha, 1980 -

Variabilidades e estratégias de seleção em variedades crioulas de milho / Yrle da Rocha Fontinele; orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos e Coorientadora: Dr^a. Marilene Santos de Lima. – 2019.

61 f. ; 30 cm.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Acre, Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, Rio Branco, 2019.

Inclui referências bibliográficas e apêndices.

1. *Herdabilidade*. 2. Amazônia ocidental. 3. Seleção. I. Santos, Vanderley Borges dos (orientador). II. Lima, Marilene Santos de (Coorientadora). III. Título.

CDD: 338.1

Bibliotecária: Nádia Batista Vieira CRB-11º/882.

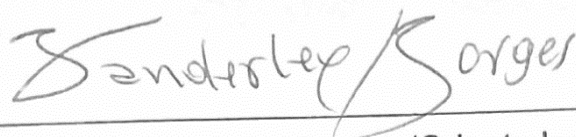
YRLE DA ROCHA FONTINELE

VARIABILIDADE E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM
VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal.

APROVADA em 30 de abril de 2019.

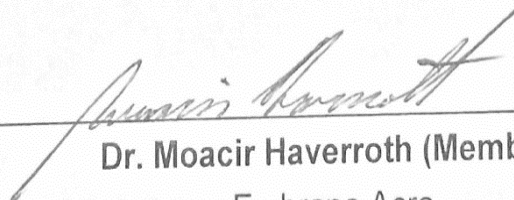
BANCA EXAMINADORA



Dr. Vanderley Borges dos Santos (Orientador)
Universidade Federal do Acre



Dr. Lauro Saraiva Lessa (Membro)
Embrapa Acre



Dr. Moacir Haverroth (Membro)
Embrapa Acre

À Deus, por ter me ajudado
a superar as dificuldades e
realizar esse sonho tão importante.
À todos os professores do curso, ao
orientador, Prof. Dr. Vanderley Borges dos
Santos, aos familiares, amigos e a todos
que fizeram parte dessa etapa decisiva
em minha vida.

Dedico

“O fruto de um trabalho de amor atinge sua plenitude na colheita, e esta chega sempre no seu tempo certo”.

Autor desconhecido

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, à Deus que esteve comigo ao longo de todo o percurso e tornou possível a realização do meu sonho.

À minha mãe Angélica Gomes da Rocha, que sempre esteve ao meu lado e foi a minha maior incentivadora.

Aos meus irmãos, que acreditaram no meu sonho e me deram forças para continuar.

À Universidade Federal do Acre, ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal e a CAPES, deixo meu agradecimento profundo porque sempre encontrei os recursos necessários para evoluir e alcançar todas as metas.

Um agradecimento especial ao professor Vanderley Borges dos Santos, que fez toda a diferença na orientação da minha dissertação.

À minha coorientadora, Marilene Santos de Lima, pelas informações proporcionadas, amizade e conselhos.

Agradeço aos professores do programa que se dedicaram a ensinar e compartilhar todo o seu conhecimento.

Aos amigos Suzy Anne Araújo, Luan de Oliveira, Matheus Matos, Mateus Martins, Suila Mendonça, Kristoffer Augusto, Joaes, Caroline e Antônio Carnaúba, pela contribuição nas atividades desta pesquisa.

Por fim, mas não menos importante, deixo uma palavra de gratidão a todas as pessoas que, de alguma forma, tocaram meu coração e transmitiram força e confiança em mim.

RESUMO

Variedades crioulas de milho não possuem o potencial produtivo que as cultivares híbridas comerciais, mas são providas de grande variabilidade genética e alelos que são úteis na formação de novos híbridos, o que é imprescindível para o sucesso dos programas de melhoramento genético de plantas e também em sistemas de cultivo de agricultores familiares. O objetivo desse estudo foi estimar a variabilidade genética e determinar estratégias de seleção de variedades crioulas de milho (*Zea mays* L.). O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal do Acre. A semeadura foi realizada em 24 de março de 2018 e a colheita em 28 de julho de 2018. O delineamento experimental foi em blocos casualizados (DBC) com cinco repetições e com parcelas constituídas por quatro linhas de 5 m, espaçadas 1 m entre linhas e 0,50 m entre plantas. Foram utilizadas as variedades crioulas de milho nativas de aldeias indígenas Kaxinawá do Rio Envira, município de Feijó, em que a V4, é chamada de milho duro “Nawa Sheki”, V2 e V3 são as de milho massa “Sheki Kui” e a mistura de cruzamento do tipo duro e massa é a V1. Utilizou-se a cultivar do milho híbrido LG 3040 (V5) como testemunha. Foram avaliados os caracteres morfoagronômicos: altura média da planta, altura média da espiga, diâmetro médio do colmo, massa média da espiga, diâmetro médio da espiga, comprimento médio da espiga, massa total de grãos, massa de 100 grãos, grau de umidade, florescimento masculino, florescimento feminino e produtividade. O teste de Dunnett, ao nível de 5% de probabilidade, foi utilizado para comparar as variedades crioulas com a testemunha. Para a comparação entre as médias das variedades crioulas, usou-se o teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade. Foram estimados os parâmetros genéticos: variância fenotípica, aditiva e genotípica; herdabilidade; coeficiente de variação genética; razão do coeficiente da variação genética e ambiental; acurácia de seleção e correlações genéticas. Além destas, fez-se correlações fenotípicas e ambientais. Estimou-se a predição de ganhos por seleção dentro da parcela experimental sem informações de plantas. Todas as análises foram realizadas pelo programa Genes. As variedades 3, 4 e a híbrida são semelhantes ($p > 0,05$), diferindo ($p < 0,05$) significativamente das outras variedades crioulas para produtividade. As variedades crioulas 3 e 4 apresentam produtividade equivalente ao híbrido LG 3040. Há variabilidade genética entre as variedades crioulas de milho. A variedade 4 apresenta desempenho superior entre as crioulas. As correlações genotípicas apresentaram valores mais elevados em relação às correlações fenotípicas. Os ganhos preditos dentro da parcela experimental foram superiores ao ganho entre as parcelas. Existem possibilidades de ganhos por seleção evidenciada pelos valores de herdabilidade nas populações de milho crioulo.

Palavras-chaves: Herdabilidade. Amazônia ocidental. Seleção.

ABSTRACT

Creole varieties of maize do not have the productive potential of commercial hybrid cultivars, but are provided with great genetic variability and alleles that are useful in the formation of new hybrids, what is indispensable for the success of plant genetic improvement programs and also in crop cultivation systems of family farmers. The study's objective was to estimate the genetic variability and to determine the variety selection strategies of creole maize (*Zea mays* L.). The experiment was conducted in the experimental area of the Federal University of Acre. The sowing was performed on March 24, 2018 and the harvest on July 28, 2018. The experimental design was in randomized blocks (DBC) with 5 replicates and with plots constructed by 4 rows of 5m and spacing by 1m between rows and 0.50m between plants. Creole native maize varieties were used of Kaxinawá indigenous villages of the Envira river, Feijó city, which the V4 were called hard maize "NawaSheki", V2 and V3 are the mass maize "ShekiKui" and the crossbreeding mixture of the types hard and mass is the V1. The hybrid cultivar maize LG 3040 (V5) were used as a witness. Morphoagronomic characters were evaluated: average plant height, average ear height, average culm diameter, average ear mass, average ear diameter, average ear length, total grain mass, 100 grain mass, degree of humidity, male flowering, female flowering and productivity. The Dunnett test, at 5% probability level, was used to compare the creole varieties with the witness. To average comparison between the average creole varieties were used the Tukey test at the 5% probability level. Genetic parameters were estimated: variance phenotypic, additive and genotypic; heritability; coefficient of genetic variation, ratio of the coefficient of genetic variation and environment; selection accuracy and genetic correlations. In addition, phenotypic and environmental correlations were realized. The prediction of gain by selection was estimated inside the experimental parcel without plants informations. All analysis were performed by the Genes program. The varieties 3, 4 and hybrid are similar ($p > 0,05$), differing ($p < 0,05$) significantly from other creole varieties to productivity. The creole varieties 3 and 4 present equivalent productivity to hybrid LG3040. There is genetic variability among the creole maize varieties. The variety 4 presented superior result among the creoles. The genotypic correlations present higher values in relation to phenotypic correlations. The predicted gains within the experimental plot were higher than the gains between the plots. There are possibilities of gain by selection evidenced by the heritability values in the creole maize populations.

Keywords: Heritability. Western Amazon. Selection.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 -	Dados climáticos mensais de precipitação e temperatura máximas e mínimas durante o período de avaliação do experimento. Rio Branco, UFAC, 2018.....	27
Figura 2 -	Área experimental em blocos casualizados (DBC), utilizando 4 variedades crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e 1 híbrida (V5) com 5 blocos, Rio Branco, UFAC, 2019.....	28
Figura 3 -	Sementes crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e híbrida LG 3040 (V5). Rio Branco, UFAC, 2019.....	28
Figura 4 -	Área do plantio de milho crioulo com o híbrido LG3040 na área experimental da UFAC, 2019.....	30
Figura 5 -	Espigas das variedades crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e a híbrida LG3040 (V5), observadas após a colheita. Rio Branco, UFAC, 2019.....	35
Figura 6 -	Avaliação do diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), florescimento masculina (FLM) e florescimento feminino (FLF) pelo teste de Dunnett. Rio Branco, UFAC, 2019.....	37
Figura 7 -	Avaliação da massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU) e produtividade (PRO) pelo teste de Dunnett. Rio Branco, UFAC, 2019.....	38
Figura 8 -	Avaliação da altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC) e massa média da espiga (MME) pelo teste de Dunnett. Rio Branco, UFAC, 2019.....	40

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Variedades crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e híbrida LG 3040 (V5). Rio Branco, UFAC, 2019.....	29
Tabela 2 -	Características químicas do solo da área experimental, com amostras de solo coletadas na profundidade de 0 a 20 cm, Rio Branco, UFAC,2019.....	29
Tabela 3 -	Esquema da análise de variância feita com base na média da parcela.....	34
Tabela 4 -	Resumo da análise de variância das variáveis: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), florescimento masculino (FLM), florescimento feminino (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.....	36
Tabela 5	Avaliação do diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), florescimento masculino (FLM) e florescimento feminino (FLF) pelo teste de Tukey. Rio Branco, UFAC, 2019.....	38
Tabela 6 -	Avaliação da massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU) e produtividade (PRO) pelo teste de Tukey. Rio Branco, UFAC, 2019.....	39
Tabela 7 -	Avaliação da altura média de planta (AMP), altura média da espiga (AME), Diâmetro médio do colmo (DMC) e massa média da espiga (MME) pelo teste de Tukey. Rio Branco, UFAC, 2019.....	40
Tabela 8 -	Resumo dos Parâmetros Genéticos das variáveis: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), florescimento masculino (FLM), florescimento feminino (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.....	43
Tabela 9 -	Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental das variáveis: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio	

da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), florescimento masculino (FLM), florescimento feminino (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.....

46

Tabela 10 - Estimativas de ganhos de seleção entre e dentro de variedades crioulas de milho (Gs), considerando os caracteres: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), flor masculina (FLM), flor feminina (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.....

48

LISTA DE APÊNDICES

APÊNDICE A -	Materiais utilizados para avaliação das plantas: (A) régua graduada; (B) paquímetro digital; e (C) balança analógica.....	59
APÊNDICE B -	Área experimental do milho situada na Universidade Federal do Acre. Rio Branco, 2019.....	59

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 AGROBIODIVERSIDADE	15
2.2 POPULAÇÕES TRADICIONAIS	15
2.3 CULTURA DO MILHO (<i>Zea mays</i>).....	16
2.4 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MILHO.....	17
2.4.1 Variabilidade Genética do Milho.....	18
2.5 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO.....	20
2.5.1 Componentes de Variância	20
2.5.2 Herdabilidade	21
2.5.3 Correlações entre caracteres	22
2.5.4 Ganho genético.....	24
2.5.5 Acurácia de seleção	25
2.6 ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO EM MELHORAMENTO VEGETAL	25
3 MATERIAL E MÉTODOS	27
3.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA DE PLANTIO.....	27
3.2 ESCOLHA DAS VARIEDADES E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL	27
3.3 INSTALAÇÃO DO EXPERIMENTO E TRATOS CULTURAIS:.....	29
3.4 VARIÁVEIS AVALIADAS	30
3.5 ANÁLISE ESTATÍSTICA.....	31
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	35
5 CONCLUSÕES	49
REFERÊNCIAS	50
APÊNDICES	58

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é a espécie de ciclo anual mais cultivada e consumida no mundo, devido ao seu extremo potencial nutricional e valor econômico acessível. É utilizado desde a alimentação humana (espigas verdes e grãos) e animal (forragem e grãos) até a indústria de alta tecnologia (GOMES et al., 2018; PEREIRA, 2018).

Muitas variedades de milho são cultivadas há diversos anos por populações tradicionais de agricultores familiares e indígenas, que cultivam o milho do tipo crioulo. De acordo com Diegues e Arruda (2001) e Santilli (2005), populações tradicionais são aquelas que valorizam o conhecimento sobre a natureza e seus ciclos, assim como a formulação de estratégias de manejo de acordo com o conhecimento desenvolvido por eles.

As sementes crioulas possuem diversas vantagens, como suportar o armazenamento de sementes de uma safra para a outra, fonte de variabilidade genética para diversos caracteres agronômicos; além de possibilidades da presença de genes tolerantes e ou resistentes aos fatores bióticos e abióticos (COIMBRA et al., 2010). Nesse sentido, possui potencial para seleção (CATÃO et al., 2013; ARAÚJO; NASS, 2002). Outro aspecto fundamental referente às variedades crioulas, é que elas estão em constante processo evolutivo e de adaptação às condições ambientais e sistema de cultivo (CUNHA, 2013), que podem ser aproveitados diretos em programa de melhoramento.

Pesquisas que visam à caracterização sobre o milho crioulo abordam o potencial destas em relação às variedades híbridas, com desempenho semelhante ou até superior a estes últimos, principalmente, em condições que se empregam baixas tecnologias de cultivo (BONOMO et al., 2000; MENEGUETTI et al., 2002).

As principais contribuições das variedades crioulas para o melhoramento de plantas são em relação à absorção e à utilização mais eficientes de nutrientes, além de genes úteis para adaptação a ambientes estressantes (déficit hídrico, salinidade e altas temperaturas) (DWIVEDI et al., 2016).

A seleção de plantas superiores baseadas nas características morfoagronômicas é recomendada para o estudo de variedades crioulas devido ao custo baixo, descrição das características estruturais e fisiológicas dos genótipos em nível de campo e o fornecimento de informações que identifica genótipos que aumentem as possibilidades de estimar o ganho genético esperado na seleção.

É de grande interesse no melhoramento genético a utilização de métodos de seleção de plantas, por ser uma estratégia eficiente e com qualidade, quando se quer selecionar genótipos mais adaptados para uma determinada região. Essa estratégia de seleção é com base na variabilidade genética, na qual as plantas serão selecionadas de acordo com as características morfoagronômicas. Assim, é importante que os programas de melhoramento de plantas continuem, para garantir que as cultivares estejam disponíveis de acordo com as mudanças climáticas que vêm ocorrendo ao longo dos anos.

Além disso, o desenvolvimento de cultivares adaptada a regiões específicas aumenta a segurança alimentar local, tornando-a menos dependente de importação de alimentos, principalmente em épocas de crises mundiais.

O objetivo desse estudo foi estimar a variabilidade genética e determinar estratégias de seleção de variedades crioulas de milho (*Zea mays* L.).

2 REVISÃO DE LITERATURA

O Acre possui uma grande diversidade de milho crioulo cultivada por comunidades, povos indígenas e agricultores familiares. Até o momento, poucas pesquisas de melhoramento genético de milho crioulo foram realizadas. É importante estudar os que existem na região, visando descobrir material genético de excelente potencial. Segundo Abadie et al., (2000), é preciso avançar em pesquisas com milho crioulo para conhecer a variabilidade a fim de viabilizar o seu maior uso e obter resultados mais promissores em relação à produtividade.

2.1 AGROBIODIVERSIDADE

Agrobiodiversidade é a diversidade agrícola encontrada nos diferentes agroecossistemas, incluindo variedades de plantas cultivadas, adaptação a condições ambientais (clima, solo, vegetação, etc.), diversidade de espécies, diversidade genéticas, que garantem que os agricultores rurais tenham a possibilidade de sobrevivência em muitas áreas sujeitas as mudanças ambientais (SANTILLI,2009).

Conforme a agricultura foi se consolidando, muitos sistemas agrícolas foram desenvolvidos, desde aqueles mais simples aos muitos complexos. De um modo geral, a intervenção humana sobre os ecossistemas naturais para esta prática, tem causado grandes prejuízos à biodiversidade, devido as causas do desmatamento, provocado principalmente pela intensificação agropecuária (ALENCAR et al., 2004).

A importância da agrobiodiversidade, refere-se a todas as técnicas de produção agrícola, pois, utilizam-se, tanto o agronegócio, que depende de variedades melhoradas, como os sistemas agrícolas tradicionais e locais, que fazem uso de sementes selecionadas e melhoradas pelos próprios agricultores (SANTILLI,2009).

2.2 POPULAÇÕES TRADICIONAIS

As populações tradicionais são populações locais, cujo conhecimento é tradicional, ou seja, os saberes sobre os elementos da natureza e sua dinâmica são utilizados como recursos de sobrevivência. Essas populações podem ser divididas em: povos indígenas, quilombolas, ribeirinhos, pescadores artesanais e tantas outras comunidades locais, em princípio rurais, que apresentam uma territorialidade no

contexto da sociedade urbana contemporânea (SILVA PIMENTEL; RIBEIRO, 2016).

No Estado do Acre, existem atualmente quatro aldeias localizadas no território da Terra Indígena Kaxinawá Nova Olinda (TIKNO): Novo Segredo, Nova Olinda (situadas na margem esquerda do Rio Envira), Boa Vista e Formoso (na margem direita).

Os Kaxinawá pertencem à família linguística Pano, que significa “gente do morcego”. É um povo indígena mais populoso do Acre, possuindo aproximadamente 4 mil habitantes, que representa 45% do total de indígenas do Estado, distribuídos em 12 Terras Indígenas (IGLESIAS, 2010).

A população total dos Kaxinawá é de aproximadamente 6 mil pessoas, estando a maior parte no lado brasileiro que representa 75%. Os Kaxinawá são um dos povos mais numerosos da família linguística Pano, a qual possui em torno de 30 grupos (CAMARGO e VILLAR, 2013).

2.3 CULTURA DO MILHO (*Zea mays*)

O milho é uma planta de ciclo anual, sistema radicular fasciculado com presença de raízes adventícias, com altura de planta variando de 1 a 4 metros, colmo cilíndrico, ereto, não ramificado, com folhas expostas de forma alternada, as folhas são completas, com presença de lígula e aurícula, os limbos foliares são longos, largos e planos. Os grãos são os frutos de uma semente, caracterizados como cariopse, constituído por 85% de endosperma, 10% de embrião e 5% de pericarpo. Na semente, o embrião está posicionado em uma depressão da face superior do endosperma, perto da base do grão (GOODMAN; SMITH, 1987).

O cultivo de milho tem um importante papel entre as culturas de maior interesse econômico no mundo e no Brasil. O Brasil tem se destacado na produção de milho, ocupando, atualmente, o terceiro lugar como maior produtor e exportador desse cereal na média dos últimos quatro anos (CALDARELLI; BACCHI, 2012).

O milho é a segunda maior cultura de importância na produção agrícola no Brasil, com 16.694 mil.ha⁻¹ de área semeada nas safras 2017/18, superado apenas pela soja (CONAB, 2018). Segundo dados do IBGE, a produção de milho no Brasil, na safra de 2016/2017, foi de aproximadamente 210 bilhões de toneladas. No Acre, a produção é crescente nos últimos anos, sendo de 3.426,050 toneladas (IBGE, 2019).

O cultivo do milho pode ser realizado em duas safras durante o ano agrícola,

onde se denomina de primeira safra ou safra principal e segunda safra ou safrinha (CALDARELLI; BACCHI, 2012). O plantio da primeira safra é realizado no início do período chuvoso, que ocorre entre os meses de novembro a abril, e o da segunda safra, ocorre, após a colheita da soja. É diretamente influenciado pela temperatura do ar, precipitação pluviométrica e radiação solar (AZEVEDO et al., 2014). Em locais com pouca precipitação pluviométrica, usa-se, muitas vezes, a irrigação, que é uma forma de atender a demanda hídrica da cultura (SILVA et al., 2012).

Os principais fatores que influenciam no desenvolvimento e produtividade do milho são o manejo incorreto do nitrogênio, cuja eficiência é influenciada pelo sistema de cultivo, quantidade de fertilizante aplicado; formas de manejo e das condições do clima, época de plantio, controle de pragas e doenças e o fator genético da cultivar (AMADO et al., 2002; FANCELLI; DOURADO NETO, 2000).

As variedades de milho crioulas são materiais de base genética ampla, capazes de suportar os estresses (água, nutrientes, Al⁺⁺⁺, temperatura, pragas, doenças e plantas espontâneas), além de permitir que o agricultor produza sua própria semente (SILVA, 2011).

Segundo Barbosa et al. (2010), por intermédio das sementes crioulas é possível preservar a agrobiodiversidade e o equilíbrio. Em um plantio de sementes crioulas, as plantas não são uniformes, mas apresentam maior tolerância às variações climáticas. Como, cada a espiga é polinizada por uma mistura aleatória de pólen, é possível que as sementes de uma mesma espiga originem plantas genotipicamente e fenotipicamente distintas. Assim, populações de polinização aberta são caracterizadas por sua heterozigosidade e alta variabilidade genética. (SLEPER; POEHLMAN, 2006).

2.4 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MILHO

O melhoramento genético vegetal é uma atividade contínua, que envolve circunstâncias naturais, econômicas e sociais, que podem ser modificadas constantemente, devido ao aumento da demanda na produção de alimentos (BORÉM et al., 2017).

O melhoramento genético envolve, basicamente, dois aspectos fundamentais: os materiais que se referem ao germoplasma a ser utilizado e os métodos de melhoramento. Para obter o melhoramento genético, precisam-se considerar os aspectos científicos, tecnológicos, agrícolas, ecológicos, sociais e econômicos para

tomar decisões (SOUZA et al., 2013).

A importância do melhoramento genético de plantas é aumentar a produtividade, adaptabilidade, tolerância aos estresses abióticos e as resistências aos bióticos das diversas espécies agrícolas utilizadas no mundo. A partir da seleção e cruzamentos, é possível identificar, criar e lançar no mercado sementes de espécies melhoradas para as mais diversas e desejáveis características (BEBER, 2018).

Desde o início dos programas de melhoramento do milho que a principal característica pesquisada pelos melhoristas sempre foi à produtividade de grãos. Com o desenvolvimento e a evolução da agricultura, houve a necessidade de trabalhar outras características para atender a demanda do produtor rural, como por exemplo, o porte e o ciclo adequados, a redução do acamamento de plantas, etc (BORÉM; LIMA, 2018).

O melhoramento genético de plantas alógamas, como no caso do milho, visa duas alternativas, a primeira consiste na obtenção de populações melhoradas, e a segunda, na obtenção de linhagens direcionada à produção de híbridos que explorem os efeitos da heterose, ou vigor do híbrido (BESPALHOK FILHO, et al., 2009). O milho é uma planta do tipo monóica, ou seja, os órgãos reprodutivos (feminino e masculino) são formados em partes diferentes da planta, com propagação vegetativa por sementes (GARCIA; PINHEIRO, 2010). A inflorescência masculina é denominada de pendão e a feminina de espiga.

O milho apresenta forma de reprodução sexuada do tipo alógama, com taxa de fecundação cruzada superior a 95%, que possibilita diversidade genética e conseqüentemente, adaptação às mais diferentes condições de ambiente. Devido a esse modo de reprodução, ao selecionar os indivíduos, espera-se que estes sejam heterozigotos para o *loci* sob seleção (BORÉM et al., 2017).

Atualmente, diversos programas de melhoramento de milho estão sendo desenvolvidos no Brasil e no mundo, em diferentes universidades, institutos de pesquisa e empresas privadas multinacionais. Cada um desses segmentos contribui para o desenvolvimento da cultura, por dois motivos: obter variedades de polinização aberta e desenvolver híbridos (BORÉM; LIMA, 2018).

2.4.1 Variabilidade Genética do Milho

A variabilidade genética é qualquer diferença genética entre indivíduos da mesma espécie, decorrente do acúmulo de mutações e recombinação gênica

(COSTA; SPEHAR, 2012). Sendo assim, uma baixa variabilidade expressa que as informações contidas nos cromossomos entre os indivíduos da mesma espécie são muito semelhantes, ou existem poucas variações alélicas nos diferentes genes (COSTA; SPEHAR, 2012).

Estudos sobre variabilidade genética existente nas populações são essenciais para traçar estratégias e dar continuidade aos sucessivos ciclos de seleção em programas de melhoramento genético. Grande parte da variabilidade, no caso do milho é devida aos caracteres quantitativos, pois são responsáveis diretamente pelo aumento da produtividade. Por exemplo, para altura de plantas, além da variabilidade provocada pelos locos de efeito quantitativo, também há locos de grande efeito como os genes “nana” e braquítico (BANDEL, 1987).

Desde o início da agricultura, o milho é bastante explorado. Assim, proporciona significativa variabilidade genética para diversas características, tais como: coloração dos grãos, variando do amarelo, laranja, preto e vermelho; composição e o tipo de grãos, podendo ser dentado, duro, farináceo, pipoca e doce. Estas características são comuns nas variedades crioulas.

É necessário determinar a variabilidade genética presente nas sementes crioulas de uma região, buscando-se identificar os diferentes genótipos. Estas informações podem ser utilizadas em cruzamentos promissores em um futuro programa de melhoramento. Desta forma, o melhoramento das populações crioulas de milho é de grande importância em razão de apresentarem alelos que podem vir a ser úteis na formação de novos híbridos.

O conhecimento da diversidade genética é de grande importância para o melhoramento genético, pois permite conservar germoplasmas (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). Dessa forma, a variabilidade genética deve ser vista pelo melhorista como fator indispensável à obtenção de ganhos genéticos, e suas técnicas devem ser direcionadas para o desenvolvimento de cultivares superiores, porém com o comprometimento de que a recuperação e manutenção de espécies ameaçadas de extinção sejam também metas prioritárias para a própria sobrevivência da humanidade (CRUZ et al., 2011).

Logo, estratégia de seleção é importante para selecionar genótipos superiores nas diversas fases de melhoramento.

2.5 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO

Através dos parâmetros genéticos, podemos conhecer a variabilidade genética, o grau de expressão de um caráter de uma geração para outra e a possibilidade de ganhos por meio de seleção direta (é a seleção natural, processo pelo qual uma variedade, ou característica de um organismo é escolhida pelo ambiente) ou indireta (é a seleção artificial, em que o homem escolhe a melhor característica para o seu uso e realiza os cruzamentos entre os organismos que apresentam essa característica) (ROCHA, 2003).

O conhecimento de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em milho é de fundamental importância para o melhorista. Permite a tomada de decisão na escolha da melhor estratégia de seleção a ser usada em programa de melhoramento, quais genótipos serão selecionados e o seu destino dentro do programa de melhoramento (ROSSMANN, 2001; VASCONCELOS et al., 2010). Além disto, indicam a importância que deve ser atribuída a cada caráter, separadamente ou em conjunto, no momento da seleção (SILVEIRA, 2007).

Assim, as estratégias de melhoramento são definidas de forma mais eficiente se as estimativas dos parâmetros genéticos forem significativas. Para sua obtenção é fundamental identificar a ação dos genes no controle das variáveis quantitativas e avaliar a eficiência de estratégias de melhoramento para ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada (CRUZ et al., 2014).

Entre os parâmetros genéticos de maior importância, destacam-se os componentes de variância, herdabilidade, correlações entre caracteres, ganho genético esperado com a seleção e acurácia de seleção.

2.5.1 Componentes de Variância

Os componentes de variância são de suma importância no melhoramento genético, pois estimam a variância genotípica a partir dos dados fenotípicos observados (CRUZ et al., 2014). De acordo com Vencovsky (1969), componentes da variância genética são parâmetros que podem ser usados para obtenção de informações sobre o tipo de atuação dos genes em caracteres quantitativos, orientação sobre o esquema mais adequado de seleção a ser adotado e estimação

do ganho genético esperado na seleção.

Os componentes de variâncias podem ser fenotípico (σ_F), aditiva (σ_A) e genotípico (σ_G). A variância fenotípica possui o efeito do ambiente e da variabilidade genética que se origina a segregação e recombinação dos genes, ou seja, é composta pela variância genotípica e pela variância atribuída ao ambiente.

A variância genotípica expressa à diversidade entre indivíduos de uma população e pode ser subdividida em causas de variação aditiva, dominante e epistática. Assim, essa variância é importante para estabelecer a estratégia de seleção (CRUZ, 2005).

A variância aditiva tem sido uma das principais ferramentas do melhorista para obtenção de parâmetros genéticos que permitem ampliar os conhecimentos sobre caracteres e mostrar a escolha de métodos de melhoramento mais eficazes. É a mais útil de todos os componentes, pois é de sua magnitude que vai depender o sucesso da seleção (CRUZ, 2005).

A metodologia empregada para famílias de meio irmãos é a obtenção da variância genética aditiva, pois, através destes ensaios, obtém-se a variância entre progênies, sendo esta $\frac{1}{4}$ da variância aditiva (NASS, 1992; RODRIGUES, 2013).

2.5.2 Herdabilidade

A herdabilidade (h^2) refere-se à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e indica o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres (RESENDE, 2002). Dessa forma, é considerada um dos parâmetros genéticos mais relevantes para o trabalho dos melhoristas (RAMALHO et al., 2012).

Em virtude disso, o coeficiente de herdabilidade participa quase sempre de todas as fórmulas relacionadas à predição de ganho genético dos métodos de melhoramento e das decisões dos melhoristas.

Há dois tipos de coeficientes de herdabilidade:

- a) Coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a)
- b) Coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h^2_r)

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil no melhoramento que a herdabilidade no sentido amplo, pois considera apenas a variância genética aditiva,

que pode ser mantida de uma geração para outra. Logo, a herdabilidade no sentido amplo se considera toda a variância genética, seja ela de origem aditiva, de dominância e epistática (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

A herdabilidade é um parâmetro que informa ao melhorista qual a quantidade do valor fenotípico é devido a causas genéticas e são consideradas altas estimativas quando for igual ou superior a 70% (CRUZ et al., 2012).

Logo, a herdabilidade permite ao melhorista estimar o progresso esperado com a seleção, bem como auxiliar na escolha do método mais adequado para melhorar uma população (LAMKEY; HALLAUER, 1987).

2.5.3 Correlações entre caracteres

O melhoramento genético busca agrupar em uma mesma população o máximo de características desejáveis e para isso, a seleção deve considerar vários caracteres simultaneamente (RAMALHO et al., 2012). A investigação das correlações entre caracteres é importante para o melhoramento genético, visto que o aprimoramento de determinada população é direcionado para um conjunto de caracteres. Com isto, a estimação das correlações entre os caracteres permite estabelecer estratégias adequadas de seleção (VENCOVSKY, 1987).

O conhecimento da associação entre caracteres é importante nos programas de melhoramento, porque mudanças em um determinado caráter podem ocasionar mudanças em outro, o que auxilia nos trabalhos de melhoramento vegetal, pois a seleção de genótipos superiores é uma tarefa difícil no melhoramento, já que os caracteres de interesse agrônômico geralmente são quantitativos, de baixa herdabilidade (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

As correlações medem o grau de associação entre dois caracteres ou a medida do grau da variação conjunta dessas variáveis. São úteis aos melhoristas na seleção de genótipos, especialmente para as características que apresentam dificuldade em razão da baixa herdabilidade, problemas de medição e identificação. Também é importante para seleção simultânea de vários caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Em relação ao coeficiente de correlação, Cruz e Regazzi (1997) descrevem que o coeficiente é adimensional, podendo variar de -1 a +1, onde coeficiente igual a zero não implica em falta de relação entre dois caracteres, apenas reflete a ausência

de relação linear entre os caracteres, a correlação será nula se os caracteres são duas variáveis aleatórias independentes, neste caso, a covariância.

A interpretação das correlações entre caracteres deve considerar a magnitude e o sinal, sendo que a magnitude indica a existência de relação linear entre os caracteres estudados e o sinal indica se ambos os caracteres são influenciados conjuntamente de forma positiva ou na medida em que se incrementa um caráter ou outro é influenciado negativamente, reduzindo sua expressão (CRUZ, 2012).

As correlações podem ser fenotípicas (r_{fe}), genotípicas (r_{ge}) e ambientais (r_a). A correlação fenotípica pode ser diretamente mensurada, a partir de dois caracteres, em um certo número de indivíduo de uma população (CRUZ et al., 2014). Dessa forma, esta correlação é baseada a partir da mensuração do fenótipo, sendo influenciada por duas causas, a genética e a do ambiente (FALCONER, 1981).

O fenótipo de um indivíduo é determinado por sua constituição genética (genótipo) e pelo efeito do ambiente, sendo o Fenótipo (F) = Genótipo (G) + Ambiente (A). Diante disto, o fenótipo é resultado da ação conjunta dos efeitos genotípicos e do ambiente em que a planta está exposta (FALCONER, 1981).

Quando a avaliação acontece somente em um local, a variância fenotípica é o resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambiental. Nesse caso, os efeitos genéticos são decompostos em variância genética aditiva, dominante e epistática. A variância epistática é desconsiderada na maioria dos estudos, devido à dificuldade de estimação da mesma (BORÉM; MIRANDA, 2017). Ao considerar dois ou mais ambientes, é importante ressaltar que, além do efeito genético e ambiental, também se tem, na decomposição da variância fenotípica, a interação genótipo x ambiente.

O componente mais importante no melhoramento genético é a variância genética aditiva, pois é a principal causa da semelhança entre parentes e o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (FALCONER; MACKAY, 1996).

A correlação genética pode ser causada por efeito pleiotrópico, quando um gene afeta duas ou mais características e, caso ocorra, a segregação do gene causará variação simultânea nos dois caracteres, ou ser causada por desequilíbrio de ligação, que é transitória, expressando-se apenas na primeira geração, o que ocorre principalmente em populações oriundas de cruzamentos divergentes e induz aos erros de seleção (VENCOVSKY, 1978; RAMALHO et al., 1993; HALLAUER; MIRANDA

FILHO, 1995).

As correlações podem ser positivas ou negativas. Positivas quando uma característica afeta a expressão de outra característica, aumentando, assim, os dois caracteres, e negativas quando, à medida que se aumenta um caráter, se reduz o outro.

A correlação ambiental ocorre quando duas características são influenciadas pelas mesmas variações nas condições ambientais. Correlações negativas indicam que o ambiente beneficia uma das características em detrimento da outra, e, quando positivas, ambas características são beneficiadas ou prejudicadas pelas variações ambientais (CRUZ; REGAZZI, 1994).

O conhecimento das correlações entre caracteres permite traçar estratégias alternativas para aumentar o ganho previsto com a seleção de vários caracteres simultaneamente, ou aumentar os ganhos para um determinado caráter.

2.5.4 Ganho genético

A predição do ganho genético é a diferença entre a população melhorada em relação à população original (não melhorada), sendo dependente da herdabilidade e influenciada pelo número de indivíduos selecionados pelo melhorista (PIRES et al., 2011). A seleção entre e dentro tem sido muito utilizada (Rosado et al., 2009; Martins et al., 2005) na seleção de variedades com base em sua média e, posteriormente, selecionando os melhores indivíduos dessa população.

Os valores preditos de ganhos genéticos associados às acurácias e herdabilidades podem indicar com segurança o material selecionado, aumentando as possibilidades de ganho genético (COSTA et al., 2009).

Estimativas indicam que a população mundial chegará a nove bilhões de pessoas em 2050 (GODFRAY et al., 2010). Assim, há a necessidade de aumentar a produção de alimentos para atender a demanda e evitar o reajuste. Para atingir essa meta, seria necessário um aumento anual de 2,4% na produção das principais culturas agrícolas, como milho, trigo, arroz e soja. Este aumento da produção pode ser obtido pelo incremento na produtividade ou pelo aumento da área cultivada (TWEETEN; THOMPSON, 2008).

No entanto, ampliação de áreas enfrenta desafios, como a falta de novas áreas agricultáveis, perda de áreas produtivas devido à degradação e devido às mudanças

climáticas (GIBBS et al., 2010; LAL, 2015).

O aumento na produtividade é resultado de dois elementos principais: a melhoria do ambiente e o ganho genético (XIAO; TAO, 2014). A melhoria ambiental (melhoria das práticas agronômicas) consiste em fornecer à cultura um ambiente mais favorável ao seu pleno desenvolvimento, proporcionando fertilidade adequada, fornecimento adequado de água e a eliminação de outros estresses bióticos e abióticos (BELL et al., 1995; LAIDIG et al., 2014).

2.5.5 Acurácia de seleção

A acurácia de seleção é o parâmetro mais adequado para verificar a qualidade dos experimentos, pois considera, o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genético (RESENDE, 2002). Demonstra a importância para determinar o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética (RESENDE et al., 1995; COSTA et al., 2000).

Os valores de acurácia variam de 0 a 1, porém é classificada em muito alta ($r \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq r < 0,90$), moderada ($0,50 \leq 0,70$) e baixa ($r < 0,50$) (RESENDE; DUARTE, 2007).

A acurácia refere-se à correlação entre o valor genético verdadeiro do indivíduo e o índice fenotípico utilizado para estimá-lo. Dessa maneira, cada método de seleção apresenta um estimador específico para a acurácia (RESENDE et al., 1995).

2.6 ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO EM MELHORAMENTO VEGETAL

Segundo Resende; Dias (2000), além da variabilidade genética, o sucesso do programa de melhoramento genético depende quase que totalmente da estratégia de seleção. Várias estratégias têm sido empregadas no melhoramento do milho visando à obtenção de genótipos superiores.

A escolha do método de seleção é importante em programas de melhoramento, pois favorece identificar genótipos superiores para obter novos híbridos com várias características desejáveis, tais como, alta produtividade e resistência a pragas e doenças.

A eficiência da seleção para caracteres que apresentam baixa herdabilidade e

de difícil mensuração pode ser incluída com a utilização de variáveis correlacionadas. Diante disso, o conhecimento das correlações genéticas e ganho por seleção têm sido usados como estratégias de seleção para aumentar a eficiência do melhoramento genético, indicando a influência que um caráter exerce sobre outro.

Santos (2002) realizou estratégias de seleção com progênies S₂ de milho-pipoca, considerando seleção direta com base na capacidade de expansão (CE) que é a relação entre o volume de pipoca em mililitros (ml) e o peso de grãos utilizados em gramas (g). Outras estratégias utilizadas foram à seleção com base no índice de Mulamba; Mock (1978) e a função da CE e produção, usando os dados originais e corrigidos.

As estimativas de herdabilidade e de componentes de variância podem orientar ao melhorista durante o processo de seleção na população a ser melhorada, o que auxilia na seleção de indivíduos superiores e na escolha do método de melhoramento. A escolha do método de melhoramento mais apropriado também depende do modo de reprodução da espécie, além da variância aditiva e não aditiva. Para a separação das variâncias aditivas, dominantes e epistáticas os delineamentos mais utilizados foram propostos por Comstock e Robinson (1952), metodologias que se baseiam na covariância entre os indivíduos aparentados, permitindo estimar os diversos tipos de variância.

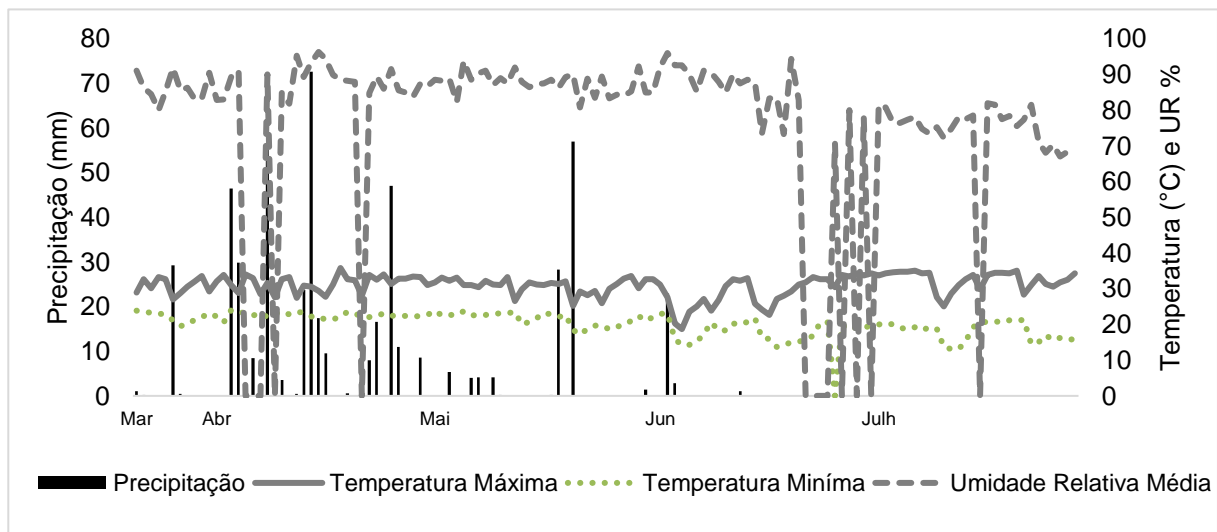
3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA DE PLANTIO

A pesquisa foi conduzida na área experimental da Universidade Federal do Acre, localizada no Município de Rio Branco – AC, latitudes de 07°07'S e 11°08'S, e longitudes de 66°30'W e 74°WGr. O clima da Região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Am, caracterizado por ser quente e úmido, com temperaturas máximas que variam de 29,7°C a 32,8°C e mínimas de 16,1°C a 21,8°C, precipitação 1.994 mm/ano e umidade relativa do ar que varia de 80,5% a 87,9% ao longo do ano, com oscilação diária entre 55% e 98% no período chuvoso e entre 50% a 87% no período seco (AMARAL et al., 2012).

No Gráfico 1, pode-se observar os dados mensais de precipitação pluviométrica, temperatura máxima e mínima e umidade relativa do ar, obtidos no site do Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (www.inmet.gov.br), durante a condução do experimento, realizado no período de 24 de março a 28 de julho de 2018.

Figura 1 - Dados climáticos mensais de precipitação e temperatura máximas e mínimas durante o período de avaliação do experimento. Rio Branco, UFAC, 2018.



3.2 ESCOLHA DAS VARIEDADES E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL

O experimento foi realizado no período entre março e julho de 2018, época da safra. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados (DBC) com cinco

repetições e com parcelas constituídas por quatro linhas de plantio de 5 metros e espaçamento de 1 metro entre linhas e 0,50 metro entre plantas, sendo considerado como área útil 8 m² (Figura 1).

Foram utilizadas quatro variedades crioulas de milho nativas da Terra Indígena Kaxinawá de Nova Olinda (TIKNO), localizada na região do Alto Envira, município de Feijó, sendo um chamado de milho duro, “Nawa Sheki” (V4), duas de milho massa, “Sheki Kuim” (V2 e V3) e a mistura de cruzamento do tipo duro e massa (V1) (Figura 02). As sementes de milho crioulas que foram adquiridas, possuem o Cadastro no Sistema Nacional do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado, cujo Cadastro é N^o A6A46CC. Utilizou-se a cultivar do milho híbrido LG 3040, adquirida na casa agropecuária Campo Verde, situada no município de Acrelândia, como testemunha (V5).

Figura 2: Área experimental em blocos casualizados (DBC), utilizando 4 variedades crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e 1 híbrida (V5) com 5 blocos, Rio Branco, UFAC, 2019.

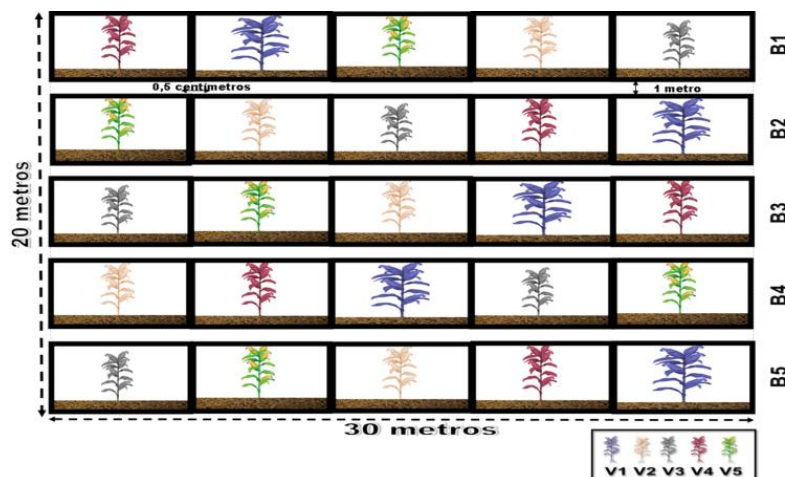


Figura 3: Sementes crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e híbrida LG 3040 (V5). Rio Branco, UFAC, 2019.

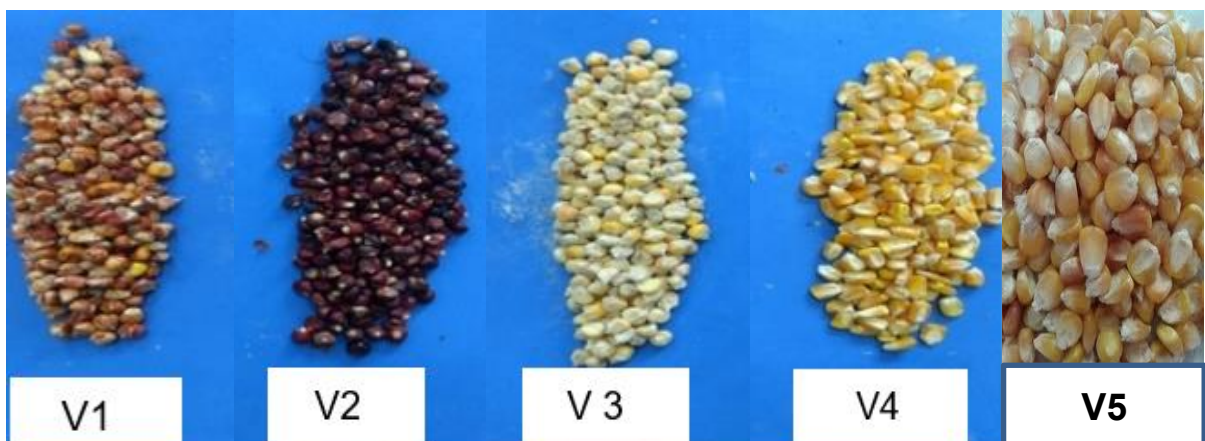


Tabela 1: Variedades crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e híbrida LG 3040 (V5). Rio Branco, UFAC, 2019.

Código	Nome usual	Características
V1	Mista	Dura e massa
V2	Sheki Kuim	Massa
V3	Sheki Kuim	Massa
V4	Nawa Sheki	Duro
V5	Híbrido LG 3040	Duro

(V5) material adquirido como testemunha.

3.3 INSTALAÇÃO DO EXPERIMENTO E TRATOS CULTURAIS:

Foram utilizadas sementes de milho crioulo oriundas de plantios das aldeias indígenas de Feijó e a cultivar de milho híbrido LG3040 adquirida na casa agropecuária Campo Verde, situada no município de Acrelândia.

Antes da instalação do experimento, foram feitas na área experimental, coletas de amostras de solos na camada de 0-20 cm de profundidade, retirando-se amostras simples dentro da área, para análise química (Tabela 2), realizada no laboratório de solos da EMBRAPA-AC.

Tabela 2: Características químicas do solo da área experimental, com amostras de solo coletadas na profundidade de 0 a 20 cm, Rio Branco, UFAC, 2019.

pH (H ₂ O)	Ca	Mg	K	H+Al	P	P. rem	SB	CTC (pH7)	v
	Cmolc dm ⁻³				mg dm ⁻³	mg L ⁻¹		Cmolc dm ⁻³	%
5,80	1,60	1,10	0,08	2,18	9,86	38,21	2,78	4,96	56,11

O preparo do solo para o plantio foi realizado com o trator para aração e abertura dos sucros. Para a adubação de plantio foi aplicado 22,52 kg. ha⁻¹ de N, 200 Kg.ha⁻¹ de P₂O₅ e 100 Kg.ha⁻¹ de K₂O. Utilizou-se, como fontes de nitrogênio a uréia e do fósforo o Superfosfato Simples (BORÉM et al., 2015).

A semeadura foi realizada manualmente, com quatro sementes por cova (Figura 3). Aos 21 dias após o plantio, foi realizado o desbaste, deixando-se duas plantas por cova. No decorrer do experimento, realizaram-se duas capinas, ambas de forma manual, entre e dentro das linhas de plantio. Utilizou-se, para controle de pragas e doenças, aplicação do inseticida natural óleo de Nim (*Azadirachta indica*) à base de 0,5% com diluição em água. A planta de Nim tem seu efeito comprovado sobre mais de 400 espécies de pragas (Martinez, 2002), sendo considerado o inseticida mais

importante no mundo devido a uma série de componentes com características pesticidas (BRUNHETOTTO; VENDRAMIM, 2001).

Figura 4: Área do plantio de milho crioulo com o híbrido LG3040 na área experimental da UFAC, 2019.



A adubação de cobertura com nitrogênio (N) foi realizada duas vezes ao longo do plantio, a primeira aplicação foi com 21 dias após a semeadura (DAS) e a segunda com 41 DAS, respectivamente no estágio vegetativo V4 (com quatro folhas) e V7 (sete folhas).

3.4 VARIÁVEIS AVALIADAS

Foram selecionadas 10 plantas ao acaso da área útil, situadas nas fileiras das duas linhas centrais de cada parcela experimental, excluindo a planta das bordaduras, para serem avaliadas (Apêndice A). As variáveis avaliadas foram:

- Altura média da planta: medidas com uso de régua graduada (m), em dez plantas ao acaso situadas nas fileiras da área útil, sendo considerada a distância do nível do solo até a última folha completamente expandida.

- Altura média da espiga: medidas com uso de régua graduada (m) em dez plantas ao acaso situadas nas fileiras da área útil, sendo medida do nível do solo até o nó de inserção da espiga.

- Diâmetro médio do colmo: medido a 10 cm acima do nível do solo (segundo entre - nó), com uso de paquímetro digital (mm), nas mesmas plantas usadas para avaliação das alturas.

- Massa média da Espiga: medido a massa em g de todas as espigas obtidas

nas parcelas, sem a presença de palha, com o uso da balança analógica.

- Diâmetro médio da Espiga: medido no terço médio de todas as espigas obtidas nas parcelas com o uso do paquímetro (mm).

- Comprimento médio da Espiga: Utilizando a régua graduada (cm), realizou-se a medição da extremidade basal até a extremidade apical das espigas, sem a presença de palha, colhidas na área útil de cada parcela.

- Massa Total de Grãos: medido o peso total de todos os grãos obtidos nas parcelas, em g, com o uso da balança analógica.

- Massa de 100 grãos: estimada com base na massa dos grãos das espigas para avaliação do número de grãos (g).

- Grau de Umidade: verificou-se o grau de umidade (%) dos grãos das espigas obtidas nas parcelas, por meio da regra de três, onde os grãos de milho foram acondicionados na estufa por 24 hora, para remoção da água.

- Florescimento Masculino: Número de dias do plantio até que 50% das plantas da parcela tivesse iniciado a liberação do pólen.

- Florescimento Feminino: Número de dias do plantio até que 50% das plantas da parcela tivesse emitido estilo-estigma.

- Rendimento de grãos (Produtividade): corrigido para um teor de umidade de 13%, foi determinado por meio da fórmula em Kg.ha^{-1} (PORTO, 2010):

$$P_{13\%} = [PC (100 - U) / 0,87], \text{ em que:}$$

$P_{13\%}$ = Produtividade de grãos determinada após a pesagem dos grãos das espigas de cada parcela, com correção da umidade a 13%, expressa em Kg.ha^{-1} corrigida para a umidade padrão de 13%;

P_c = peso observado (kg);

U = umidade estimada em porcentagem.

3.5 ANÁLISE ESTATÍSTICA

Os dados foram submetidos à verificação das normalidades dos resíduos pelo teste de Shapiro e Wilk (1965) e de homogeneidade de variâncias pelo teste de Bartlett (1937).

Posteriormente, efetuou-se a análise de variância dos dados originais e/ou transformados e verificados pelo teste F a existência ou não de diferença significativa

entre os tratamentos. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey (1949) e Dunnett (1955) ao nível de 5% de probabilidade (CRUZ, 2013).

Após, realizada a ANAVA, foram estimados os parâmetros genéticos (variância fenotípica, aditiva e genotípica, herdabilidade, coeficiente de variação genética, relação do coeficiente de variação genética com a ambiental e acurácia de seleção), coeficiente de correlação fenotípica, genotípica e ambiental e ganho por seleção para todos os caracteres avaliados conforme Cruz (2013).

Para avaliar a existência de variabilidade genética entre as variedades crioulas de milho, realizaram-se as análises de variância conforme o modelo estatístico proposto por Griffing (1956).

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

Y_{ij} : observação obtida na parcela com i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} : efeito do erro aleatório.

Com base nos quadrados médios da análise de variância, foram estimados os componentes de variância genotípico (σ_g^2) e fenotípico (σ_f) obtidos conforme metodologia de Vencovsky; Barriga (1992), Cruz; Carneiro (2006); Ramalho et al. (2012):

$$\sigma_{f(x)}^2 = \text{QMPR}_{(x)}/r$$

$$\sigma_{g(x)}^2 = (\text{QMPR}_{(x)} - \text{QMR}_{(x)})/r$$

Em que: $\sigma_{f(x)}^2$: variância fenotípica de x; $\sigma_{g(x)}^2$: variância genética do caráter x; QMPR: quadrado médio da progênie; QMR: quadrado médio do resíduo; r: número de repetições.

Foram obtidas estimativas de herdabilidade com base nos seguintes estimadores: herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), obtida pela razão entre a variância genética e a variância fenotípica e a do sentido restrito (h_r^2), razão entre a variância aditiva e fenotípica, conforme expressão de Vencovsky; Barriga (1992) e Ramalho et al. (2012):

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_F^2}$$

$$h_r^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_F^2}$$

Em que: σ_a : variância aditiva

σ_f : variância fenotípica

σ_g : variância genotípica

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo

h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito

A acurácia de seleção foi obtida por meio da fórmula: $rgg = \sqrt{1 - PEV/\sigma^2g}$, sendo: PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos e σ_g^2 : variância genotípica (RESENDE, 2000; RESENDE; DUARTE, 2007).

A estimativa dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente entre dois caracteres é obtida com a realização de análises individuais, segundo o modelo estatístico apropriado e a análise da soma dos valores dos caracteres X e Y, obtendo as covariâncias associadas à cada fonte de variação.

Os componentes de covariância podem ser estimados através da esperança matemática do produto médio das fontes de variação, que podem ser obtidas de forma semelhante às esperanças dos respectivos quadrados médios da análise de variância (CRUZ et al., 2004).

Foram estimadas pelo método de Pearson correlações fenotípicas (r_f), genotípicas (r_g) e ambientais (r_a), utilizando as médias de progênies de todas as características avaliadas, conforme (CRUZ et al., 2012):

$$\text{Correlação fenotípica: } r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x QMT_y}}$$

$$\text{Correlação ambiental: } r_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x QMR_y}}$$

$$\text{Correlação genotípica: } r_g = \frac{\sigma_{gxy}}{\sqrt{\sigma^2_{gx} \sigma^2_{gy}}}$$

Em que:

σ_{gxy} : estimador de covariância genotípica entre os caracteres X e Y; e

σ^2_{gx} e σ^2_{gy} : estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Sendo:

$$\sigma_{gxy} = PMT_{xy} - PMR_{xy}/r$$

$$\sigma^2_{gx} = QMT_x - QMR_x/r$$

$$\sigma^2_{gy} = QMT_y - QMR_y/r$$

A significância dos coeficientes de correlação para cada variável foi avaliada pelo teste t e pelo método de Bootstrap com 5.000 simulações, aos níveis de 1% e de 5% de probabilidade. O esquema adotado para a análise de variância com os respectivos

quadrados médios, considerando a média das plantas dentro da parcela (CRUZ, 2006), é apresentado na Tabela 3.

Tabela 3: Esquema da análise de variância feita com base na média da parcela

FV	GL	Base em plantas	Média da Parcela	Total da Parcela
		QM	QM	QM
Bloco	r-1	QMB'	QMB = QMB'/n	QMB = nQMB'
Família	g-1	QMG'	QMG = QMG'/n	QMG = nQMG'
V. Entre	(r-1) (g-1)	QME'	QMR = QME'/n	QMR = nQME'
V. Dentro	(n-1) rg	QMD'		

Realizou-se predição de ganhos de seleção sem informações de plantas dentro da parcela, conforme Cruz; Carneiro (2014). O ganho é estimado por meio de:

$$GS = DS \text{Cov}(X, Y) / \sigma_{fx}^2$$

Em que:

GS: ganho por seleção

DS: diferencial de seleção

Cov (X, Y): estimador da covariância genética entre os indivíduos testados e os indivíduos da população melhorada; e σ_{fx}^2 : estimador da variância fenotípica entre as unidades testadas.

As variáveis Altura média da planta (AMP) e Florescimento masculino (FLM), tiveram seus dados transformados para atenderem a normalidade dos resíduos. AMP foi transformada pelo $\log x + 4$ e o FLM pelo $\log x$.

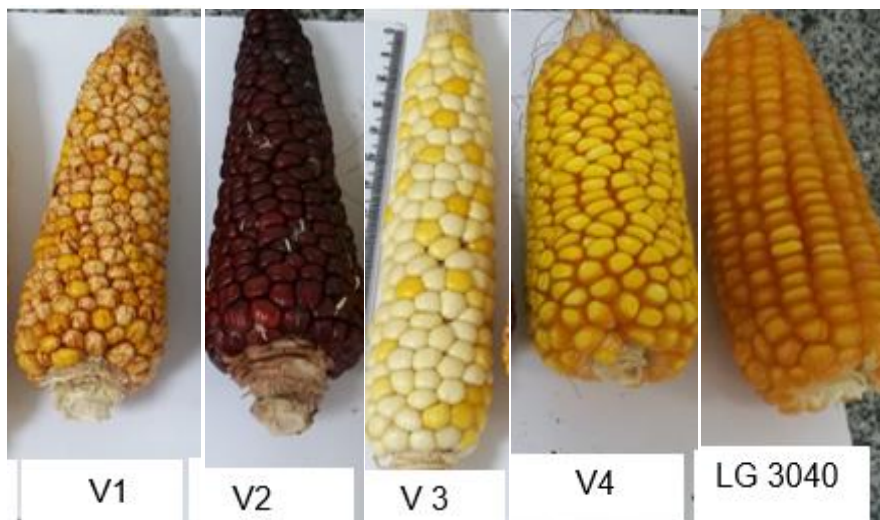
Todas as análises foram realizadas pelo programa Genes com a versão 1990.2019.3.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Consta o resumo da análise de variância para as variedades crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e a híbrida (V5) avaliadas. Observou-se efeito significativo para os tratamentos nas variáveis altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU) e produtividade (PRO). Para o diâmetro médio do colmo (DMC), comprimento médio da espiga (CME), florescimento masculino (FLM) e florescimento feminino (FLF), observaram-se efeitos não significativos (Tabela 4).

O padrão das espigas colhidas mudou em função da variedade. A variedade 4 (milho duro) produziu espigas semelhantes a híbrida LG3040, como pode ser observado na Figura 5.

Figura 5: Espigas das variedades crioulas de milho (V1, V2, V3 e V4) e a híbrida LG3040 (V5), observadas após a colheita. Rio Branco,UFAC, 2019.



Houve significância na comparação das médias pelo teste de Dunnett (1955), entre as variedades crioulas e a testemunha (LG3040) (Figura 6). O híbrido apresentou espiga com diâmetro maior do que as crioulas (V1, V2, V3 e V4). As variedades 2, 3 e 4 apresentaram-se como semelhantes ($p < 0,05$) para comprimento e florescimento masculino ao milho híbrido. Já há comparação entre as crioulas, a variedade 4 foi a melhor.

Tabela 4: Resumo da análise de variância das variáveis: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), florescimento masculino (FLM), florescimento feminino (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.

F. V	GL	Quadrado Médio					
		AMP (m)	AME (m)	DMC (mm)	MME (Kg)	DME (mm)	CME (m)
Blocos	4	0,00006	0,01319	0,96647	0,31566	3,06686	1,34862
Tratamentos	3	0,00152**	0,17606 **	4,04388 ^{ns}	1,26549*	5,50027**	3,46225 ^{ns}
Resíduo	12	0,00004	0,01013	1,19093	0,21743	5,89737	1,37470
Média		0,82000	0,89500	13,31800	1,17350	34,01100	10,97200
CV (%)		0,78700	11,25000	8,19000	39,77000	7,14000	10,69000
W		0,93100	0,93500	0,97100	0,97800	0,96100	0,97900
B		0,27300	1,18700	9,95600	1,91500	0,20400	2,77400
		MTG (g)	MCG (Kg)	GRU (%)	FLM (Dias)	FLF (Dias)	PRO (Kg.ha ⁻¹)
Blocos	4	215091,20000	25,43068	46,30000	0,00527	165,17500	991190,25348
Tratamentos	3	650902,98330*	212,33611**	194,20000**	0,00402 ^{ns}	211,30000 ^{ns}	2748335,88922**
Resíduo	12	150984,06667	21,00133	15,36667	0,00246	172,30833	445410,76686
Média		888,35000	19,34100	20,30000	1,84550	90,20000	1614,67646
CV (%)		43,74000	23,69000	19,31000	2,70000	14,55000	41,33000
W		0,97300	0,99100	0,91100	0,95100	0,96400	0,88100
B		1,92800	1,309	0,915	9,312	5,65400	7,83400

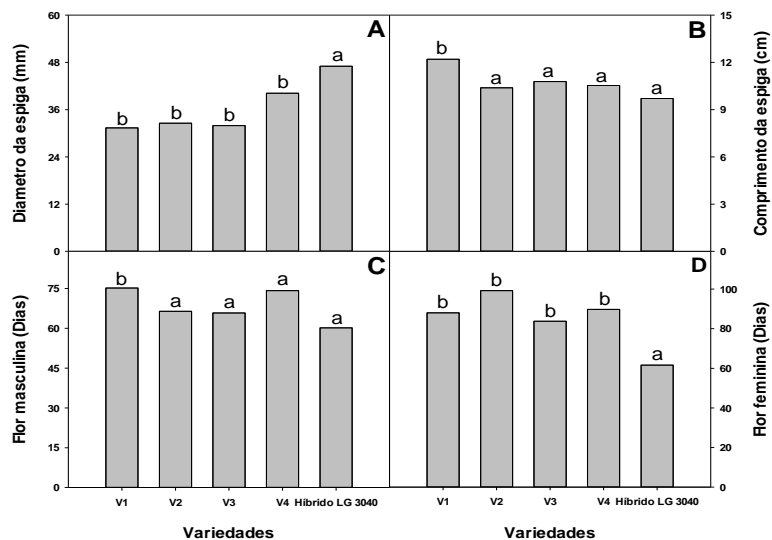
Notas: 1. ns não significativo ($p \geq 0,05$); * significativo a 5% ($p < 0,05$); ** significativo a 1% ($p < 0,01$).

2. Teste de normalidade de Shapiro – Wilk (W) e para homogeneidade o de Bartlett (B), sendo que * significativo a 5% ($p > 0,05$); ** significativo a 1% ($p > 0,01$).

3. Dados transformados em AMP ($\log x+4$) e FLM ($\log x$) para atenderem a normalidade dos resíduos.

Em relação ao FLM e FLF, as variedades apresentaram flores masculinas (pendão) antes das femininas (espigas) como era esperado, em decorrência da protandria, que torna obrigatório esta situação. O florescimento masculino ocorreu de forma semelhante entre as variedades 2, 3, 4 e 5, variando de 60 a 75 DAP, já a variedade 1 ocorreu de forma tardia. O florescimento feminino ocorreu primeiramente na híbrida com 61 DAP, e nas variedades crioulas a partir de 83º dia (Figura 6). Comparando-se as crioulas entre si, foram estatisticamente iguais para o florescimento masculino e feminino (Tabela 5).

Figura 6: Avaliação do diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), florescimento masculina (FLM) e florescimento feminino (FLF) pelo teste Dunnett. Rio Branco, UFAC, 2019.



As comparações das variáveis entre as crioulas pelo teste de Tukey (1949), ao nível de 5% de probabilidade, demonstram diferenças significativas somente para diâmetro médio da espiga (Tabela 5).

O intervalo entre o florescimento masculino e o feminino é uma característica de grande importância no cultivo de milho, visto que interfere na produtividade. A fertilização tardia conduz a uma redução na produção de grãos devido ao aborto dos grãos de pólen e do óvulo (CÁRCOVA et al., 2000). Verifica-se que a diferença média entre o florescimento masculino e feminino foi de 15 dias, período em que ocorre polinização. Este intervalo está em consonância com Goodman (1978) e Smith (1977), que estabeleceram que os estigmas na antese estejam férteis por até 20 dias.

Tabela 5: Avaliação do diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), florescimento masculino (FLM) e florescimento feminino (FLF) pelo teste de Tukey. Rio Branco, UFAC, 2019.

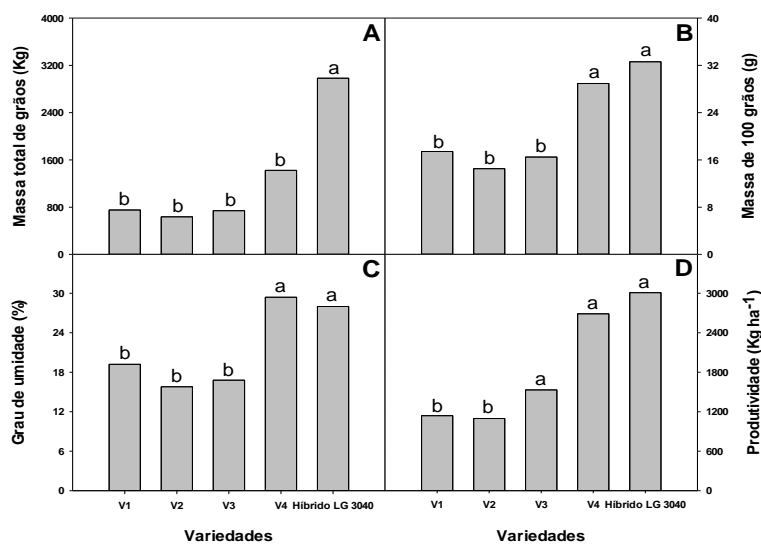
Variáveis				
Varieties de Milho	DME (mm)	CME (cm)	FLM (Dias)	FLF (Dias)
V1	31,36b	12,20a	75,2a	88,0a
V2	32,56b	10,39a	66,4a	99,2a
V3	31,95b	10,78a	65,8a	83,8a
V4	40,17a	10,53a	74,2a	89,8a

*Médias seguidas da mesma letra não diferem ($p>0,05$) na coluna entre si pelo teste de tukey ou média seguidas de letras distintas diferem ($p<0,05$) na coluna entre si pelo teste de tukey.

*Dados transformados em AMP ($\log x+4$) e FLM ($\log x$) para atenderem a normalidade dos resíduos.

Para o caractere massa total de grãos (Kg), observou-se que a testemunha foi superior ($p<0,05$) às variedades crioulas. Já a variedade 4 e o híbrido difere das variedades 1,2 e 3, tanto para massa de 100 grãos (g) quanto para o grau de umidade (%). Com relação à produtividade, as variedades 3, 4 e o híbrido LG 3040 são semelhantes ($p>0,05$), diferindo ($p<0,05$) significativamente das outras variedades crioulas (Figura 7).

Figura 7: Avaliação da massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU) e produtividade (PRO) pelo teste de Dunnett. Rio Branco, UFAC, 2019.



Ao comparar as variedades crioulas (V1, V2, V3 e V4) entre si, observou-se que o genótipo 4 apresentou médias superiores para os caracteres MTG, MCG, GRU e PRO (Tabela 6).

Machado et al. (2003) observaram que as variedades crioulas de milho, quando cultivadas em solo com baixo teor de N, tendem a se sobressair em relação as cultivares híbridas comerciais, isso ocorre em virtude de as variedades crioulas de milho ter genótipo de base genética ampla, capaz de responder melhor aos estresses abióticos e bióticos (EICHOLZ et al., 2013). Em outros estudos com diferentes genótipos de milho, também foi observado desempenho semelhante ou até mesmo superior das variedades crioulas em relação às cultivares comerciais (MENEGUETTI et al., 2002).

Tabela 6: Avaliação da massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU) e produtividade (PRO) pelo teste de Tukey. Rio Branco, UFAC, 2019.

Variedades de Milho	Variáveis			
	MTG (g)	MCG (g)	GRU (%)	PRO (Kg.ha ⁻¹)
V1	752,2ab	17,43b	19,2b	1141,08b
V2	637,2b	14,51b	15,8b	1098,15b
V3	740,0ab	16,49b	16,8b	1531,93ab
V4	1424,0a	28,94a	29,4a	2687,55a

*Médias seguidas da mesma letra não diferem ($p>0,05$) na coluna entre si pelo teste de tukey ou média seguidas de letras distintas diferem ($p<0,05$) na coluna entre si pelo teste de tukey.

Para a variável AMP observou-se que as variedades V1 e V4 possuem maior altura média de plantas, e entre as crioulas. Já ao comparar as variedades crioulas, observou-se que a variedade 4 sobressai as demais (Tabela 6).

Os caracteres AMP e AME são de grande importância no melhoramento de milho, visto que plantas e espigas muito altas podem provocar acamamento e conseqüentemente, perdas na produtividade de grãos, além de dificultar a colheita (DEMÉTRIO et al., 2008).

As variedades V1, V2 e V3 apresentaram altura média da espiga (AME) semelhante ($p>0,05$) ao híbrido (Figura 8). As variáveis, AMP e AME, se caracterizam como melhores fatores para seleção de linhagens dentro do melhoramento genético, pois plantas de baixa estatura e de baixa inserção da espiga, facilitam a colheita, tanto manual como mecânica e diminuem o índice de tombamento.

Na variável DMC, observou-se que as quatro variedades crioulas e a híbrida apresentaram resultados semelhantes ($p>0,05$), (Figura 8).

O milho Híbrido apresentou maior quantidade de massa média da espiga

quando comparado com as quatro variedades crioulas (Figura 8).

Para as variáveis AMP, AME e MME, comparando as crioulas entre si, a variedade 4, apresentou as maiores médias. Já o DMC é semelhante entre as crioulas (Tabela 7).

Figura 8: Avaliação da altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC) e massa média da espiga (MME) pelo teste de Dunnett. Rio Branco, UFAC, 2019.

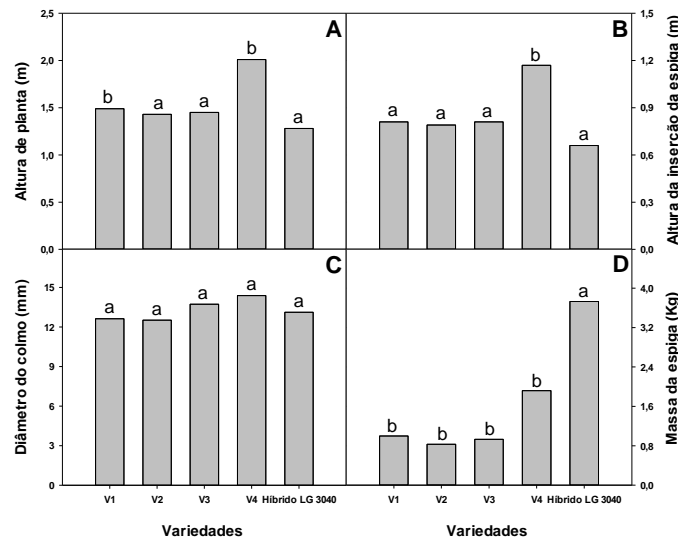


Tabela 7: Avaliação da altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), Diâmetro médio do colmo (DMC) e massa média da espiga (MME) pelo teste de Tukey. Rio Branco, UFAC, 2019.

Variáveis				
Variedades de Milho	AMP (m)	AME (m)	DMC (mm)	MME (Kg)
V1	1,50a	0,81b	12,63a	1,00b
V2	1,43d	0,79b	12,52a	0,83b
V3	1,45c	0,81b	13,73a	0,93b
V4	2,02a	1,18a	14,39a	1,92a

*Médias seguidas da mesma letra não diferem ($p > 0,05$) na coluna entre si pelo teste de tukey ou média seguidas de letras distintas diferem ($p < 0,05$) na coluna entre si pelo teste de tukey.

* Dados transformados em AMP ($\log x + 4$) e FLM ($\log x$) para atenderem a normalidade dos resíduos.

A comparação entre as variedades crioulas com a cultivar híbrida (Figuras 6, 7 e 8) evidencia potencial para melhoramento.

A estimativa dos parâmetros genéticos de uma população permite conhecer diversas informações da natureza dos genes que são envolvidos na herança dos

caracteres. É importante salientar que os parâmetros genéticos foram estimados para todos os caracteres mensurados com base nas análises de variâncias, excluindo-se a testemunha, conforme constam na Tabela 8.

Os caracteres morfoagronômicos AMP (97,200%), AME (94,240%), DMC (70,549%), MME (82,818%), DME (93,102%), MTG (76,804%), MCG (90,109%), GRU (92,087%) e PRO (83,793%) apresentaram alta estimativa de herdabilidade (h^2) no sentido restrito, pois os valores foram superiores a 70%, o que indica que a variação fenotípica é devido à variação genética e nas condições ambientais em que foram obtidos os dados. As variáveis CME (60,295%), FLF (18,569%) e FLM (38,822) apresentaram baixa herdabilidade, ou seja, a maior parte da variação fenotípica evidenciada na população é decorrente dos efeitos do ambiente.

Segundo Ramalho et al. (2012), valores de h^2 superiores a 70% são considerados altos e variam de acordo com o caráter estudado, indicando que métodos de seleção simples podem levar a ganhos consideráveis, sendo que o ambiente apresenta pouca influência e a maior parte da variação é devida a fatores genéticos. Por outro lado, valores de h^2 baixos são influenciados pelo ambiente.

O coeficiente de variação genético (CVg) é comumente usado para comparar a variabilidade genética expressa para cada caráter, conforme destacado por Resende (2000).

Assim, os resultados obtidos do CVg superiores a 5% para as características avaliadas: AME (20,350%), DMC (5,671%), MME (39,047%), DME (11,732%), CME (5,889%), MTG (35,594%), MCG (31,984%), GRU (29,461%) e PRO (42,031%) demonstraram variabilidade genética existente na população para cada caráter, possibilitando a realização de seleção. Os menores valores de CVg foram nas variáveis AMP (2,090%), FLM (0,957%) e FLF (3,108%).

A razão entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o ambiental (CVe) é um parâmetro que pode ser utilizado como indicativo de maiores ganhos genéticos na seleção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). É um índice que indica se tem facilidade ou dificuldade de selecionar um determinado genótipo para cada caráter (LEITE et al., 2016).

Os caracteres AMP (2,660), AME (1,810), DME (1,643), MCG (1,345), GRU (1,526) e PRO (1,017) apresentaram valores superiores a 1 na razão CVg/CVe, o que indica uma situação favorável à seleção, em concordância com os maiores valores de herdabilidade. Estes valores indicam boa possibilidade de ganho genético por seleção

direta, pois a variância genética superou a ambiental, ou seja, as características manifestaram-se devido à maior contribuição genética (CRUZ, 2005; YOKOMIZO, 2012).

A razão CV_g/CV_e que apresentaram valores <1 foram as variáveis DMC (0,692), MME (0,981), CME (0,551), MTG (0,814), FLM (0,356) e FLF (0,213), o que indica uma condição pouco favorável à seleção desse caráter, pois a maior contribuição existente foi de origem ambiental, o que leva a concluir que este caráter interage, possivelmente, de forma intensa com variações ambientais.

Portanto, sugere que se utilize outra estratégia de seleção, como por exemplo, a seleção indireta com ajuda dos coeficientes de correlação deste com outros, como altura de planta e altura da inserção da espiga.

A seleção indireta é mais eficaz nessas condições devido à alta magnitude da herdabilidade para altura de planta e da correlação feita entre altura de planta e diâmetro do colmo. Mostra-se eficaz, desde que seja realizada em ambientes adequados, que aumentem a herdabilidade e correlação (CAIERÃO et al., 2006).

O CV_e , é o mais usado para avaliar a qualidade do experimento, porém Resende (2007) afirma que esta deve ser com base na acurácia seletiva (r_{gg}), que considera as proporções entre as variações de natureza genética associada ao caráter em avaliação, além da magnitude da variação residual.

A acurácia seletiva também é importante na comparação de método de seleção, pois, quanto maior seu valor, melhor preditor do valor genético verdadeiro é o método de seleção.

A acurácia de seleção para os caracteres avaliados foi de alta a muito alta para AMP (0,980), AME (0,970), MME (0,910), DME (0,965), MCG (0,949), GRU (0,959), PRO (0,915), DMC (0,839) e CME (0,777), exceto FLM (0,623) e FLF (0,431), indicando boa precisão experimental (Tabela 8). De acordo com Resende; Duarte (2007), esse parâmetro é o mais adequado para verificar a qualidade do experimento por considerar a variação residual, o número de repetições e a proporção entre as variações genética e residual associadas à variável em questão. Estas relações indicam a correlação entre o valor genotípico verdadeiro dos tratamentos e o predito com as informações experimentais.

Segundo Costa et al., (2005) informam que ensaios com baixa acurácia indicam que os genótipos têm grandes desvios absolutos entre os valores genotípicos verdadeiros e aqueles estimados a partir das informações do experimento. Dessa

forma, as inferências realizadas ficam comprometidas ou irreais, aumentando a probabilidade da não reprodução das médias fenotípicas dos ensaios nos plantios comerciais. Neste trabalho, pôde ser verificado que as variáveis FLM (0,623) e FLF (0,431) apresentaram valores com baixa acurácia de seleção (Tabela 8).

Tabela 8: Resumo dos Parâmetros Genéticos das variáveis: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), florescimento masculino (FLM), florescimento feminino (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.

	Parâmetros Genéticos					
	AMP (m)	AME (m)	DMC (mm)	MME (Kg)	DME (mm)	CME (cm)
σF	0,000	0,352	0,808	0,253	17,100	0,692
σA	0,000	0,002	0,238	0,043	1,179	0,275
σG	0,000	0,033	0,571	0,209	15,921	0,418
h^2 (%)	97,260	94,240	70,549	82,818	93,102	60,295
CVg (%)	2,090	20,350	5,671	39,047	11,732	5,889
CVg/CVe	2,660	1,810	0,692	0,981	1,643	0,551
$r (1-1/F)^{0.5}$	0,980	0,970	0,839	0,910	0,965	0,777
CV (%)	0,790	11,250	8,194	39,768	7,140	10,686
	MTG (kg)	MCG (g)	GRU (%)	FLM (Dias)	FLF(Dias)	PRO (Kg.ha ⁻¹)
σF	130180,597	42,467	38,840	0,000	42,320	549667,177
σA	30196,813	4,200	3,073	0,000	34,461	89082,153
σG	9983,783	38,267	35,766	0,000	7,858	460585,024
h^2 (%)	76,804	90,109	92,087	38,822	18,569	83,793
CVg (%)	35,594	31,984	29,461	0,957	3,108	42,031
CVg/CVe	0,814	1,345	1,526	0,356	0,213	1,017
$r (1-1/F)^{0.5}$	0,876	0,949	0,959	0,623	0,431	0,915
CV (%)	43,740	23,694	19,310	2,686	14,553	41,332

Legenda: σF : variância fenotípica; σA : variância aditiva; σG : variância genotípica; h^2 : herdabilidade; CVg: coeficiente de variação genética; CVg/CVe: relação do coeficiente de variação genética e ambiental; $r (1-1/F)^{0.5}$: acurácia de seleção; CV: coeficiente de variação.

A análise de correlação fenotípica, genética e de ambiente realizada para os caracteres morfoagronômicos em populações crioulas de milho revelou um total de 66 pares de correlações.

Observou-se que as correlações genotípicas apresentaram magnitudes superiores às fenotípicas e inferiores a de ambiente (Tabela 9), o que é desejável pelo

melhorista, já que este será herdado, indicando menor influência do ambiente na expressão dos caracteres. Esses resultados estão de acordo com os observados por Nogueira et al., (2012) para a cultura da soja.

No entanto, as correlações genéticas são mais relevantes que as correlações fenotípicas e de ambiente, principalmente quando os caracteres envolvidos possuem herança complexa, controlados por vários genes, e com elevado efeito do ambiente (VENCOVSKY; BARRIGA 1992).

O caractere altura média da planta apresentou correlações fenotípica, genotípica e ambiental fortes e positivas com altura média da espiga. Essa correlação é comum em populações de milho e está associada com o desenvolvimento e arquitetura do milho como encontrado por alguns autores (FANCELLI et al., 2000, MAGALHÃES et al., 2002).

A altura média da planta apresentou correlação fenotípica e positiva ($p < 0,05$) com altura média da espiga, massa média da espiga, massa total de grãos, massa de 100 grãos, diâmetro médio das espigas e grau de umidade. Por outro lado, apresentou associação negativa com o comprimento médio de espiga e florescimento feminino.

Para He et al. (2014), a altura média da espiga e o diâmetro médio da espiga são caracteres fundamentais a serem considerados durante a seleção, com intuito de explorar genótipos com maior rendimento de grãos.

Com relação ao diâmetro médio da espiga, foram obtidos efeitos significativos de correlações fenotípicas com a produtividade e genotípica com florescimento masculino e produtividade. Esses resultados corroboram com Bordallo (2005), o qual trabalhou com genótipos de milho doce e um de milho comum que evidenciaram correlação positiva do diâmetro médio de espiga com produtividade.

As maiores correlações fenotípicas positivas e significativas foram observadas para massa média da espiga com massa total de grãos e massa de 100 grãos, indicando que o par de caracteres avaliado é beneficiado ou prejudicado pelas mesmas causas de variação ambiental. Nas correlações genotípicas, foram observadas para massa média da espiga e massa total de grãos com florescimento masculino, a 5% de probabilidade pelo método de bootstrap.

Houve correlação genotípica negativa e significativa entre CME e FLF ($r_g = -1,409$), FLM e FLF ($r_g = -2,194$), logo, o ambiente apresentou grande influência na expressão do genótipo. Assim, quanto maior for o número de dias para FLM, menor

será a produção das plantas devido à falta de sincronia pendão/estilo-estigma, impedindo que haja fecundação dos óvulos (MAGALHÃES; DURÃES, 2002).

Nos caracteres diâmetro médio do colmo, comprimento médio da espiga, grau de umidade, florescimento masculino e feminino, não houve nenhuma correlação fenotípica significativa entre as características avaliadas. Na correlação genotípica, também não houve nenhuma correlação para comprimento médio da espiga, florescimento feminino e masculino.

O Comprimento médio de espigas apresentou estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas negativas com todos os pares de caracteres avaliados, indicando que o aumento de um caráter ocasiona a diminuição do outro.

Para o caráter massa média da espiga, as estimativas foram significativas e positivas com a massa total de grãos, massa de 100 grãos, diâmetro médio da espiga, grau de umidade e produtividade. Liao et al., (2014) indicaram que, dentre os caracteres de maior importância pesquisados, a massa média da espiga se destaca por contribuir positivamente para rendimento de grãos.

A produtividade relaciona-se fenotipicamente com altura média da espiga, massa média da espiga, massa de 100 grãos e diâmetro médio das espigas. Esse fato sugere que quanto maior o número de plantas com espigas com grãos, maior a produtividade da população. Na correlação genotípica, a produtividade foi correlacionada significativamente com todos os caracteres avaliados, exceto comprimento médio da espiga, florescimento masculino e feminino.

Nas correlações de ambiente (Tabela 9), constatou-se magnitudes elevadas e positivas entre os caracteres: AMP e AME ($r_a=0,929$), AMP e DMC ($r_a=0,636$), AMP e MME ($r_a=0,593$), AMP e MTG ($r_a=0,720$), AMP e DME ($r_a=0,554$), AMP e PRO ($r_a=0,551$), AME e DMC ($r_a=0,521$), AME e MME ($r_a=0,547$), AME e MTG ($r_a=0,677$), AME e DME ($r_a=0,541$), AME e PRO ($r_a=0,489$), DMC e MME ($r_a=0,589$), DMC e MTG ($r_a=0,663$), MME e MTG ($r_a=0,978$), MME e MCG ($r_a=0,649$), MTG e MCG ($r_a=0,637$), DME e PRO ($r_a=0,629$).

Correlações de ambiente negativas indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro. Porque, valores positivos indicam que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações de ambiente (CRUZ; REGAZZI, 1994).

Tabela 9: Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental das variáveis: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), florescimento masculino (FLM), florescimento feminino (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.

Variável		AME (m)	DMC (mm)	MME (kg)	CME (cm)	MTG (g)	MCG (kg)	DME (mm)	GRU(%)	FLM (dias)	FLF (dias)	PRO (Kg/ha ⁻¹)
AMP (m)	<i>r_f</i>	0,996**	0,762 ^{ns}	0,997**	-0,256 ^{ns}	0,993**	0,992**	0,976*	0,992**	0,704 ^{ns}	-0,068 ^{ns}	0,947 ^{ns}
	<i>r_g</i>	1,002**	0,851 ^{ns}	1,065**	-0,329 ^{ns}	1,082**	0,999**	1,000**	0,9996**	0,999**	-0,439 ^{ns}	0,999**
	<i>r_a</i>	0,929**	0,636**	0,593**	-0,363 ^{ns}	0,720**	0,135 ^{ns}	0,554*	0,162 ^{ns}	-0,273 ^{ns}	-0,478*	0,551*
AME (m)	<i>r_f</i>		0,811 ^{ns}	0,996**	-0,318 ^{ns}	0,996**	0,991**	0,985*	0,982*	0,646 ^{ns}	-0,096 ^{ns}	0,971*
	<i>r_g</i>		0,982 ^{ns}	0,999**	-0,661 ^{ns}	0,999**	1,065**	0,999**	1,0371**	1,140**	-0,099 ^{ns}	1,039**
	<i>r_a</i>		0,521*	0,547*	-0,074 ^{ns}	0,677**	0,127 ^{ns}	0,541*	0,236 ^{ns}	-0,232 ^{ns}	-0,249 ^{ns}	0,489*
DMC (mm)	<i>r_f</i>			0,803 ^{ns}	-0,414 ^{ns}	0,829 ^{ns}	0,813 ^{ns}	0,7824 ^{ns}	0,753 ^{ns}	0,277 ^{ns}	-0,498 ^{ns}	0,926 ^{ns}
	<i>r_g</i>			0,878 ^{ns}	-0,583 ^{ns}	0,891 ^{ns}	0,935 ^{ns}	0,919 ^{ns}	0,8789 ^{ns}	0,949*	-0,759 ^{ns}	1,262**
	<i>r_a</i>			0,589*	-0,099 ^{ns}	0,663*	0,393 ^{ns}	0,262 ^{ns}	0,291 ^{ns}	-0,517*	-0,455*	-0,200 ^{ns}
MME (kg)	<i>r_f</i>				-0,237 ^{ns}	0,999**	0,999**	0,967*	0,994**	0,701 ^{ns}	-0,147 ^{ns}	0,963*
	<i>r_g</i>				-0,481 ^{ns}	1,008**	1,058**	1,058**	1,0976**	1,423**	0,305 ^{ns}	1,096**
	<i>r_a</i>				0,393 ^{ns}	0,978**	0,649*	0,350 ^{ns}	0,303 ^{ns}	-0,326 ^{ns}	-0,425*	0,300 ^{ns}
CME (cm)	<i>r_f</i>					-0,255 ^{ns}	-0,199 ^{ns}	-0,459 ^{ns}	-0,135 ^{ns}	0,486 ^{ns}	-0,404 ^{ns}	-0,399 ^{ns}
	<i>r_g</i>					-0,526 ^{ns}	-0,370 ^{ns}	-0,643 ^{ns}	-0,2927 ^{ns}	0,839 ^{ns}	-1,409**	-0,588 ^{ns}
	<i>r_a</i>					0,338 ^{ns}	0,372 ^{ns}	0,131 ^{ns}	0,471 ^{ns}	0,162 ^{ns}	0,119 ^{ns}	0,073 ^{ns}
MTG (g)	<i>r_f</i>						0,998**	0,967*	0,989**	0,678 ^{ns}	-0,174 ^{ns}	0,973 ^{ns}
	<i>r_g</i>						1,084**	1,072**	1,1253**	1,489**	0,005 ^{ns}	1,127**
	<i>r_a</i>						0,637*	0,481 ^{ns}	0,317 ^{ns}	-0,358 ^{ns}	-0,405*	0,356 ^{ns}
MCG (Kg)	<i>r_f</i>							0,954*	0,995**	0,717 ^{ns}	-0,196 ^{ns}	0,962*
	<i>r_g</i>							1,008**	1,0857**	1,321**	-0,556 ^{ns}	1,090**
	<i>r_a</i>							0,361 ^{ns}	0,069 ^{ns}	-0,259 ^{ns}	0,112 ^{ns}	0,114 ^{ns}
DME (mm)	<i>r_f</i>								0,940 ^{ns}	0,541 ^{ns}	0,434 ^{ns}	0,955*
	<i>r_g</i>								0,9907 ^{ns}	0,959*	0,057 ^{ns}	1,006**
	<i>r_a</i>								0,309 ^{ns}	-0,175 ^{ns}	0,084 ^{ns}	0,629*
GRU(%)	<i>r_f</i>									0,776 ^{ns}	-0,159 ^{ns}	0,931 ^{ns}
	<i>r_g</i>									1,315**	-0,327 ^{ns}	1,082**
	<i>r_a</i>									-0,047 ^{ns}	-0,093 ^{ns}	-0,174 ^{ns}
FLM (dias)	<i>r_f</i>										-0,196 ^{ns}	0,508 ^{ns}
	<i>r_g</i>										-2,194**	0,840 ^{ns}
	<i>r_a</i>										0,557*	0,091 ^{ns}

	r_f	-0,242 ^{ns}
FLF	r_g	-0,574 ^{ns}
(dias)	r_a	-0,044 ^{ns}

** e *: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.
ns: não significativo.

Apesar de não haver informações de mensuração de plantas dentro da parcela experimental, é importante estimar a herdabilidade e o ganho obtido pela seleção de plantas dentro de parcelas, que poderá ser utilizada para recombinação das progênes (CRUZ, 2006).

Para todos os caracteres avaliados, os ganhos preditos dentro da parcela experimental sem informações de plantas foram superiores ao ganho entre as parcelas, conforme consta na Tabela 10. Essa seleção é a mais favorável para o melhoramento do milho.

Tabela 10: Estimativas de ganhos de seleção entre e dentro de variedades crioulas de milho (Gs), considerando os caracteres: altura média da planta (AMP), altura média da espiga (AME), diâmetro médio do colmo (DMC), massa média da espiga (MME), diâmetro médio da espiga (DME), comprimento médio da espiga (CME), massa total de grãos (MTG), massa de 100 grãos (MCG), grau de umidade (GRU), flor masculina (FLM), flor feminina (FLF) e produtividade (PRO), Rio Branco, UFAC, 2019.

	Variável											
	AMP	AME	DMC	MME	DME	CME	MTG	MCG	GRU	FLM	FLF	PRO (Kg/ha ¹)
Entre (%)	2,90	27,66	6,67	49,74	15,85	6,40	43,67	42,50	39,57	0,04	0,09	53,86
Dentro (%)	3,38	32,41	8,10	59,27	18,60	7,90	52,50	50,09	46,51	0,05	0,12	64,08
Total (%)	6,27	60,06	14,77	109,0	34,44	14,30	96,17	92,59	86,08	0,01	0,22	117,93

1

5 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética para os caracteres morfoagronômicos estudados, entre as quatro variedades crioula de milho, podendo ser utilizadas em novos programas de melhoramento de milho.

A variedade 4 apresenta desempenho superior entre as crioulas.

As correlações genóticas apresentaram valores mais elevados em relação às correlações fenotípicas.

Existe possibilidades de ganhos por seleção evidenciada pelos valores de herdabilidade nas populações de milho crioulo.

Os ganhos preditos dentro da parcela experimental foram superiores ao ganho entre as parcelas.

REFERÊNCIAS

- ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M.; ANDRADE, R. V. DE. A MAGALHÃES, J. R.; PARENTONI, S. N. **A Coleção Nuclear de Germoplasma de Milho no Brasil**. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. Uma História Brasileira do Milho – O Valor dos Recursos Genéticos. Brasília: Paralelo 15,65-78 p. 2000.
- ALENCAR, A.; NEPSTAD, D.; MCGRATH, D.; MOUTINHO, P.; PACHECO, P; DEL CARMAN, M.; DIAZ V.; SOARES FILHO, B. S. **Desmatamento na Amazônia**: indo além da "emergência crônica". Belém-PA: IPAM, 2004.
- AMADO, T.J.C.; MIELNICZUK, J.; AITA, C. Recomendação de Adubação Nitrogenada para o Milho no RS e SC Adaptada ao uso de Culturas de Cobertura do Solo, sob sistema plantio direto. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.26, 241-248 p. 2002.
- AMARAL, E. F.; MATTOS, J. C. P.; BROWN, I. F.; BRITO, M. L. R. de; FORTES, L. P. K.; BUTZKE, A. G.; BARDALES, N. G.; COSTA, F. S.; LEAL, M. J. de los R.; OLIVEIRA, C. H. A. de; DEUS, C. E. de; PANTOJA, E.; NASCIMENTO, K. R. do; NASCIMENTO, S. da S.; NEVES, R. F. das; LIMA, K. da C. G.; AZEVEDO, M. N. de; SALIMON, C. I.; XAVIER, M. G.; MARANHO, A. S. **Descrição das providências previstas ou tomadas para a implementação da Quadro das Nações Unidas sobre Mudança do Clima para as circunstâncias estaduais**. In: COSTA, F. S.; AMARAL, E. F.; BUTZKE, A. G.; NASCIMENTO, S. da S. Inventário de emissões antrópicas e sumidouros de gases de efeito estufa do Estado do Acre. Rio Branco: Embrapa Acre, cap. 3, 79-144 p. 2012.
- ARAÚJO, P.M.; NASS, L.L. Caracterização e Avaliação de Populações de Milho Crioulo. **Scientia Agrícola**, v.59, n.3, 589-593 p. 2002.
- AZEVEDO, P. V.; SABOYA, L. M. F.; DANTAS NETO, J.; OLIVEIRA, F. S.; BEZERRA, J. R. C.; FARIA C. H. A. Disponibilidade energética para a cultura da cana-de-açúcar nos tabuleiros costeiros do Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, RS, v. 18, n. 10, 1031-1038 p. 2014.
- BANDEL, B. Genética. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 795 p. 1987.
- BARBOSA, F. R. S.; RIBEIRO, G. G.; DIAS, M. S.; ASSUNÇÃO, H. F.; RIBEIRO, D. D. Banco de sementes: **Autonomia para o Pequeno Produtor do Sudoeste Goiano**. Cadernos de Agroecologia, v. 5 n.1, 2 p. 2010.
- BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceedings of the Royal Statistical Society Series A 160**, 268–282 P. Jan. 1937.
- BEBER, P.M. Parâmetros genéticos, seleção e diversidade de híbridos de *Panicum maximum* avaliados no bioma Amazônia, 125p. **Tese** (Doutorado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Acre, 2018.
- BELL, M. A., FISCHER, R. A., BYERLEE, D., SAYRE, K. (1995). Genetic and agronomic contributions to yield gains: A case study for wheat. **Field Crops Research**, v. 44, n. 2-3, 55-65p. 1995.

BESPALHOK FILHO, J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R.A. **Noções de Genética Quantitativa**. 2009.

BONOMO, P. et al. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da população de milho Palha Roxa. **Revista Ceres**, Viçosa, v.47, n.272, 383-392 p. 2000.

BORÉM, A, GALVÃO, C.C.J PIMENTEL, A.M. **Milho: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2015.

BORÉM, A. MIRANDA, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 543 p. 2017.

BORÉM, A.; DE LIMA, R.O. **Melhoramento de milho**. Ed. UFV, 396 p. 2018.

BORDALLO, P.N. PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GABRIEL, A.P.C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, v.23, n.1, 123-127 p. 2005.

BRUNHEROTTO, R.; VENDRAMIM, J. D. Bioatividade de extratos aquosos de *Melia azedarach* L sobre *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) em tomateiro. *Neotropical Entomology*, Londrina, v. 30, n. 3, 455-459 p. 2001.

CAIERÃO, E.V.; CARVALHO, F.I.F. FLOSS, E.L. Seleção indireta para o incremento do rendimento de grãos em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.36/2004,1126-1131p. 2006.

CALDARELLI, C. E.; BACCHI, M. R. P. **Fatores de Influência no Preço do Milho no Brasil**. Nova econ, Belo Horizonte, v. 22, n. 1, 1-12 p. 2012.

CAMARGO, E.; VILLAR, D. (Org.). **Huni Kuin Hiwepaunibuki: a história dos caxinauás por eles mesmos**. São Paulo: SESC, 2013.

CÁRCOVA, J.; URIBELARREA, M.; BORRÁS, L.; OTEGUI, M. E.; WESTGATE. M. E. Synchronous pollination within and between ears improves kernel set in maize. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 4, 1056-1061p. 2000.

CATÃO, H.C.R.M.; MAGALHÃES, H.M.; SALES, N.L.P.; BRANDÃO JUNIOR, D.S.; ROCHA, F.S. Incidência e Viabilidade de Sementes Crioulas de Milho naturalmente infestadas com fungos em pré e pós-armazenamento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.43, n.5, 764-770 P. 2013.

COIMBRA, R. R. et al. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 01, 159- 166p. 2010.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, N. F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J. W. (Ed.) **Heterosis**. Des Moines: Iowa State College Press, 1952. p. 494-516, 1952.

COSTA, R. B. C.; RESENDE, M. D. V.; ROA R. A. R.; BUNGENSTAB, D. J.; MARTINS,

W. J.; ROEL, A. R. Melhoramento genético de erva-mate nativa do estado de Mato Grosso do sul. **Revista Bragantia**, v. 68, n. 3, 611-619 p. 2000.

COSTA, R. B.; GONGALVES, P. S.; OLIVEIRA, L. C. S.; ARRUDA, E. J.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. **Variabilidade Genética e Estimativas de Herdabilidade para o Caráter Germinação em Matrizes de *Hevea Brasiliensis***. Floresta Amb., Rio de Janeiro, v.12, n.1, 74-76 p. 2005.

COSTA, R. B. C.; RESENDE, M. D. V. de.; ROA, R. A. R.; BUNGENSTAB, D. J.; MARTINS, W. J.; ROEL, A. R. Melhoramento Genético de Erva-mate Nativa do Estado de Mato Grosso do Sul. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.3, 611-619 p. 2009.

COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R. **Base Genética da Diversidade**. In: COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R.; SERENO, J. R. B. Conservação de Recursos Genéticos no Brasil. Brasília, DF: Embrapa Cerrados, cap. 1, 21-65 p. 2012.

CUNHA, F. L. Sementes da paixão e as políticas públicas de distribuição de sementes na Paraíba. 2013. 184f. **Dissertação** (Mestrado em Ciências) – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 2013.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 390 p. 1994.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, Ed. 2, Viçosa, 390 p. 1997.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C. S.; **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Volume 1, 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 480 p. 2004.

CRUZ, C.D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa: UFV, 394 p. 2005.

CRUZ, C.D. Programa GENES: **Biometria**. Viçosa: Ed. UFV, 382 p. 2006.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria Aplicada ao Estudo da Diversidade Genética**. 1. ed. Viçosa, MG: Suprema, 2011.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. V. 1. 4ª ed. Viçosa: UFV, 514 p. 2012.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3ª. ed. Viçosa: UFV, 668 p. 2014.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. Portal de Informações Agropecuárias. Brasília, DF, 2018. Disponível em: <https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/index.php/safra-evolucao-dashboard>. Acesso em: 27 de Jan de 2019.

Dunnett, C. W. A. Multiple Comparison Procedure for Comparing Several Treatments

With a Control. *Journal of American Statistical Association*, 50, 1096-1121 P. 1955.

DWIVEDI, S. L.; CECCARELLI, S.; BLAIR, M. W.; UPADHYAYA, H. D.; ARE, A. K.; ORTIZ, R. Landrace germplasm for improving yield and abiotic stress adaptation: **Trends in plant science**, 31-42 p. 2016.

DEMÉTRIO, C. S.; FORNASIERI FILHO, D.; CAZETTA, J. O.; CAZETTA, D. A. **Desempenho de Híbridos de Milho Submetidos a Diferentes Espaçamentos e Densidades Populacionais**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília: DF, v. 43, n. 12, 1691-1697p. 2008.

DIEGUES, A. C.; ARRUDA, R. S. V. Saberes tradicionais e biodiversidade no Brasil. Brasília: **Ministério do Meio Ambiente**; São Paulo: USP, 2001.

DUARTE, J. O. **Introdução e Importância Econômica do Milho**. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho/importancia.htm>. 2007. Acesso em: 18/02/2019.

EICHOLZ, E. D.; EICHOLZ, M.; FONSECA, E.; SILVA, S. D. A. Avaliação agronômica de variedades de milho no sul do RS. *Reunião Técnica Anual do Milho*, 58. Pelotas-RS. Anais. Pelotas RS, 2013.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 279 p. 1981.

FALCONER, D.S; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. London: **Longman Malaysia**, 463 p. 1996.

FANCELLI, A.L. DOURADO, D. *Ecofisiologia e fenologia*. In: Fancelli, A.L. (Ed.) **Produção de milho**. 1. Ed. Guaíba-SP: Agropecuária, 360 p. 2000.

GIBBS, H. K.; RUESCH, A. S.; ACHARD, F.; CLAYTON, M. K.; HOLMGREN, P.; RAMANKUTTY, N.; FOLEY, J. A. Tropical forests were the primary sources of new agricultural land in the 1980s and 1990s. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 107, n. 38, 16732-16737 p. 2010.

GODFRAY, H. C. J.; BEDDINGTON, J. R.; CRUTE, I. R.; HADDAD, L.; LAWRENCE, D.; MUIR, J. F.; TOULMIN, C. Food security: the challenge of feeding 9 billion people. *Science*, v. 327, n. 5967, 812-818 p. 2010.

GOODMAN, M.M. A brief survey of the races of maize and current attempts to infer racial relationships. Chapter 10 in D.B. Walden, ed. *Genetic and Breeding of maize*. Wiley-Interscience, New York. In press. 1978.

GOODMAN, M. M.; SMITH, J. S. C. *Botânica* In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e Produção de Milho**. Volume I. Campinas: Fundação Cargill, 41-70 p. 1987.

GOMES, F. H. F. et al. Análise de crescimento do milho safrinha em diferentes épocas de aplicação de zinco. **Nativa**, v. 6, n. 6, 557-562p. 2018.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, v. 9, 463–493 p. 1956.

HALLAEUR, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 468 p. 1995.

HE, D.; ZHANG, H.; LIAO, C.; LUO, Q.; HUI, G.; NAN, Z.; ZHANG, Y. Investigation and analysis on ear diameter and ear axis diameter in maize ril population. *Frontier and Future Development of Information Technology in Medicine and Education*. Springer Netherlands, 795-801p. 2014.

IBGE. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporariaspermanentes.html?=&t=destaques>. Acesso em: 11 de janeiro de 2019.

IGLESIAS, M. P. **Os Kaxinawá de Felizardo**: correrias, trabalho e civilização no Alto Juruá. Brasília, DF: Paralelo 15, 2010.

LADIG, F., PIEPHO, H. P. DROBEK, T., MEYER, U. Genetic and non-genetic longterm trends of 12 different crops in German official variety performance trials and onfarm yield trends. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 127, n. 12, 2599-2617 p. 2014.

LAL, R. Restoring soil quality to mitigate soil degradation. *Sustainability*, v. 7, n. 5, 5875-5895 p. 2015.

LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. *Maydica*, v.32, M.I, 61-78p. 1987.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**. v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LIAO, C. Study on two agronomic traits associated with kernel weight in a maize ril segregation population. *Frontier and Future Development of Information Technology in Medicine and Education*. Springer Netherlands, 811-817p. 2014.

MACHADO, A. T.; MACHADO, C. T. T.; MIRANDA, G. V.; COELHO, C. H. M.; GUIMARÃES, L. J. M. Resposta de variedades de milho a níveis e fontes de nitrogênio. Planaltina: Embrapa Cerrados, 27 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 93). 2003.

MARTINEZ, S. S.O. Nim (*Azadirachta indica*) Natureza: Usos Múltiplos, Produção. Londrina, IAPAR, 2002. 142p.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. G. B.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Revista Cerne**, v. 11, 16-24 p. 2005.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. **Cultivo do milho, germinação e**

emergência. Comunicado Técnico 39, Ministério da Agricultura, pecuária e abastecimento, Sete lagoas, MG. 2002.

MENEGUETTI, G. A.; GIRARDI, J. L.; REGINATTO, J. C. **Milho crioulo:** tecnologia viável e sustentável. *Agroecologia e Desenvolvimento Rural Sustentável*, v. 3, n. 1, 2002.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potencial of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt J. Gen. Cytol.*, v.7, 40-51 p. 1978.

NASS, L. L. Variabilidade genética de populações semi exóticas de milho (*Zea mays* L.). 1992. 141 f. **Tese**, Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

NOGUEIRA, A.P.P.; SEDIYAMA. T.; SOUSA. L.B. DE.; HAMAWAKI. O. T.; CRUZ. C. D.; PEREIRA. D. G.; MATSUO. E. Análise de Trilha e Correlações entre Caracteres em Soja Cultivada em duas Épocas de Semeadura. *Uberlândia*, v. 28, n. 6, 877-888 p. 2012.

PEREIRA, C. S. Épocas de Semeadura de Milho na Região Norte de Mato Grosso. *Nativa*, v. 6, n. 3, 241-245 p. 2018.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M. F. R. **Genética Florestal.** Viçosa: Arka, 318 p. 2011.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMAN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas:** aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Editora UFG, 271 p. 1993.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da Genética Quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.** Lavras: Ed. UFLA, 522 p. 2012.

RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J., SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, A. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 24, n. 1/2, 35-45 p. 1995.

RESENDE, M. D. V. de.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, 44-52 p. 2000.

RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP. Curitiba: **Embrapa Florestas**, (Documentos, 77). 2002.

RESENDE, M.D.V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes.** Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, DF, p. 975-980, 2002.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. **Precisão e Controle de Qualidade em Experimentos de Avaliação de Cultivares.** *Pesquisa Agropecuária Tropical*, n. 37, v. 3,

p. 182-194, 2007.

RODRIGUES, L. O. Variabilidade genética em quatro populações semi exóticas de milho. 2013. 57 f. **Dissertação** (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2013.

ROCHA, M.M. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural** v. 8, n.01, 135-141 p. 2003.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Predicted genetic gains by various selection methods in *Eucalyptus urophylla* progenies. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, n. 12, 1653-1659 p. 2009.

ROSSMANN, H. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos. 2001. **Dissertação** - Escola Superior de Agricultura "Luiz de queiroz" - ESALQ/USP, Piracicaba, 2001.

SANTILLI, J. **Socioambientalismo e novos direitos**: proteção jurídica à diversidade biológica e cultural. São Paulo: Peirópolis, 2005.

SANTILLI, Juliana. Brazil's experience in implementing its ABS regime: suggestions for reform and the relationship with the International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. In: KAMAU, Evanson & WINTER, Gerd (orgs.). *Genetic resources, traditional Knowledge and the law: solutions for access and benefit sharing*. Londres: Earthscan, 2009.

SANTOS, J.F. DOS. Eficiências de Estratégias de Seleção de Progênie S₂ de Milho-Pipoca (*Zea mays* L.). **Tese** (Magister Scientiae) - Universidade Federal de Viçosa, 2002.

SILVA, T. G.F; MOURA, M. S. B; ZOLNIER, S; SOARES, J. M; VIEIRA, V. J.S & JÚNIOR, W.F.G. Requerimento Hídrico e Coeficiente de Cultura da cana-de-açúcar Irrigada no Semiárido Brasileiro. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.16, n.1, 64–71 p. 2012.

SOUZA, T. C.; CASTRO, E. M.; MAGALHÃES, P. C.; LINO, L. O.; ALVES, E. T.; ALBURQUERQUE, P. Morphophysiology, morphoanatomy, and grain yield under field conditions for two maize hybrids with contrasting response to drought stress. *Acta Physiologia Plantarum*, v. 35, 3201-3211 p. 2013.

SLEPER, D. A.; POELHMAN, J. M. Breeding corn (Maize). In: **Breeding field crops**, 5 ed. Blackwell Publishing. 277- 296 p. 2006.

SMITH, J.S.C. Biochemical systematic studies of *Zea*, *Tripsacum* and related genera. **Tese** Ph.D. não publicado. Univ. Birmingham.England, 171p. 1977.

SILVA, E. D. Pesquisa participativa para avaliação e seleção das sementes da paixão junto às famílias agricultoras na Paraíba. VII CONGRESSO BRASILEIRO DE AGROECOLOGIA. Fortaleza. 2011.

SILVA PIMENTEL, M. A.; RIBEIRO, W. C. Populações tradicionais e conflitos em áreas protegidas. **Revista Geosp – Espaço e Tempo**, São Paulo, v. 20, p. 224-237, 2016.

SILVEIRA, G. D. Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja. **Tese**, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias: UNESP, campus de Jaboticabal, 45 p. 2007.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometria**, Boston, v. 52, n. 3-4, p. 591-611, Dec. 1965.

TUKEY, J. W. Comparing Individual Means in the Analysis of Variance. **Biometrics**, Washington, v. 5, n. 2, 99-114 P. jun. 1949.

TWEETEN, L., THOMPSON, S. R. **Long-term agricultural output supply-demand balance and real farm and food prices**. Working Paper: AEDE-WP 0044-08, Ohio State University, Columbus, OH, 2008.

VENCOVSKY, R. **Genética quantitativa**. In: KERR, W. E. Melhoramento e genética. São Paulo: Melhoramentos, 17-37p. 1969.

VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa**. In: Paterniani, E. Melhoramento e Produção de Milho. Piracicaba – ESALQ: Fundação Cargill, Marprint, p.650. 1978.

VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa**. In: PATERNIANI, E. (ed). Melhoramento e Produção de Milho no Brasil. 2. ed. Fundação Cargill. 122-201 p. 1987.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Associação entre caracteres. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: cap.5, 335-429p. 1992.

VIDAL NETO, F. C.; FREIRE, E. C. **Melhoramento genético do algodoeiro**. In: NETO, F. C. V.; CAVALCANTI, J. J. V. Melhoramento genético de plantas no Nordeste. Brasília, DF: Embrapa, cap. 3, 49-83 p. 2013.

XIAO, D.; TAO, F. **Contributions of cultivars, management and climate change to winter wheat yield in the North China Plain in the past three decades**. European Journal of Agronomy, v. 52, 112-122 p. 2014.

YOKOMIZO, G. K, **Produtividade da soja na região do Município de Tartarugalzinho – AP**. Comunicado Técnico, Embrapa, 1-5 p. 2012.

APÊNDICES

Apêndice A - Materiais utilizados para avaliação das plantas: (A) régua graduada; (B) paquímetro digital; e (C) balança analógica. Rio Branco, UFAC, 2019.



Apêndice B – Área experimental do milho situada na Universidade Federal do Acre. Rio Branco, 2019.

