

JOAES ALVES DA SILVA PEREIRA



**SELEÇÃO MASSAL E INDIVIDUAL EM VARIEDADES CRIOULAS DE
MILHO DO ACRE**

RIO BRANCO - AC

2021

JOAES ALVES DA SILVA PEREIRA

**SELEÇÃO MASSAL E INDIVIDUAL EM VARIEDADES CRIOULAS DE
MILHO DO ACRE**

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

Orientador: Prof. Dr. Vanderley Borges dos Santos

RIO BRANCO - AC

2021

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

P436s Pereira, Joaes Alves da Silva, 1997- .
Seleção massal e individual em variedades crioulas de milho do Acre / Joaes Alves da
Silva Pereira. – 2021.
92f. : il. ; 30 cm.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Acre. Centro de Ciências Biológicas
e da Natureza. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Mestrado em Produção
Vegetal. Rio Branco, Acre, 2021.

Orientação: Prof. Dr. Vanderley Borges dos Santos.
Inclui referências e apêndices.

1. Milho crioulo. 2. Milho crioulo - Acre (estado). 3. Variabilidade genética. 4. Métodos
de melhoramento. I. Santos, Vanderley Borges dos (orientador). II. Universidade Federal
do Acre. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título

CDD: 338

JOAES ALVES DA SILVA PEREIRA

**SELEÇÃO MASSAL E INDIVIDUAL EM VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO DO
ACRE**

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

APROVADA em 28 de setembro de 2021

BANCA EXAMINADORA

Vanderley Borges dos Santos

Dr. Vanderley Borges dos Santos
Universidade Federal do Acre
Orientador



Dra. Almecina Balbino Ferreira
Universidade Federal do Acre
Membro

Amauri Siviero

Dr. Amauri Siviero
Embrapa Acre
Membro

RIO BRANCO - AC

2021

“Está tudo bem perder para
um adversário.

O que não está bem é perder
para o medo”.

(Senhor Miyagi)

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus pelo dom da sabedoria e por todas as bênçãos alcançadas.

À minha mãe Shirlene Alves da Silva Pereira, por estar fazendo parte de todos os momentos cruciais ao longo da minha vida, contribuindo de modo significativo para o meu crescimento como cidadão, com ética e responsabilidade.

Aos meus familiares Janaina Alves, Janaira Alves e Sérgio Oliveira, pelo apoio recebido ao longo de toda a minha jornada escolar e acadêmica, que culminaram neste momento singular.

À Universidade Federal do Acre e ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, pela minha formação profissional e acadêmica.

Ao meu orientador Dr. Vanderley Borges dos Santos, pela compreensão, apoio e paciência, indispensáveis para o sucesso deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos, essencial para a conclusão deste projeto.

Aos meus colegas e amigos Eldevan Alves, Samuel Cardoso, Francisca Silvana, Otávio Martins, Mateus Martins, Matheus Matos, Heros Targanski e tantos outros, que me acompanharam ao longo destes dois anos e meio de pós-graduação; pelo apoio, companheirismo e acima de tudo, amizade.

E aos membros da banca avaliadora, Dra. Almecina Balbino Ferreira e Dr. Amauri Siviero, pela análise crítica e minuciosa deste trabalho, assim como pelas valiosas sugestões apresentadas.

RESUMO

No Acre o cultivo do milho ainda é realizado predominantemente por pequenos e médios produtores rurais, com a utilização de variedades tradicionais ou crioulas procedentes da região. Entre os métodos de seleção empregados na cultura do milho destacam-se a seleção massal e seleção individual entre e dentro de famílias. O objetivo desse trabalho foi aplicar os métodos de seleção massal e individual em variedades crioulas de milho e avaliar o seu desempenho, visando obter materiais produtivos a serem recomendados aos pequenos e médios produtores rurais da região a longo prazo, preservando a diversidade genética local. O primeiro experimento foi instalado no campo experimental da Universidade Federal do Acre, e compreendeu um período de 4 meses, de outubro de 2019 a fevereiro de 2020. Utilizou-se 4 variedades crioulas de milho, provenientes da Terra Indígena Kaxinawá de Nova Olinda. Foram separadas 580 sementes de cada variedade e em seguida misturadas para compor a população, sendo plantadas um total de 2320 sementes para a obtenção mínima de 1600 plantas. O segundo experimento foi realizado no mesmo local. Foram avaliadas 10 famílias de milho crioulo provenientes de seleção massal, em blocos casualizados, com duas repetições, por um período de 4 meses, de dezembro de 2020 a março de 2021. Em ambos os estudos foram avaliadas as características agronômicas e produtivas. Foi constatada a existência de alta variabilidade genotípica para todas as características agronômicas avaliadas. A seleção massal mostrou-se altamente eficiente em selecionar indivíduos produtivos e com características desejáveis para futuros ciclos de melhoramento. Os caracteres número de grãos por fileira, massa de espiga e massa de grãos total apresentaram altos valores de ganho e de resposta correlacionada, mostrando-se favoráveis à seleção. A intensidade de seleção de 50% entre e 50% dentro de famílias mostrou-se adequada, uma vez que apresentou ganhos de seleção expressivos e boa quantidade de indivíduos selecionados. As famílias crioulas 2, 3, 4, 6 e 10 foram as mais produtivas e promissoras para a seleção dos caracteres estudados.

Palavras-chave: Milho crioulo. Variabilidade genética. Métodos de melhoramento.

ABSTRACT

In Acre, maize cultivation is still carried out predominantly by small and medium-sized rural producers, using traditional or creole varieties from the region. Among the selection methods used in the maize crop, mass selection and individual selection among and within families stand out. The objective of this work was to apply mass and individual selection methods in landraces of maize and evaluate their performance, aiming to obtain productive materials to be recommended to small and medium rural producers in the region in the long term, preserving the local genetic diversity. The first experiment was installed in the experimental field of the Federal University of Acre, and comprised a period of 4 months, from October 2019 to February 2020. Four landraces of maize from the Indigenous Land Kaxinawá de Nova Olinda were used. 580 seeds of each variety were separated and then mixed to compose the population, being planted a total of 2320 seeds to obtain a minimum of 1600 plants. The second experiment was carried out at the same location. Ten families of creole maize from mass selection were evaluated, in randomized blocks, with two replications, for a period of 4 months, from December 2020 to March 2021. In both studies, the agronomic and productive characteristics were evaluated. The existence of high genotypic variability was found for all agronomic traits evaluated. Mass selection proved to be highly efficient in selecting productive individuals with desirable characteristics for future breeding cycles. The characters number of grains per row, ear mass and total grain mass showed high values of gain and correlated response, proving to be favorable for selection. The selection intensity of 50% between and 50% within families proved to be adequate, as it presented expressive selection gains and a good number of selected individuals. Creole families 2, 3, 4, 6 and 10 were the most productive and promising for the selection of the studied characters.

Keywords: Creole corn. Genetic variability. Improvement methods.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

- Figura 1** - Dados climáticos mensais de precipitação, temperatura e umidade relativa do ar durante o período de condução do experimento I. Rio Branco, UFAC, 2019..... 40
- Figura 2** - Representação esquemática do experimento I, com quatro variedades de milho crioulo (V1, V2, V3 e V4) distribuídas aleatoriamente em 23 linhas de plantio, formando uma população heterogênea. Rio Branco, UFAC, 2019 41

CAPÍTULO II

- Figura 1** - Dados climáticos mensais de precipitação, temperatura e umidade relativa do ar durante o período de condução do experimento II. Rio Branco, UFAC, 2020 58
- Figura 2** - Representação esquemática do experimento II em blocos casualizados (DBC), utilizando 10 famílias de milho crioulo, com 2 blocos. Rio Branco, UFAC, 2020 59
- Figura 3** - Médias de produtividade (PROD) para 10 famílias de milho crioulo. Rio Branco, UFAC, 202176

LISTA DE QUADROS

CAPÍTULO I

- Quadro 1** - Resultados químicos da análise de solo da área experimental, com amostras de solo coletadas na profundidade de 0 a 20 cm. Rio Branco, UFAC, 201941
- Quadro 2** - Variáveis, intervalos de seleção e pontuações utilizados para a seleção massal de genótipos superiores. Rio Branco, UFAC, 202043

CAPÍTULO II

- Quadro 1** - Número de famílias de milho crioulo, e suas respectivas plantas originárias, obtidas por seleção massal durante o experimento I. Rio Branco, UFAC, 2020.....59
- Quadro 2** - Indivíduos selecionados por família para seleção individual entre e dentro (ED) com a intensidade de 50% entre e 50% dentro para caracteres avaliados em progênies de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.....75

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

- Tabela 1** - Análise estatística descritiva correspondente aos valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional (s), coeficiente de variação (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct) e teste de Shapiro-Wilk (SW) referentes aos caracteres avaliados para a população inicial de plantas. Rio Branco, UFAC, 202044
- Tabela 2** - Análise estatística descritiva correspondente aos valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional (s), coeficiente de variação (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct) e teste de Shapiro-Wilk (SW) referentes aos caracteres avaliados para a população de plantas selecionadas. Rio Branco, UFAC, 202046
- Tabela 3** - Correlações de Pearson entre os caracteres para as populações inicial (PI) e selecionada (PS). AP: altura de planta. IE: altura de inserção da espiga. DC: diâmetro do colmo. CE: comprimento de espiga. DE: diâmetro de espiga. NF: número de fileiras. NGF: número de grãos por fileira. ME: massa de espiga. MGT: massa de grãos total. Rio Branco, UFAC, 202047

CAPÍTULO II

- Tabela 1** - Esquema da análise de variância para experimentos em blocos ao acaso com informações entre e dentro de parcelas. Rio Branco, UFAC, 202161
- Tabela 2** - Resumo da análise de variância para os caracteres avaliados em famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.....65
- Tabela 3** - Estimativas das variâncias em virtude do efeito do bloco (σ_b^2), genética entre médias das famílias (σ_{ge}^2), genotípica dentro de famílias (σ_{gd}^2), fenotípica dentro de famílias (σ_{fd}^2), ambiental entre as parcelas (σ_{ee}^2) e fenotípica total, estimados para caracteres em estudo de famílias de milho crioulo. Rio Branco, UFAC, 2021.....67
- Tabela 4** - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), de indivíduos dentro de famílias (h_d^2), dos indivíduos no bloco (h_b^2) e no experimento (h_e^2), estimado para variáveis em famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.....68
- Tabela 5** - Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), ambiental (CV_a), e da relação entre os coeficientes de variação genéticos entre famílias e ambiental (CV_{ge}/CV_a) e dentro de família e ambiental (CV_{gd}/CV_a), para famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021..... 70

- Tabela 6** - Ganhos por seleção entre (GS_e), dentro (GS_d) e entre e dentro (GS_{ed}) estimados pelos métodos de seleção entre e dentro (ED) e massal estratificada (ME) em caracteres de famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.....72
- Tabela 7** - Ganhos por seleção entre (GSe), dentro (GSd) e entre e dentro ($GSed$) em percentagem (%), estimados pelos métodos de seleção entre e dentro (ED) e massal estratificada (ME) em caracteres de famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.....72
- Tabela 8** - Famílias de milho crioulo selecionadas pelos métodos de seleção entre e dentro (ED) e massal estratificada (ME), com intensidade de seleção (i) = 50%. Rio Branco, UFAC, 2021.....74

LISTA DE APÊNDICES

- Apêndice A** - Plantas obtidas por seleção massal no experimento I, aplicando-se $i = 20\%$. Rio Branco, UFAC, 2021.....85
- Apêndice B** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável altura de planta (AP) da população selecionada 89
- Apêndice C** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável altura de inserção de espiga (IE) da população selecionada 89
- Apêndice D** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável comprimento de espiga (CE) da população selecionada 89
- Apêndice E** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável diâmetro de espiga (DE) da população selecionada 90
- Apêndice F** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável diâmetro de colmo (DC) da população selecionada ... 90
- Apêndice G** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável número de fileiras (NF) da população selecionada ... 90
- Apêndice H** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável número de grãos por fileira (NGF) da população selecionada 91
- Apêndice I** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável massa de espiga (ME) da população selecionada 91
- Apêndice J** - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável massa de grãos total (MGT) da população selecionada 91

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	15
2 REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1 ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS DA CULTURA	17
2.2 ASPECTOS PRODUTIVOS DO MILHO.....	18
2.3 CULTIVO DO MILHO NO ACRE	20
2.4 VARIEDADES TRADICIONAIS OU CRIOULAS	22
2.5 SELEÇÃO MASSAL EM MILHO	24
2.6 SELEÇÃO INDIVIDUAL ENTRE E DENTRO EM MILHO.....	26
REFERÊNCIAS	28
3 CAPÍTULO I	35
PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO MASSAL EM VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO	35
RESUMO	36
ABSTRACT	37
1 INTRODUÇÃO	38
2 MATERIAL E MÉTODOS	40
2.1 CARACTERIZAÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO	40
2.2 CARACTERES AVALIADOS.....	42
2.3 SELEÇÃO MASSAL.....	43
2.4 ANÁLISE ESTATÍSTICA.....	43
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	44
4 CONCLUSÕES	50
REFERÊNCIAS	51
4 CAPÍTULO II	53
SELEÇÃO ENTRE E DENTRO EM VARIEDADES DE MILHO CRIOULO	53
RESUMO	54
ABSTRACT	55
1 INTRODUÇÃO	56
2 MATERIAL E MÉTODOS	58
2.1 CARACTERIZAÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO	58
2.2 CARACTERES AVALIADOS.....	60
2.3 ANÁLISE DE VARIÂNCIA.....	61

2.4 COMPONENTES DE VARIÂNCIA	61
2.5 COEFICIENTES DE HERDABILIDADE	62
2.6 GANHOS POR SELEÇÃO	62
2.6.1 Seleção individual entre e dentro	62
2.6.1.1 Ganho por seleção entre famílias	63
2.6.1.2 Ganho por seleção dentro de famílias	63
2.6.1.3 Ganho por seleção entre e dentro de famílias	63
2.6.2 Ganho por seleção massal estratificada entre famílias.....	63
2.6.3 Ganho por seleção massal estratificada dentro de famílias.....	64
2.6.4 Ganho por seleção massal estratificada entre e dentro de famílias.....	64
2.7 COEFICIENTES DE VARIAÇÃO	64
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	65
3.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA.....	65
3.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	66
3.2.1 Estimativas das variâncias genética, fenotípica e ambiental	66
3.2.2 Estimativas de herdabilidade.....	68
3.2.3 Estimativas dos coeficientes de variação	69
3.3 GANHOS POR SELEÇÃO	71
3.4 PRODUTIVIDADE.....	75
4 CONCLUSÕES.....	78
REFERÊNCIAS	79
APÊNDICES	84

1 INTRODUÇÃO GERAL

Os avanços das técnicas de melhoramento vegetal ao longo das últimas duas décadas foram constantes. Foi possível o lançamento de grande variedade de materiais com características morfo-agronômicas de interesse comercial nos últimos anos, possibilitando a nível nacional, o aumento da produtividade média das lavouras, tornando-se o Brasil um dos maiores produtores de milho do mundo (VENCOVSKY et al., 1988).

Atualmente os cultivares de milho utilizados comercialmente são em sua quase totalidade híbridos, com a produção de uma espiga por planta e plantios realizados em grandes densidades, aproximadamente 60 mil plantas por hectare (GALVÃO et al., 2014). A transgenia foi intensamente aplicada para a melhoria das características agronômicas do cereal, com grande risco de contaminação genética da biodiversidade local, representada por plantas da mesma espécie ou ancestrais das cultivares domesticadas (ALVES et al., 2015; ARAÚJO; MERCADANTE, 1999).

O custo de sementes de milho (híbridas e transgênicas) é alto e crescente, principalmente para os agricultores familiares. O desenvolvimento e conservação de variedades crioulas, sob a perspectiva da agricultura, caracteriza o que se conceitua como agrobiodiversidade, a qual promove, no âmbito da agricultura familiar, a existência não apenas de segurança alimentar e nutricional, mas também a sua soberania alimentar, benefício que se estende à segurança alimentar de toda a sociedade (EICHOLZ et al., 2018).

As variedades crioulas de milho são conservadas por agricultores que ao longo de gerações, adquirem importantes conhecimentos sobre esse patrimônio, estabelecendo vínculos afetivos fortes com estas sementes, percebidos pelas denominações que se referem a elas: sementes da Paixão na Paraíba, sementes Fortaleza no Espírito Santo e sementes da Resistência em Alagoas, por exemplo (ELTETO, 2019).

No Acre o cultivo do milho ainda é realizado predominantemente por pequenos e médios produtores rurais, com a utilização de variedades tradicionais ou crioulas procedentes da região. No entanto, há tendência de crescimento da área plantada com cultivares comerciais, desenvolvidas principalmente por empresas do setor privado e pela Embrapa. A adoção de novas tecnologias de plantio, manejo e processamento, aliada à conservação dos recursos naturais existentes constituem estratégia fundamental para alcançar maior produtividade sem abrir mão da agrobiodiversidade local de milho.

Por essa razão, a adoção de métodos de melhoramento eficientes em variedades crioulas de milho constitui importante vetor de variabilidade em futuros programas de melhoramento vegetal, diante da fragmentação genética das cultivares comerciais hoje utilizadas. Desta forma, torna-se essencial a obtenção de genótipos capazes de associar boa produtividade com resistência e tolerância a pragas, doenças ou condições climáticas adversas, sem abrir mão da variabilidade genética dos genótipos crioulos, largamente utilizados até os dias de hoje, principalmente por populações nativas, como indígenas, ribeirinhos e quilombolas, além dos pequenos agricultores familiares.

Entre os métodos de seleção empregados na cultura do milho destacam-se a seleção massal e seleção individual entre e dentro de famílias. A seleção massal é o método de melhoramento mais antigo, baseando-se na escolha de genótipos agronomicamente superiores e sua posterior recombinação (FERRÃO et al., 1995). A seleção individual entre e dentro por sua vez, permite identificar as melhores famílias, e dentro destas, os melhores genótipos em um teste de progênie (NUNES, 2006).

Entre os estudos pioneiros com seleção massal em milho, destaca-se o de C. G. Hopkins (Universidade de Illinois), iniciado em 1896 com o objetivo de aumentar o teor de óleo nos grãos, ainda em progresso nos dias atuais, após mais de um século (ROSULJ et al., 2002).

Para a seleção em milho, as famílias de meio-irmãos (FMI) são muito utilizadas, devido à sua facilidade de manejo e eficiência em incrementar a frequência de genes favoráveis na população (GRANATE et al., 2001; VIANA, 2007). Entre suas muitas vantagens, a seleção com base nestes genótipos selecionados permite recompor a variabilidade para os próximos ciclos e resgatar a condição de equilíbrio perdida com a seleção (COLOMBO et al., 2014; AMARAL JÚNIOR et al., 2010).

Diante da escassez de estudos relacionados, a aplicação de técnicas de melhoramento em populações de milho crioulo permite não somente conhecer e explorar as ricas fontes de variabilidade genética dos genótipos crioulos originários da região amazônica, como também a avaliação de seu comportamento e desempenho em condições edafoclimáticas de interesse e com técnicas de manejo previamente definidas, permitindo a seleção dos indivíduos superiores (BENTO et al., 2003).

Neste sentido, o objetivo desse trabalho foi aplicar os métodos de seleção massal e individual em quatro variedades crioulas de milho do Acre.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Nativa e considerada uma planta emblemática do continente americano, o milho (*Zea mays* L.) possibilitou a conexão entre diferentes povos e promoveu o desenvolvimento e a sustentação de numerosas civilizações ao longo da história (COSTA et al., 2020). No Brasil a cultura vem passando por grandes transformações nos últimos anos, com importantes mudanças no manejo e tratamentos culturais, resultando em aumentos significativos na produtividade de grãos (VON PINHO et al., 2009). Diante da importância da temática, serão abordados nos próximos subitens temas relacionados aos objetivos deste trabalho: aspectos socioeconômicos e produtivos do milho, cultivo no Acre, variedades crioulas de milho e seleção massal e individual aplicadas à cultura.

2.1 ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS DA CULTURA

O milho é largamente cultivado e consumido em todo o mundo, com uma produção anual de 600 milhões de toneladas, sendo desta forma o terceiro cereal mais cultivado globalmente, superado somente pelas culturas do trigo e do arroz (CANCELLIER et al., 2011). O milho tem contribuído principalmente na alimentação animal, sendo o principal ingrediente energético destinado à nutrição de não ruminantes, como aves e suínos, devido a características como: alta digestibilidade de nutrientes, ausência de fatores antinutricionais e elevada produtividade de grãos (ALVES et al., 2015), assumindo, portanto, relevante papel socioeconômico.

Sendo um cereal que apresenta grande diversidade de utilização na alimentação humana e animal, o milho possui mais de 500 derivados, que se prestam a diversos empregos na indústria, tais como as de química, alimentícia, mecânica, bebidas e rações, entre outras (NUNES et al., 2014). A cadeia produtiva do milho é uma das mais importantes do agronegócio brasileiro, respondendo sozinho por 37% da produção nacional de grãos, reforçando desta forma o grande potencial do setor, que ainda apresenta muitas dificuldades, como a falta de clareza dos preços, a escassez de investimentos privados, problemas de comercialização e baixa produtividade (CALDARELLI; BACCHI, 2012).

Devido a sua composição nutricional rica e variada, o milho é uma importante fonte alimentar em países subdesenvolvidos, sendo os seus derivados de suma importância para as populações locais, que a partir do grão obtêm fubá, canjica, óleo, amido e farinha de milho, alimentos muito populares regionalmente (GIACOMELLI et al., 2012).

De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2021), a produção nacional de milho para a safra 2020/2021 será recorde, alcançando a marca de 108,068 mil toneladas, em uma área plantada de 19,495 mil hectares, com produtividade média estimada em 5.543 kg/ha. Ainda segundo a Companhia, projeta-se uma demanda doméstica de 72,9 milhões de toneladas do grão para a mesma safra, um aumento de 6,2% comparado ao período anterior; as exportações por sua vez deverão ser da ordem de 35 milhões de toneladas. No Brasil, a cultura está presente em todo o território nacional.

2.2 ASPECTOS PRODUTIVOS DO MILHO

A época de semeadura do milho é determinada pelas variações dos fatores ambientais, que exercem grande influência sobre o desenvolvimento fenológico da cultura (FHORSTHOFER et al., 2004). Os estádios fenológicos estão diretamente correlacionados com o modelo de crescimento sigmóide para a maioria das plantas de lavoura, isto é, o crescimento das plantas é inicialmente lento, aumentando até atingir um platô, quando se estabiliza; genótipos que direcionam maior quantidade de fotoassimilados para a produção de folhas, durante as fases iniciais de crescimento, apresentam maior crescimento inicial (ALMEIDA et al., 2003).

Segundo a metodologia proposta por Ritchie e Hanway (1993), o desenvolvimento das plantas de milho é dividido em dois estádios distintos: vegetativo e reprodutivo. O estágio vegetativo é designado através da letra “V” acrescida a um valor numérico, que faz referência ao número de folhas expandidas até o momento de observação, indo de V1 à Vn (n= número de folhas expandidas antes de VT), citando-se ainda os estágios VE (emergência) e VT (pendoamento). O estágio reprodutivo por sua vez pode ser dividido em seis períodos: embonecamento e polinização (R1), grão bolha (R2), grão leitoso (R3), grão pastoso (R4), grão dentado (R5) e maturação fisiológica (R6).

Fancelli e Dourado Neto (2000) por sua vez, dividem o ciclo de desenvolvimento da cultura em cinco fases distintas: (I) germinação e emergência: entre a semeadura e o aparecimento da plântula, variando entre 4 e 12 dias; (II) crescimento vegetativo: da emissão da segunda folha ao florescimento, com duração influenciada por fatores genotípicos e ambientais; (III) floração: entre o início da polinização e o início da frutificação; (IV) frutificação: estende-se da fecundação ao enchimento dos grãos, com duração de 40 a 60 dias e (V) maturação fisiológica: da frutificação ao aparecimento da “camada preta” na inserção grãos/sabugo.

Os estádios fenológicos da cultura têm servido como ferramenta para estudos de resposta das plantas ao déficit hídrico. A cultura do milho é considerada exigente em água, consumindo em média 600 mm de água ao longo de todo o seu ciclo, não excedendo 2,5 mm/dia nos estádios iniciais de crescimento (CRUZ et al., 2006). Segundo Sousa et al. (2015), a ausência de genótipos tolerantes às secas e a não uniformidade das precipitações, com a ocorrência de veranicos prolongados na fase crítica, comprometem a produção e contribuem para o baixo rendimento da cultura.

De acordo com Bergamaschi et al. (2006) o início da floração e o desenvolvimento da inflorescência correspondem à fase crítica da cultura, quando o déficit hídrico pode ocasionar maior impacto sobre a produtividade da lavoura, ocorrendo redução no crescimento das plantas, diminuição da área foliar e de biomassa. Ainda segundo os autores, o déficit hídrico pode ocasionar danos e perdas em todas as fases de desenvolvimento da cultura, porém em menor intensidade.

Os principais fatores climáticos que podem afetar a cultura do milho são: a radiação solar, temperatura e precipitação (MALDANER et al., 2014). A recomendação e o uso de variedades adaptadas às condições edafoclimáticas para cada área de cultivo é um fator essencial para que o produtor obtenha altas produtividades no desenvolvimento da atividade agrícola, permitindo aperfeiçoar a utilização de germoplasmas de milho para as mais diversas regiões do território nacional ao longo do tempo (HANASHIRO et al., 2013; SZCESNY, 2015).

A disponibilidade hídrica é o fator mais importante para a expressão do rendimento potencial de uma cultura, com a máxima produtividade do milho sendo alcançada quando o consumo de água durante todo o ciclo varia de 500 e 800 mm, exigindo a cultura de 350 a 500 mm para que ocorra a produção sem necessidade de irrigação. O consumo de água raramente excede 3 mm/dia quando a planta apresenta 30 cm de altura; no período que se estende da iniciação floral à maturação, o consumo sobe para valores que variam de 5 a 7 mm/dia (NIED et al., 2005; SILVA et al., 2010).

De acordo como Santana et al. (2012) apesar de a cultura se desenvolver bem em diversos tipos de solo, os mais recomendáveis para o cultivo do milho são os latossolos de textura média, com teores de argila variando entre 30 e 35%, com drenagem eficiente e boa disponibilidade de nutrientes. Ainda conforme os autores, deve-se evitar solos arenosos para cultivo, por apresentarem intensa lixiviação de nutrientes minerais, assim como solos com argilas expansivas do tipo 2:1, por dificultarem o crescimento e desenvolvimento do sistema radicular.

O uso de fertilizantes químicos na adubação de milho é imprescindível para o incremento da produtividade da cultura. O nitrogênio (N) é o nutriente absorvido em maior quantidade pela cultura do milho, alcançando os fertilizantes nitrogenados incontestável importância para o aumento da produção agrícola, existindo, porém, grandes dificuldades na definição de doses econômicas de N para a cultura, especialmente quando grandes produtividades são esperadas (CAIRES; MILLA, 2016).

O nitrogênio é o elemento que mais influencia o desempenho produtivo da cultura, constituindo também importante fator onerante para o custo de produção da mesma (MELO et al., 2011). Fancelli (2010) define a dosagem de 35 a 50 kg/ha de N como ideal para a cultura do milho, devendo ser aplicada nos períodos da semeadura e em cobertura, quando as plantas apresentarem de três a quatro folhas, devendo ser parcelada quando a necessidade de nitrogênio for superior a 150 kg/ha de N, e o solo apresentar altos teores de argilas expansivas, isto é, acima de 35%.

No Brasil, os solos cultivados com milho geralmente apresentam baixos teores de fósforo, e alta capacidade de retenção do mesmo, levando à aplicação de grandes quantidades de adubos fosfatados, quando a real demanda da cultura é de apenas 10 kg/ha de P_2O_5 por tonelada de grãos produzidos. Este valor é parecido quando comparadas as produções de milho de forragem e granífero, com 80% do fósforo disponível é absorvido pela cultura (NOVAIS et al., 2007; COELHO; ALVES, 2004).

Em milho recomenda-se a aplicação de adubos potássicos a medida em que as plantas se desenvolvem, visando reduzir perdas no sistema e aumentar sua eficiência de utilização, apresentando as plantas demanda de potássio inicial elevada, quando acumulam 40% de todo o K necessário para o seu desenvolvimento em apenas 52 dias após a emergência (RABÊLO et al., 2013; KARLEN et al., 1988).

2.3 CULTIVO DE MILHO NO ACRE

Segundo dados da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2020), a área cultivada com milho na primeira safra (estação das águas) no Acre foi de 32,9 mil hectares na safra 2019/2020, com produtividade média de 2.417 kg ha⁻¹ e produção total de 79,5 mil toneladas. Para o milho na segunda safra (safrinha), a Companhia estimou uma produção significativamente menor, 4,1 mil toneladas, em uma área de 2 mil hectares, com produtividade média de 2.050 kg ha⁻¹ para a safra 2019/2020.

A área cultivada com o grão no Estado apresentou grande expansão na última década, seguindo uma tendência global de crescimento da produção. Este processo pode ser explicado pelos esforços do governo local em incentivar a suinocultura, avicultura e piscicultura, assim como a consorciação desta cultura com pastagens em sistemas ILP, verificando-se também, a reestruturação da estrutura armazenadora, com a instalação de silos graneleiros verticais em municípios com aptidão agrícola mais adequada (QUEIROZ et al., 2015).

No Acre a produção de milho ocorre principalmente em estabelecimentos agrícolas compostos por pequenos e médios produtores rurais, que utilizam técnicas com baixo nível de tecnificação, dificultando desta maneira o suprimento da demanda interna, crescente nos últimos anos. A regional do Juruá, por exemplo, apresenta uma demanda de 26 mil sacas de milho por ano, atendida pela importação da Região Centro-Oeste, o que contribui para o aumento dos preços no Estado acima da média nacional. Para suprir esta demanda crescente seria necessário a produção local baseada em uma área cultivada de somente 390 hectares, com uma produtividade média de 80 sacas/ha (COSTA et al., 2014; KLEIN; COSTA, 2016).

De acordo com Cruz (2019) as culturas anuais como o milho no Acre e na Região Norte têm potencial para ultrapassar a média nacional, com produtividades da ordem de 5.000 a 6.000 kg ha⁻¹ tendo sido relatadas por agricultores extensionistas do Estado.

Bravin e Oliveira (2014) estudando o desempenho agrônômico de milho e capim xaraés em consórcio, cultivados em plantio direto e convencional, com a aplicação de diferentes doses de N em cobertura, obtiveram rendimentos médios de até 7.985 kg ha⁻¹. Estes fatores demonstram o grande potencial produtivo da cultura nas condições edafoclimáticas locais, e a necessidade da adoção de práticas de manejo adequadas pelos agricultores locais (COSTA et al., 2014).

Os Latossolos, que totalizam 515 mil hectares e representam aproximadamente 3,15% da área do Estado, são os mais recomendáveis para o cultivo do milho, em função de sua característica topográfica plana a suave ondulada. Estas características facilitam os processos de mecanização da lavoura, que aliado à boa drenagem natural inerente a estes solos, e a grande profundidade do perfil, resulta em condições ideais para o livre trânsito de máquinas agrícolas (AMARAL et al., 2013).

Verifica-se a presença de Latossolos, de maneira especial, no Leste do Estado, ocupando a quase totalidade dos municípios de Capixaba, Plácido de Castro e

Acrelândia (ACRE, 2017). Ocorrem manchas esparsas de latossolos também nos municípios de Rio Branco, Senador Guiomard e Brasiléia, em áreas de relevo relativamente plano e suave, que constituem a nova fronteira de expansão do agronegócio no Acre (OLIVEIRA; ALVARENGA, 1985).

O Zoneamento Agrícola de Risco Climático para a cultura do milho no Acre para o ano agrícola 2018/2019 (MAPA, 2018) indica cultivares para o plantio no Estado, dividindo-as em três grupos, que vão do cultivar CR 101 (Criagene, grupo I), a cultivar AGR1320 (Tripogene, grupo II), não havendo cultivar para o Acre com enquadramento no grupo III. Costa e Campos (1990) recomendaram dez cultivares de milho para o Estado, sendo seis híbridos duplos e quatro variedades de polinização aberta, recomendando os autores o plantio destes materiais entre os meses de setembro e outubro, obedecendo os espaçamentos de 1,0 m x 0,20 m para plantio mecanizado e 1,0 m x 0,40 m para plantio manual, deixando-se duas plantas por cova.

Segundo Lima (2020) o espaçamento de 90 cm entrelinhas é bastante usual na região, não havendo grandes variações; os espaçamentos reduzidos estão caindo em desuso localmente, exceto por alguns produtores que adotam 45 cm entre as linhas de plantio. Nascimento (2018), trabalhando com três híbridos de milho em diferentes espaçamentos no município de Senador Guiomard/AC, obteve valores de produtividade que variaram de 7.529 a 12.806 kg ha⁻¹, com o espaçamento de 40 cm apresentando rendimento superior ($p < 0,05$), quando comparado ao espaçamento de 95 cm.

Os pequenos produtores rurais são responsáveis por 77% da produção estadual de milho, concentrada em mais de 10.000 pequenos estabelecimentos familiares, com o armazenamento dos grãos ocorrendo em pequenos paióis e depósitos. O Estado possui seis silos graneleiros, com capacidade de armazenamento de 25.350 toneladas, o que representa cerca de 23% da produção anual do grão (IBGE, 2006; SEAP, 2017).

Lima (2020) avaliando a eficiência do programa de melhoramento de milho da Embrapa Acre, observou eficiência na seleção de cultivares estáveis e produtivas para a região. Segundo a autora, os genótipos BRS 1055 e HTMS-SP1 apresentam ótima estabilidade e performance produtiva, podendo ser uma alternativa de cultivo para os produtores de milho do Estado.

2.4 VARIEDADES TRADICIONAIS OU CRIOULAS

Crioulas são sementes de variedades alimentares, usadas pela humanidade ao longo do tempo, que evoluíram de acordo com a seleção dos agricultores, ao

ambiente, às práticas agrícolas e costumes, resultando em diferentes formas, tamanhos, brilhos e cores. Tradições, danças e pratos típicos têm relação com algumas espécies de sementes crioulas, que sofreram influência da seleção dos agricultores em características nutricionais e funcionais do alimento, além do sabor (EICHOLZ et al., 2018).

Segundo Cabrera et al. (2020) as variedades crioulas existem desde o início da agricultura e são resultado da seleção de agricultores, das formas de produção e do ambiente em que são cultivadas. Ainda segundo os autores, estas possuem um valor intrínseco e um valor de uso. O primeiro se refere ao valor como elemento cultural e de identidade, o segundo ao valor comercial em suas diferentes aplicações.

De acordo com Varela (2020), os milhos indígenas cultivados pelos índios *Guarani, Kaingang, Tupi*, entre outros, tiveram grande importância no atual melhoramento genético da cultura. Ainda segundo a autora, existem muitas características de interesse agrônomo nas raças indígenas de milho, que podem ser incorporadas com sucesso ao programa de melhoramento. Estes compreendem desde fatores nutricionais a fontes de resistência a pragas e doenças ou adaptações a condições ambientais específicas (VARELA, 2020).

Segundo Abreu et al. (2007) entende-se que tecnologias como o uso de variedades crioulas, além do baixo custo, são as melhores alternativas para a sustentabilidade de pequenos produtores rurais. O melhoramento destas variedades pode ser feito nas propriedades pelos próprios agricultores, que detêm um enorme conhecimento destes materiais tradicionais, repassado de geração em geração.

Além do baixo custo de produção, o uso de variedades crioulas de milho permite maior independência do produtor no sistema produtivo em relação à necessidade de aquisição de sementes (SARAIVA et al., 2019). Estes resgatam anualmente as suas próprias sementes, obtendo plantas selecionadas nas condições edafoclimáticas impostas pelo seu próprio nível socioeconômico, ocasionando um melhoramento da variedade de milho localmente cultivada ao longo de vários anos (ABREU et al., 2007).

Na literatura é possível identificar vários estudos com foco no melhoramento de variedades crioulas de milho. Batista et al. (2020) por exemplo, estudando a viabilidade econômica de diferentes variedades de milho de polinização aberta cultivadas em sistema familiar e em condições de baixo/médio nível tecnológico no oeste de Goiás, observaram boa produtividade para a variedade crioula SCS156 Colorado, mostrando ser seu cultivo economicamente mais atrativo que a cultivar híbrida Supremo Viptera 3 da Syngenta, testada nas mesmas condições experimentais.

Silveira et al. (2015) em trabalho visando estudar o desempenho e caracterizar descritores de genótipos de 16 variedades de milho crioulo resultantes de processos de resgate e multiplicação de sementes realizados por agricultores agroecológicos do Rio Grande do Sul, observaram boa eficiência na fixação de características morfológicas que diferenciam os genótipos em questão, assim como a ampla variabilidade dos mesmos.

Bianchetto et al. (2017) avaliando o potencial produtivo de duas variedades de milho crioulo (Roxo e Bico de Ouro) e um híbrido (Agroeste AS-1551) submetidos a dois diferentes níveis de adubação no Sul do Brasil, obtiveram produtividades médias que variaram de 5.882 a 7.179 kg/ha entre os tratamentos. As variedades crioulas estudadas apresentaram desempenho agrônomo semelhante ao híbrido em condições de baixa fertilidade do solo, mostrando-se uma alternativa de renda e produção alimentar para os pequenos produtores rurais.

Em trabalho visando avaliar o potencial produtivo e a divergência genética em 16 genótipos de milho, entre híbridos e populações crioulas e de paiol resgatadas no sudeste de Minas Gerais, Coimbra et al. (2010) observaram diferenças significativas entre os genótipos estudados para a maioria dos descritores quantitativos utilizados, deixando clara a existência de alta variabilidade genética entre as populações locais de milho, que podem constituir excelentes fontes de germoplasma para a busca de alelos favoráveis e adaptados à região.

Ferreira et al. (2009) em trabalho objetivando determinar o potencial genético individual e em cruzamentos de 30 populações de milho crioulo em dois locais no centro-sul do Paraná, e identificar populações para a síntese de compostos e a seleção intrapopulacional para sistemas de agricultura familiar, observaram bom desempenho das variedades crioulas Palha Roxa, Milho Sem Nome e Comum Antigo x Sabugo Fino para a seleção recorrente intrapopulacional, assim como para a síntese de compostos e capacidade de combinação geral para produtividade.

Saraiva et al. (2019) avaliando o desempenho agrônomo de genótipos de milho crioulo, variedades melhoradas e comerciais para o cultivo em Couto Magalhães de Minas - MG, observaram desenvolvimento e produtividade de grãos similares dos genótipos crioulos CR3, CR4 e CR5 quando comparados às variedades UFVM 200 (comercial) e Piranão (polinização aberta), superando assim a média nacional do ano safra e mostrando desempenhos agrônômicos satisfatórios para o Vale do Jequitinhonha.

2.5 SELEÇÃO MASSAL EM MILHO

A seleção massal é o método de melhoramento mais antigo da história da humanidade; é utilizado pelos agricultores ao longo de milhares de anos, ocorrendo quando estes escolhiam visualmente as melhores espigas/plantas para darem origem à geração seguinte (BESPALHOK et al. 2016). É considerado um dos métodos mais simples a ser empregado e de baixo custo para implementação e manejo (ASSUNÇÃO, 2014).

Segundo Borém e Miranda (2013) a seleção massal é um método que consiste na seleção de grande número de indivíduos, com características fenotípicas semelhantes, colhidos em conjunto para constituir a geração seguinte. Ainda segundo o autor, a idéia principal do método é, por meio da escolha dos melhores fenótipos, melhorar a média geral da população com a reunião dos seus fenótipos superiores. A seleção só é eficiente se recair em populações heterogêneas, constituídas por indivíduos heterozigóticos, no caso de espécies alógamas.

De acordo com Abreu (2010) além da facilidade de condução e da rapidez de cada ciclo seletivo, a seleção massal apresenta três vantagens principais: a) torna possível aplicar uma forte intensidade de seleção (maior i), a duração da seleção é feita em apenas uma geração; b) a proporção da variância aditiva, ou seja, o controle parental é de $\frac{1}{2}$, quando a seleção é realizada após a polinização, e de 1, se realizada antes, com a eliminação de plantas não selecionadas, impedindo que estas passem seus alelos à próxima geração; c) a seleção massal explora maior proporção da variância aditiva, quando comparada à grande maioria dos procedimentos que utilizam teste de progênie.

Diante da dificuldade da seleção massal em identificar os melhores genótipos por meio do fenótipo, em razão da variação ambiental, Gardner (1961) propôs uma alteração da metodologia clássica, visando aumentar a eficiência do método por meio da redução do efeito ambiental, propondo o que conhecemos hoje como seleção massal estratificada (SME). Este método consiste em dividir o campo experimental em parcelas ou estratos e selecionar as plantas individualmente em cada estrato, aumentando a eficiência da seleção, uma vez que cada estrato representa uma unidade seletiva independente (ABREU, 2010).

Na literatura é possível identificar vários estudos com foco no melhoramento de milho através do método de seleção massal. Nascimento et al. (2014) por exemplo, realizando a seleção massal em duas variedades de milho crioulo no sul do Piauí,

observaram boa eficiência para o método, em razão da alta variabilidade encontrada para os caracteres estudados (altura de planta, altura de espiga, massa de espiga e massa de grão). Somente a variedade Palha Roxa proveniente de São Paulo respondeu à seleção, em função da amplitude de variação, sendo indicada para os agricultores familiares com baixo emprego de tecnologia da região.

Bento et al. (2003) em trabalho visando comprovar a eficiência da seleção massal para prolificidade, e verificar a relação desta com a densidade de semeadura, assim como a viabilidade da condução de dois ciclos seletivos por ano agrícola em milho do Composto Nacional CMS 39 da Embrapa no sul de Minas Gerais, observaram baixo incremento da prolificidade com a seleção, pequena variação positiva para a altura e ciclo vegetativo das plantas, o que é indesejável, e independência da prolificidade em relação a densidade de semeadura empregada.

Machado et al. (2011) avaliando em ambientes distintos 14 variedades de milho oriundas de diferentes métodos de melhoramento, entre eles a seleção massal, observaram alto potencial de adaptação a sistemas agroecológicos das variedades Eldorado, Fortaleza, MC 20, MC 50 e MC 60. Estas últimas construídas através de cruzamento dialélicos parciais. Obtidas com no mínimo três ciclos de seleção massal ao longo de vários anos, estas variedades apresentaram potencial para serem utilizadas de imediato por agricultores e incorporadas em programas de melhoramento genético participativo, e que visam a eficiência no uso do potássio e do fósforo.

Em trabalho visando avaliar a emergência e o vigor das sementes em matrizes das variedades de milho crioulo Paulistão e Pé de Boi, Rocha et al. (2018) aplicando a seleção massal ou fenotípica com intensidade de 10% na população em estudo, observaram melhores resultados da variedade Pé de Boi para a maioria dos caracteres estudados (altura de planta, comprimento de radículas, massa seca e índice de velocidade de emergência). A variedade Paulistão por sua vez, apresentou média de 100 sementes superior à do Pé de Boi, implicando em maior volume de sementes.

2.5 SELEÇÃO INDIVIDUAL ENTRE E DENTRO EM MILHO

Existem vários métodos de seleção genética, alguns complementares, outros concorrentes. A escolha depende das magnitudes e sentidos dos ganhos genéticos conseguidos e da facilidade de aplicação dos mesmos. Entre estes métodos, a seleção entre e dentro de famílias surge como uma alternativa interessante, uma vez que permite a seleção tanto das melhores famílias quanto dos melhores indivíduos dentro das famílias (MARTINS et al., 2005).

Além de ser o método de melhoramento intrapopulacional mais utilizado, por ser simples, rápido e eficiente, a seleção entre e dentro de famílias possibilita a realização de um ciclo de seleção por ano (MATTA; VIANA, 2003; KIST, 2006). Porém, o fato de não permitir que indivíduos superiores de famílias com desempenho intermediário, bem como indivíduos de desempenho intermediário de famílias superiores sejam incluídos na recombinação para compor a população melhorada é uma das principais críticas dirigidas a este método (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

De acordo com Rosado (2003) este método de seleção consiste, inicialmente, em selecionar ou rejeitar famílias inteiras, levando em conta o desvio do valor da família em relação ao valor fenotípico médio da população. Ainda segundo o autor, uma vez fixadas as famílias selecionadas, efetua-se a seleção dentro delas, levando em conta o desvio do valor fenotípico de cada indivíduo em relação ao valor fenotípico médio da família.

Na literatura é possível identificar vários estudos com foco no melhoramento de milho através do método de seleção individual entre e dentro. Lemos et al. (1990) realizaram seleção individual entre e dentro em famílias de meio-irmãos de milho dentado composto. Os autores observaram alta variabilidade genética para os genótipos estudados, obtendo ganhos de seleção que variaram de 1,95% para resistência a *Spodoptera frugiperda*, a 65,71% para número de espigas mal espalhadas. O estudo indicou ser a população estudada potencialmente promissora para ser explorada visando à continuidade do programa de melhoramento.

Packer (1991), em trabalho visando avaliar o progresso alcançado, assim como a eficiência da seleção entre e dentro em famílias de meio-irmãos com sementes remanescentes, na população de milho ESALQ VD 2 wx, observou eficiência do método para aumentar a produtividade de grãos e diminuir o porte de plantas e a altura de inserção das espigas para a população em estudo, comparável a híbridos comerciais após dois ciclos completos de seleção.

Carvalho et al. (2000), em trabalho visando a obtenção de variedades de milho produtivas e adaptadas às condições edafoclimáticas do Nordeste brasileiro, realizaram três ciclos de seleção entre e dentro em progênies de meio-irmãos de milho CMS-453 da Embrapa, no município de Aracaju, SE. Os autores observaram alta capacidade produtiva da população em estudo, evidenciada pelas magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos e ganhos de seleção entre e dentro, que variaram de 11,62 a 3,00%.

REFERÊNCIAS

- ABREU, G. B. **Estratégias visando à melhoria da seleção massal**. 2010. 67f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.
- ABREU, L. de; CANSI, E.; JURIATTI, C. Avaliação do rendimento socio-econômico de variedades crioulas e híbridos comerciais de milho na microregião de Chapecó. **Revista Brasileira de Agroecologia**, Pelotas, v. 2, n. 1, p. 1-4, 2007.
- ACRE. Governo do Estado. **Acre em Números 2017**. Rio Branco: SEPLAN, 2017.
- ALMEIDA, M. L. de; SANGOI, L.; NAVA, I. C.; GALIO, J.; TRENTIN, P. S.; RAMPAZZO, C. Crescimento inicial de milho e sua relação com o rendimento de grãos. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 33, n. 2, p. 189-194, 2003.
- ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L. P. da. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 45, n. 5, p. 884-891, 2015.
- AMARAL, E. F. do; ARAÚJO, E. A. de; LANI, J. L.; RODRIGUES, T. E.; OLIVEIRA, H. de; MELO, A. W. F. de; AMARAL, E. F.; SILVA, J. R. T. da; RIBEIRO NETO, M. A.; BARDALES, N. G. Ocorrência e distribuição das principais classes de solos do Estado do Acre. In: ANJOS, L. H. C. dos; SILVA, L. M. da; WADT, P. G. S.; LUMBRERAS, J. F.; PEREIRA, M. G. I. (Ed.). **Guia de campo da IX Reunião Brasileira de Classificação e Correlação de Solos: solos sedimentares em sistemas amazônicos - potencialidades e demandas de pesquisa**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. 204 p.
- AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JUNIOR, S.P.; RANGEL, R.M., PENA, G.F.; RIBEIRO, R.M.; MORAIS, R.C.; SCHUELTER, A.R. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 1, p. 340-347, 2010.
- ARAÚJO, J. C. de; MERCADANTE, M. **Produtos transgênicos na agricultura**. Brasília: Consultoria Legislativa - Câmara dos Deputados, 1999. 15p.
- ASSUNÇÃO, M. P. de. **Estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção no maracujazeiro azedo**. 2014. 54f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade do Estado de Mato Grosso, Tangará da Serra, 2014.
- BATISTA, G. S.; VALICHESKI, R. R.; MOURA, J. C.; ALVES, E. M.; VALE, N. K. A. do. Viabilidade econômica do cultivo de milho variedade em propriedade familiar na região do oeste goiano. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v. 6, n. 11, p. 85958-85973, 2020.
- BENTO, D. A. V.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. de. Seleção massal para prolificidade em milho na época normal e na "safrinha". **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 2, n. 3, p. 78-87, 2003.

BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G. A.; COMIRAN, F.; BERGONCI, J. I.; MULLER, A. G.; FRANÇA, S.; SANTOS, A. O.; RADIN, B.; BIANCHI, S.; PEREIRA, P. G. Déficit hídrico e produtividade na cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 2, p. 243-249, 2006.

BESPALHOK FILHO, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de populações por meio de seleção. Cap. 13.** 2016. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/pagina/livro/capitulo%2013.pdf>>. Acesso em: 30/03/2021.

BIANCHETTO, R.; FONTANIVE, D. E.; CEZIMBRA, J. C. G.; KRYNSKI, A. M.; RAMIRES, M. F.; ANTONIOLLI, Z. I.; SOUZA, E. L. Desempenho Agronômico de Milho Crioulo em Diferentes Níveis de Adubação no Sul do Brasil. **Revista Eletrônica Científica da UERGS**, Porto Alegre, v. 3, n. 3, p. 528-545, 2017.

BORÉM, A. MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas.** 6.ed. Viçosa: UFV, 2013. 523p.

BRAVIN, M. P.; OLIVEIRA, T. D. de. Adubação nitrogenada em milho e capim-xaraés sob plantio direto e preparo convencional em sistema agrossilvipastoral. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 49, n. 10, p. 762-770, 2014.

CABRERA, A.; CASTRO, X.; MORALES, B.; OLANO, G.; VIDAL, R. Caracterização de variedades crioulas de milho pipoca. In: SILVA, N. C. de A.; COSTA, F. M.; VIDAL, R.; VEASEY, E. A. **Milhos das terras baixas da América do Sul e conservação da agrobiodiversidade no Brasil e no Uruguai.** Ponta Grossa, PR: Atena, 2020. 261 p.

CAIRES, E. F.; MILLA, R. Adubação nitrogenada em cobertura para o cultivo de milho com alto potencial produtivo em sistema de plantio direto de longa duração. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 1, p. 87-95, 2016.

CALDARELLI, C. E.; BACCHI, M. R. P. Fatores de influência no preço do milho no Brasil. **Nova Economia**, Belo Horizonte, v. 22, n. 1, p. 141-164, 2012.

CANCELLIER, L. L.; AFFÉRI, F. S.; CRUZ, O. S.; PELUZIO, J. M.; MELO, A. V. de. Desempenho de populações de milho para produção de grãos e consumo in natura no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 542-553, 2011.

CARVALHO, H. W. L. de; GUIMARÃES, P. E. de O.; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P. C. L. de; SANTOS, M. X. dos. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1577-1584, 2000.

COELHO, A. M.; ALVES, V. M. C. Adubação fosfatada na cultura do milho In: YAMADA, T.; ABDALLA, S. R. S. **Fósforo na agricultura brasileira** - Piracicaba. Potafós. p. 243-283, 2004.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V. de; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 1, p. 159-166, 2010.

COLOMBO, G. A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M.; DIAS, S. W.; DOVALE, J. C. Potencial genético de famílias de meios irmãos de milho pipoca para as condições de cerrado do Sul de Tocantins. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, PI, v.5, n.3. p.259-266, 2014.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**, Brasília, v. 7, safra 2019/2020, n. 4 - Quarto Levantamento, jan. 2020.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**, Brasília, v. 8, safra 2020/2021, n. 6 - Sexto Levantamento, mar. 2021.

COSTA, F. M.; SILVA, N. C. de A.; VIDAL, R.; VEASEY, E. A. Origem, domesticação e dispersão do milho nas Américas. In: SILVA, N. C. de A.; COSTA, F. M.; VIDAL, R.; VEASEY, E. A. **Milhos das terras baixas da América do Sul e conservação da agrobiodiversidade no Brasil e no Uruguai**. Ponta Grossa, PR: Atena, 2020. 261 p.

COSTA, F. S.; FILHO, M. D. C.; SANTIAGO, A. C. C.; MAGALHÃES, I. B.; CORDEIRO, L. S.; LIMA, A. P.; MAIA, G. R.; SILVA, E. P.; KLEIN, M. A.; SILVA, F. A. C.; BARDALES, N.; QUEIROZ, L. R.; BRITO, E. S. **Agricultura conservacionista na produção familiar de mandioca e milho no Juruá, Estado do Acre**: efeitos da adoção nos resultados de safras 2006 a 2014. Rio Branco: AC: Embrapa Acre, 2014. 10 p. (Comunicado Técnico 186).

COSTA, J. G. da; CAMPOS, I. S. **Cultivares de milho recomendadas para o Estado do Acre**. Rio Branco, AC: Embrapa/UEPAE, 1990. 4 p. (Circular Técnica 56).
CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. P.; ALVARINGA, R. C.; GONTIJO NETO, M. M.; VIANA, J. H. M.; OLIVEIRA, M. F. de; SANTANA, D. P. **Manejo da cultura do milho**. Sete Lagoas, MG: Embrapa milho e sorgo, 2006. 12 p. (Circular técnica, 87).

CRUZ, L. R. da. **Viabilidade agrônômica das culturas do milho e mamona em diferentes sistemas de produção na Amazônia Ocidental**. 2019. 90f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2019.

EICHOLZ, E. D.; SANTIN, F. G. T.; BEVILAQUA, G. A. P.; ANTUNES, I. F.; SCHIAVON, J. S.; SILVA, P. M. da; VIELMO, G.; COELHO, M. F.; PRESTES, F. C.; PANDOLFO, M. C.; PANDOLFO, E. P.; GÖRGEN, S. A. **Milhos no cadastro nacional de variedades locais ou crioulos para o Rio Grande do Sul**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2018. 35p. (Documentos, 473).

ELTETO, Y. M. **As sementes crioulas e as estratégias de conservação da agrobiodiversidade**. 2019. 137f. Dissertação (Mestrado em Agroecologia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2019.

FANCELLI, A.L. **Boas práticas para o uso eficiente de fertilizantes na cultura do milho**. Piracicaba: International Plant Nutrition Institute Brazil, 2010. p. 1-16. (Informações Agrônômicas, 131).

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360p.

FERRÃO, R. G.; GAMA, E. E. G. de; FERRÃO, M. A. G. Três ciclos de seleção massal estratificada na população de milho EEL₂. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 42, n. 241, p. 325-329, 1995.

FERREIRA, J. M.; MOREIRA, R. M. P.; HIDALGO, J. A. F. Capacidade combinatória e heterose em populações de milho crioulo. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 39, n. 2, p. 332-339, 2009.

FORSTHOFER, E. L.; SILVA, P. R. F. da; ARGENTA, G.; STRIEDER, M. L.; SUHRE, E.; RAMBO, LISANDRO. Desenvolvimento fenológico e agrônômico de três híbridos de milho em três épocas de semeadura. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 34, n. 5, p. 1341-1348, 2004.

GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V.; TROGELLO, E.; FRITSCHÉ-NETO, R. Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, Suplemento, p. 819-828, 2014.

GARDNER, C. O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 2, p. 124-245, 1961.

GIACOMELLI, D.; MONEGO, B.; DELAGUSTIN, M. G.; BORBA, M. M. de; RICALDE, S. R.; FACCO, E. M. P.; SIVIERO, J. Composição nutricional das farinhas de milho pré-cozidas, moída à pedra e da preparação culinária da "polenta". **Alimentos e Nutrição**, Araraquara, v. 23, n. 3, p. 415-420, 2012.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Número mínimo de famílias de meio-irmãos para representar uma população de milho-pipoca. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 28, n. 276, p. 209-221, 2001.

HANASHIRO, R. K.; MINGOTTE, F. L. C.; FORNASIERI FILHO, D. Desempenho fenológico, morfológico e agrônômico de cultivares de milho em Jaboticabal-SP. **Científica**, Jaboticabal, v. 41, n. 2, p. 226-234, 2013.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo agropecuário 2006**. Rio de Janeiro: IBGE, 2006. 267 p.

KARLEN, D. L.; FLANERY, R. L.; SADLER, E. J. Aerial accumulation and partitioning of nutrients by corn. **Agronomy Journal**, v. 80, n. 2, p. 232- 242, 1988.

KIST, V. **Seleção recorrente de famílias de meio-irmãos em população composta de milho (*Zea mays* L.) procedente de Anchieta - SC**. 2006. 161f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2006.

KLEIN, M. A.; COSTA, F. de S. Manejo conservacionista do solo e produtividade de milho no Juruá. 2016. Disponível em: <<https://aindo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/159325/1/26307.pdf>>. Acesso em: 27/03/2021.

LEMOS, M. A.; ARAÚJO, M. R. A. de; GAMA, E. E. G. e; MAGNAVACA, R.; OLIVEIRA, A. C. de; MORAES, A. R. de. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho dentado composto visando resistência à *Spodoptera frugiperda* e à *Heliothis zea*-II ciclo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 1, p. 95-101, 1990.

LIMA, S. L. **Avaliação da eficiência do programa de melhoramento de milho da Embrapa em Rio Branco, Acre**. 2020. 117f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2020.

MACHADO, A. T.; MACHADO, C. T. de T.; NASS, L. L. Manejo da diversidade genética e melhoramento participativo de milho em sistemas agroecológicos. **Revista Brasileira de Agroecologia**, Pelotas, v. 6, n. 1, p. 127-136, 2011.

MALDANER, L. J.; HORING, K.; SCHNEIDER, J. F.; FRIGO, J. P.; AZEVEDO, K. D. de; GRZESIUCK, A. E. Exigência agroclimática da cultura do milho (*Zea mays*). **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, Palotina, v. 3, p. 13-23, 2014.

MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Zoneamento agrícola de risco climático para a cultura de milho 1ª safra no Estado do Acre, ano-safra 2018/2019**. 2018. Disponível em: <<https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/riscos-seguro/programa-nacional-de-zoneamento-agricola-de-risco-climatico/portarias/safra-2018-2019/acre-ac/pdf/port-no-130-milho-1a-safra-ac.pdf>>. Acesso em: 27/03/2021.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. das G. de 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*. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, 2005.

MATTA, F. de P.; VIANA, J. M. S. Eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 3, p. 548-556, 2003.

MELO, F. de B.; CORÁ, J. E.; CARDOSO, M. J. Fertilização nitrogenada, densidade de plantas e rendimento de milho cultivado no sistema plantio direto. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.42, n.1, p. 27-31, 2011.

NASCIMENTO, L. de O. **Caracterização ecofisiológica e produtividade de híbridos de milho em diferentes espaçamentos no município de Senador Guimard, Acre**. 2017. 64 f. Dissertação (Mestrado em Ciência, Inovação e Tecnologia para a Amazônia) - Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2017a.

NASCIMENTO, R. T. do; PAVAN, B. E.; GUERRA, E. D.; LIMA, F. N. de. Seleção massal em variedades de milho crioulo no sul do Piauí. **Nativa**, Sinop, v. 2, n. 2, p. 114-118, 2014.

NIED, A. H.; HELDWEIN, A. B.; ESTEFANEL, V.; SILVA, J. C. da; ALBERTO, C. M. Épocas de semeadura do milho com menor risco de ocorrência de deficiência hídrica no município de Santa Maria, RS, Brasil. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 35, n. 5, p. 995-1002, 2005.

NOVAIS, R. F.; SMYTH, T. J.; NUNES, F. N.; Fósforo In: NOVAIS, R. F.; ALVAREZ V. V. H.; BARROS, N. F.; FONTES, R. L. F.; CANTARUTTI, R. B.; NEVES, J. C. L. **Fertilidade do solo**. Viçosa, Sociedade Brasileira de Ciência do Solo. 2007. p. 471-550.

NUNES, A. N.; SIMÕES, E. de O.; FORMIGONI, A. da S.; BRUSTOLINI, A. P. L.; SCOTTÁ, B. A.; FONTES, D. de O. O milho processado e diferentes técnicas de determinação do amido na alimentação de suínos. **Revista Eletrônica Nutritime**, Viçosa, v. 11, n. 04, p. 3508-3514, 2014.

NUNES, E. S. **Seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. 2006. 96f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006.

OLIVEIRA, V. H. de; ALVARENGA, M. I. N. **Principais solos do Acre**. Rio Branco, AC: Embrapa-UEPAE de Rio Branco, 1985. 40 p.

PACKER, D. **Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos em milho (*Zea mays* L.) na população ESALQ VD 2 wx**. 1991. 88f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1991.

QUEIROZ, L. R.; COSTA, F. de S.; OLIVEIRA, T. K. de; MARINHO, J. T. de S. **Aspectos da cultura do milho no Estado do Acre**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 2015. 30 p. (Documento 136).

RABÊLO, F. H. S.; REZENDE, A. V.; RABELO, C. H. S.; AMORIM, F. A. Características agrônômicas e bromatológicas do milho submetido a adubações com potássio na produção de silagem. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 44, n. 3, p. 635-643, 2013.

RITCHIE, S. W.; HANWAY, J.J. **How a corn plant develops**. Ames: Iowa University of Science and Technology, Cooperative Extension Service, 21p, 1993. (Special Report 48).

ROCHA, L. A. dos S.; FERREIRA, O. J. M.; SANTOS, J. P. F.; AMANCIO, L. H. da S.; VASCONCELOS, M. C.; SILVA-MANN, R. Emergência de sementes crioulas de milho obtidas de seleção fenotípica. **Ciência Agrícola**, Rio Largo, v. 16, número suplementar, p. 49-53, 2018.

ROSADO, A. M. **Seleção entre e dentro de famílias e baseada nos valores genéticos obtidos pelo índice combinado e BLUP em eucalipto**. 2003. 88f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2003.

ROSULJ, M.; TRIFUNOVIC, S.; HUSIC, I. Nine cycles of mass selection for increasing oil content in two maize (*Zea mays* L.) synthetics. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 4, p. 449-461, 2002.

SANTANA, D. P.; LANDAU, E. C.; SANS, L. M. A. **Clima e solo**. Sete Lagos, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2012. (Sistema de Produção, 8).

SARAIVA, E. A.; GUIMARÃES, A. G.; OLIVEIRA, J. R.; SILVA, N. O.; OLIVEIRA, L. L. de; CAMPOS, A. A. A.; MOREIRA, L. C.; COSTA, M. R. da. Desempenho agrônômico de variedades de milhos crioulos cultivados no vale do Jequitinhonha. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 33-43, 2019.

SZCESNY, L. S. **Densidade populacional de híbridos de milho em diferentes épocas de semeadura na região de Guarapuava – PR**. 2015. 71f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava, 2015.

SEAP - Secretaria de Estado de Agricultura, Governo do Estado do Acre. **Produção de milho beneficiado e armazenado nos silos graneleiros e armazéns do Estado do Acre 2016/2017**. Rio Branco, AC: SEAP, 2017.

SILVA, M. A. V.; FERREIRA, W. P. M.; ANDRADE, V. M. S. de; ARAUJO, S. G. de A. Época de semeadura do milho para a região de Sete Lagoas, MG, baseada na probabilidade de ocorrência de períodos secos e chuvosos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 4, p. 454-458, 2010.

SILVEIRA, D. C.; BONETTI, L. P.; TRAGNAGO, J. L.; NETO, N.; MONTEIRO, V. Caracterização agromorfológica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.) na região noroeste do Rio Grande do Sul. **Revista Ciência e Tecnologia**, Cruz Alta, v.1, n.1, p.1-11, 2015.

SOUSA, R. S. de; BASTOS, E. A.; CARDOSO, M. J.; RIBEIRO, V. Q.; BRITO, R. R. de. Desempenho produtivo de genótipos de milho sob déficit hídrico. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 41, n. 1, p. 49-60, 2015.

VARELA, M. V. Diversidade genética de milho das coleções *ex situ* do Cone Sul. In: SILVA, N. C. de A.; COSTA, F. M.; VIDAL, R.; VEASEY, E. A. **Milhos das terras baixas da América do Sul e conservação da agrobiodiversidade no Brasil e no Uruguai**. Ponta Grossa, PR: Atena, 2020. 261 p.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1986, Belo Horizonte. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, 1988, p.300-307.

VIANA, J. M. S. Melhoramento intrapopulacional recorrente de milho-pipoca, com famílias de meio-irmãos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 6, n. 2, p. 199-210, 2007.

VON PINHO, R. G.; RIVERA, A. R. C.; BRITO, A. H. de; LIMA, T. G. de. Avaliação agrônômica de cultivares de milho em diferentes níveis de investimento. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 1, p. 39-46, 2009.

3 CAPÍTULO I

PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO MASSAL EM VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO

RESUMO

O milho é um dos grãos que dominam o mercado agrícola mundial, juntamente com o arroz, o trigo e a soja. As variedades crioulas de milho caracterizam-se pela rusticidade, dispensando o uso de defensivos químicos em múltiplas situações. Dos métodos de melhoramento empregados em populações crioulas de milho, destaca-se a seleção massal. O objetivo deste estudo foi realizar a seleção massal em uma população constituída por quatro variedades crioulas de milho. O experimento foi realizado na área experimental da Universidade Federal do Acre. Foram utilizadas 4 variedades crioulas de milho, provenientes da Terra Indígena Kaxinawá de Nova Olinda (TIKNO), V1, V2, V3 e V4. Foram separadas 580 sementes de cada variedade e em seguida misturadas para compor a população, totalizando 2320 plantas. O experimento foi composto por 23 linhas de 20 metros de comprimento, com espaçamento de 1 m x 0,2 m. As variáveis avaliadas foram: altura de planta (AP), altura de inserção da espiga (IE), diâmetro de colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGF), massa de espiga (ME) e massa de grãos total (MGT). Aplicou-se o método clássico de seleção massal, selecionando-se 106 indivíduos ($i=20,38\%$) para darem continuidade ao próximo ciclo. Procedeu-se a análise estatística descritiva e foram estimadas as correlações de Pearson para todos os caracteres estudados. A população de milho crioulo apresentou de média a alta variação genética para todas as variáveis estudadas. A seleção massal mostrou-se altamente eficiente em selecionar indivíduos produtivos e com características desejáveis. Os caracteres massa de grãos total e massa de espiga apresentaram alto potencial para ganhos de seleção correlacionados.

Palavras-chave: Milho crioulo. Variação genética. Estatística descritiva.

ABSTRACT

Corn is one of the grains that dominate the world agricultural market, along with rice, wheat and soybeans. The native maize varieties are characterized by their rusticity, dispensing with the use of chemical pesticides in multiple situations. Among the breeding methods used in native maize populations, the mass selection stands out. The objectives of this study were to carry out mass selection in a population consisting of four landraces of maize. The experiment was carried out in the experimental area of the Federal University of Acre. Four landraces of maize from the Indigenous Land Kaxinawá de Nova Olinda (TIKNO), V1, V2, V3 and V4 were used. 580 seeds of each variety were separated and then mixed to compose the population, totaling 2320 plants. The experiment consisted of 23 lines of 20 meters in length, with a spacing of 1 m x 0.2 m. The variables evaluated were: plant height (PH), ear insertion height (IH), stem diameter (SD), ear length (EL), ear diameter (ED), number of rows (NR), number of grains per row (NGR), ear mass (EM) and mass total grain (MTG). The classic method of mass selection was applied, selecting 106 individuals ($i=20.38\%$) to continue to the next cycle. Descriptive statistical analysis was performed and Pearson correlations were estimated for all characters studied. The population of creole corn presented medium to high genetic variation for all studied variables. Mass selection proved to be highly efficient in selecting productive individuals with desirable characteristics. The characters total grain mass and ear mass showed high potential for correlated selection gains.

Keywords: Creole corn. Genetic variation. Descriptive statistics.

1 INTRODUÇÃO

O milho é um dos grãos que dominam o mercado agrícola mundial, juntamente com o arroz, o trigo e a soja, registrando os maiores incrementos de produção dos últimos anos. Este feito se deve principalmente ao crescimento da produtividade nos países em desenvolvimento, como o Brasil (GARCIA et al., 2006).

A diversidade genética da espécie *Zea mays* L. permite o seu cultivo nos mais diversos ambientes. O germoplasma de milho constituído por raças crioulas (locais), populações adaptadas e materiais exóticos introduzidos, é caracterizado assim por uma ampla variabilidade genética (ARAÚJO; NASS, 2002). As variedades crioulas de milho caracterizam-se pela rusticidade, dispensando o uso de defensivos químicos em múltiplas situações, além de serem selecionados nas espigas, grãos com melhor qualidade químico-nutricional, fortalecendo a cadeia produtiva.

Entre os métodos de melhoramento empregados em populações crioulas de milho, destaca-se a seleção massal, considerada um dos mais antigos métodos de melhoramento vegetal. Totalmente fundamentada na seleção visual e na classificação dos genótipos baseando-se somente no fenótipo, a seleção massal possui a vantagem de ser um método simples e barato. Portanto a influência do fator ambiente pode dificultar a seleção de alelos favoráveis, mostrando-se mais efetiva para caracteres que apresentam alta herdabilidade (NASCIMENTO et al., 2014; HALLAUER et al., 2010).

Shrestha, Kunwar e Bhandari (2018) quantificaram o progresso da produção de grãos e outros caracteres agrônômicos em genótipos de milho por meio da seleção massal na população original e população derivada após cinco ciclos de seleção. De acordo com os autores, houve superioridade fenotípica da população selecionada sobre a população original pela redução da altura de plantas, sobretudo aumento significativo na produção de grãos.

Rosulj, Trifunovic e Husic (2003) realizaram nove ciclos de seleção massal para aumentar o teor de óleo, produção de grãos, percentual de plantas quebradas e mudanças nos componentes de rendimento em dois sintéticos de milho. Rai et al. (2021) encontraram correlação positiva e significativa entre comprimento e diâmetro de espiga em estudo de variabilidade genética, hereditariedade e avanço genético para crescimento, rendimento e rendimento de caracteres relacionados em genótipos de milho. Estes autores também estimaram coeficientes de correlação fenotípica e genotípica.

Entre as ferramentas que auxiliam a avaliação de eficiência da seleção massal e o comportamento dos indivíduos na população, destacam-se a análise estatística descritiva e o coeficiente de correlação de Pearson. A primeira, diferentemente da análise confirmatória, foca somente em resumir, descrever ou apresentar os dados, com posterior reunião destes em tabelas ou gráficos, de forma a permitir a análise de forma mais clara (COLLIS; HUSSEY, 2005; DIEHL et al., 2007). O segundo, estabelece o grau de relação linear entre duas variáveis quantitativas, podendo variar de -1 a 1 (FIGUEIREDO; SILVA JÚNIOR, 2009).

Por sua área fronteiriça com países andinos, o Acre detém alta variabilidade de genótipos de milho, particularmente os cultivados por comunidades tradicionais e indígenas. Poucas pesquisas têm sido realizadas com milho tradicional no Estado. Todavia, estudos de seleção devem ser realizados afim de melhorar características que possam promover avanços na qualidade de grão e assim garantir retorno financeiro aos pequenos e médios produtores rurais da região.

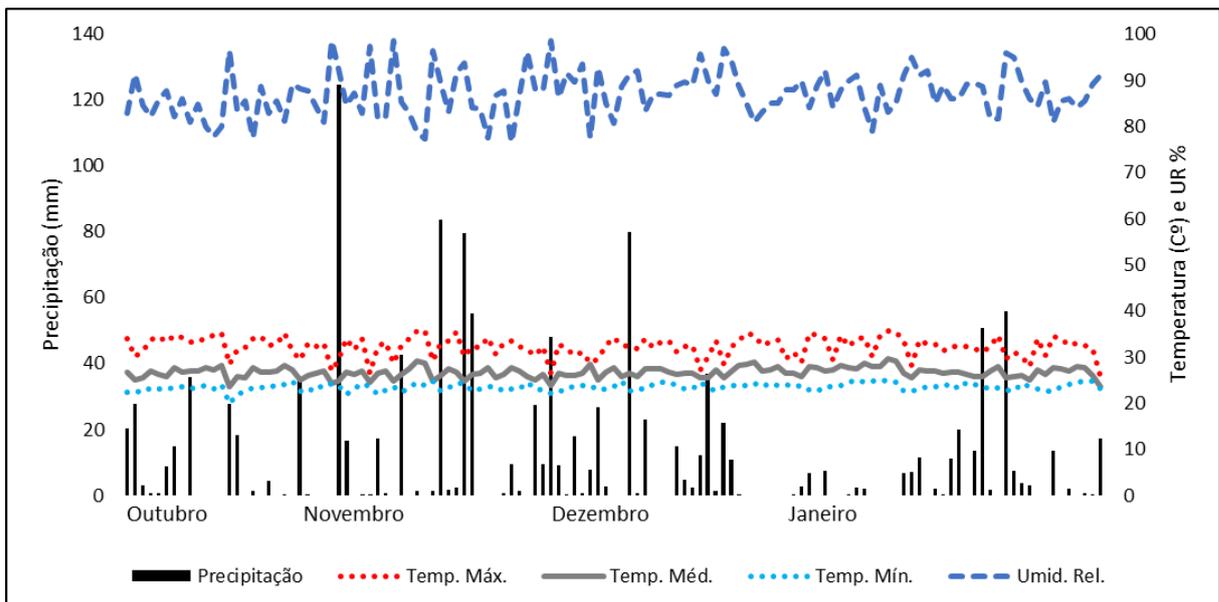
Neste contexto, os objetivos deste estudo foram realizar a seleção massal em uma população constituída por quatro variedades crioulas de milho e estimar os valores estatísticos descritivos e correlações de Pearson para os indivíduos da mesma.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento I foi realizado na área experimental da Universidade Federal do Acre, localizada no município de Rio Branco, sob as coordenadas geográficas 67° 42' 18" O e 10° 01' 30" S e elevação de aproximadamente 136 metros. O clima do local é do tipo tropical, quente e chuvoso; Am, pela classificação de Koppen e Geiger, com temperatura média de 25,5 °C e pluviosidade de 1806 mm anuais (CLIMATE-DATA.ORG, 2021).

Na Figura 1 pode-se observar os dados mensais de precipitação pluviométrica, temperaturas máxima, média e mínima e umidade relativa do ar, obtidos no site do Instituto Nacional de Meteorologia - INMET (www.inmet.gov.br) para o período de condução do experimento, entre 19 de outubro de 2019 e 22 de fevereiro de 2020.

Figura 1 - Dados climáticos mensais de precipitação, temperatura e umidade relativa do ar entre outubro de 2019 e fevereiro de 2020. Rio Branco, UFAC, 2019.

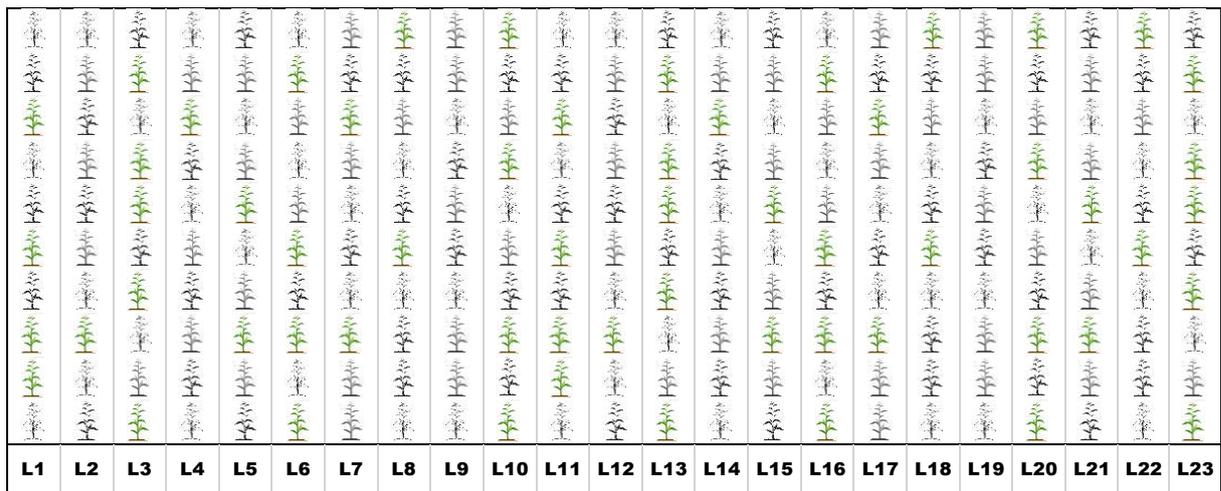


2.1 CARACTERIZAÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO

Foram utilizadas 4 variedades tradicionais/crioulas de milho, provenientes da Terra Indígena Kaxinawá de Nova Olinda (TIKNO), localizada na região do Alto Envira, no município de Feijó, Acre, denominadas: V1 - tipo massa (Nawa Sheki), V2 e V3 - tipo duro (Sheki Kui) e V4 - tipo duro. As sementes de milho crioulo adquiridas possuem Cadastro no Sistema Nacional do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado, sob o número A6A46CC e registro CGEN nº. 201/2014.

Os experimentos foram divididos em experimento I para seleção massal e experimento II para seleção entre e dentro. O experimento I foi realizado no período entre outubro de 2019 e fevereiro de 2020. Foram separadas 580 sementes de cada variedade e em seguida misturadas para compor a população, sendo plantadas um total de 2320 sementes para a obtenção mínima de 1600 plantas. O ensaio foi composto por 23 linhas de 20 metros de comprimento, com o espaçamento de 1 m x 0,2 m, sendo considerada uma área total de 460 m² (Figura 2).

Figura 2 - Representação esquemática do experimento I, com quatro variedades de milho crioulo (V1, V2, V3 e V4) distribuídas aleatoriamente em 23 linhas de plantio, formando uma população heterogênea. Rio Branco, UFAC, 2019.



No quadro 1 constam os resultados da análise química do solo, coletado na área experimental da UFAC e processado no Laboratório de Solos da Embrapa Acre.

Quadro 1 - Resultados químicos da análise de 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
5,09	cmol _c .dm ⁻³				mg.dm ⁻³	mg.L ⁻¹	cmol _c .dm ⁻³	%	
	1,31	0,69	0,09	3,21	1,95	27,41	2,08	5,29	39,4

A recomendação para a adubação de plantio foi realizada com base na análise de solo e produtividade esperada (2-4 t ha⁻¹). Foram aplicados em plantio 133 kg/ha de superfosfato triplo (45% de P₂O₅), 67 kg/ha de cloreto de potássio (60% de K₂O) e 22 kg/ha de uréia (45% de N). Ajustado para a área experimental (460 m²), foram aplicados 6,1 kg de superfosfato triplo, 3 kg de cloreto de potássio e 1 kg de uréia nas linhas de plantio.

A semeadura foi realizada manualmente no dia 19 de outubro de 2019, com posteriores replantios nos dias 26 de outubro e 2 de novembro de 2019. Foram colocadas uma semente por cova (em consequência do balanceamento entre as variedades), a uma profundidade de 5 cm. Ao longo de todo o experimento realizaram-se uma capina, entre e dentro das linhas de plantio, e uma adubação de cobertura (1/3 do total aplicado no plantio), 30 DAS, durante o estágio V8 (oito folhas).

A colheita manual foi realizada na penúltima semana de fevereiro. As espigas colhidas foram colocadas em ambiente refrigerado para a secagem. Do total de 2320 plantas inicialmente previstas, 1715 chegaram ao fim do experimento plenamente desenvolvidas, e destas, 520 produziram espigas.

2.2 CARACTERES AVALIADOS

Foram avaliadas todas as plantas que produziram espigas ao final do experimento. Os caracteres avaliados foram:

Altura de planta (AP): medida com o auxílio de régua graduada (m), em todas as plantas que produziram espigas, considerando a distância do nível do solo até a última folha plenamente expandida;

Altura de inserção da espiga (IE): medida com o auxílio de régua graduada (m), considerando a distância entre o nível do solo e o nó de inserção da primeira espiga;

Diâmetro de colmo (DC): medido no segundo entrenó das plantas (10 cm acima do nível do solo), com o auxílio de paquímetro analógico (mm), em todas as plantas que produziram espigas;

Comprimento de espiga (CE): com o auxílio de régua graduada (cm), a medição foi realizada da extremidade basal à extremidade apical das espigas sem a presença de palha;

Diâmetro de espiga (DE): medido no terço médio de todas as espigas colhidas, com o uso de paquímetro manual (mm);

Número de fileiras (NF): foi contado o número de fileiras de grãos de todas as espigas colhidas, no caso do milho, em números sempre pares, como uma tabuada de dois (CRUZ et al., 2011);

Número de grãos por fileira (NGF): foi contado o número de grãos de uma fileira representativa, para todas as espigas colhidas;

Massa de espiga (ME): medido a massa em g de todas as espigas colhidas, sem a presença de palha, e com o uso de balança analógica;

Massa de grãos total (MGT): medida a massa de todos os grãos, obtidos com as espigas colhidas, em g, com o uso de balança analógica.

2.3 METODOLOGIA ADOTADA PARA SELEÇÃO MASSAL

Aplicou-se o método clássico de seleção massal, selecionando-se 106 indivíduos ($i=20,38\%$) para darem continuidade ao próximo ciclo (Apêndice A). As plantas foram selecionadas de acordo com intervalos pré-definidos para todas as variáveis estudadas, definindo-se pontuações que variaram de 0 a 9, para plantas com menos e com mais caracteres dentro dos intervalos de seleção, respectivamente. Foram selecionados os indivíduos com pontuações iguais ou mais próximas a 9, com $i=20\%$ (Quadro 2).

Quadro 2 - Variáveis, intervalos de seleção e pontuações utilizados para a seleção massal de genótipos superiores. Rio Branco, UFAC, 2020.

Variável	Intervalo de Seleção	Pontuação
Altura de Planta (AP)	1,8 - 2,2 m	1
Altura de Inserção da Espiga (IE)	0,8 - 1,4 m	1
Diâmetro de Colmo (DC)	15 - 25 mm	1
Comprimento de Espiga (CE)	12 - 18 cm	1
Diâmetro de Espiga (DE)	30 - 40 mm	1
Número de Fileiras (NF)	12 - 18	1
Número de Grãos por Fileira (NGF)	≥ 20	1
Massa de Espiga (ME)	≥ 105 g	1
Massa de Grãos Total (MGT)	≥ 90 g	1
Somatório	-	9

2.4 ANÁLISE ESTATÍSTICA

Para cada caráter avaliado, procedeu-se a análise estatística descritiva para as populações inicial e selecionada, com o auxílio do *software* Sisvar (FERREIRA, 2014). A existência de tendência central (normalidade) dos dados originais foi conferida por meio do teste SW ($p < 0,05$) (SHAPIRO; WILK, 1965). As correlações de Pearson para ambas as populações foram obtidas com o auxílio do *software* Genes (CRUZ, 2008) e classificadas de acordo com Cohen (1988). As significâncias destas foram conferidas pelo teste de Mantel (1965) baseado em 5000 simulações.

A variabilidade (ou dispersão) de cada caráter foi avaliada pelo coeficiente de variação (CV) de Pearson de acordo com Fonseca e Martins (1996) como: a) baixa ($CV \leq 15\%$), b) média ($15\% < CV < 30\%$), e c) alta ($CV \geq 30\%$).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variabilidade genética é resultado da quantidade de locos e alelos envolvidos na expressão de um determinado caráter, em uma população da mesma espécie (SOUSA, 2002). Verifica-se que as amplitudes entre os valores máximos e mínimos observados indicam a existência de alta variabilidade entre as plantas em estudo, reforçada pela presença de distribuições assimétricas, isto é, que não apresentam normalidade, com tendências à esquerda ou à direita, dependendo da variável considerada (Tabela 1, Apêndices B ao J).

Ao comparar os valores de média e mediana para as variáveis ME e MGT observa-se que a primeira é sempre maior (diferenças de 9,07 e 7,65 g respectivamente). Isso ocorre porque a média é mais sensível a valores extremos, os quais estão à direita da curva de distribuição de Gauss, conforme indica o sinal positivo do coeficiente de assimetria (As). Essa assimetria deve-se provavelmente pela alta variação genotípica entre os indivíduos da população para os caracteres em questão. As medidas estatísticas anteriores associadas aos coeficientes de curtose (Ct) e W (significativos a 5%) sugerem que os dados não seguem distribuição normal.

Tabela 1 - Análise estatística descritiva correspondente aos valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional (σ), coeficiente de variação de Pearson (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct) e teste de Shapiro-Wilk (SW) referentes aos caracteres avaliados para a população inicial de plantas. Rio Branco, UFAC, 2020.

Variável	Parâmetros Estatísticos									
	A	Mn	Me	Md	Mx	σ	CV (%)	As	Ct	W
AP (m)	3,00	1,30	3,10	3,20	4,30	0,51	16,38	-0,31	2,81	0,988*
IE (m)	2,15	0,65	1,81	1,80	2,80	0,34	19,98	-0,02	2,85	0,995 ^{ns}
DC (mm)	19,00	9,00	17,41	17,50	28,00	3,31	19,02	-0,03	2,71	0,994*
CE (cm)	25,20	7,00	15,65	15,50	32,20	2,90	18,56	0,60	5,47	0,976*
DE (mm)	32,50	14,00	32,51	32,30	46,50	6,81	20,96	-0,17	2,30	0,983*
NF	14,00	6,00	12,16	12,00	20,00	2,80	22,98	0,37	2,88	0,940*
NGF	43,00	3,00	22,42	22,00	46,00	8,46	37,75	0,14	2,45	0,990*
ME (g)	195,43	15,69	76,74	67,67	211,12	40,61	52,92	0,77	2,91	0,938*
MGT (g)	178,62	6,40	60,71	53,06	185,02	35,04	57,71	0,73	2,94	0,948*

(¹) Teste de Shapiro-Wilk para distribuição normal: (*) significativo em níveis de $p \leq 0,05$ e (^{ns}) não significativo. Quando significativo indica que a hipótese para distribuição normal é rejeitada. AP = Altura de planta; IE = Altura de inserção de espiga; DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total.

De acordo com Fonseca e Martins (1996) a variabilidade (dispersão) de um caráter em experimentos não delineados pode ser avaliada pelo coeficiente de variação de Pearson (CV). Pela análise descritiva dos caracteres estudados (Tabela 1), NGF, ME e MGT foram as variáveis com coeficientes de variação mais elevados, considerados muito altos (37,75%, 52,92% e 57,71% respectivamente). Por sua vez, a AP, CE, DC e IE apresentaram média variabilidade, com coeficientes de variação médios (16,38%, 18,56%, 19,02% e 19,98%, respectivamente).

Com base no teste de Shapiro-Wilk (5%), a altura de inserção da espiga (IE) foi a única variável que apresentou distribuição normal. Os demais caracteres não seguiram distribuição normal dos dados, indicando alta variação fenotípica entre os indivíduos que compõem a população em estudo, com a provável presença de *outliers*, comuns em populações de plantas heterogêneas e sob forte influência dos fatores ambientais. É importante ressaltar que a normalidade dos dados não é uma exigência na seleção massal de plantas. A presença de *outliers* é até desejável para a identificação e seleção de indivíduos superiores para alguns componentes de produção determinados, como se verifica em ME e MGT.

Segundo Ibarra (2017) os coeficientes de assimetria e curtose estão relacionados à forma de distribuição dos dados. Segundo o autor, quando $As = 0$, a distribuição é perfeitamente simétrica, quando positivo ou negativo, indica que a cauda de distribuição é mais longa na direção dos valores maiores que a sua média. O coeficiente de curtose por sua vez, compara uma dada distribuição de probabilidades à distribuição normal, cujo valor teórico é 3. Quando $Ct \geq 3$, a distribuição apresenta tendência de possuir valores extremos maiores que uma distribuição normal com a mesma média e desvio padrão.

Para a população de plantas estudada, os coeficientes de assimetria variaram de -0,31 a 0,73, indicando variações sensíveis em relação à média. Os coeficientes de curtose apresentaram variações de 2,30 a 5,47, indicando leve achatamento da curva de distribuição dos dados em relação ao limite superior para distribuição normal. Estes valores indicam variações individuais importantes entre as plantas que compõem a população, demonstrando a existência de ampla variabilidade genética e segregação para os diversos caracteres estudados.

Na Tabela 2 são apresentados os resultados obtidos a partir da análise estatística descritiva dos caracteres para a população selecionada.

Tabela 2 - Análise estatística descritiva correspondente aos valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional (σ), coeficiente de variação de Pearson (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct) e teste de Shapiro-Wilk (SW) referentes aos caracteres avaliados para a população de plantas selecionadas. Rio Branco, UFAC, 2020.

Variável	Parâmetros Estatísticos									
	A	Mn	Me	Md	Mx	σ	CV (%)	As	Ct	W
AP (m)	2,15	2,00	3,31	3,35	4,15	0,45	13,47	-0,60	3,24	0,965*
IE (m)	1,60	1,00	1,89	1,90	2,60	0,36	19,23	-0,19	2,32	0,978 ^{ns}
DC (mm)	15,50	10,50	19,39	19,00	26,00	2,93	15,11	-0,41	3,32	0,982 ^{ns}
CE (cm)	8,90	13,60	17,27	17,20	22,50	1,91	11,05	0,44	2,87	0,979 ^{ns}
DE (mm)	32,50	14,00	39,76	40,00	46,50	4,20	10,57	-2,38	14,96	0,838*
NF	12,00	8,00	14,17	14,00	20,00	2,71	19,10	0,36	2,37	0,919*
NGF	23,00	20,00	31,30	31,50	43,00	4,78	15,27	-0,09	2,44	0,986 ^{ns}
ME (g)	110,45	100,67	139,82	135,23	211,12	23,51	16,81	0,82	3,28	0,944*
MGT (g)	94,88	90,14	114,94	109,96	185,02	19,63	17,33	1,08	3,81	0,907*

⁽¹⁾ Teste de Shapiro-Wilk para distribuição normal: (*) significativo em níveis de $p \leq 0,05$ e (^{ns}) não significativo. Quando significativo indica que a hipótese para distribuição normal é rejeitada. AP = Altura de planta; IE = Altura de inserção de espiga; DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total.

Observou-se de maneira geral redução da variação para os diversos caracteres analisados, exprimida por amplitude, desvio padrão, CV, coeficientes de assimetria e de curtose e W. Os resultados comprovam que o método de seleção massal atua diminuindo as diferenças dentro de uma população heterogênea de plantas, uniformizando-a e permitindo a obtenção de materiais homogêneos, ao longo de múltiplos ciclos de seleção.

Os valores de CV para a população selecionada variaram de 10,57 a 19,23%. Estes valores são considerados baixos e médios de acordo com a classificação de Fonseca e Martins (1996). Mohallem et al. (2008) definem o CV como uma medida de dispersão, representando o desvio-padrão expresso como porcentagem da média. A diminuição dos valores para esta medida é diretamente proporcional ao decréscimo do desvio-padrão entre as populações inicial e selecionada.

Com base no teste de Shapiro-Wilk (5%) IE, CE, DC e NGF apresentaram distribuição normal (Apêndices C, D, F e H respectivamente), indicando menor variabilidade para a população selecionada, quando comparada à população inicial, assim como menor presença de *outliers* e aumento da precisão experimental.

Para a população selecionada, os coeficientes de assimetria variaram de -2,38 a 1,08 indicando variação considerável em relação à média. Os coeficientes de curtose variaram de 2,32 a 14,96, indicando forte achatamento da curva de distribuição dos dados em relação ao limite superior para distribuição normal. Os valores dos coeficientes de assimetria e curtose divergentes entre as populações inicial e selecionada, podem ser explicados pela influência da seleção na distribuição dos dados para as diversas variáveis estudadas, através da seleção de plantas com valores quantitativos distantes entre si, resultando em maior dispersão dos dados.

Na Tabela 3 encontram-se as correlações entre os caracteres avaliados para ambas as populações. Na população inicial, as correlações acima de 0,500 foram obtidas entre AP x DC (0,540), AP x IE (0,607), AP x CE (0,747), DE x NF (0,554), DE x ME (0,750), DE x MGT (0,719), NF x MGT (0,502), NGF x ME (0,969), NGF x MGT (0,986), ME x MGT (0,982). Para a população selecionada, foram observadas correlações com essa magnitude entre AP x IE (0,574), CE x NGF (0,540), NGF x MGT (0,529) e ME x MGT (0,950).

Tabela 3 - Correlações de Pearson entre os caracteres para as populações inicial (PI) e selecionada (PS). AP: altura de planta. IE: altura de inserção da espiga. DC: diâmetro do colmo. CE: comprimento de espiga. DE: diâmetro de espiga. NF: número de fileiras. NGF: número de grãos por fileira. ME: massa de espiga. MGT: massa de grãos total. Rio Branco, UFAC, 2020.

Variável	r	IE	DC	CE	DE	NF	NGF	ME	MGT
AP	PI	0,607 ⁺⁺	0,540 ⁺⁺	0,747 ⁺	0,272 ⁺	0,027 ^{ns}	0,086 ⁺⁺	0,264 ⁺⁺	0,219 ⁺⁺
	PS	0,574 ⁺⁺	0,423 ⁺⁺	-0,055 ^{ns}	-0,023 ^{ns}	-0,455 ⁺⁺	-0,066 ^{ns}	0,038 ^{ns}	-0,043 ^{ns}
IE	PI		0,380 ⁺⁺	-0,028 ^{ns}	0,216 ⁺⁺	0,024 ^{ns}	0,051 ^{ns}	0,156 ⁺⁺	0,134 ⁺
	PS		0,233 ⁺⁺	-0,217 ⁺	-0,093 ^{ns}	-0,441 ⁺⁺	-0,014 ^{ns}	-0,024 ^{ns}	-0,053 ^{ns}
DC	PI			0,202 ⁺⁺	0,338 ⁺⁺	0,155 ⁺⁺	0,216 ⁺⁺	0,384 ⁺⁺	0,339 ⁺⁺
	PS			0,038 ^{ns}	-0,002 ^{ns}	-0,142 ^{ns}	0,065 ^{ns}	0,112 ^{ns}	0,062 ^{ns}
CE	PI				0,004 ^{ns}	-0,005 ^{ns}	0,302 ⁺⁺	0,250 ⁺⁺	0,231 ⁺⁺
	PS				-0,144 ^{ns}	0,182 ⁺	0,540 ⁺⁺	0,400 ⁺⁺	0,405 ⁺⁺
DE	PI					0,554 ⁺⁺	0,389 ⁺⁺	0,750 ⁺⁺	0,719 ⁺⁺
	PS					0,025 ^{ns}	-0,118 ^{ns}	0,350 ⁺⁺	0,276 ⁺⁺
NF	PI						0,227 ⁺⁺	0,494 ⁺⁺	0,502 ⁺⁺
	PS						0,021 ^{ns}	0,235 ⁺⁺	0,324 ⁺⁺
NGF	PI							0,969 ⁺⁺	0,986 ⁺⁺
	PS							0,460 ⁺⁺	0,529 ⁺⁺
ME	PI								0,982 ⁺⁺
	PS								0,950 ⁺⁺

(¹) Teste de Mantel baseado em 5000 simulações: (+) significativo a 5%, (++) significativo a 1% e (ns) não significativo.

De acordo com Figueiredo Filho e Silva Júnior (2009) os coeficientes de correlação de Pearson são medidas de associação linear entre duas variáveis, que podem estar associadas a partir da distribuição das frequências ou pelo compartilhamento de variância. Cohen (1988) classifica estes coeficientes em: a) pequenos (0,10 - 0,29), b) médios (0,30 - 0,49) e grandes ($\geq 0,50$).

A altura de planta apresentou correlações significativas e positivas com a altura de inserção da espiga e o diâmetro do colmo para ambas as populações, indicando que estas variáveis de planta são dependentes entre si, e apresentam potencial conjunto para ganhos de seleção. As correlações desta variável com NGF, ME e MGT próximas a zero (-0,066, 0,038 e -0,043) para a população selecionada, demonstra a existência de fraca dependência estatística linear entre estes caracteres após a seleção. Souza et al. (2008) obtiveram coeficiente de correlação entre altura de planta e altura de inserção da espiga igual a 0,92 e significativo a 1%. Valor superior ao deste estudo (0,60).

A altura de inserção da espiga e o diâmetro de colmo apresentaram correlações baixas e médias com a maioria dos caracteres estudados, com destaque para IE x NF (-0,441). Segundo Cruz e Regazzi (1994) valores negativos como este indicam que ambos os caracteres são beneficiados ou prejudicados na mesma intensidade pelas variações ambientais.

O diâmetro e o comprimento de espiga apresentaram correlações médias com as demais variáveis. Destacaram-se os valores para DE x ME (0,750) e DE x MGT (0,719) para a população inicial, considerados altos pela classificação de Cohen (1988). Estes valores quando comparados aos das plantas selecionadas, sugerem ganhos superiores para as variáveis de grão, em relação ao diâmetro do colmo após a seleção massal.

Rai et al. (2021) estimaram coeficiente de correlação entre diâmetro e comprimento da espiga igual a 0,39 e significativo a 5%. Valor superior ao desta pesquisa (Tabela 3). Correlações altas e positivas foram estimadas entre altura de planta e comprimento de espiga também por Rai et al. (2021). O valor foi de 0,46 e significativo a 1%. Na presente pesquisa a estimativa foi de 0,75 significativo pelo teste de Mantel a 5%.

Cargnelutti Filho et al. (2010) determinando o tamanho de amostra para a estimação do coeficiente linear de Pearson entre caracteres em híbridos de milho, obtiveram correlações lineares de 0,84, 0,83 e 0,42 entre peso de espiga e

comprimento, diâmetro, e número de fileiras por espiga, respectivamente, valores relativamente próximos ao obtidos neste ensaio.

O número de fileiras e o número de grãos por fileira apresentaram correlações médias com os demais caracteres. Os coeficientes de correlação para NGF x ME (0,969) e NGF x MGT (0,986) destacaram-se para a população inicial de plantas, com redução da correlação entre estes caracteres por ocasião da seleção massal.

As massas de espiga e de grão apresentaram correlações elevadas entre si ($T=0,982$ e $S=0,950$). Estas duas variáveis estão intimamente relacionadas, e são as mais importantes visando ganhos em produtividade. Nardino et al. (2016) estimaram os coeficientes de correlação em milho híbrido para diâmetro e comprimento de espiga (-0,28), número de grãos por fileira e número de fileiras (-0,74) e massa de espiga e número de fileiras (-0,22), com significância a 1%. Na presente pesquisa as estimativas foram de 0,00, 0,23 e 0,49 para os coeficientes de correlação citados, respectivamente.

Fontinele (2019) estudando variabilidade e estratégias de seleção nas mesmas variedades alvo deste estudo, obteve resultados semelhantes, com coeficientes de correlação fenotípica de 0,999 e genética de 1,008, demonstrando serem estes caracteres potencialmente promissores para a obtenção de bons ganhos de seleção com resposta correlacionada.

Entringer et al. (2014) estudando as relações diretas e indiretas entre os componentes de rendimento de milho superdoce, estimou correlações positivas e significativas (1% pelo teste t) entre comprimento de espiga e volume de espiga (0,946), diâmetro de espiga e comprimento de grão (0,875) e entre comprimento de espiga e peso médio de uma espiga (0,778). Os autores observaram também correlação negativa e significativa (5%) entre comprimento de espiga e número de fileiras de grãos (-0,651).

4 CONCLUSÕES

As populações total e selecionada de milho crioulo apresentam de alta a média variação genética para todos os caracteres estudados.

A seleção massal mostrou-se eficiente em identificar indivíduos com características desejáveis para futuros ciclos de melhoramento de milho.

Os caracteres massa de grãos total e massa de espiga apresentaram alto potencial para ganhos de seleção correlacionados, com impacto positivo na produtividade de grãos.

REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, P. M. de; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, n. 3, p. 589-593, 2002.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; TOEBE, M.; BURIN, C.; SILVEIRA, T. R. da; CASAROTTO, G. Tamanho de amostra para estimação do coeficiente de correlação linear de Pearson entre caracteres de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 12, p. 1363-1371, 2010.
- CLIMATE-DATA.ORG. **Dados climáticos para cidades mundiais**. Clima: Rio Branco. Disponível em: <https://pt.climate-data.org/location/4000/>. Acesso em: 31 de maio de 2021.
- COHEN, J. **Statistical power analysis for the behavioral sciences**. 2nd ed. Hillsdale, NJ: Erlbaum. 1988. 590p.
- COLLIS, J.; HUSSEY, R. **Pesquisa em administração: um guia prático para alunos de graduação e pós-graduação**. 2. ed. Porto Alegre: Bookman, 2005. 349p.
- CRUZ, C. D. **Programa genes: diversidade genética**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2008. 278p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1994. 390p.
- CRUZ, J. C.; MAGALHÃES, P. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; MOREIRA, J. A. A. **Milho: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2011. 338p.
- DIEHL, C. A.; SOUZA, M. A.; DOMINGOS, L. E. C. O uso da estatística descritiva na pesquisa em custos: análise do XIV Congresso Brasileiro de Custos. **ConTexto**, Porto Alegre, v. 7, n. 12, 2007.
- ENTRINGER, G. C.; SANTOS, P. H. A. D.; VETTORAZZI, J. C. F.; CUNHA, K. S. da; PEREIRA, M. G. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, n. 3, p. 356-361, 2014.
- FERREIRA, D. F. Sisvar: a guide for its bootstrap procedures in multiple comparisons. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 38, n. 2, p. 109-112, 2014.
- FIGUEIREDO FILHO, D. B.; SILVA JÚNIOR, J. A. da. Desvendando os Mistérios do Coeficiente de Correlação de Pearson (r)*. **Revista Política Hoje**, Recife, v. 18, n. 1, p. 115-146, 2009.
- FONSECA, J. S. da; MARTINS, G. de A. **Curso de estatística**. São Paulo: Atlas, 1996. 327p.
- FONTINELE, Y. da R. **Variabilidade e estratégias de seleção em variedades crioulas de milho**. 2019. 61f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2019.

GARCIA, J. C.; MATTOSO, M. J.; DUARTE, J. de O. Importância do milho em Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 233, p. 7-12, 2006.

IBARRA, M. A. C. **Análise comparativa de métodos para estimativa de valores extremos de processos aleatórios não-gaussianos**. 2017. 123f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Civil - COPPE) - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2017.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663p.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, Birmingham, v. 27, n. 2, p. 209-202, 1967.

MOHALLEM, D. F.; TAVARES, M.; SILVA, P. L.; GUIMARÃES, E. C.; FREITAS, R. F. Avaliação do coeficiente de variação como medida da precisão em experimentos com frangos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 60, n. 2, p. 449-453, 2008.

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

NASCIMENTO, R. T. do; PAVAN, B. E.; GUERRA, E. D.; LIMA, F. N. de. Seleção massal em variedades de milho crioulo no sul do Piauí. **Nativa**, Sinop, v. 2, n. 2, p. 114-118, 2014.

PIMENTEL GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309p.

ROSULJ, M.; TRIFUNOVIC, S.; HUSIC, I. Nine cycles of mass selection for increasing oil content in two maize (*Zea mays* L.) synthetics. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 4, p. 449-461, 2002.

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

SHRESTHA, J.; KUNWAR, C. B.; BHANDARI, B. Response of mass selection in maize (*Zea mays* L.). **Our Nature**, Katmandu, v. 16, n. 1, p. 35-42, 2018.

SOUSA, N. R. Processos genético-evolutivos e os recursos fitogenéticos. In: SOUSA, N. R.; SOUZA, A. G. C. (Eds.) **Recursos fitogenéticos na Amazônia Ocidental: Conservação, pesquisa e utilização**. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2002. p. 19-26.

4 CAPÍTULO II

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO EM VARIEDADES DE MILHO CRIOULO

RESUMO

O milho é um dos mais importantes cereais cultivados e consumidos no mundo. As variedades crioulas de milho são excelentes fontes de variabilidade genética. Entre os métodos de seleção intrapopulacional que contribuem para aumentar a frequência de alelos favoráveis em populações de milho crioulo, o de seleção entre e dentro em famílias de meio-irmãos tem-se mostrado eficiente. Os objetivos deste estudo foram: 1) realizar a seleção individual entre e dentro em dez famílias de meio-irmãos de milho crioulo; 2) estimar os componentes de variância, parâmetros genéticos, ganhos de seleção e produtividade das mesmas. O experimento foi realizado na área experimental da Universidade Federal do Acre. Foram avaliadas 10 famílias oriundas de seleção massal realizada em variedades crioulas de milho. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com duas repetições, totalizando 20 unidades experimentais, avaliando-se 4 plantas de cada parcela. O espaçamento utilizado foi de 0,8 por 0,3 m. As variáveis avaliadas foram: diâmetro de colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGF), massa de espiga (ME), massa de grãos total (MGT) e produtividade (PROD). Foram realizadas análises individuais para as todas as características avaliadas, selecionadas para acréscimo das médias originais com intensidade de seleção de 50% entre e 50% dentro, com o auxílio do *software* GENES. As famílias avaliadas apresentaram alta variabilidade genética para todos os caracteres estudados. A seleção massal estratificada permitiu ganhos de seleção superiores à seleção entre e dentro de famílias. A intensidade de seleção de 50% entre e 50% dentro de famílias mostrou-se adequada. A seleção para os caracteres massa de espiga e massa de grãos total apresentaram maiores estimativas de ganhos genéticos, 54,45 e 48,37% respectivamente. As famílias 2, 3, 4, 6 e 10 são as mais produtivas e promissoras para a seleção dos caracteres estudados.

Palavras-chave: Milho crioulo. Famílias de meio-irmãos. Variabilidade genética.

ABSTRACT

Corn is one of the most important cereals grown and consumed in the world. Maize landraces are excellent sources of genetic variability. Among the intrapopulation selection methods that contribute to increase the frequency of favorable alleles in creole maize populations, the selection between and within half-sib families has been shown to be efficient. The objectives of this study were: 1) to carry out individual selection among and within ten families of Creole corn half-sibs; 2) estimate the variance components, genetic parameters, selection gains and productivity. The experiment was carried out in the experimental area of the Federal University of Acre. Ten families from mass selection carried out on landraces of maize were evaluated. The experimental design was in randomized blocks, with two replications, totaling 20 experimental units, evaluating 4 plants from each plot. The spacing used was 0.8 by 0.3 m. The variables evaluated were: stem diameter (SD), ear length (EL), ear diameter (ED), number of rows (NR), number of grains per row (NGR), ear mass (EM), mass of total grain (MTG) and yield (YD). Individual analyzes were carried out for all characteristics evaluated, selected to add the original averages with a selection intensity of 50% between and 50% within, with the aid of the GENES software. The evaluated families showed high genetic variability for all characters studied. Stratified mass selection allowed selection gains superior to selection between and within families. The selection intensity of 50% between and 50% within families proved to be adequate. Selection for the traits ear mass and total grain mass showed higher estimates of genetic gains, 54.45 and 48.37%, respectively. Families 2, 3, 4, 6 and 10 are the most productive and promising for the selection of the studied characters.

Keywords: Creole corn. Half-sibling families. Genetic variability.

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um dos mais importantes cereais cultivados e consumidos no mundo, em razão do seu potencial produtivo, composição química, valor nutricional e multiplicidade de aplicações (OLIVEIRA et al., 2017). Aproximadamente 60% do milho produzido no mundo é destinado à alimentação animal, sendo utilizado na forma de grãos, farelos, silagem e rações (ABIMILHO, 2018).

A espécie *Zea mays* L. é caracterizada por ampla variabilidade genética, confirmada por sua adaptação às grandes variações de latitude, altitude, temperatura, estresses bióticos e abióticos e mesmo a pequenas variações de ambiente em regiões localizadas (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). No Brasil, o germoplasma de milho também é caracterizado por uma ampla variabilidade, incluindo raças, variedades locais e germoplasma exótico ou semiexótico introduzido de outros países (MENDES, 2018).

A partir da década de 1950, ocorreram uma série de transformações na agricultura mundial, entre as quais as alterações genéticas foram, talvez, as que mais afetaram a vida dos agricultores, que necessitam de grandes quantidades de fertilizantes, agroquímicos, máquinas e equipamentos para mantê-las (MENEQUETTI et al., 2002). Em função disso, torna-se necessário implementar cada vez mais a busca do germoplasma de milho disponível no país e entre as populações de plantas tradicionalmente utilizadas na agricultura com baixo emprego de elementos tecnológicos modernos (SILVEIRA et al., 2015).

Neste sentido, as variedades crioulas de milho surgem como uma excelente fonte de variabilidade genética. Uma vez cultivadas por comunidades, como povos indígenas e agricultores familiares, são normalmente submetidas à seleção para características relacionadas à produção em cada safra, proporcionando bom desempenho nas condições em que são cultivadas (TEIXEIRA et al., 2005).

Normalmente, o agricultor que cultiva milho crioulo utiliza pouco ou nenhum agroquímico em sua lavoura, facilitando a manutenção do equilíbrio ambiental e gerando um padrão de sustentabilidade ecológica. Estes materiais resultam do acúmulo de conhecimentos construídos e reconstruídos coletivamente, que mesmo diante da prática hegemônica do cultivo de transgênicos, estão presentes em inúmeras experiências, que representam as condições de desenvolvimento sustentável (CAMPOS et al., 2018).

Entre os métodos de seleção intrapopulacional que contribuem para aumentar a frequência de alelos favoráveis em populações de milho crioulo, o de seleção entre e dentro em famílias de meios-irmãos tem se mostrado eficiente, pois permite a obtenção de progressos genéticos mais rápidos, pela possibilidade de realização de mais de um ciclo por ano (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). A análise de dados do teste de progênie permite também estimar a variância genética aditiva na população base e, em consequência, verificar as chances de êxito na seleção (CARVALHO; SOUZA, 2007).

Seleção entre e dentro em famílias de meios-irmãos tem sido utilizado para melhorar diversos caracteres em milho. Faluba et al. (2010) avaliaram o potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais, Souza et al. (2009) avaliaram uma população de milho crioulo resgatada em Barbacena, no Sul e no Sudeste de Minas Gerais e no Norte do Rio de Janeiro. Heinz et al. (2012) utilizaram seleção de progênies de meios-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. Oliveira (2018) utilizou progênies de meios-irmãos para o potencial genético de populações exóticas de milho para o melhoramento visando caracteres agrônômicos e resistência a fitopatógenos. Ribeiro et al. (2016) utilizaram famílias de meios-irmãos em sete ciclos de seleção recorrente em milho pipoca.

A estimativa de parâmetros genéticos é muito importante no melhoramento de plantas. Esta permite identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos (FALUBA et al. 2010). Além disso, permite avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento pela obtenção de ganhos genéticos, assim como a manutenção da base genética adequada.

Desse modo, estimativas de parâmetros genéticos como variância genética, ganho de seleção e correlação entre os caracteres dos componentes de produção possibilitam conhecer o potencial das populações para melhoramento. Souza et al. (2009) predisse o ganho genético em uma população crioula de milho branco. Souza et al. (2008) estimaram a correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. Ribeiro et al. (2016) observaram valores de herdabilidade de 0 a 0,49, sendo o maior valor observado no ciclo 4. Rai et al. (2021) estimaram o CV_g para altura de plantas, comprimento e diâmetro de espiga.

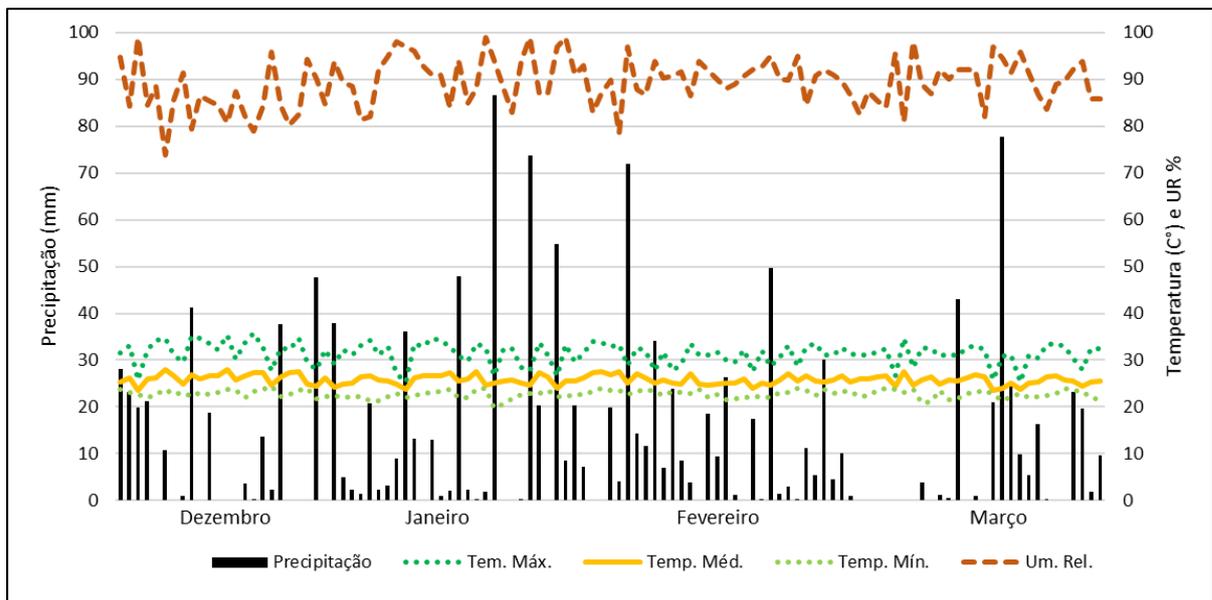
Neste contexto, os objetivos deste estudo foram: 1) realizar a seleção individual entre e dentro em dez famílias de meio-irmãos de milho crioulo do Acre, oriundas de plantas obtidas por seleção massal no ciclo anterior; 2) estimar os componentes de variância, parâmetros genéticos, ganhos de seleção e produtividade das dez famílias de meio-irmãos de milho crioulo estudadas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento II foi realizado na área experimental da Universidade Federal do Acre, localizada no município de Rio Branco, sob as coordenadas geográficas 67° 42' 18" O e 10° 01' 30" S e elevação de aproximadamente 136 metros. O clima do local é do tipo tropical, quente e chuvoso; Am, pela classificação de Koppen e Geiger, com temperatura média de 25,5 °C e pluviosidade de 1806 mm anuais (CLIMATE-DATA.ORG, 2021).

Na figura 1 pode-se observar os dados mensais de precipitação pluviométrica, temperaturas máxima, média e mínima e umidade relativa do ar, obtidos no site do Instituto Nacional de Meteorologia - INMET (www.inmet.gov.br) para o período de condução do experimento, entre 4 de dezembro de 2020 e 31 de março de 2021.

Figura 1-Dados climáticos mensais de precipitação, temperatura e umidade relativa do ar durante o período de condução do experimento II. Rio Branco, UFAC, 2020.



2.1 CARACTERIZAÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO

O experimento foi realizado no período entre dezembro de 2020 e março de 2021, durante a estação das chuvas, anormalmente distribuídas, em consequência do fenômeno La Niña associado às mudanças climáticas. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados (DBC), com dez tratamentos e duas repetições (10 x 2). As parcelas eram constituídas por três linhas de plantio, com 5 metros de comprimento cada, e espaçamento de 0,8 m por 0,3 m, considerando como área útil 10 m².

Os tratamentos foram constituídos por dez famílias de milho crioulo (Figura 2), cujas sementes foram procedentes de plantas do experimento I, no qual aplicou-se $\dot{=}$ 10% entre os 106 genótipos obtidos por seleção massal (Quadro 1). A quantidade de sementes disponíveis para plantio constituiu elemento essencial para a escolha dos genótipos a serem levados a campo.

Figura 2- Representação esquemática do experimento II em blocos casualizados (DBC), utilizando 10 famílias de milho crioulo, com 2 blocos. Rio Branco, UFAC, 2020.

F7	F3	F5	F4	F9	F10	F1	F8	F2	F6	B1
										
										B2
F1	F5	F10	F6	F4	F3	F8	F7	F9	F2	

Quadro 1 - Número de famílias de milho crioulo, e suas respectivas plantas originárias, obtidas por seleção massal durante o experimento I. Rio Branco, UFAC, 2020.

Família	Planta originária/Linha
1	P43/L19
2	P53/L18
3	P58/L12
4	P38/L18
5	P24/L19
6	P60/L20
7	P15/L21
8	P37/L14
9	P37/L13
10	P29/L23

A semeadura foi realizada manualmente com o auxílio de speks (cabo de madeira com uma extremidade pontiaguda, ideal para perfurar o solo), com a utilização de duas sementes por cova, cultivadas a uma profundidade média de 5 cm. Aos 15 dias após o plantio, procedeu-se o desbaste, método indispensável para diminuir a competição entre indivíduos por recursos, como água, nutrientes e radiação solar.

2.2 CARACTERES AVALIADOS

A colheita ocorreu na última semana de março de 2021. Foram avaliadas todas as plantas que produziram espigas ao final do experimento. Os caracteres avaliados foram:

Diâmetro de colmo (DC): medido no segundo entrenó das plantas (10 cm acima do nível do solo), com o auxílio de paquímetro manual (mm), em todas as plantas que produziram espigas;

Comprimento de espiga (CE): com o auxílio de régua graduada (cm), a medição foi realizada da extremidade basal à extremidade apical das espigas sem a presença de palha;

Diâmetro de espiga (DE): medido no terço médio de todas as espigas colhidas, com o uso de paquímetro manual (mm);

Número de fileiras (NF): foi contado o número de fileiras de grãos de todas as espigas colhidas, no caso do milho, em números sempre pares, como uma tabuada de dois (CRUZ et al., 2011);

Número de grãos por fileira (NGF): foi contado o número de grãos de uma fileira representativa, para todas as espigas colhidas;

Massa de espiga (ME): medido a massa em g de todas as espigas colhidas, sem a presença de palha, e com o uso de balança analógica;

Massa de grãos total (MGT): medida a massa de todos os grãos, obtidos com as espigas colhidas, em g, com o uso de balança analógica.

Produtividade média (PROD): obtida a partir da pesagem de grãos das espigas da área útil das parcelas. Através das médias de cada unidade experimental, realizou-se a extrapolação deste componente para $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, e correção para 13% de umidade, em metodologia semelhante à utilizada por Silveira (2014) e Batista et al. (2018), resultando na seguinte fórmula:

$$P(13\%) = \frac{MG \left(\frac{10000}{EI \times Ep} \right) 13}{U}$$

Em que:

P (13%) = produtividade média com umidade de grãos a 13%;

MG = massa média de grãos (kg);

EI = espaçamento entre linhas de plantio;

Ep = espaçamento entre plantas;

U = umidade estimada em porcentagem.

2.3 ANÁLISE DE VARIÂNCIA

A análise de variância foi executada segundo o seguinte modelo estatístico para blocos ao acaso, proposto por Cruz et al. (2014):

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + D_{ij} + E_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} é o valor observado no k -ésimo indivíduo, avaliado no i -ésimo genótipo do j -ésimo bloco;

μ é a média geral do experimento;

G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo;

B_j é o efeito do j -ésimo bloco;

D_{ij} é o efeito da parcela ij ;

E_{ijk} é o efeito do indivíduo k , do i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco.

Por esse modelo, o esquema da análise de variância, com seus quadrados médios e suas respectivas esperanças é apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Esquema da análise de variância para experimentos em blocos ao acaso com informações entre e dentro de parcelas. Rio Branco, UFAC, 2021.

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	$r-1$	QMB	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2 + ng\sigma_b^2$
Famílias	$g-1$	QMG	$\sigma_b^2 + n \sigma_e^2 + ng\sigma_g^2$
Entre parcelas	$(g-1)(r-1)$	QME	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2$
Dentro de parcelas	$rg(n-1)$	QMD	σ_d^2

Em que: σ_g^2 = componente da variância genética entre as médias de famílias; σ_b^2 = componente da variância ambiental, que mede as variações entre blocos; σ_d^2 = componente da variância fenotípica (ambiental e genética), que mede as variações entre plantas dentro de parcela; σ_e^2 = componente de variância ambiental que mede a variação entre parcelas.

2.4 COMPONENTES DE VARIÂNCIA

Os componentes de variância foram estimados a partir da análise de variância, por meio das seguintes expressões (CRUZ et al., 2014):

$$\text{Variância do bloco: } \sigma_b^2 = \frac{QMB - QME}{ng}$$

$$\text{Variância genética entre médias de parcelas: } \sigma_g^2 = \frac{QMG - QME}{nr}$$

Variância ambiental entre parcelas: $\sigma_e^2 = \frac{QME-QMD}{n}$

Variância genética dentro de famílias ou entre plantas dentro das parcelas:
 $\sigma_d^2 = QMD$.

2.5 COEFICIENTES DE HERDABILIDADE

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais dentro de família e em nível de média de famílias, para uso nos esquemas de seleção utilizados (CRUZ et al., 2014):

Herdabilidade em nível de famílias (seleção entre médias de famílias):

$$h_{entre}^2 = \frac{\sigma_g^2}{QMG/nb}$$

Herdabilidade em nível de plantas individuais (seleção dentro de famílias):

$$h_{dentro}^2 = \frac{\sigma_g^2}{QMD}$$

Herdabilidade em nível de plantas individuais no bloco:

$$h_d^2 = \frac{\left(\frac{1}{\theta}\right)\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_\varepsilon^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_g^2}$$

Herdabilidade em nível de plantas individuais no experimento:

$$h_e^2 = \frac{\left(\frac{1}{\theta}\right)\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_\varepsilon^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2}$$

2.6 GANHOS POR SELEÇÃO

Os ganhos por seleção foram estimados considerando 10 genótipos de famílias de meio-irmãos (FMI), com intensidade de seleção = 50% entre e 50% dentro. Todos os caracteres foram selecionados no sentido positivo, isto é, visando obter acréscimo em suas médias originais.

2.6.1 Seleção individual entre e dentro

Foram estimados os ganhos de seleção entre e dentro pelo método que leva em consideração os diferenciais de seleção, conforme Cruz et al. (2014).

2.6.1.1 Ganho por seleção entre famílias

O ganho por seleção entre famílias foi estimado pela seguinte expressão:

$$GS_e = h_m^2 \times DS \text{ e } GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0}$$

Em que:

GS_e é o ganho de seleção entre famílias;

h_m^2 é a herdabilidade em nível de média de famílias;

$DS = \bar{X}_S - \bar{X}_0$: diferencial de seleção;

$\bar{X}_S - \bar{X}_0$: média original e média dos indivíduos selecionados.

2.6.1.2 Ganho por seleção dentro de famílias

O ganho por seleção dentro de famílias foi estimado pela seguinte expressão:

$$GS_d = h_d^2 \times DS_m \text{ e } GS_d(\%) = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0}$$

Em que:

GS_d é o ganho de seleção dentro de famílias;

h_d^2 é a herdabilidade em nível de parcelas (entre plantas dentro de famílias);

DS_m : diferencial de seleção médio dentro das parcelas das famílias selecionadas.

2.6.1.3 Ganho por seleção entre e dentro de famílias

$$GS_{ed} = GS_e + GS_d$$

2.6.2 Ganho por seleção massal estratificada entre famílias

O ganho por seleção massal estratificada entre famílias foi estimado pela seguinte expressão:

$$GS_{me} = h_b^2 \times DS \text{ e } GS_{me}(\%) = \frac{100GS_{me}}{\bar{X}_0}$$

Em que:

GS_{me} é o ganho de seleção massal estratificada entre famílias;

h_b^2 é a herdabilidade em nível de indivíduos no bloco;

$DS = \bar{X}_S - \bar{X}_0$: diferencial de seleção;

$\bar{X}_S - \bar{X}_0$: média original e média dos indivíduos selecionados.

2.6.3 Ganho por seleção massal estratificada dentro de famílias

O ganho por seleção massal estratificada dentro de famílias foi estimado pela seguinte expressão:

$$GS_{md} = h_e^2 \times DS_m \text{ e } GS_{md}(\%) = \frac{100GS_{md}}{\bar{X}_0}$$

Em que:

GS_{md} é o ganho de seleção massal estratificada dentro de famílias;

h_e^2 é a herdabilidade em nível de indivíduos no experimento;

DS_m : diferencial de seleção médio dentro das parcelas das famílias selecionadas.

2.6.4 Ganho por seleção massal estratificada entre e dentro de famílias

$$GS_{med} = GS_{me} + GS_{md}$$

2.7 COEFICIENTES DE VARIAÇÃO

Foram estimados os coeficientes de variação como propostos por Vencovsky e Barriga (1992):

$$\text{Coeficiente de variação experimental (CV}_1\text{): } CV_{exp}\% = \frac{100\sqrt{QME/n}}{\hat{m}}$$

$$\text{Coeficiente de variação genético entre famílias (CV}_3\text{): } CV_{ge}\% = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gm}^2}}{\hat{m}}$$

$$\text{Coeficiente de variação genético dentro de famílias (CV}_4\text{): } CV_{gd}\% = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gd}^2}}{\hat{m}}$$

$$\text{Coeficiente de variação ambiental (CV}_2\text{): } CV_e\% = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{ee}^2}}{\hat{m}}$$

Em que \hat{m} é a média experimental geral.

Razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (Valor b):

$$\text{Entre: } CV_{ge}/CV_e = CV_3/CV_2$$

$$\text{Dentro: } CV_{gd}/CV_e = CV_4/CV_2$$

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do *software* Genes (CRUZ, 2008).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA

Na Tabela 2 são apresentados os resultados da análise de variância. Pode-se observar resultados significativos pelo teste F a 1% de probabilidade para os sete caracteres analisados nas famílias estudadas. Resultados como este são desejáveis no melhoramento de plantas, uma vez que indicam a existência de ampla variabilidade genética entre ou dentro das famílias, assim como largo potencial destas para futuros ganhos genéticos através de seleção.

Tabela 2 - Resumo da análise de variância para os caracteres avaliados em famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.

FV	QM						
	DC	CE	DE	NF	NGF	ME	MGE
Blocos	224,45	249,218	1140,805	248,513	594,05	14413,35	8966,34
Famílias	417,328**	4114,015**	14615,111**	4318,763**	9710,7**	106411,41**	71744,89**
Entre	520,863	648,407	2432,766	692,863	1535,7	15696,24	10067,067
Dentro	4700,125	5296,72	13814,148	4108,25	7119,5	87801,93	55232,24
Média	7,213	8,498	21,599	7,713	13,525	59,03	44,57
CV (%)	52,74	49,94	38,06	56,88	48,29	35,37	37,52

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total; FV = Fonte de variação; QM = Quadrado médio; ** significativo a 1% de significância pelo teste F.

Efeitos significativos para estas variáveis foram encontrado também por Fontinele (2019) e Cruz (2019). Este resultado é indicativo de que há ao menos uma família e, ou indivíduos dentro das famílias diferentes. Também é indicativo de variabilidade genética, ou seja, que existem diferentes alelos de um mesmo gene variando entre si em uma dada população ou família.

Araújo (1992) define a variabilidade genética como o fator primordial para o sucesso de um programa de melhoramento, sendo em milho, grande parte dos esforços concentrados em caracteres quantitativos. Estes resultados demonstram possibilidade de estabelecimento de programas de melhoramento visando a seleção de genótipos superiores ainda entre variedades crioulas de milho a nível regional.

O coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) apresentou valores muito altos ($>30\%$) pela classificação de Pimentel Gomes e Garcia (2002), variando de 35,37% a 56,88%. Fontinele (2019) ao avaliar genótipos de milho crioulo, também encontrou valores de $CV_e\%$ muito elevados para massa de espiga (ME) e massa de grãos total (MGT), com valores de 39,77 e 43,74% respectivamente.

Segundo Carpentieri-Pípulo et al. (2010) valores de $CV_e\%$ desta magnitude em milho crioulo indicam que o experimento não teve os fatores ambientais controlados adequadamente, o que possivelmente pode ter influenciado a análise de variância. Ainda segundo os autores, estes resultados podem ser explicados por condições ambientais adversas no local do experimento e à grande variabilidade genética dentro dos materiais, o que é muito importante para a seleção.

Fatores abióticos contribuíram para o aumento das estimativas de $CV_e\%$. O ano agrícola 2020/2021 foi caracterizado por atrasos na estação chuvosa (levando ao plantio fora de época) e má distribuição pluviométrica, com veranicos pronunciados durante o período de condução do experimento. A grande variabilidade genética entre e dentro das famílias de meio-irmãos (FMI) também colaborou substancialmente para os resultados observados.

3.2 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS

A estimação de parâmetros genéticos visa a obtenção de informações referentes ao tipo de ação gênica que controla cada caráter, assim como as condições para avaliação de programas de melhoramento vegetal. Possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método mais apropriado, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa e o peso que deve ser dado a cada caráter, separadamente ou em conjunto, com obtenção a partir da análise de variância dos dados (BARROS, 2007; ROSSMANN, 2001; CRUZ et al., 2014).

3.2.1 Estimativas das variâncias genética, fenotípica e ambiental

As estimativas dos componentes de variância referentes às variáveis estudadas são apresentadas na Tabela 3. O conhecimento destas estimativas, podem gerar informações importantes para a predição de ganhos e para possíveis alterações na estrutura genética das populações ou famílias.

Tabela 3- Estimativas das variâncias em virtude do efeito do bloco (σ_b^2), genética entre médias das famílias (σ_{ge}^2), genotípica dentro de famílias (σ_{gd}^2), fenotípica dentro de famílias (σ_{fd}^2), ambiental entre as parcelas (σ_{ee}^2) e fenotípica total, estimados para caracteres em estudo de famílias de milho crioulo. Rio Branco, UFAC, 2021.

Parâmetro	Variável						
	DC	CE	DE	NF	NGF	ME	MGE
σ_b^2	4,164	4,429	21,762	4,288	10,585	316,733	196,194
σ_{ge}^2	44,931	48,133	169,199	50,360	113,542	1259,933	856,636
σ_{gd}^2	134,795	144,40	507,598	151,079	340,625	3779,798	2569,909
σ_{fd}^2	78,335	88,279	230,236	68,471	118,658	1463,366	920,537
σ_{ee}^2	-5,115	-4,058	10,018	2,128	12,994	70,165	49,506
σ_f^2	122,316	136,783	431,215	125,247	255,779	3110,197	2022,874

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total.

As variâncias genéticas dentro das famílias (σ_{gd}^2) foram superiores às obtidas entre as famílias (σ_{ge}^2) para todos os caracteres estudados. Este fato indica maior eficiência para a seleção dentro, quando comparada à seleção entre as famílias. As variabilidades genéticas dentro (σ_{gd}^2) mais pronunciadas foram observadas para os caracteres massa de espiga (ME) e massa de grãos total (MGT), com 3779,8 e 2569,91 respectivamente, refletindo maior probabilidade de sucesso com a seleção para esses caracteres dentro das famílias estudadas.

As variâncias de bloco (σ_b^2) e ambiental (σ_{ee}^2), apresentaram valores relativamente baixos, quando comparadas com as demais, indicando menor influência dos blocos e do ambiente quando comparado ao efeito do genótipo na determinação fenotípica para os caracteres estudados. As σ_{ee}^2 negativas devem-se ao método de estimação, pois assim consegue-se extrair indivíduos superiores.

Segundo Paterniani (1968) a variabilidade genética dentro das famílias é um fator importante, com as progênies de meio-irmãos apresentando alta variabilidade de forma geral. Ainda segundo o autor, uma população em início do processo seletivo, como é o caso desta, tende a apresentar maiores valores de variância ambiental e CV_a , e conseqüentemente, interação genótipo x ambiente, que uma vez não estimado, é incluído na variância residual, contribuindo para aumentar o coeficiente de variação experimental (CV_e).

Valores mais altos de variância entre médias das famílias, genotípica dentro de famílias são comumente encontrados em populações nos ciclos iniciais de seleção. Esta situação facilita a seleção nos primeiros anos.

3.2.2 Estimativas de herdabilidade

De forma geral, os coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2) apresentaram altas magnitudes, com valores superiores a 0,83 para todas as variáveis estudadas (Tabela 4). Resultados como este sugerem alto controle genético sobre a determinação fenotípica, indicando grande potencial de seleção para todos os genótipos avaliados, com base nas médias de famílias. Estes valores são semelhantes aos obtidos por Fontinele (2019), que avaliando genótipos de milho crioulo, obteve herdabilidades superiores a 0,70 para todos os caracteres avaliados, exceto comprimento de espiga (0,60).

Tabela 4 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), de indivíduos dentro de famílias (h_d^2), dos indivíduos no bloco (h_b^2) e no experimento (h_e^2), estimado para variáveis em famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.

Coeficiente de herdabilidade	Variável						
	DC	CE	DE	NF	NGF	ME	MGE
h_m^2	0,86	0,84	0,83	0,84	0,84	0,85	0,86
h_d^2	1,72	1,64	2,20	2,20	2,87	2,58	2,79
h_b^2	1,46	1,41	1,65	1,67	1,85	1,80	1,88
h_e^2	1,41	1,38	1,57	1,61	1,78	1,62	1,69

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total.

Soares et al. (2011), estimando os parâmetros genéticos em uma população de linhagens endogâmicas recombinantes de milho tropical, obtiveram coeficiente de herdabilidade médio igual a 0,80 para peso de espiga. Resultado próximo ao obtido neste estudo para a variável em questão ($h_m^2=0,85$).

Carvalho et al. (2003), em trabalho visando estimar os parâmetros genéticos na variedade de milho BR 5028 São Francisco, estimaram coeficientes de herdabilidade entre médias de progênies que variaram de 0,40 a 0,48 para peso de espiga em três ciclos de seleção subsequentes. Valores inferiores ao obtido na presente pesquisa.

Os coeficientes de herdabilidade de indivíduos dentro de famílias (h_d^2) se apresentaram superiores a 1 para todos os caracteres estudados, com o maior valor observado para massa de grãos total (2,79). Estes resultados podem ser explicados pela ampla variação genética observada dentro das famílias, quando comparada à observada entre famílias. As estimativas de herdabilidade com base nos indivíduos no bloco (h_b^2) e no experimento (h_e^2) apresentaram valores bastante próximos, indicando que os blocos contribuíram em menor grau para a variância fenotípica, permitindo maior eficiência de seleção entre e dentro das famílias.

A estimativa da herdabilidade para produção de grãos em milho varia de menos de 0,1 (ou 10%), quando calculada com base em plantas individuais em apenas um local, até maior que 0,8 (ou 80%), quando calculada com base em médias de progênes autofecundadas em mais de uma localidade, atingindo valores intermediários quando se trata de meios-irmãos e irmãos germanos (HALLAUER, CARENA, MIRANDA FILHO, 2010). Coeficientes de herdabilidade indicam diretamente a quantidade proporcional herdável da variabilidade total. As estimativas deste parâmetro são muito úteis, pois, serve como referência na escolha de métodos de melhoramento adequados, assim como a intensidade de seleção a ser utilizada no melhoramento de dada espécie.

Segundo Borém e Miranda (2001) a herdabilidade não é um parâmetro fixo, com isso, as estimativas em uma população variam de acordo com os caracteres avaliados, a variabilidade presente, o tamanho da amostra estudada, o nível de endogamia da população, a quantidade e variedade de ambientes considerados, a precisão experimental e o delineamento utilizado. Além disso, tem função primordial por prever o valor genotípico com base na informação fenotípica (FALCONER, 1987).

Por indicar a o nível de correspondência existente entre o fenótipo e o seu valor genético, o coeficiente de herdabilidade é um parâmetro de grande importância para o melhoramento de plantas. Características com elevados valores de herdabilidade respondem mais facilmente à seleção, desta forma, a escolha do método de seleção mais adequado para uma população depende invariavelmente das estimativas de herdabilidade (PEREIRA, 2014).

3.2.3 Estimativas dos coeficientes de variação

Na Tabela 5 são apresentados os coeficientes de variação genético e ambiental, além das relações CV_{ge}/CV_e e CV_{gd}/CV_e para os caracteres estudados. O coeficiente de variação genético é indispensável para determinar a presença de

variabilidade genética em uma população, expressando a magnitude da variação genética em relação à média do caráter (REZENDE, 1991).

Tabela 5- Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), ambiental (CV_a), e da relação entre os coeficientes de variação genéticos entre famílias e ambiental (CV_{ge}/CV_a) e dentro de família e ambiental (CV_{gd}/CV_a), para famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.

Parâmetro	Variável						
	DC	CE	DE	NF	NGF	ME	MGE
CV_{ge}	92,94	81,65	60,22	92,01	78,78	60,13	65,67
CV_{gd}	160,97	141,41	104,31	159,37	136,46	104,15	113,74
CV_a	0	0	14,65	18,92	26,65	14,19	15,79
CV_{ge}/CV_a	0	0	4,11	4,86	2,96	4,24	4,16
CV_{gd}/CV_a	0	0	7,12	8,43	5,12	7,34	7,20

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total.

A relação CV_g/CV_e , proposta por Vencovsky em 1978 (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992), dá a proporção da variância genética em relação ao erro residual, não havendo influência da média populacional. As estimativas deste índice foram em geral altas, indicando suficiente variabilidade genética para os caracteres agrônômicos avaliados. Com exceção das variáveis diâmetro de colmo e comprimento de espiga, todos os caracteres apresentaram valores superiores a 1 para a relação CV_g/CV_e , indicando superioridade da variância genética em relação à variância ambiental, assim como a existência de condições favoráveis para a seleção (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

O CV_{gd} foi superior ao CV_{ge} para todos os caracteres estudados, confirmando que a chance de obtenção de maiores ganhos por seleção é potencialmente maior a partir dos indivíduos dentro das famílias. Para todas as variáveis os valores de CV_{gd} e CV_{ge} mostraram-se superiores a 7%, limite mínimo para ser considerado alto, de acordo Sebbenn et al. (1998), indicando a existência de vasta variabilidade genética, entre e dentro das famílias de milho crioulo estudadas.

Os maiores valores de CV_{gd} foram para DC (160,97 e 92,94), NF (159,37 e 92,01), CE (141,41 e 81,65) e NGF (136,46 e 78,78 respectivamente). Os menores valores de CV_{gd} foram observados para ME (104,15 e 60,13), DE (104,31 e 60,22) e MGE (113,74 e 65,57 respectivamente).

É importante ressaltar que mesmo apresentando valores de CV_{ge} inferiores às primeiras variáveis citadas, estes resultados para as variáveis do segundo grupo ainda são considerados muito altos ($\geq 7\%$) pela classificação de Sebben et al. (1998), o que indica alto potencial de seleção para estes caracteres, com a inclusão destes genótipos em futuros ciclos de seleção.

Gama et al. (1999), utilizando progênies de meio-irmãos interpopulacionais, estimaram os parâmetros genéticos e o grau de desempenho das progênies endogâmicas S_2 oriundas de dois sintéticos de milho de ciclo precoce. Os autores obtiveram valores de CV_g para o peso de espigas despalhadas que variaram de 5,84 a 9,63 para os cruzamentos Sin 53 (S_2) x Sin 61 e de 8,93 a 10,34 para Sin 61 (S_2) x Sin 53. Estes valores de CV_g foram inferiores aos obtidos no presente estudo para a mesma variável.

No melhoramento de plantas, é muito comum utilizar para comparar a variabilidade entre populações as estimativas das variâncias genéticas aditivas. Entretanto, as diferenças observadas entre populações com diferentes ciclos, entre densidades de plantio e entre os diferentes ambientes de avaliação, além de outros, podem ser altas ou baixas e interferir nas conclusões (KINKOSKI, 2017). A utilização da relação CV_g/CV_e , que resulta na proporção da variância genética em relação ao erro residual, torna-se mais apropriada, uma vez que não há influência da média populacional nos resultados obtidos (KINKOSKI, 2017).

Com exceção do diâmetro do colmo e comprimento de espiga, as variáveis estudadas apresentaram valores de CV_g/CV_e superiores a 1. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004) quando a estimativa desta relação for ≥ 1 é um indicativo de precisão experimental na coleta dos dados, bem como de situação bastante favorável para a seleção artificial. Fato que favorece a seleção fenotípica dos caracteres, uma vez que a variação genética é a maior responsável pelas diferenças entre e dentro das famílias (CRUZ et al., 2014; YOKOMIZO; FARIAS NETO, 2003). Progênies de meios-irmãos com maior destaque nestas variáveis podem ser selecionadas, sendo provavelmente vantajosos no processo de seleção do programa de melhoramento genético.

3.3 GANHOS POR SELEÇÃO

As Tabelas 6 e 7 apresentam os ganhos por seleção entre, dentro e entre e dentro das famílias, calculados a partir dos diferenciais de seleção, aplicando-se intensidade de seleção de 50% entre e 50% dentro das famílias avaliadas.

Tabela 6- Ganhos por seleção entre (GS_e), dentro (GS_d) e entre e dentro (GS_{ed}) estimados pelos métodos de seleção entre e dentro (ED) e massal estratificada (ME) em caracteres de famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.

Método	Variável							
	GS	DC (mm)	CE (cm)	DE (mm)	NF	NGF	ME (g)	MGT (g)
Seleção ED	GS_e	0,56	0,78	1,51	0,53	2,89	13,19	12,38
	GS_d	2,31	1,23	5,79	3,75	7,89	41,26	35,99
	GS_{ed}	2,87	2,01	7,3	4,28	10,78	54,45	48,37
Seleção ME	GS_e	0,53	0,78	1,51	0,53	2,89	13,19	12,37
	GS_d	4,67	2,69	9,65	4,63	13,56	73,36	58,20
	GS_{ed}	5,2	3,47	11,16	5,16	16,45	86,55	70,57

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total; GS = Ganho de seleção.

Os GS_d foram superiores aos GS_e para todos os caracteres avaliados, em ambos os métodos de seleção (individual entre e dentro e massal estratificada). Os ganhos por seleção massal estratificada mostraram-se superiores aos observados para a seleção individual entre e dentro em todos os caracteres estudados, indicando maior eficiência da primeira em explorar a variabilidade genética presente nos genótipos em estudo.

Tabela 7 - Ganhos por seleção entre (GS_e), dentro (GS_d) e entre e dentro (GS_{ed}) em porcentagem (%), estimados pelos métodos de seleção entre e dentro (ED) e massal estratificada (ME) em caracteres de famílias de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.

Método	Variável							
	GS	DC	CE	DE	NF	NGF	ME	MGE
Seleção ED	GS_e (%)	3,86	5,04	4,46	3,64	12,79	15,25	18,7
	GS_d (%)	16,11	7,48	16,19	24,87	30,30	40,47	44,66
	GS_{ed} (%)	19,97	12,52	20,65	28,51	43,09	55,72	63,36
Seleção ME	GS_e (%)	3,86	5,04	4,46	3,64	12,79	15,25	18,69
	GS_d (%)	32,53	16,33	27,00	30,72	52,07	71,96	72,22
	GS_{ed} (%)	36,39	21,37	31,46	34,36	64,86	87,21	90,91

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total; GS = Ganho de seleção.

Resultados como estes podem ser explicados pelos valores de herdabilidade utilizados nos cálculos de ganho por seleção (GS). Para a seleção individual entre e

dentro faz-se uso das herdabilidades a nível de médias de famílias (h_m^2) e de indivíduos dentro de famílias (h_d^2). Na seleção massal estratificada utilizam-se as herdabilidades individuais no bloco (h_b^2) e no experimento (h_e^2), permitindo desta forma explorar a variabilidade genética existente dentro das famílias com maior eficiência e intensidade, uma vez que cada estrato neste método representa uma unidade seletiva individual, com conseqüente redução do efeito ambiental na determinação do fenótipo (ABREU, 2010).

Os maiores ganhos por seleção massal estratificada e individual entre e dentro foram observados para massa de grãos total (90,91 e 63,36% respectivamente), massa de espiga (87,21 e 55,72%) e número de grãos por fileira (64,86 e 43,09%). Os menores ganhos para ambos os métodos por sua vez foram observados para comprimento de espiga (21,37 e 12,52%), diâmetro de espiga (31,46 e 20,65%) e diâmetro de colmo (36,39 e 19,97%).

Fontinele (2019), estudando a variabilidade genética existente em variedades crioulas de milho, observou resultados semelhantes, com leve predominância dos ganhos de seleção dentro das parcelas, quando comparados aos ganhos entre parcelas. A autora obteve ganhos significativos para massa de espiga (109,01%) e massa total de grãos (96,17%), assim como ganhos regulares para diâmetro de colmo (14,77%), diâmetro de espiga (34,44%) e comprimento de espiga (14,30%), indicando ser a seleção dentro das parcelas mais favorável para o melhoramento de milho crioulo, quando comparada à seleção entre as parcelas experimentais.

Silva (2018), em trabalho visando estimar parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de milho durante o terceiro ciclo de seleção recorrente, obteve ganhos de seleção consideráveis para peso de espiga (43,90% para a população I e 81,37% para a II) e peso de grãos (45,56 e 18,47%), e ganhos menores para comprimento de espiga (8,41 e 9,54%), diâmetro de espiga (5,63 e 9,45%), número de fileiras (1,66 e 7,36%) e número de grãos por fileira (4,55 e 6,36%). Resultados como este indicam maior potencial de seleção para as variáveis ME e MGT em ciclos iniciais de seleção, com relação proporcional aos valores de herdabilidade observados.

Carvalho et al. (2000), trabalhando com cinco ciclos de seleção do cultivar de milho BRS 5033-Asa Branca, obtiveram ganhos que variaram de 0,6 a 27,9% entre e 0,8 26,6% dentro de progênies, para a variável peso de espiga. Valores inferiores aos deste estudo. Guimarães et al. (2019) estimaram ganhos de 9,62, 3,93 e 9,79% para

número de fileiras, número de grãos por fileira e peso de espiga, respectivamente. No presente estudo as estimativas de ganhos foram de 28,51, 43,09 e 55,72% para a seleção entre e dentro de famílias dos mesmos caracteres.

Heinz et al. (2012) realizaram trabalho objetivando estimar os ganhos genéticos na seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. Os autores obtiveram ganhos por seleção de 0,74, 1,17 e 0,93% em condições de baixo N no solo para tamanho, diâmetro e peso de espiga, respectivamente. Para condições de N elevado, estimaram ganhos de 0,34, 2,42 e 6,88% para os mesmos caracteres. Resultados inferiores os obtidos nesta pesquisa.

Observam-se na Tabela 8 as famílias selecionadas para cada caráter, aplicando-se $i=50\%$. O genótipo 10 evidenciou-se, uma vez que foi selecionado para todos os caracteres em ambos os métodos de seleção (entre e dentro e massal estratificada). As famílias 2, 3 e 6 destacaram-se para 6 das 7 variáveis estudadas, indicando amplo potencial destes materiais para continuidade em futuros ciclos de seleção. A família 4 foi selecionada para 5 dos 7 caracteres em estudo.

Tabela 8 - Famílias de milho crioulo selecionadas pelos métodos de seleção entre e dentro (ED) e massal estratificada (ME), com intensidade de seleção (i) = 50%. Rio Branco, UFAC, 2021.

Método	Famílias selecionadas						
	DC	CE	DE	NF	NGF	ME	MGE
Seleção ED e ME	1	2	2	2	3	2	2
	2	3	3	4	4	3	3
	3	5	4	6	6	4	4
	5	6	6	8	8	6	6
	10	10	10	10	10	10	10

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total; GS = Ganho de seleção.

Os indivíduos selecionados dentro das famílias podem ser observados no Quadro 2. Em conjunto com os resultados obtidos para a seleção entre famílias, as famílias 2, 3, 4, 6 e 10 mostraram-se superiores também para a seleção individual dentro de famílias. Estes resultados indicam amplo potencial de seleção para estes materiais, com boas possibilidades de obter novas famílias a partir dos indivíduos selecionados durante este ciclo de seleção, evidenciando a necessidade de realização de novos experimentos com repetição, visando a obtenção das melhores cultivares, em ciclos avançados de melhoramento.

Quadro 2 - Indivíduos selecionados por família para seleção individual entre e dentro (ED) com a intensidade de 50% entre e 50% dentro para caracteres avaliados em progênies de variedades crioulas de milho. Rio Branco, UFAC, 2021.

Família/Planta	Bloco 1				Bloco 2			
	1	2	3	4	1	2	3	4
1	DC	-	-	-	DC	DC	-	-
2	DC CE DE NF ME MGT	DC DE ME	CE NF	MGT	DC ME MGT	DC CE DE NF ME MGT	CE DE NF	-
3	DC CE DE NGF ME MGT	-	-	-	DC CE DE ME MGT	-	DC CE DE ME MGT	-
4	DE NF	DE NF NGF ME MGT	NGF ME MGT	-	DE NF ME MGT	MGT	DE NF ME	-
5	DC CE	DC CE	-	-	DC CE	-	-	-
6	CE DE NF NGF ME MGT	CE DE NF NGF ME MGT	-	-	CE DE ME MGT	DE NF ME MGT	CE NF	-
7	-	-	-	-	-	-	-	-
8	NF NGF	NGF	NF	-	NF	-	NF	-
9	-	-	-	-	-	-	-	-
10	CE NGF ME MGT	DE NF	DC CE ME MGT	DC DE NF NGF	DC	CE	DC CE DE NF ME MGT	DE NF ME MGT

DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total.

De acordo com Borém e Miranda (2005), a seleção é mais eficiente quando baseada na avaliação de algum tipo de progênie (família), permitindo que o melhorista faça as avaliações em testes com repetições conduzidas em diferentes ambientes. Ainda segundo o autor, a seleção baseada no comportamento das famílias é mais eficiente do que a realizada apenas com base no fenótipo dos indivíduos (princípio de Vilmorin, século XIX). A correlação observada entre a seleção de famílias e de indivíduos dentro destas está diretamente relacionada aos elevados valores genotípicos observados entre e dentro de famílias para todos os caracteres estudados.

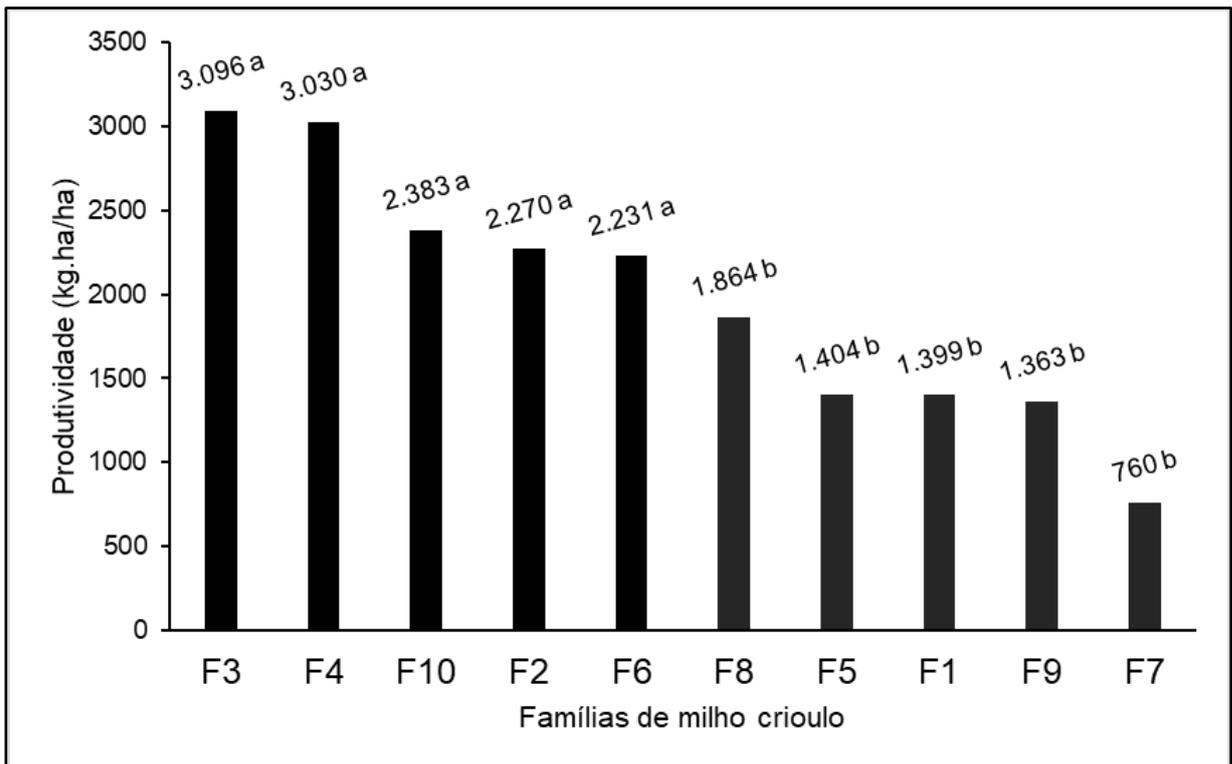
Utilizar informações dentro da unidade experimental e seleção de genótipos superiores com base em um complexo de variáveis, amplia a possibilidade de uma seleção mais promissora (KINKOSKI, 2017). Dessa forma, a seleção de genótipos mais promissores aos cultivos comerciais, baseando-se em várias características ao mesmo tempo oferece uma maior chance de sucesso para o programa de melhoramento (RODRIGUES et al., 2011).

3.4 PRODUTIVIDADE

As produtividades médias para as famílias de milho crioulo estudadas podem ser observadas na Figura 3. O teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade permitiu a

obtenção de dois grandes grupos de médias: grupo A: F3, F4, F10, F2 e F6 e grupo B: F8, F5, F1, F9 e F7. Para o grupo A, as médias de produtividade variaram de 3096 kg.ha⁻¹ (F3) a 2231 kg.ha⁻¹ (F6). Para o grupo B, observou-se variação de 1864 kg.ha⁻¹ (F8) a 760 kg.ha⁻¹ (F7). Estes resultados, em conjunto com os anteriores, indicam que as famílias 2, 3, 4, 6 e 10 são as mais produtivas e promissoras para a seleção dos caracteres estudados.

Figura 3 - Médias de produtividade (PROD) para 10 famílias de milho crioulo. Rio Branco, UFAC, 2021.



Famílias com médias não ligadas por mesma letra diferem pelo teste de Scott & Knott em nível de 5% de probabilidade de erro.

Comparados aos dados divulgados pela Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2020), estes resultados são inferiores à média nacional para a safra 2019/2020, 5466 kg.ha⁻¹, porém equivalentes à média estadual, 2417 kg.ha⁻¹. De acordo com Paterniani et al. (2000) resultados como este são esperados, uma vez que as populações crioulas não melhoradas apresentam produtividade inferior quando comparadas às cultivares comerciais, porém, devido a sua variabilidade genética, estes materiais possuem amplo potencial para ganhos em ciclos de melhoramento subsequentes.

Carpentieri-Pípulo et al. (2010), avaliando 15 variedades de milho crioulo e duas testemunhas, em sistemas de baixo nível tecnológico, observaram resultados de

produtividade semelhantes, com a obtenção de dois grandes grupos de médias através do teste de Skott-Knott a 5% de significância. O primeiro compreendendo 8 genótipos de milho, com produtividades variando de 3816 kg.ha⁻¹ (para a testemunha IPR 114) a 2759 kg.ha⁻¹ (P-10), e o segundo abrangendo 9 genótipos, e produtividades variando de 2662 kg.ha⁻¹ (testemunha BR 106) a 1395 kg.ha⁻¹ (P-18).

Resultados semelhantes foram também observados por Fontinele (2019), que estudando quatro variedades crioulas de milho em Rio Branco, Acre, obteve produtividades que variaram de 2688 kg.ha⁻¹ (para a variedade V4) a 1098 kg.ha⁻¹ (V2). Resultados como estes indicam que a produtividade média em ciclos iniciais de seleção para variedades crioulas de milho tende a variar de baixa à média, explicitando a necessidade de realização de novos experimentos com repetição, visando a obtenção de cultivares produtivas em ciclos avançados de seleção.

Bianchetto et al. (2017) obteve produtividades superiores às observadas neste trabalho para as variedades crioulas de milho Roxo e Bico de Ouro (6,2 e 5,9 t.ha⁻¹ respectivamente), que se mostraram estatisticamente similares ao híbrido Agroeste AS 1551 (7,2 t ha⁻¹) especialmente com baixa fertilização do solo. De acordo com os autores, as variedades crioulas mostram-se como excelentes alternativas de renda e produção de alimento para os agricultores familiares.

Araújo e Nass (2002) estudando 25 amostras representativas de populações crioulas de milho, obtiveram produtividades médias que variaram de 7945 a 2136 kg.ha⁻¹. Os autores observaram desempenho 50% inferior das populações crioulas quando comparadas à testemunha (híbrido AG122). Ainda segundo os autores, a principal justificativa para o investimento no melhoramento de populações crioulas seria a presença de genes específicos de interesse, especialmente com relação aos estresses bióticos e abióticos, muito importantes para a cultura do milho.

Utilizar estimativas de herdabilidade em conjunto com o ganho são úteis para prever o ganho com seleção do que unicamente as estimativas de herdabilidade. Conforme Resende (2002) o ganho genético mede o aprimoramento da geração que está sendo selecionada em relação à anterior. Estimar o ganho genético ou progresso com a seleção, ajuda a estimar a eficiência dos métodos de seleção empregados no desenvolvimento de novas cultivares (KINKOSKI, 2017). O uso destes parâmetros é um dos mais importantes da genética quantitativa aplicada no fitomelhoramento, pois auxilia a prever o possível sucesso alcançado com a seleção artificial (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; RANGEL et. al., 2000).

4 CONCLUSÕES

As famílias de milho crioulo avaliadas apresentam variabilidade genética para todos os caracteres estudados.

As herdabilidades com base nas médias de famílias evidenciam alto controle genético e condições favoráveis e promissores à seleção.

Os caracteres número de grãos por fileira, massa de espiga e massa de grãos total apresentam altos valores de ganho, mostrando-se favoráveis à seleção.

A intensidade de seleção de 50% entre e 50% dentro de famílias mostrou-se adequada, uma vez que apresentou ganhos de seleção expressivos e boa quantidade de indivíduos selecionados.

A seleção massal estratificada (SME) proporcionou maiores ganhos de seleção quando comparada à seleção individual entre e dentro de famílias (ED).

Faz-se necessária a realização de novos experimentos com repetição, visando a obtenção de cultivares produtivas, em ciclos avançados de seleção.

REFEFÊNCIAS

- ABREU, G. B. **Estratégias visando à melhoria da seleção massal**. 2010. 67f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.
- ARAÚJO, P. M. de. **Variabilidade genética em subpopulações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente**. 1992. 153f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ - USP), Piracicaba, 1992.
- ARAÚJO, P. M. de; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, n. 3, p. 589-593, 2002.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDUSTRIAS DO MILHO- ABIMILHO. **Oferta e Demanda do Milho do Brasil**. 2018. < <http://www.abimilho.com.br/estatisticas>>. Acesso em: 30 de julho de 2021.
- BARROS, L. B. **Parâmetros genéticos em variedades de milho crioulo e sua utilização na seleção**. 2007. 79f. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2007.
- BATISTA, V. V.; LINK, L.; GIARETTA, R.; SILVA, J. S.; ADAMI, P. F. Componentes de rendimento e produtividade de híbridos de milho cultivados em safrinha. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, Guarapuava, v. 11, n. 2, p. 67-75, 2018.
- BIANCHETTO, R.; FONTANIVE, D. E.; CEZIMBRA, J. C. G.; KRYNSKI, A. M. Desempenho Agrônômico de Milho Crioulo em Diferentes Níveis de Adubação no Sul do Brasil. **Revista Eletrônica Científica da UERGS**, Porto Alegre, v. 3, n. 3, p. 528-545, 2017.
- BORÉM, A. MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2005. 525p.
- CAMPOS, A. V. de; CASSOL, K. P.; WIZNIEWSKY, C. R. F. A sustentabilidade nos territórios do milho crioulo: olhares para Anchieta/SC e Ibarama/RS. **Revista Grifos**, Chapecó, v. 27, n. 44, p. 144-172, 2018.
- CARVALHO, H. W. L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos; SOUZA, E. M. de. Estimativas de parâmetros genéticos em ciclos avançados de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na variedade de milho BR 5028 São Francisco. **Agrotropica**, Itabuna, v. 15, n. 2, p. 113-120, 2003.
- CARVALHO, H. W. L. de; SANTOS, M. X. dos; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P. C. L. de. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033-Asa Branca no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1417-1425, 2000.

CARVALHO, H. W. L. de; SOUZA, E. M. de. Ciclos de seleção de progênes de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 6, p. 803-809, 2007.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SOUZA, A. de; SILVA, D. A. da; BARRETO, T. P.; GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, J. M. Avaliação de cultivares de milho crioulo em sistema de baixo nível tecnológico. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 32, n. 2, p. 229-233, 2010.

CLIMATE-DATA.ORG. **Dados climáticos para cidades mundiais**. Clima: Rio Branco. Disponível em: <https://pt.climate-data.org/location/4000/>. Acesso em: 31 de maio de 2021.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**, Brasília, v. 7, safra 2019/2020, n. 4 - Quarto Levantamento, jan. 2020.

CRUZ, C. D. **Programa genes: diversidade genética**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2008. 278p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.

CRUZ, J. C.; MAGALHÃES, P. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; MOREIRA, J. A. A. **Milho: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2011. 338p.

CRUZ, L. R. da. **Viabilidade agronômica das culturas do milho e mamona em diferentes sistemas de produção na Amazônia Ocidental**. 2019. 90f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2019.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.

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

FONTINELE, Y. da R. **Variabilidade e estratégias de seleção em variedades crioulas de milho**. 2019. 61f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2019.

GAMA, E. E. G. e; PACHECO, C. A. P.; PARENTONI, S. N.; MEIRELLES, W. F.; CORREA, L. A. Variabilidade genética nos sintéticos de milho Sin 53 e Sin 61 para fins de r melhoramento. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 46, n. 268, p. 615-624, 1999.

GUIMARÃES, A. G.; OLIVEIRA, J. R.; SARAIVA, E. A.; SILVA, A. J. M. da; MACEDO, L. A.; COSTA, R. A.; GUIMARÃES, C. G.; COSTA, M. R. da. Seleção de genótipos superiores de milho para cultivo no município de Couto de Magalhães de Minas - MG. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v. 9, n. 2, p. 110-119, 2019.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nded. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.

HEINZ, R.; MOTA, L. H. de S.; GONÇALVES, M. C.; VIEGAS NETO, A. L.; CARLESSO, A. Seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 43, n. 4, p. 731-739, 2012.

KINKOSKI, R. **Potencial produtivo e divergência genética de progênies de meios-irmãos de milho superdoce e crioulo para consumo *in natura***. 2017. 77f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, 2017.

MENDES, U. C. **Potencial de produtividade e variabilidade de populações semiexóticas de milho como base para seleção**. 2018. 85f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2018.

MENEGUETTI, G. A.; GIRARDI, J. L.; REGINATTO, J. C. Milho crioulo: tecnologia viável e sustentável. **Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 3, n. 1, p. 12-17, 2002.

OLIVEIRA, A. S. **Potencial genético de populações exóticas de milho para o melhoramento visando caracteres agrônômicos e resistência aos fitopatógenos**. 2018. 154f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia, 2018.

OLIVEIRA, M. S.; ROCHA, A.; SULLYOK, M.; KRŠKA, R.; MALLMANN, C. A. Natural mycotoxin contamination of maize (*Zea mays* L.) in the South region of Brazil. **Food Control**, v. 73, n. 1, p. 127-132, mar. 2017.

PATERNIANI, E. **Avaliação de método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.)**. 1968. 92p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ - USP), Piracicaba, 1968.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, 2000. p. 11-41.

PEREIRA, S. M. A. **Variabilidade genética em famílias de meio-irmãos de cafeeiro Robusta**. 2014. 100f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, 2014.

PIMENTEL GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309p.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARAES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1595-1604, 2000.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação tecnológica, 2002. 975p.

REZENDE, G. D. S. P. Melhoramento genético do eucalipto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, 2001, CD-ROM.

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ - USP), Piracicaba, 2001.

SEBBENN, A.M. **Estudo em populações de jequitibá [*Cariniana legalis* (MART.) KTZE] em teste de progênie por caracteres quantitativos e isoenzimas**. 2001. 191f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2001.

SILVA, E. M. da. **Estimação de parâmetros genéticos em populações de seleção recorrente em milho**. 2018. 71f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2018.

SILVEIRA, D. C.; BONETTI, L. P.; TRAGNAGO, J. L.; NETO, N.; MONTEIRO, V. Caracterização agromorfológica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.) na região noroeste do Rio Grande do Sul. **Revista Ciência e Tecnologia**, Cruz Alta, v.1, n.1, p.1-11, 2015.

SILVEIRA, P. R. de S. **Adubação e espaçamento entre linhas na produtividade de milho (*Zea mays*) híbrido BRAS 3010**. 2014. 77f. Dissertação (Mestrado em Manejo do Solo e da Água) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2014.

SOARES, M. O.; MIRANDA, G. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MARRIEL, I. E.; GUIMARÃES, C. T. Parâmetros genéticos de uma população de milho em níveis contrastantes de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 168-174, 2011.

SOUZA, A. R. R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIRA, P. L. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 4, p. 183-190, 2008.

SOUZA, A. R. R. e; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, L. V. de. Predicting the genetic gain in the Brazilian white maize landrace. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 39, n. 1, p. 19-24, 2009.

TEIXEIRA, F. F.; SOUZA, B. O.; ANDRADE, R. V.; PADILHA, L. **Boas práticas na manutenção de germoplasma de variedades crioulas de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2005. 8p. (Embrapa Milho e Sorgo. Comunicado Técnico,113).

VENCOSVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**.
Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de genética, 1992. 406 p.

YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.1, p.67-72, 2003.

APÊNDICES

Apêndice A - Plantas obtidas por seleção massal no experimento I, aplicando-se $i = 20\%$. Rio Branco, UFAC, 2021.

Planta	DC (mm)	IE (m)	AP (m)	CE (cm)	DE (mm)	NF	NGF	ME (g)	MGT (g)
L1P3	22	1,7	3,3	20,7	39	18	33	184,95	161,25
L1P5	17,2	1,9	3,5	17	42	14	31	155,05	126,3
L1P20	21	2,2	3,6	16,2	31,5	16	32	172,66	133,6
L1P21	19	1,8	3,3	16	39	12	36	210,92	185,02
L2P3	21,8	1,8	3,4	17,3	43,3	12	27	154,26	114,01
L2P7	20	2,2	3,6	17,5	40,5	12	30	137,87	99,15
L2P26	21,3	2,2	3,9	16	43,8	12	29	133,42	106,19
L3P11	18	2,05	3,3	17,2	43,2	12	33	155,19	132,61
L3P25	18,6	1,7	3,3	19	40,8	12	30	135,85	100,62
L3P42	18,5	2	3,4	17,2	40,5	14	40	173,43	141,5
L4P4	24	2,15	3,6	15,5	41,3	10	36	136,39	110,59
L4P20	17	2,05	3,8	20,4	40,7	12	39	168,12	144,38
L4P28	20	2,25	2,75	17,3	46,3	18	30	176,35	147,62
L4P31	25	2,3	3,9	18,1	40,7	10	35	134,57	103,79
L4P39	18,5	1,75	2,7	16,6	36,5	10	24	119,01	100,14
L4P41	19	2,6	4	13,7	40,9	12	30	120,36	101,39
L4P55	24	2,2	4	19,2	36,2	12	35	146,69	121,75
L5P40	14	1,4	2,7	17	38	12	38	139,6	111,15
L5P46	15	1,9	3,6	19	40	12	35	184,57	131,47
L5P54	15	1	2	19	40	18	33	156,17	125,71
L6P12	23,5	1,8	3,6	15,2	45	14	30	145,93	107,89
L6P21	10,5	1,45	2,6	16,3	43,2	18	28	134,25	118,47
L6P25	18,5	2,2	3,8	20	42,8	14	26	148,81	109,03
L6P43	22	1,7	3	15,5	46,5	14	33	148,12	122,18
L6P53	19	1,6	2,7	15,5	39,9	12	27	117,93	92,71
L7P2	13	2,3	2,4	19	43,3	16	41	180,68	157
L7P25	23	2,4	4	17,5	36,7	14	29	137,92	115,76
L7P35	11,8	1,8	2,15	15,1	41,3	12	30	114,71	94,12
L8P12	22	2,2	3,6	18,4	44,8	14	35	184,62	152,2

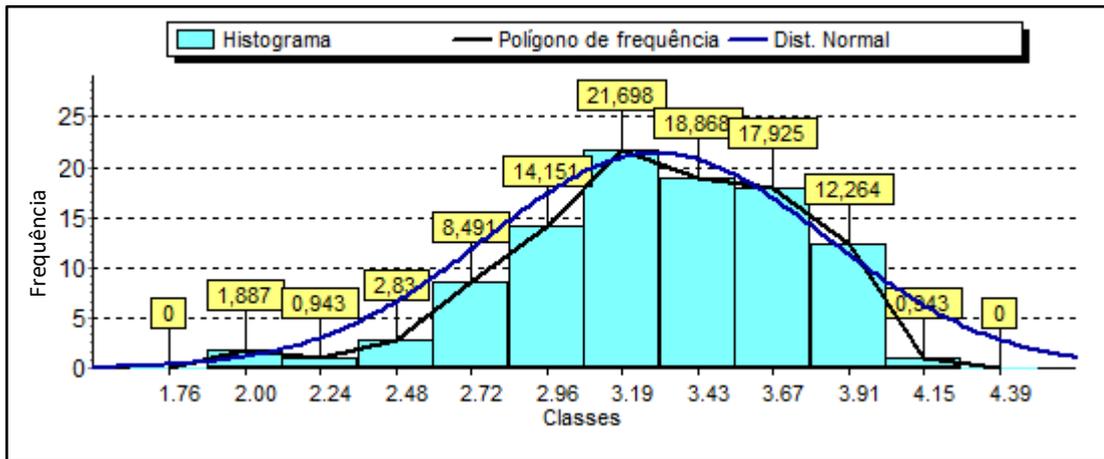
Planta	DC (mm)	IE (m)	AP (m)	CE (cm)	DE (mm)	NF	NGF	ME (g)	MGT (g)
L8P19	17,5	2,2	3,2	14,5	42,7	10	27	117,36	90,9
L8P22	18	1,35	3	17,7	41,6	18	32	155,79	126,53
L8P31	20	2,6	4,15	17	38,2	12	26	131,58	106,25
L9P26	19	1,8	3,1	19,7	38,5	14	35	159,85	131,75
L9P31	13,5	1,2	3,6	17,7	41,2	14	24	122,02	91,58
L9P52	22	2,6	2,8	17,2	37,7	18	29	116,04	100,14
L10P5	15	1,75	3,05	22	29,3	10	43	100,67	95,36
L10P6	19	2,2	3,4	16,7	36,5	14	32	134,23	116,74
L10P10	21	1,85	3,6	17,7	42,9	14	24	124,89	97,19
L10P11	18,5	2	3,6	14,5	43,2	14	29	146,97	121,98
L10P32	21	2,4	4	18	38,5	8	32	134,84	97,82
L10P35	23	1,4	3	17,5	44,2	14	26	161,44	123,07
L10P45	17	2,05	3,4	16,2	39,1	12	33	131,47	105,03
L10P46	21,5	1,3	2,7	17,2	36,8	12	33	117,49	90,21
L10P47	17,5	1,7	3,3	20	40,5	16	33	150,41	122,24
L10P58	22	2,4	4	17,5	43,2	12	33	160,12	125,2
L10P61	18	1,9	3,5	13,6	45,8	12	22	114,56	95,06
L10P62	18	2,05	3,3	16	37,7	10	31	114,09	90,23
L11P13	20	2,25	3,55	15,7	14	16	26	119,66	99,57
L11P19	23	1,75	3,15	17,7	38	18	32	136,69	115,4
L11P26	18	2,05	3,45	14,5	41,7	16	25	131,52	106,04
L11P43	17	2,1	3,55	17,2	45,8	14	32	169,9	140,29
L11P47	20	2,2	3,4	19,1	36,7	12	35	130,22	99,04
L11P58	20	2	3,2	17,5	36,3	12	25	113,92	90,34
L12P7	26	1,5	3,7	17,3	44,5	12	28	133,63	113,43
L12P42	16	1,6	3	17,2	42,3	16	31	159,74	131,87
L12P50	18	2,5	4	17	39,1	14	28	142,72	115,18
L12P57	22	2,4	3,5	15,7	40,4	10	36	131,55	109,96
L12P58	23	1,85	3,3	16,4	44,7	16	32	139,9	111,51
L13P4	20	2,1	3,3	16	37,8	12	36	113,62	101,18
L13P14	19	1,4	2,9	20,4	36,9	18	36	116,03	103,79

Planta	DC (mm)	IE (m)	AP (m)	CE (cm)	DE (mm)	NF	NGF	ME (g)	MGT (g)
L13P20	19	1,7	3,3	17,8	38,2	16	36	125,85	101,67
L13P28	16,7	2,2	3,5	14,8	42,7	12	31	140,23	118,31
L13P31	19	2,1	3,5	14,5	39	12	25	112,39	101,5
L13P36	20	2,2	3,55	16,5	44,9	14	33	153,63	124,09
L13P37	14	1,55	2,5	13,7	41,9	18	29	108,3	98,05
L13P39	18,5	2,2	3,6	17,2	43,5	12	25	124,6	104,55
L13P57	20	2,2	4	22,5	38,6	14	40	159,29	133,81
L13P60	24	2,2	3,3	19,4	43,9	14	38	211,12	168,8
L13P61	17,5	1,75	3,4	19	36,8	18	35	122,62	109,24
L14P30	23	1,85	3,5	17,6	39,4	14	35	144,95	121,92
L14P36	21	1,3	3,9	16	38,7	10	31	113,56	96,29
L14P37	18	1,4	3	16,8	42,5	20	24	135,62	116,98
L15P42	20	2,05	3,5	16	42,6	14	33	144,19	109,11
L15P52	19,5	1,45	3,2	18,7	42,7	20	35	183,83	154,88
L16P14	23	1,85	3,5	15,2	39	14	26	119,27	95,23
L16P37	21,5	1,4	3,65	16	42	14	26	121,82	97,66
L16P47	19	1,5	3,2	19,6	37,6	16	33	139,82	116,37
L17P27	21,3	2,05	3,7	16,5	37,8	14	26	112,92	94,27
L17P50	16	1,9	3	14,7	42	14	24	118,26	98,01
L18P27	17	1,35	2,9	17,7	40,2	18	30	138,22	124,2
L18P30	19	2,25	3,5	15,7	36,5	12	34	124,68	99,79
L18P38	16	1,48	3,2	15,8	40,7	20	26	125	97,47
L18P53	17	2,1	3,2	14,7	44,2	12	24	128,56	104,41
L18P61	19	1,2	2,9	19,6	38,6	18	22	138,72	108,11
L19P18	20	2,5	3,6	16,5	38,3	12	20	123,18	96,59
L19P24	18	2,2	3,7	16,5	36,4	14	31	114,22	97,5
L19P26	21	1,6	3,1	16	39	18	33	119,76	96,44
L19P43	20,5	2,05	3,6	19	42,3	12	29	146,63	109,96
L20P3	18,5	1,25	2,7	18,5	40	18	39	172,91	145,59
L20P10	21	1,5	2,95	21,5	39,7	18	36	152,94	126,81
L20P18	22,5	1,65	2,9	21,2	32,2	12	38	106	94,93

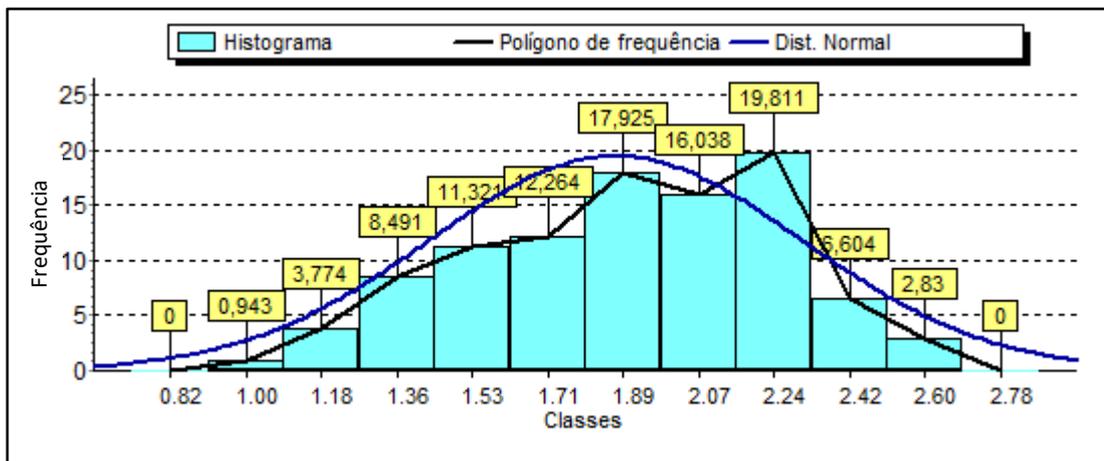
Planta	DC (mm)	IE (m)	AP (m)	CE (cm)	DE (mm)	NF	NGF	ME (g)	MGT (g)
L20P25	20,5	1,8	3,55	18	35	14	31	134,13	110,59
L20P32	20	2,5	3,6	17	32	14	35	130,37	115,47
L20P37	24	1,9	4	17	41,5	14	37	176,4	148,53
L20P43	18	1,7	2,1	16,3	40	18	28	125,32	104,29
L20P52	16	1,7	3	16,5	35	14	30	111,61	96,81
L20P55	21	1,9	3,25	14	36,5	16	26	113,91	99,35
L20P56	19	2,3	3,7	16,5	37	16	31	128,34	111,5
L20P60	19	2,15	3,2	18,5	31	14	37	121,87	104,39
L20P65	22	1,75	2,95	16,5	40	20	33	156,36	135,76
L21P15	23	1,95	3,6	20,5	43,5	14	40	193,69	164,35
L22P14	20	1,45	2,4	19,5	39	18	38	162,58	138,45
L22P20	13	1,2	3	21	38,2	16	35	161,08	138,9
L22P33	25	1,85	3,3	15,3	37,2	12	30	119,42	95,92
L22P40	17,5	1,9	3,15	15	40,1	12	25	103,27	90,14
L23P29	21	1,45	2,6	19,1	43	18	34	157,86	134,84
Média	19,40	1,89	3,31	17,27	39,76	14,17	31,30	139,82	114,95
σ^2	12,0150	0,1311	0,1966	3,6074	17,4954	7,2542	22,6447	547,4698	393,2795
σ	3,4663	0,3621	0,4434	1,8993	4,1828	2,6934	4,7586	23,3981	19,8313
DS	1,9819	0,0805	0,2060	1,6124	7,2437	1,9967	8,8794	63,4177	54,4960

Negrito = indivíduos selecionados que originaram famílias no experimento II. AP = Altura de planta; IE = Altura de inserção de espiga; DC = Diâmetro do colmo; CE = Comprimento de espiga; DE = Diâmetro de espiga; NF = Número de fileiras; NGF = Número de grãos por fileira; ME = Massa de espiga; MGT = Massa de grãos total.

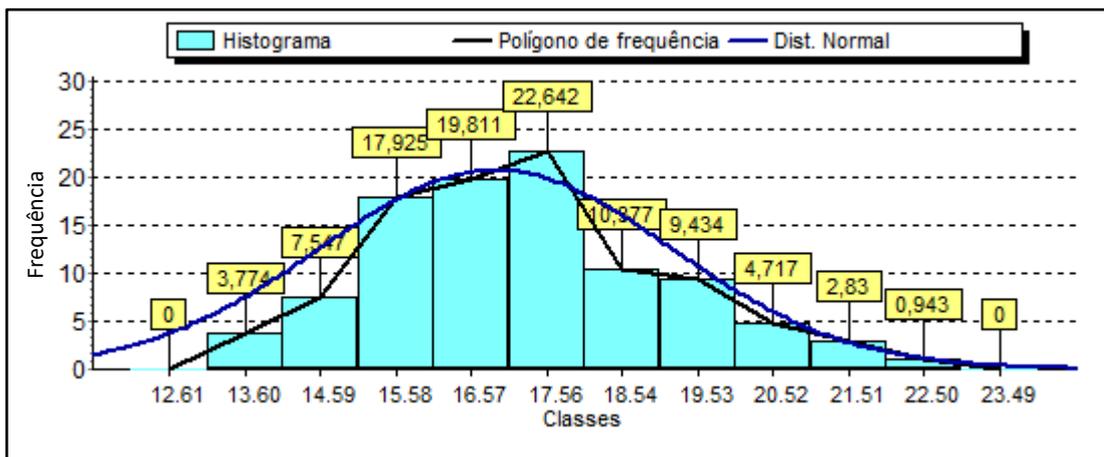
Apêndice B - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável altura de planta (AP) da população selecionada.



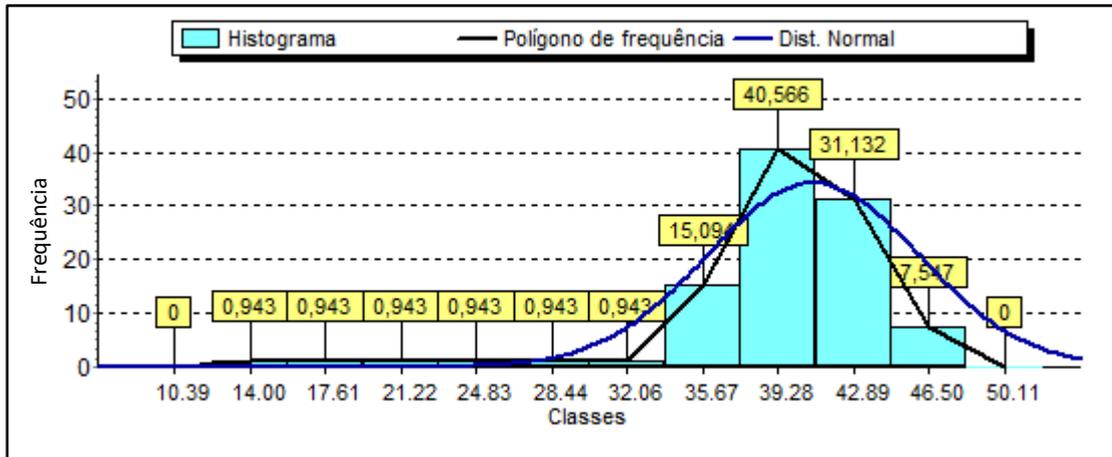
Apêndice C - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável altura de inserção de espiga (IE) da população selecionada.



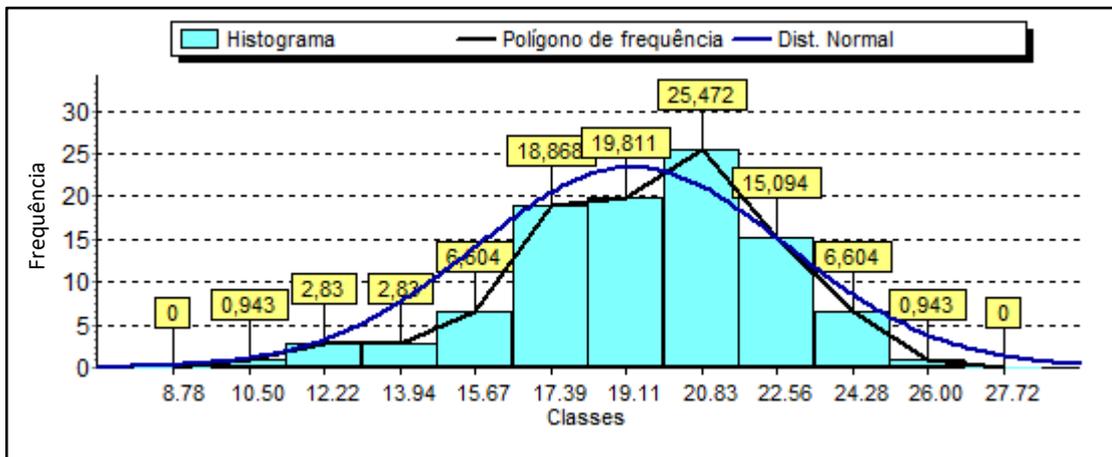
Apêndice D - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável comprimento de espiga (CE) da população selecionada.



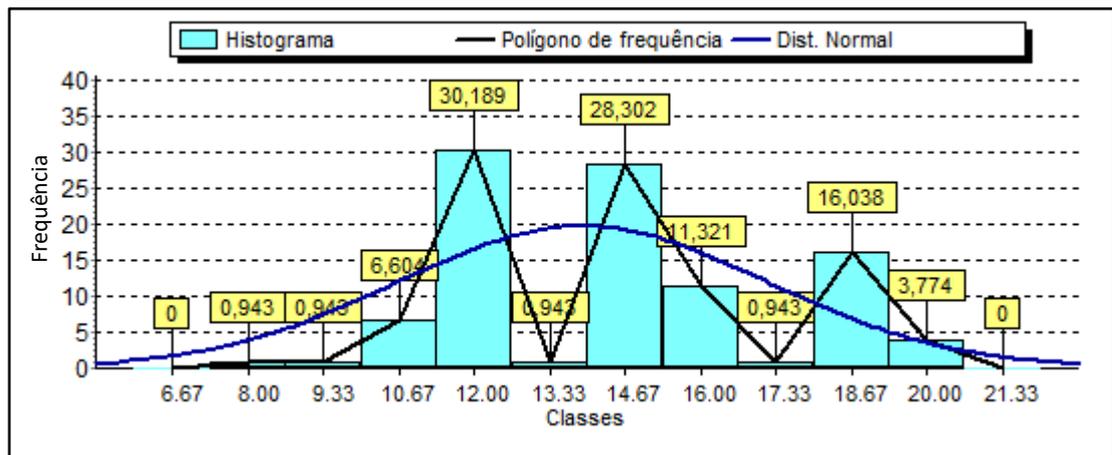
Apêndice E - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável diâmetro de espiga (DE) da população selecionada.



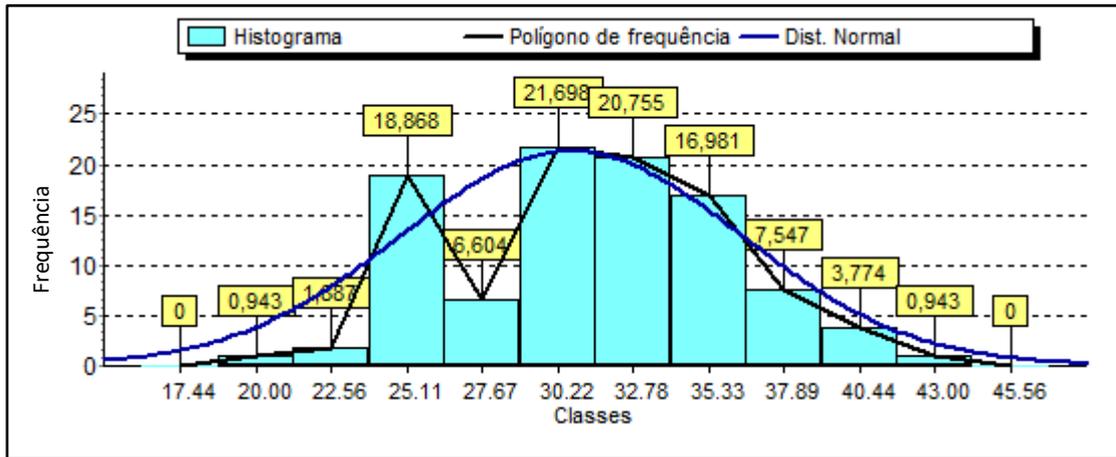
Apêndice F - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável diâmetro de colmo (DC) da população selecionada.



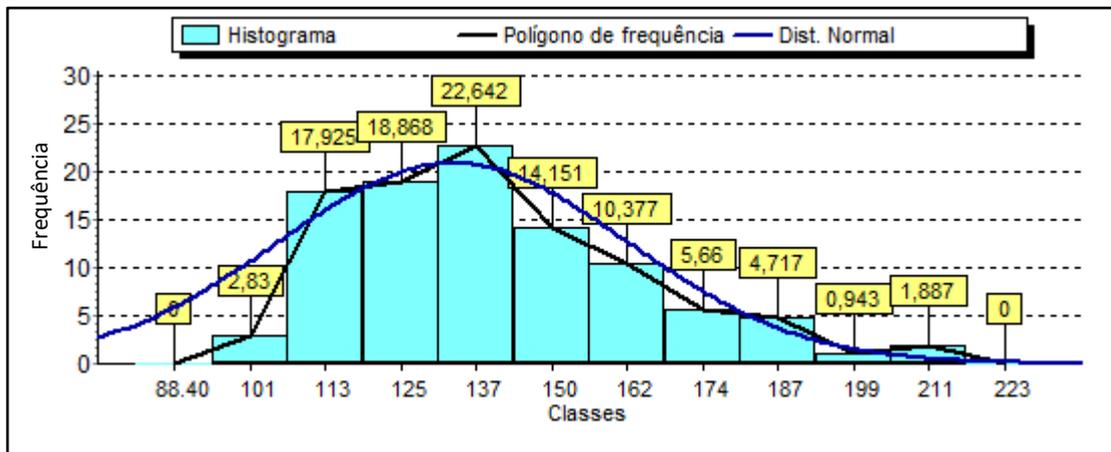
Apêndice G - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável número de fileiras (NF) da população selecionada.



Apêndice H - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável número de grãos por fileira (NGF) da população selecionada.



Apêndice I - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável massa de espiga (ME) da população selecionada.



Apêndice J - Histograma, polígono de frequência e curva de distribuição normal para a variável massa de grãos total (MGT) da população selecionada.

