

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM PROGÊNIES DE
MEIOS-IRMÃOS DE MILHO EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE
NITROGÊNIO**

WESLEY SOUZA PRADO

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2016**

**SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM PROGÊNIES DE
MEIOSS-IRMÃOS DE MILHO EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE
NITROGÊNIO**

WESLEY SOUZA PRADO

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves

Co-orientadora: Profa Dra Livia Maria Chamma Davide

Dissertação apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de mestre em Agronomia, área de concentração: Produção Vegetal.

Dourados
Mato Grosso do Sul
2016

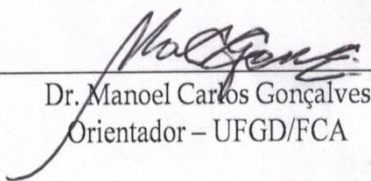
SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM PROGÊNIES DE
MEIO-IRMÃOS DE MILHO EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO

por

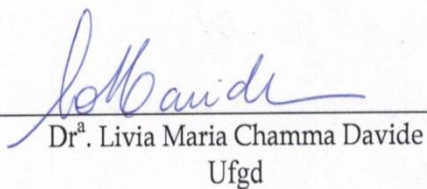
WESLEY SOUZA PRADO

Dissertação apresentada como parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de
MESTRE EM AGRONOMIA

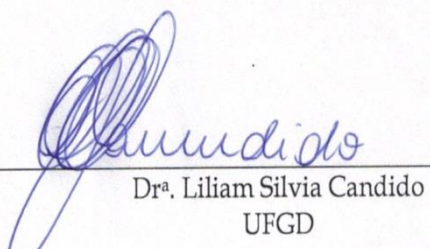
Aprovada em: 23/03/2016



Dr. Manoel Carlos Gonçalves
Orientador – UFGD/FCA



Dr^a. Livia Maria Chamma Davide
Ufgd



Dr^a. Liliam Silvia Candido
UFGD

A Deus, pela vida, saúde e sabedoria.

Aos meus pais, João e Elite, pelo eterno incentivo.

Aos meus irmãos, Willian e João Paulo, pela amizade e companheirismo.

Aos meus familiares e amigos, pelo reconhecimento, amizade e apoio.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao nosso bom Deus, por iluminar meu caminho.

A toda minha família, bem mais precioso que possuo, pelo amor e incentivo em todos os momentos de minha vida.

À Universidade Federal da Grande Dourados e em especial a Faculdade de Ciências Agrárias pela oportunidade de realização do curso de Agronomia e pela realização do curso de Mestrado em Agronomia.

Ao Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves pela orientação, valiosos ensinamentos, amizade e pela sua imensa contribuição para minha formação acadêmica e profissional, ao longo desses anos.

Aos membros da banca Dra. Lívia Maria Chamma Davide e Dra. Liliam Silvia Candido pelas correções e valiosas sugestões.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Agronomia que contribuíram para minha formação acadêmica e aperfeiçoamento profissional.

Aos amigos de Graduação e Pós-graduação Arthur Kenji Mendes Maeda, Pedro Altomar e André Carlesso pela enorme contribuição na execução do experimento, e acima de tudo pela amizade.

Aos funcionários da Universidade Federal da Grande Dourados, em especial ao Sr. Jesus, Sasá e Moacir pela colaboração e amizade.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, pela concessão da bolsa de mestrado.

Enfim, a todos que de uma forma ou de outra contribuíram para a execução deste trabalho, o meu reconhecimento e gratidão.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	13
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	15
2.1. Histórico do melhoramento genético do milho no Brasil	15
2.2. Importância do nitrogênio na cultura do milho	17
2.3. Seleção recorrente intrapopulacional em progênies de meioss-irmãos.....	18
2.4. Estimativas de parâmetros genéticos	20
2.5. Índices de seleção.....	22
2.6. Divergência genética utilizando o método de otimização de Tocher	23
3. MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1. População base e obtenção das progênies de meioss-irmãos (PMI)	26
3.2. Instalação dos ensaios das avaliações	27
3.3. Análises genético-estatísticas.....	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
4.1. Análises de variância individuais.....	33
4.2. Análise de variância conjunta	37
4.3. Estimativa de parâmetros genéticos	40
4.4. Ganho esperado por Seleção (GS)	43
4.5. Divergência Genética	51
5. CONCLUSÕES.....	56
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	57
ANEXOS.....	65

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Análise química do solo das áreas experimentais da camada 0-20 cm de profundidade dos locais de avaliação.....	28
Tabela 2 - Resumo da análise de variância individual das variáveis agronômicas de progênies de meios-irmãos de milho e 5 testemunhas, avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados, MS	33
Tabela 3 - Resumo da análise de variância individual das variáveis agronômicas de progênies de meios-irmãos de milho e 5 testemunhas, avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Caarapó, MS	35
Tabela 4 - Resumo da análise de variância conjunta das variáveis agronômicas de progênies de meios-irmãos de milho e testemunhas, avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados e Caarapó, MS	38
Tabela 5 - Estimativas da variância fenotípica (σ^2f), variância ambiental (σ^2e), variância genética (σ^2g), herdabilidade ($h^2\%$), índice b^{\wedge} (CV_g/CV_e) em progênies de meios-irmãos avaliadas em ambiente com alto e baixo N para análise conjunta	41
Tabela 6 - Estimativas do ganho por seleção pelo índice de Smith (1936) e Hazel (1943) em progênies de meios-irmãos avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados e Caarapó, MS.....	44
Tabela 7 - Estimativas do ganho por seleção pelo índice de Mulamba e Mock (1978) em progênies de meios-irmãos avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados e Caarapó, MS	45
Tabela 8 - Médias de sete características agronômicas das testemunhas avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados, MS.....	50
Tabela 9 - Médias de sete características agronômicas das testemunhas avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Caarapó, MS.....	50
Tabela 10 - Contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética ($S.j^{\wedge}$) em 44 progênies de meios-irmãos selecionadas de milho em alto e baixo N Dourados, MS.....	52
Tabela 11 - Contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética ($S.j^{\wedge}$) em 44 progênies de meios-irmãos selecionadas de milho em alto e baixo N Caarapó, MS	52
Tabela 12 - Agrupamento de 44 progênies de meio-irmãos de milho pelo método de otimização de Tocher aplicado à matriz das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2) para alto e baixo N em Dourados, MS.....	54
Tabela 13 - Agrupamento de 44 progênies de meios-irmãos de milho pelo método de otimização de Tocher aplicado à matriz das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2) para alto e baixo N em Caarapó, MS.....	55

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Esquema geral para o melhoramento de populações por meio de seleção recorrente. Adaptado de Hallauer et al. 2010.....	19
--	----

LISTA DE ANEXOS

Tabela 1A - Médias de sete características agronômicas das progênies de meios-irmãos selecionadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados, MS.....66

Tabela 2A - Médias de sete características agronômicas das progênies de meios-irmãos selecionadas em ambiente com alto e baixo N em Caarapó, MS.....69

PRADO, W.S. **Seleção recorrente intrapopulacional em progênes de meios-irmãos de milho em condições contrastantes de nitrogênio**. 2016. 71 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS.

RESUMO

O desenvolvimento de variedades de polinização aberta (VPA's) em condições de baixo uso de nitrogênio (N) é de grande valia, principalmente para os sistemas de produção dos pequenos produtores rurais no MS, predominantes na região Centro-Sul que possuem um capital limitado e não podem investir em tecnologias de produção. Os objetivos do presente trabalho foram iniciar um ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de progênes de meios-irmãos (PMI), em dois locais, Dourados e Caarapó, MS, como parte de um processo cíclico de desenvolvimento de uma VPA's em condições de baixo uso de N em milho, bem como, estimar parâmetros genéticos e comparar dois índices de seleção, propostos por Smith (1936) e Hazel (1943) e por Mulamba e Mock (1978). Também se avaliou a divergência genotípica das PMI selecionadas nos dois locais estudados. Na segunda safra de 2015 foi realizado o ensaio de avaliação composto pelas 220 PMI selecionadas em cada ambiente. As PMI foram alocadas em duas condições contrastantes de nitrogênio, alto N (120 kg ha^{-1}) e baixo N (0 kg ha^{-1}) em ambos locais, sob delineamento de blocos incompletos em látice 15×15 , com 3 repetições por ambiente. A análise de variância conjunta evidenciou comportamento diferenciado das progênes em face das oscilações ambientais e as PMI apresentaram variabilidade suficiente para avançar o programa de seleção recorrente intrapopulacional. As estimativas de herdabilidade com base na média de progênes para as características de alto N variaram de 62,89 a 95,81% e para o índice \hat{b} variaram de 1,30 a 3,09. Em baixo N o coeficiente de herdabilidade variou de 23,90 a 82,81%. Para o índice \hat{b} houve variação de 0,56 a 2,20. A estimativa do coeficiente de herdabilidade e índice \hat{b} para produtividade de grãos foram maiores em alto N, podendo-se obter maiores ganhos genéticos nessa população. O índice de Mulamba e Mock obteve os maiores ganhos predito por seleção para a maioria das características nos dois locais estudados e nos dois contrastes de nitrogênio. O índice de Smith e Hazel obteve os maiores ganhos preditos para a característica produtividade de grãos nos dois locais estudados e nos dois contrastes de nitrogênio. Houve maior divergência genética para alto e baixo N em Dourados.

Palavras-chaves: *Zea mays L.*, Estresse abiótico, Parâmetros genéticos, Índices de seleção, Divergência genética.

INTRAPOPOPULATION RECURRENT SELECTION IN HALF-SIB PROGENIES OF CORN IN CONTRASTING CONDITIONS OF NITROGEN

ABSTRACT

The development of open-pollinated varieties (VPA's) in low use of nitrogen (N) conditions is of great value, especially for the production systems of small farmers, predominant in the region Center-South, that have limited capital and cannot to invest in production technologies. The objectives of this study were to initiate a intrapopulation selection recurrent cycle of half-sib progenies (PMI), in two locations, Dourados e Caarapó, MS, as part of a cyclical process of developing a VPA's in low use of nitrogen conditions, as well as, estimate genetic parameters and compare two selection indexes, proposed by Smith (1936) and Hazel (1943) and Mulamba and Mock (1978). It also evaluate the genotypic divergence of the PMI selected the two locations studied. In the second crop 2015 was conducted the test evaluation consists of the 220 PMI selected in each environment. The PMI were allocated in two contrasting environments of nitrogen, high N (120 kg ha⁻¹) e low N (0 kg ha⁻¹), in both locations, under incomplete blocks in lattice 15x15 design with 3 replications for each environment. The analysis of variance showed different behavior of the progenies in the face of environmental fluctuations and the PMI showed enough variability to advance the intrapopulation recurrent selection program. Heritability estimates based on the average of progenies for high N characteristics changed from 62,89 to 95,81% and the \hat{b} index changed from 1,30 to 3,09. In low N heritability coefficient changed from 23,90 to 82,81%. For \hat{b} index variation was from 0,56 to 2,20. The estimated heritability coefficient and index b for grain yield were higher at high N, being able to obtain greater genetic gain in this population. The Mulamba and Mock index achieved the greatest gains predicted by selection for most of the characteristics in the two studied locals and two nitrogen contrasts. The index Smith and Hazel achieved the highest predicted gains for the characteristic grain yield in both studied locals and two nitrogen contrasts. There was a higher genetic divergence for high and low N in Dourados.

Key words: *Zea may L.*, Abiotic stress, Genetic parameters, Selection of indexes, Genetic divergence.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético de milho visando à produção de variedades de polinização aberta (VPA's) tem sido uma alternativa novamente ao mercado de sementes. Pois o desenvolvimento de VPA's é de grande valia, principalmente para os sistemas de produção dos pequenos produtores rurais, predominantes na região Centro-Sul de Mato Grosso do Sul (MS) que possuem um capital limitado e investem em tecnologias de produção. Alguns agricultores, principalmente os pequenos estão retomando o cultivo dessas cultivares, por elas apresentarem maior estabilidade de produção, menor custo inicial de semente e a grande diferença perante os híbridos atuais, é a possibilidade de reutilização de suas sementes.

Dentre os diversos métodos de melhoramento para a cultura do milho, visando a produção de VPA's, tem-se destaque a seleção recorrente, que tem como finalidade aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações. A seleção intrapopulacional é um método recorrente de seleção amplamente utilizado no melhoramento de populações de polinização aberta de milho devido a sua facilidade de condução, simplicidade e aplicabilidade para um grande número de caracteres. Entre os vários métodos de melhoramento intrapopulacional empregados na cultura do milho, o que utiliza progênies de meioss-irmãos é o mais utilizado.

Aliado à produção da VPA's, é possível ainda a obtenção de genótipos com potencial de adaptação a condições de baixa disponibilidade de nitrogênio (N), pois é o elemento que mais contribui para as baixas produtividade no milho e a que mais eleva os custos para o produtor. Com isso o desenvolvimento de variedades eficientes no uso de nitrogênio constitui-se uma estratégia importante para a diminuição do uso de fertilizantes, visto que é possível a produção de modo econômica com a utilização de menores quantidades desse nutriente.

Em um programa de seleção recorrente a estimação de parâmetros genéticos é uma ferramenta importante e útil, pois permite conhecer a estrutura genética das populações que estão sendo estudadas pra fins de seleção. As informações dos parâmetros genéticos são necessárias para servirem de subsídio no planejamento e na condução dos programas que visem incrementar a produtividade de grãos de milho.

A seleção de genótipos de uma população por meio de índices de seleção ao decorrer dos ciclos recorrente de seleção constitui em uma técnica favorável e uma

opção a ser adotada nos programas de melhoramento genético. Os índices de seleção são técnicas multivariadas que associam as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada. Funcionam como um caráter adicional, resultante da combinação de determinadas características escolhidas pelo melhorista, nas quais se deseja exercer a seleção simultânea, permitindo separar genótipos superiores.

As análises multivariadas fornecem coeficientes de distância genética entre os genótipos, proporcionando grande contribuição ao melhoramento genético. A intenção e a importância da divergência genética no estudo das populações busca fornecer um aporte maior nos resultados nas análises de variância, voltados principalmente a variabilidade genotípica, servindo como mais um fator para demonstrar as diferenças genéticas entre as progênies de meios-irmãos (PMI).

Com isso, o objetivo geral do presente trabalho foi iniciar um ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de progênies de meios-irmãos, a partir da população composta UFGD 1, como parte de um processo cíclico de desenvolvimento de uma nova variedade melhorada de polinização aberta de milho, adaptada às condições ambientais com alto e baixo nitrogênio nos municípios de Dourados e Caarapó-MS.

Os objetivos específicos foram:

- Estimar parâmetros genéticos em Dourados e Caarapó e nas duas condições ambientais (alto e baixo N) nas populações de meios-irmãos estudadas.
- Comparar os índices de seleção, propostos por Smith (1936) e Hazel (1943) e por Mulamba e Mock (1978), para predição de ganhos nas progênies de meios-irmãos selecionadas.
- Avaliar a divergência genotípica das progênies de meios-irmãos selecionadas em ambientes com alto e baixo N em Dourados e Caarapó, MS.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Histórico do melhoramento genético do milho no Brasil

A introdução de milho no Brasil, por volta de 1915, ocorreu principalmente por meios de variedades procedentes da América do Norte onde essas foram cultivadas e cruzadas com os genótipos locais. A partir desses cruzamentos foram produzidas muitas variedades que foram, posteriormente, disseminadas pelo país. Na sequência desse período, os agricultores deram início ao processo de seleção simples, selecionando de suas lavouras as melhores espigas de plantas individuais (PATERNIANI e CAMPOS, 1999).

Na década de 1930, começaram os primeiros trabalhos comerciais dentro do Brasil, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), Universidade Federal de Viçosa (UFV) e no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz (ESALQ), em Piracicaba. Na Esalq foi criado o primeiro banco de germoplasma de milho do Brasil, no qual foram conservados germoplasmas coletados de diversos países sul americanos, totalizando 3.000 acessos, que serviram de base para os programas nacionais de melhoramento de milho (MACHADO, 1998).

Já a partir de 1970, várias empresas e grupos multinacionais começaram a desenvolver genótipos melhorados. Essas entidades geraram uma grande ampliação da base genética para o país mediante ações de coletas de variedades locais, formação de compostos, variedades melhoradas e sintéticas. Durante esse período ocorreu o processo conhecido como 'Revolução Verde', onde obteve o progressivo aumento de produtividade, o melhoramento da qualidade nutricional dos grãos, a resistência a estresses bióticos e abióticos das cultivares melhoradas (MACHADO, 1998; VIÉGAS e MIRANDA FILHO, 1987).

As variedades tradicionais de milho de polinização aberta foram substituídas ao longo dos últimos 40 anos pelos híbridos, os quais, hoje, dominam o mercado e têm maior potencial produtivo, porém são mais exigentes em tecnologia (adubação, disponibilidade hídrica e defensivos). A adoção desses híbridos pelos produtores deu-se de forma quase generalizada. No entanto, a adoção da tecnologia disponível para a cultura, e requerida pelos híbridos, não foi empregada na mesma intensidade, especialmente pelo segmento da agricultura familiar. Esse cenário contribui para a baixa

produtividade observada no setor, já que esses produtores não conseguem explorar todo o potencial produtivo dos híbridos (EPAGRI, 2013).

A partir de 1990 a biotecnologia permitiu o emprego do melhoramento genético à indústria de alta tecnologia, iniciando o desenvolvimento de plantas geneticamente modificadas e o registro desses caracteres via patentes (MACHADO, 1998).

É fato de que as cultivares de milho híbrido somado a biotecnologia alavancaram o cenário mundial com suas altas produtividades. Mas as altas produtividades só foram alcançadas em países que investiram em alta tecnologia. Enquanto em países que não custearam fortemente em tecnologia, nem sempre foram encontradas condições favoráveis para explorar o potencial do milho híbrido, principalmente em nível de pequeno agricultor (MACHADO, 1998).

Atualmente o cenário da cultura do milho tem sofrido mudanças, pois as VPA'S tem sido uma alternativa ao mercado de sementes. Por apresentarem características favoráveis, como a maior estabilidade de produção, o menor custo inicial da semente e a possibilidade de reutilização de suas sementes pelos agricultores por vários anos agrícolas (BISOGNIN et al., 1997).

Pela exigência atual, principalmente de pequenos produtores, o melhoramento genético de variedades de polinização aberta, que se caracterizam pelo predominante inter cruzamento entre os indivíduos de uma dada população, tem se tornado mais constante perante as empresas privadas e instituições públicas (PACHECO et al., 2002).

No cenário brasileiro da safra de 2014/2015 foram disponibilizados para o mercado 478 cultivares de milho, sendo 292 transgênicas e 186 convencionais. Dentre as 478 opções de mercado, 320 são de fato materiais genéticos diferentes e os demais 158 são variações de eventos transgênicos. Das 320 cultivares (genéticas diferentes), verifica-se um predomínio de híbridos simples, modificados ou não (59,06%). Os híbridos triplos, modificados ou não (18,75%), híbridos duplos (11,25%) e as variedades, híbridos intervarietais e "Top Crosses" (10,94%) completam as opções de mercado (CRUZ et al. 2014).

Segundo a Epagri, 2013, a criação de VPA'S merece destaque por fatores que possuem uma excelente opção de cultivo para agricultores de pequena propriedade, dentre os quais:

- O baixo custo da semente, até cinco vezes menor que o custo da semente de um cultivar híbrido;

- A possibilidade de produção de semente própria, pois, ao contrário dos híbridos, as variedades não perdem o potencial produtivo quando plantadas na safra seguinte;
- A maior plasticidade das variedades, em condições de estresse, quando comparadas aos híbridos.
- São aceitas nos sistemas de produção em agricultura orgânica.

Portanto, o melhoramento genético de VPA's de milho atual tem como objetivo fornecer informações atualizadas aos agricultores, com o intuito de identificar genótipos mais promissores e adaptados às condições edafoclimáticas de determinada região.

2.2. Importância do nitrogênio na cultura do milho

O nitrogênio (N) desempenha papel importante em vários processos essenciais para a manutenção da vida das plantas, sendo o constituinte da molécula de clorofila (ANDRADE et al., 2003), enzimas, coenzimas, bases nitrogenadas, aminoácidos e ácidos nucléicos (TAIZ e ZEIGER, 2004).

O milho é considerada uma das culturas mais dependentes e exigentes em fertilizantes, principalmente os nitrogenados (SANGOI, 2006). As plantas absorvem preferencialmente o nitrogênio nas formas de nitrato e amônia pelas raízes (MARENCO e LOPES, 2009). O nitrato pode ser oriundo de adubos que contenha sal ou pela mineralização da matéria orgânica. Já o amônio é oriundo da adubação mineral ou através da simbiose entre bactérias fixadoras de N, principalmente das leguminosas (SILVA et al., 2008).

Guimarães (2006) demonstraram que o aumento de produtividade está diretamente relacionado com o uso de suplementação de nitrogênio. A eficiência da recuperação do nitrogênio aplicado pode variar muito, pois a recuperação depende de inúmeros fatores, como umidade, temperatura e tipo de solo.

Em virtude da sua importância na cultura e a alta mobilidade no solo, o estudo da adaptação de genótipos em ambientes com baixo N torna-se importante, pois, tem se procurado diminuir as perdas do nitrogênio no solo, bem como melhorar a absorção e a metabolização do nutriente no interior da planta (BREDEMEIER e MUNDSTOCK, 2000). A seleção de genótipos com maior eficiência na utilização de nitrogênio é considerada, uma das maneiras mais adequadas para diminuir o custo de produção das culturas (MAJEROWICZ et al., 2002).

O melhoramento genético e o desenvolvimento de cultivares adaptadas as condições de baixo N constitui-se uma estratégia importante para a diminuição do uso de fertilizantes, visto que é possível a produção de modo econômica com a utilização de menores quantidades desse nutriente. O desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições de estresse nitrogenado apresenta-se como uma opção economicamente viável e ecologicamente sustentável para garantir maior produtividade em sistemas agrícolas com baixa utilização de insumos (SOUZA et al., 2008).

2.3. Seleção recorrente intrapopulacional em progênies de meios-irmãos

A seleção recorrente é um método de melhoramento cíclico em que as etapas são conduzidas repetidamente até que a frequência de alelos favoráveis na população atinja níveis satisfatórios. A maior frequência de alelos favoráveis na população resulta em maior probabilidade de sucesso na formação de uma população superior. O método de seleção recorrente, em geral, é mais apropriado para objetivos a longo prazo e para características quantitativas (BORÉM e MIRANDA, 2009). A seleção recorrente pode ser intrapopulacional quando visa o melhoramento "per se" da população ou interpopulacional, que tem por objetivo a melhoria da heterose de duas populações, quando cruzadas.

A seleção intrapopulacional amplamente utilizada no melhoramento de populações de polinização aberta de milho. É empregada em razão de sua simplicidade e aplicabilidade para um grande número de caracteres (HALLAUER et al., 2010). Entre os vários métodos de melhoramento intrapopulacional empregados na cultura do milho, o que utiliza progênies de meioss-irmãos é o mais utilizado, sendo empregado para a obtenção de cultivares mais produtivas. (PALOMINO et al., 2000).

A obtenção de progênies de meioss-irmãos se dá por meios da seleção de uma população base, onde as sementes de cada espiga são semeadas em fileiras individuais. As plantas intercruzam-se aleatoriamente e, por ocasião da maturação, colhe-se a espiga de cada planta selecionada, iniciando novo ciclo de seleção. Uma vez que o genitor masculino é a própria população, as progênies são de meioss-irmãos materna, pois a planta mãe é comum as sementes de uma espiga (BORÉM e MIRANDA, 2009).

O ciclo de seleção recorrente em progênies de meios-irmãos compreende as seguintes etapas e estão apresentadas na figura 1. A primeira consta da obtenção das

famílias (progênies de meios-irmãos) que constituirão a unidade-alvo de seleção e a unidade de recombinação. A segunda etapa corresponde à avaliação das famílias mediante a utilização de delineamentos experimentais, com as devidas repetições dos tratamentos. Nessa etapa, é fundamental seguir os princípios da experimentação (repetição, casualização e controle local), para que os resultados tenham boa precisão experimental e sejam confiáveis. A terceira etapa compreende a seleção das melhores famílias para as características de interesse (BORÉM e MIRANDA, 2009).

A quarta e última etapa corresponde à recombinação das famílias selecionadas, para terminar o ciclo de seleção (BORÉM e MIRANDA, 2009). Se conduzida adequadamente, a recombinação entre genótipos selecionados aumenta a frequência de genes desejáveis, recompõe a variabilidade para o próximo ciclo e resgata a condição de equilíbrio perdida a partir da seleção. Para que a recombinação seja adequada, é indispensável o isolamento da área, visando evitar a contaminação por pólen de plantas procedentes de outras populações (SOUZA JÚNIOR, 1998).

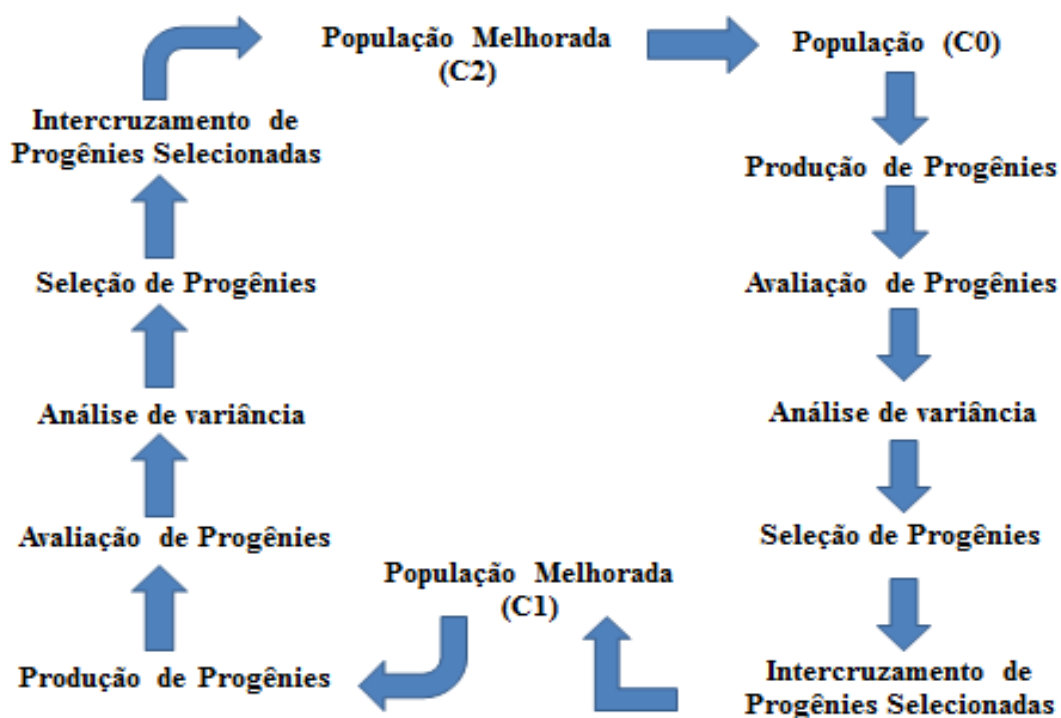


Figura 1. Esquema geral para o melhoramento de populações por meios de seleção recorrente. Adaptado de Hallauer et al. 2010.

A seleção de variedades adaptadas e portadoras de atributos agrônômicos desejáveis reveste-se, portanto, de grande importância, principalmente para os

produtores de milho que possuem um capital limitado e não podem investir em tecnologias de produção. Nesse contexto, justifica-se o desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades, que podem provocar melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, predominantes na região (CARVALHO et al., 2003a).

2.4. Estimativas de parâmetros genéticos

O melhoramento genético depende da escolha dos melhores indivíduos para serem os genitores das próximas gerações, de modo a reduzir esforços e abreviar o tempo necessário para obtenção de genótipos superiores. Assim os testes de progênes têm sido utilizados como instrumento importante para o trabalho do melhorista na quantificação de parâmetros genéticos por gerarem informações sobre o potencial genético de indivíduos, famílias e clones, entre outros, a serem selecionados e/ou recombinados para um novo ciclo de seleção (RESENDE, 2002).

Para a obtenção de novos genótipos de uma população melhorada, por meios da seleção, o melhorista deve tenta identificar os indivíduos geneticamente superiores ou mais adaptados a determinados fatores de interesse, como estresse abiótico, fator nutricional, dentre outros. A seleção, por sua vez, é mais efetiva quando age sobre caracteres de alta herdabilidade, e que tenham alguma associação com a produtividade ou outro caráter de importância econômica. Daí a relevância de se realizarem trabalhos no sentido de se estimar parâmetros genéticos como variância genética, fenotípica, ambiental, herdabilidade e ganhos genéticos. (PEREIRA et al., 2009).

A variância fenotípica é o resultado da expressão gênica modificada pelo ambiente. É de suma importância para o melhorista na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para a condução dos testes de avaliação da produtividade e do número de repetições, bem como a predição dos ganhos de seleção. As diferenças nos valores de variância fenotípica são condicionadas por fatores genéticos e ambientais e pela interação entre genótipos e ambiente. Assim, o valor fenotípico é variável e seus componentes podem ser determinados por análise de variância. O componente de variação ambiental é uma medida das fontes de variação não controláveis, é um componente denominado erro experimental (BORÉM e MIRANDA, 2009).

O componente de variação genética é causado pelas diferenças genéticas entre os indivíduos. Torna-se importante quantificar a proporção da variação fenotípica que corresponde ao ambiente e a variação correspondente ao genótipo, para poder estimar com melhor precisão experimental a resposta dos genótipos nos ambientes testados. Os melhoristas não apenas escolhem populações com altas médias fenotípicas, mas também populações com larga e proveitosa variância genética (HALLAUER et al., 2010).

A determinação da magnitude das estimativas de herdabilidade fornece subsídios para definição das estratégias de seleção bem como auxiliam a predição de ganhos que podem ser obtidos. As estimativas de herdabilidade revelam que proporção da variação fenotípica de um caráter é determinada por sua variação genética, que pode, então, ser transmitida à próxima geração (FEHR, 1987).

Existem duas medidas de herdabilidade bastante utilizadas: a herdabilidade sentido amplo (h_a^2) e a herdabilidade sentido restrito (h_r^2). A herdabilidade no sentido amplo (h_g^2), estima à contribuição da variação genética total para a determinação da variação fenotípica de uma população, pela razão: $h_a^2 = \sigma_a^2 / \sigma_f^2$. A herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), também chamada de coeficiente de herdabilidade estima o quanto da variação fenotípica (σ_f^2) é determinada pela variação genética aditiva (σ_a^2), por meios da razão: $h_r^2 = \sigma_a^2 / \sigma_f^2$ (RAMALHO et al., 1994).

O valor de h^2 pode variar entre 0 e 1, também pode ser expresso em porcentagem, de forma que quanto maior o valor de herdabilidade maior será a proporção da variação fenotípica causada pela variação genética total (RAMALHO et al., 1994).

Valores altos ou acima da unidade para as características estudadas da razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental (CV_g/CV_e) ou chamado índice \hat{b} , indica baixa influência do ambiente sobre a variação, demonstrando boa possibilidade de sucesso com a seleção.

Portanto, as informações sobre parâmetros genéticos são necessários para servirem de subsídio no planejamento e na condução de programas de melhoramento genético, pois permitem conhecer a estrutura genética das populações visando o incremento na produtividade.

Diante dos parâmetros genéticos acima citados, encontram-se diversos trabalhos na literatura relacionados a estimação de parâmetros genéticos na cultura do milho para ambientes contrastantes. Heinz et al. (2012), observaram que as estimativas dos

parâmetros genéticos e o ganho genético esperado com a seleção são maiores em ambiente com alto N. Os autores constataram que as progênies de milho oriundas da população base (UFGD 1) apresentam potencial para o melhoramento, visando à adaptação em ambientes com limitações para nitrogênio.

Soares et al (2011) verificaram que as estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre produtividade de grãos e outras características variaram de acordo com a disponibilidade de nitrogênio. Amorim e Souza (2005) obtiveram valor de 81,69%, de herdabilidade para produtividade de grãos revelando assim uma alta diversidade genética entre os genótipos avaliados.

2.5. Índices de seleção

Os índices de seleção constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção criam-se valores numéricos, que funcionam como uma característica adicional, teórica, resultante da combinação de determinadas características selecionadas pelo melhorista, sobre as quais se deseja manter seleção simultânea, permitindo separar genótipos superiores, independentemente da existência ou não de correlações entre características. Diferentes índices representam variadas alternativas de seleção nos programas de melhoramento, e conseqüentemente, de ganhos percentuais. (CRUZ et al., 2014).

Variadas alternativas são representadas por diferentes índices de seleção nos programas de melhoramento, e conseqüentemente, de ganhos percentuais, dentre os mais utilizados estão: Smith (1936) e Hazel (1943) e Mulamba e Mock (1978). E cada uma dessas metodologias pode ser utilizada adotando-se um critério ou “peso” diferente para constituição do índice, como por exemplo, a herdabilidade, o coeficiente de variação genótipo, o índice de variação das características avaliadas, além de pesos econômicos atribuídos arbitrariamente (CRUZ et al., 2014).

Smith (1936) propôs o uso de índice de seleção nos programas de melhoramento de plantas como critério de seleção simultânea de duas ou mais características correlacionadas. Este procedimento foi adaptado ao melhoramento genético animal por Hazel (1943). Segundo esses autores, para se estabelecer o índice de seleção são

necessários o valor econômico e as variâncias genotípicas e fenotípicas relativos a cada característica e as covariâncias genotípicas e fenotípicas entre cada par de características.

Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos (ou “ranks”), que consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada característica, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Freitas Júnior et al. (2009), trabalhando com progênies de meios-irmãos em milho pipoca e com o índice de Mulamba e Mock (1978) e utilizando peso 1, obtiveram ganhos negativos para a característica altura de espiga e altura de planta.

Kist (2006) obteve ganhos diretos com a seleção de 3,79%, 5,87% e 5,69% nos locais estudados, correspondentes a 194,51, 288,65 e 313,04 kg ha⁻¹, respectivamente, para produtividade de grãos. Weyhrich et al. (1998) obtiveram estimativas de ganhos de seleção, que variaram de 0,6% a 5,8%, a partir de diferentes progênies da população BS11 e a 20% de intensidade de seleção.

De forma similar, Fakorede e Mock (1978) estimaram ganhos esperados para a seleção de 5,51% para PROD, a partir do cruzamento de duas populações híbridas com duas populações de polinização aberta. Resende e Souza Júnior (1997), a partir de dois experimentos conduzidos com PMI derivadas da população BR-108, em solo cerrado e fértil, estimaram ganhos de seleção de 3,84% e 4,73%, respectivamente, a uma intensidade de seleção de 10%. Santos et al. (2005) estimaram um ganho de seleção correspondente a 4,07%, a partir de seleção recorrente recíproca com as populações IG-I e IG-II, a 20% de intensidade de seleção.

2.6. Divergência genética utilizando o método de otimização de Tocher

A divergência genética é expressa pela diferença entre as frequências alélicas das populações, ou ainda pode ser definida com sendo a distância genética entre populações, indivíduos ou organismos, baseada em características morfoagronômicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares (FALCONER, 1981; CRUZ et al., 2014).

Análises multivariadas têm por objetivo avaliar um conjunto de variáveis

aleatórias relacionadas entre si, onde cada uma possui o mesmo grau de importância. A análise multivariada fornece coeficientes de distância genética entre os genótipos, proporcionando grande contribuição ao melhoramento genético (CHIORATO, 2004). A associação de técnicas multivariadas constitui uma forma eficiente de estimar a divergência genética, as quais envolvem técnicas analíticas como métodos de agrupamento, componentes principais e variáveis canônicas.

A intenção e a importância da divergência genética na seleção recorrente de uma população de meios-irmãos é fornecer um aporte maior nos resultados de análise de variância, voltados principalmente a variabilidade genotípica, servindo como mais um fator para demonstrar as diferenças entre as progênes de meios-irmãos e não um fator para melhorar o programa de melhoramento genético ou fazer algum direcionamento de cruzamentos como é feito com linhagens endogâmicas.

Em estudos da dissimilaridade genética que tem por objetivo a identificação de genitores que apresentem maior efeito heterótico, as análises de agrupamento são as técnicas mais utilizadas, permitindo uma maior eficiência na identificação e seleção de genótipos. Os métodos de agrupamento permitem separar e reunir os objetos de estudo em grupos, sendo que os objetos do mesmo grupo sejam tão semelhantes quanto possível, enquanto os diferentes grupos sejam os mais heterogêneos possíveis entre si (JHONSON e WICHERN, 1992).

As técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo dividir um grupo original de observações em vários grupos homogêneos, de acordo com algum critério de similaridade ou dissimilaridade. Entre os métodos de agrupamento mais utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os de otimização. Como exemplo de métodos de otimização, tem-se o apresentado por Tocher, que vem sendo extensivamente utilizado em análises de divergência genética de várias espécies de plantas (LOPES PAIXÃO et al., 2008).

O método apresentado por Cruz et al. (2014) denominado de Tocher, adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. O método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos (genótipo, populações, tratamento) mais similares. Estes formarão o grupo inicial e a partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério citado (RAO, 1952).

A distância de Mahalanobis é a medida generalizada utilizada na distância entre dois grupos. Assim, a distância entre dois grupos a e b é definida como:

$$D_{ab}^2 = (n - g) \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^p W_{ij}^* (\bar{X}_{ia} - \bar{X}_{ib})(\bar{X}_{ja} - \bar{X}_{jb})$$

Onde,

N: número total de observações;

G: número de grupos;

P: número de variáveis no modelo;

\bar{X}_{ia} : média para a i-ésima variável no grupo a;

\bar{X}_{ib} : média para a i-ésima variável no grupo b;

\bar{X}_{ja} : média da j-ésima variável no grupo a;

\bar{X}_{jb} : média da j-ésima variável no grupo b;

W_{ij}^* : elemento da matriz inversa de variância-covariância intergrupos;

Quando a distância de Mahalanobis é usada como critério para seleção de variáveis, ela é calculada primeiro, sendo a variável que apresentar o maior D^2 para os dois grupos mais próximos (menor D^2 inicialmente) a selecionada para inclusão no modelo (FERREIRA, 2008).

Aliado ao estudo da divergência genética há o emprego das técnicas sobre a importância relativa das características, que são de grande importância para os melhoristas, uma vez que possibilita avaliar com segurança a respeito das características que poderão ser utilizadas em estudos de divergência genética (BARBÉ, 2008).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. População base e obtenção das progênes de meios-irmãos (PMI)

A população base foi formada na primeira safra 2010/2011 a partir do cruzamento entre híbridos simples, duplos, intervarietais e variedades de polinização aberta, obtendo-se uma população com uma ampla base genética, denominada UFGD 1 (HEINZ et al., 2012).

A obtenção das PMI oriundas da população base UFGD 1 foi realizada na primeira safra 2014/2015 em Dourados, na Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados, MS, localizada na latitude 22° 11' 55" S, longitude de 54° 56' 07" W e 452 metros de altitude. O clima da região é classificado como do tipo Cwa (Köppen) (FIETZ e FISCH, 2006). Foram alocadas em duas condições de nitrogênio (N): o primeiro sendo composto com adubação de base, nitrogênio, fósforo e potássio (NPK) com 400 kg ha⁻¹, da fórmula comercial 8-20-20 na semeadura, totalizando 32 kg ha⁻¹ de nitrogênio. No estágio de desenvolvimento V4 foi realizada adubação de cobertura com mais 220 Kg ha⁻¹ de uréia, totalizando 88 kg ha⁻¹ de nitrogênio, sendo assim, o primeiro ensaio recebeu aplicação de 120 kg ha⁻¹ de nitrogênio, constituindo assim o ambiente com alto nitrogênio. O segundo ensaio não recebeu nitrogênio na semeadura e durante o desenvolvimento das plantas, constituindo assim o ambiente com baixo nitrogênio.

Para o controle de plantas daninhas foi realizada a capina durante o ciclo da cultura, evitando assim a competição das ervas daninhas com as plantas de milho por fatores, como luz, água e nutrientes. A aplicação de inseticida foi realizada utilizando uma bomba costal com jato dirigido no cartucho da planta, utilizando o produto comercial Premio na dose de 150 mL por hectare.

Na fase pós-colheita, foram selecionadas 220 PMI em cada contraste de N, sendo selecionadas as melhores espigas com base em análises visuais de notas de sanidade com relação ao ataque de pragas e doenças, alturas de planta e espiga, grau de empalhamento da espiga e prolificidade. Estas foram debulhadas separadamente e armazenadas em câmara seca a 18°C, localizado no laboratório de sementes na Universidade Federal da Grande Dourados, Faculdade de Ciências Agrárias, UFGD/FCA.

3.2. Instalação dos ensaios das avaliações

Na segunda safra de 2015 foram realizados os ensaios de avaliação compostos pelas 220 PMI selecionadas nas duas condições de N. As PMI selecionadas foram alocadas novamente em alto e baixo N e em dois locais, Dourados e Caarapó, totalizando 4 ensaios. Em Dourados os dois ensaios foram semeados na Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados, MS, localizada na latitude 22° 11' 55" S, longitude de 54° 56' 07" W e 452 metros de altitude. E em Caarapó foram semeados no Sítio Maeda, em Caarapó, com latitude de 22°38'02" Sul, longitude de 54°49'19" Oeste e 471 m de altitude. Ambas as condições experimentais foram alocadas após a colheita de soja.

Diante disso, cada local apresentou dois ambientes de avaliação e seleção dos genótipos estudados, assim divididos: Dourados alto N e Dourados baixo N, e Caarapó alto N e Caarapó baixo N. As doses de N utilizadas foram 120 kg há⁻¹ e 0 kg há⁻¹, formando assim as doses alta e baixa de nitrogênio, respectivamente.

Foram avaliadas 220 PMI de milho em cada ambiente contrastante de N e em cada local e com cinco testemunhas, sendo todas variedades de polinização aberta. As testemunhas foram:

- IPR 164: apresenta um porte médio, ciclo precoce, grãos semiduro e boa tolerância ao acamamento.
- AL Avaré: ciclo intermediário e grãos semiduro
- AL Bandeirante: ciclo semiprecoce, grão semiduro e resistência ao acamamento.
- Cati Verde 02: possui ciclo semiprecoce e grãos semidentado.
- BRS 106: ciclo intermediário, grãos semidentado e resistência ao acamamento.

O delineamento experimental utilizado em todos os ensaios foi o de blocos incompletos em látice 15X15, com 3 repetições por ensaio. A parcela experimental foi constituída de uma linha de cinco metros, espaçadas entre si por 0,90m e 0,20m entre plantas, totalizando a área da unidade experimental de 4,5 m².

As avaliações foram realizadas em três momentos distintos. No florescimento feminino, ou seja, quando 50% das plantas da parcela apresentaram estilo-estigma receptivos, foi avaliado o teor de clorofila de 5 plantas de cada parcela com auxílio de um clorofilômetro da marca Minolta (modelo SPAD-502). A avaliação foi feita na

primeira folha abaixo da espiga, em pontos situados no terço médio da folha amostrada a 2 cm de uma das margens da folha, conforme proposto por Catapatti et al. (2008).

Na fase de pré colheita foram avaliados: altura de planta, sendo obtida pelas médias das amostragens feitas no nível do solo à inserção da folha-bandeira, em metros. As alturas de espiga, sendo obtidas pelas médias das distâncias do nível do solo até a inserção da espiga superior, em metros. Em ambas as avaliações foi utilizada uma trena e avaliadas 5 plantas por parcela. O diâmetro de colmo foi realizado no estádio R4 de grãos farináceos, a 20 cm do colo da planta. A avaliação de acamamento foi realizada pela escala de notas com variação de 1 (não acamadas) a 9 (totalmente acamadas), sendo posteriormente corrigidas as notas (\sqrt{x}) para serem utilizadas nas análises estatísticas.

Após a colheita foi determinado o comprimento da espiga por meios da média de comprimento de 5 espigas despilhada em centímetros com auxílio de uma régua e determinado à produtividade de grãos da unidade experimental, corrigido para 13,5 % de umidade, em kg ha⁻¹.

Na tabela 1 estão apresentados os valores referentes à análise química, granulométrica da camada de 0-20 cm, do solo, bem como das condições climáticas durante o período de avaliação das áreas experimentais dos municípios de Dourados e Caarapó.

Tabela 1. Análise química do solo das áreas experimentais da camada 0-20 cm de profundidade dos locais de avaliação.

Características Químicas	Dourados	Caarapó
pH em água	5,0	5,5
M.O. (%)	3	2
P (mg dm ⁻³)	16	15
K (cmolc dm ⁻³)	0,8	0,4
Ca trocável (cmolc dm ⁻³)	2,6	2,2
Mg trocável (cmolc dm ⁻³)	2,0	1,6
H+Al trocável (cmolc dm ⁻³)	1,8	1,7
CTC (cmolc dm ⁻³)	7,2	5,9
V%	75	71,1
Características Climáticas	Dourados	Caarapó
Pluviométricos (mm)	720,74	647,20
T° Média	23,35	21,16°
U% Média	65,84	79,05

3.3. Análises genético-estatísticas

Inicialmente, realizou-se a análise de variância individual para cada ambiente (Dourados alto e baixo N, Caarapó alto e baixo N) isoladamente, de acordo com o modelo proposto por Silva et al. (1999), considerando-se a análise individual intrablocos com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{il(j)}: \mu + t_i + r_j + (b/r)_{l(j)} + e_{il(j)}, \text{ em que:}$$

$Y_{il(j)}$ é o valor observado do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, v = k^2$), no bloco incompleto l ($l = 1, 2, \dots, k$), da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$);

μ é uma constante inerente a todas as observações;

t_i é o efeito do tratamento i ;

r_j é o efeito da repetição j ;

$(b/r)_{l(j)}$ é o efeito do bloco incompleto l dentro da repetição j ;

$e_{il(j)}$ é o erro aleatório associado à observação $Y_{il(j)}$;

Foi realizado o cálculo para a eficiência do látice em cada ensaio, com base nas seguintes fórmulas:

$$(1): EE_f = E_e (1 + (rk\mu / k + 1)), \text{ em que:}$$

EE_f é o erro efetivo médio do látice;

E_e é o quadrado médio do erro intrablocos;

r é o número de repetições;

k é \sqrt{g} , onde g é o número de tratamentos avaliados;

μ é o fator de ponderação utilizado para obtenção dos totais de tratamentos ajustados, que é dado por:

$$(2): \mu = (E_b - E_e) / k (r-1) E_b, \text{ onde:}$$

E_b é o quadrado médio de blocos/repetições (ajustado), obtido na análise intrablocos.

$$(3): \text{Eficiência do látice} = 100 QR / EE_f, \text{ em que:}$$

QR é o quadrado médio do resíduo obtido em análise, considerando-se o modelo em blocos completos casualizados.

Antes de realizar a análise conjunta dos experimentos foi avaliado a homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos (QMr), pela razão entre o maior QMr e o menor QMr. Para ser considerado homogêneo essa razão não deve ultrapassar a relação 7:1 a fim de garantir grau adequado de homogeneidade das variâncias dos erros (PIMENTEL-GOMES, 2009).

Após a constatação da homogeneidade dos erros foi realizada a análise de variância conjunta para os dois locais, separando as análises em alto e baixo N, segundo o modelo apresentado por Regazzi et al. (1999), considerando-se a análise intrablocos com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{il(j)(p)}: \mu + t_i + (r/a)_{j(p)} + (b/r/a)_{l(j)(p)} + a_p + (ta)_{ip} + e_{il(j)(p)}, \text{ em que:}$$

$Y_{il(j)(p)}$: valor observado do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, v = k^2$), no bloco incompleto l ($l = 1, 2, \dots, k$), da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$), no local p ($p = 1, 2, \dots, s$);

μ é uma constante inerente a todas as observações;

t_i é o efeito do tratamento i ;

$(r/a)_{j(p)}$: efeito da repetição j dentro do local p ;

$(b/r/a)_{l(j)(p)}$: efeito do bloco incompleto l dentro da repetição j do local p ;

a_p : efeito do local p ;

$(ta)_{ip}$: efeito da interação entre o tratamento i e o local p ; e

$e_{il(j)(p)}$: erro aleatório associado a observação $y_{il(j)(p)}$.

A partir dos quadrados médios das análises de variâncias de cada ambiente foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos: variância fenotípica, variância ambiental, variância genotípica, herdabilidade com base na média entre progênies e coeficiente de variação genético percentual (VENCOVSKY e BARRIGA 1992).

O quociente entre a relação do coeficiente de variação genética e do coeficiente da variação ambiental ou índice foi estimado por $\hat{b} = \sqrt{\sigma^2 g / \sigma^2 e}$. Seu valor expressa se um determinado genótipo possui uma condição favorável para ser selecionado. Valores de \hat{b} superiores ou próximos a 1, indicam condição favorável para a seleção. Após as análises foi aplicado uma intensidade de seleção de 20% para cada ensaio das PMI, com o intuito de verificar os ganhos em valores absolutos e percentuais em cada contraste de

N. O ganho seleção direto a partir do diferencial de seleção (DS), em valor absoluto foi estimado por:

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} \cdot h_j^2, \text{ em que:}$$

$GS_{j(i)}$: ganho esperado para o caráter j, com a seleção baseada no índice i;

$DS_{j(i)}$: diferencial de seleção do caráter j, com seleção baseada no índice i;

h_j^2 : herdabilidade do caráter j.

Onde, $DS_{j(i)}$: $(\mu_S - \mu_0)$ é o diferencial de seleção com μ_S sendo a média da população selecionada e μ_0 média da população original.

Os índices de seleção empregados para prever os ganhos por seleção foram os propostos por Mulamba e Mock (1978) e o índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). O índice de Mulamba e Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meios da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos “ranks”, que assinala a classificação dos genótipos (CRUZ et al., 2014). O índice de Smith (1936) e Hazel (1943) ou clássico fundamenta-se na solução do sistema matricial: $b = P^{-1}Ga$, em que b é o vetor de dimensão 14 x 1 dos coeficientes de ponderação do índice, a serem estimados; P^{-1} é a inversa da matriz de dimensão 14 x 14 de variâncias e covariâncias fenotípicas entre as características; G é a matriz de dimensão 14 x 14 de variâncias e covariâncias genéticas entre as características; e a é um vetor 14 x 1 de pesos econômicos, onde foi obtido peso 1 para todas as características estudadas (CRUZ et al., 2014).

O índice clássico preconiza a atribuição de pesos econômicos na sua construção. Na proposta inicial, esses pesos deveriam ser obtidos em função do valor de mercado de cada caráter por unidade avaliada (SMITH, 1936; HAZEL, 1943). Contudo, valores de mercado mudam constantemente e, para alguns caracteres, não há como encontrar um valor econômico. Portanto, na literatura, tem-se atribuído, como peso econômico, estimativas de parâmetros genéticos referentes à população em estudo, como herdabilidade e coeficiente de variação genético, além de pesos por tentativas para obter previsões de ganhos favoráveis ao melhoramento, por meios de correlações entre caracteres, e ainda pesos iguais para todas as características avaliadas (RESENDE 2002, GONÇALVES et al., 2007; Cândido et al., 2011).

A Importância Relativa das Características foi calculada utilizando o método

proposto por Singh (1981), baseado na partição do total das estimativas das distâncias D^2_{ii} , considerando todos os possíveis pares de indivíduos para a parte devida a cada característica. Esse procedimento inicia-se na obtenção da matriz de variância e covariância residual, a qual é invertida e a seguir transposta. Tal matriz é então, multiplicada pelo vetor correspondente a mais importante variável canônica. Com isto são calculados os valores de $S_{.j}$ que expressam a percentagem de todas as distâncias para as características avaliadas, de tal forma que (CRUZ et al., 2014).

$$\sum_{j=1}^p (S_{.j}) = \sum_{i=1}^n (D^2_{ab}), \text{ em que:}$$

D^2_{ii} : é a distância de Mahalanobis entre os progênies a e b’;

Assim, a distância entre dois grupos a e b é definida como:

$$D^2_{ab} = (n - g) \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^p W_{ij*} (\bar{X}_{ia} - \bar{X}_{ib}) (\bar{X}_{ja} - \bar{X}_{jb})$$

Onde,

n: número total de observações;

G: número de grupos;

P: número de variáveis no modelo;

\bar{X}_{ia} : média para a i-ésima variável no grupo a;

\bar{X}_{ib} : média para a i-ésima variável no grupo b;

\bar{X}_{ja} : média da j-ésima variável no grupo a;

\bar{X}_{jb} : média da j-ésima variável no grupo b;

W_{ij*} : elemento da matriz inversa de variância-covariância intergrupos;

O agrupamento pelo método de otimização de Tocher foi obtido por meios do algoritmo:

$$D^2_{(ij)k} / N < \Theta, \text{ em que:}$$

Θ : limite máximo estabelecido para a entrada de linhas em grupo;

N: número de progênies que constitui o grupo original;

$D^2_{(ij)k}$: distância entre o grupo ji e as linhas k, obtida pela expressão:

$$D^2_{(ij)k} = D^2_{ik} + D^2_{jk}, \text{ sendo:}$$

D^2_{ik} : distância entre as progênies i e k; e

D^2_{jk} : distância entre as progênies j e k.

Os resultados foram obtidos com o auxílio do Programa GENES (CRUZ, 2013).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de variância individuais

Nas Tabelas 2 e 3 encontram-se o resumo das análises de variância individual em látice, de Dourados e Caarapó.

Na tabela 2 apresentam-se os valores referentes aos ensaios de alto e baixo N em Dourados. Verificou-se que houve diferenças significativas para progênies em todas as características em alto e baixo N ($p < 0,01$) e para comprimento de espiga (CE) em alto N a ($p < 0,05$), indicando que de maneira geral as duas populações apresentam variabilidade genotípica suficiente para a seleção de progênies promissoras para as características avaliadas.

Tabela 2 - Resumo da análise de variância individual das características agrônômicas de 220 progênies de meios-irmãos de milho e 5 testemunhas, avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados, MS.

		Alto N						
F.V	GL	QM						
		ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
Repetição	2	6,82	23,76	550,77	116,57	117,84	105,55	43.543.315,37
Bloco (ajustado)	42	1,02	1.221,36	1.348,22	26,24	205,30	16,86	5.055.260,44
Progênies	224	0,41**	525,79**	698,89**	16,60*	77,53**	7,71**	2.258.268,31**
Erro	406	0,16	26,23	205,70	11,87	35,55	5,31	633.582,26
CV%		28,16	6,38	8,77	24,02	11,44	10,78	18,76
Média		1,42	80,15	163,48	14,34	52,10	21,36	4.240,90
Eficiência do Látice		138,65	482,73	140,88	105,91	134,34	113,13	152,88
		Baixo N						
F.V	GL	QM						
		ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
Repetição	2	0,33	204,52	1.330,75	14,87	43,07	309,57	7.53.041,68
Bloco (ajustado)	42	0,71	621,84	1.192,78	9,63	122,81	28,72	3.423.709,62
Progênies	224	0,25**	330,25**	539,64**	5,10**	65,99**	16,35**	1.963.770,67**
Erro	406	0,08	105,10	183,17	2,82	47,89	11,11	684.830,24
CV%		23,37	14,34	8,47	11,43	12,33	16,50	17,00
Média		1,21	71,49	159,67	14,68	56,10	20,19	4.866,27
Eficiência do Látice		159,56	135,53	140,52	115,01	108,46	108,61	127,90

ACAM: acamamento (nota corrigida); AE: altura de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); CE: comprimento de espiga (cm); CLOR: teor de clorofila; DC: diâmetro de colmo (mm); PROD: produtividade de grãos (kg ha^{-1}). **, *, ns: significativo a ($P < 0,01$), significativo a ($P < 0,05$) e não significativo, respectivamente pelo teste F.

O delineamento em látice em Dourados para alto N mostrou-se adequado, pois, sua eficiência em relação aos blocos completos casualizados variou entre 105,91 a 482,73% em alto N, e variou de 108,46 a 159,56% em baixo N. Para que o látice tenha eficiência superior em relação ao DBC é necessário que o efeito dos blocos apresentem valores maiores que 100%. No caso de áreas experimentais uniformes ou de blocos mal localizados, o látice pode ter eficiência baixa ou menor que 100% e seria equivalente a um ensaio em blocos completos casualizados (GOMES e GARCIA, 1991).

Silva et al. (2008) verificaram que uma população de milho tropical foi eficiente em condições de estresse de N, comprovando também que populações de milho possuem variabilidade genotípica suficiente para que se tenha sucesso em um programa de melhoramento em condições de estresse nitrogenado.

Com relação às médias das características e comparando os dois ensaios em Dourados (Tabela 2), os valores médios foram maiores para alto N para as características acamamento (ACAM), altura de espiga (AE), altura de planta (AP) e diâmetro de colmo (DC). E para baixo N os valores foram relativamente maiores para comprimento de espiga (CE), teor de clorofila (CLOR) e produtividade de grãos (PROD), principalmente em características relacionadas ao pós-ciclo reprodutivo da planta. Os coeficientes de variação (CV's) experimentais apresentaram boa precisão em todas as características avaliadas em ambos contrastes de N, pois variam de valores inferiores a 10%, considerados baixos, e de 10 a 20%, considerados médios. Apenas acamamento ficou com valor considerado alto, com 28,16% em alto N (SCAPIM et al., 1995). Uma maior precisão nos experimentos de avaliação de progênes é desejável, uma vez que, à medida que ela aumenta, melhor será a resposta e o progresso obtido por seleção (CARVALHO et al., 2000).

Essas maiores médias em baixo N podem estar relacionadas com potencial a condições da baixa disponibilidade de N, onde ao decorrer do ciclo fenológico do milho algumas progênes podem estar utilizando o nutriente mais eficientemente do que a população de alto N, principalmente na fase de enchimento de grãos, onde a absorção e realocação de N para a espiga é intensa (MAGALHÃES et al., 2002).

De acordo com a média de produtividade da segunda safra do estado do Mato Grosso do Sul e do Brasil que foram de 5640,00 kg ha⁻¹ e 5708,00 kg ha⁻¹, respectivamente (CONAB, 2015). Verifica-se que as médias de produtividade de grãos dos experimentos foram de 4240,90 kg ha⁻¹ e 4866,27 kg ha⁻¹, para alto e baixo N,

respectivamente, sendo inferiores a média nacional, entretanto não são considerados ruins, pois são progênies experimentais.

Na Tabela 3 estão descritos os valores referentes aos ensaios de alto e baixo N de Caarapó. Foram verificadas diferenças significativas para todas as características em alto N ($p < 0,01$) e ACAM ($p < 0,05$). E para baixo N houveram diferenças significativas para as características ($p < 0,01$) e PROD a ($p < 0,05$), exceto para CLOR não houve significância. Ao analisar tratamentos ajustados, indicando também para esse local a presença de variabilidade genotípica adequada para o início do 1º ciclo recorrente de seleção.

Tabela 3 - Resumo da análise de variância individual das características agronômicas de 220 progênies de meios-irmãos de milho e 5 testemunhas, avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Caarapó, MS.

Alto N								
F.V	GL	QM						
		ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
Repetição	2	2,27	73,43	5.024,86	113,31	176,65	0,62	63.210.068,36
Bloco (ajustado)	42	1,16	515,47	412,17	81,71	463,68	49,34	5.955.470,99
Progênies	224	0,32*	357,62**	521,61**	31,21**	191,35**	19,12**	2.452831,37**
Erro	406	0,15	78,17	307,75	7,40	9,10	1,12	570.527,24
CV%		28,90	11,43	10,73	20,92	5,42	5,09	17,45
Média		1,34	77,34	163,36	13,00	55,57	20,77	4.326,90
Eficiência do Látice		152,44	141,21	100,78	178,76	520,32	460,39	104,81
Baixo N								
F.V	GL	QM						
		ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
Repetição	2	0,52	64,27	5.765,63	172,43	172,03	0,58	9.584.297,27
Bloco (ajustado)	42	0,45	389,71	777,89	59,11	-	57,59	5.337.726,45
Progênies	224	0,22**	337,90**	359,29**	58,23**	58,77 ^{ns}	23,60**	2.651.770,56*
Erro	406	0,13	89,43	215,81	8,48	59,06	0,10	984.585,15
CV%		29,07	13,09	9,11	24,49	13,94	1,55	21,83
Média		1,24	72,22	161,22	11,89	55,09	20,35	4.544,71
Eficiência do Látice		114,19	122,62	119,04	144,36	82,02	4600,22	131,40

ACAM: acamamento (nota corrigida); AE: altura de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); CE: comprimento de espiga (cm); CLOR: teor de clorofila; DC: diâmetro de colmo (mm); PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹). **, *, ns: significativo a ($P < 0,01$), significativo a ($P < 0,05$) e não significativo, respectivamente pelo teste F.

O delineamento em látice em Caarapó também se mostrou adequado, pois, sua eficiência em relação aos blocos completos casualizados variou de 100,78 a 520,38% em alto N, e de 114,19 a 4600,22% em baixo N. Apenas para a característica clorofila

não verificaram maior eficiência do látice em baixo N. Portanto, para a análise de variância para essa característica foi levado em consideração o delineamento em blocos casualizados.

As médias de produtividade de grãos dos ensaios foram de 4326,90 kg ha⁻¹ e 4544,71 kg ha⁻¹, para alto e baixo N, respectivamente. Para alto N está inferior às médias em nível de estado e nacional. (CONAB, 2015).

Carvalho et al. (2000) trabalhando com seleção recorrente no nordeste brasileiro, buscando uma variedade produtiva, encontraram diferenças significativas ($p < 0,01$) nos três primeiros ciclos recorrentes de seleção entre as médias de progênies, indicando também a presença de variabilidade genotípica entre elas.

Os coeficientes de variação (CV's) experimentais apresentaram boa precisão em todas as características avaliadas em ambos contrastes de N. Apenas a característica ACAM ficou com valores elevados em ambos contrastes (SCAPIM et al. 1995). As características ACAM, AE, CE, CLOR e DC obtiveram valores mais elevados em baixo N comparados com alto N, o que pode estar relacionado ao estresse nitrogenado ou baixa disponibilidade de nitrogênio. É comum a obtenção de CV's mais elevados em ambientes com estresse, pois sob estresse as médias geralmente são menores e os quadrados médios dos resíduos são maiores, obtendo portanto, CV's mais elevados. A obtenção de maiores coeficientes de variação em ambientes sob estresse foi relatado por Bazinger e Lafitte (1997).

Merecem destaque os valores de CV's, pois, assim como Kist (2006) os experimentos de seleção recorrente de progênies de meios-irmãos (PMI) tenham sido conduzidos em propriedades de agricultores, em áreas normalmente usadas para a condução de lavouras de produção, pode-se considerar que a precisão experimental alcançada neste trabalho foi equivalente aos trabalhos desenvolvidos em estações experimentais. Isso relata um indicativo da validade científica dos dados gerados em trabalhos de pesquisa participativa, conduzidos em propriedade de agricultores familiares.

Devido a constatação da presença de variabilidade genotípica nas duas populações contrastantes de N nos dois locais de estudo, uma alternativa para aumentar a produção das progênies em ambiente com baixa disponibilidade de N é a seleção, onde pode gerar variedades de milho produtivos para solos pobres em N ou em locais onde é difícil o acesso à adubação adequada de N. Assim Majerowicz et al. (2002),

sugere o desenvolvimento de programas de melhoramento locais como a solução mais viável para o aumento da produção em sistemas agrícolas com baixa utilização de insumos.

4.2. Análise de variância conjunta

Na análise de variância conjunta dos ambientes para alto e baixo N houve significância ($p < 0,01$) para as PMI em todas as características avaliadas, o que evidencia a presença de variabilidade genotípica entre elas. Para local houve diferenças estatísticas para todas as características em alto N, e para baixo N ACAM, AE e DC não houveram diferenças significativas entre os locais estudados (Tabela 4).

Foram detectadas também, nesse início de ciclo de seleção diferenças estatísticas para a interação progênes x locais (P x L) em alto N para as características ACAM, AE, AP, CLOR, DC, PROD a ($p < 0,01$), o que evidencia comportamento diferenciado das progênes em face das oscilações ambientais. Para a característica CE não houve diferenças estatísticas para a interação P x L. Já em baixo N houve comportamento diferenciado para todas as características avaliadas a ($p < 0,01$) (Tabela 4).

Os coeficientes de variação obtidos variaram de 8,79 a 28,98% para alto N, sendo considerados de baixo a altos CV's (SCAPIM et al., 1995), conferindo de boa a média precisão aos ensaios.

Com relação a análise conjunta de baixo N verifica-se diferenças significativas em todas as características avaliadas entre as PMI, indicando a presença de variabilidade genotípica também em estresse nitrogenado. Para a interação P x L também houve diferenças estatísticas ($p < 0,01$) em todas as características analisadas, indicando haver comportamento diferenciado das progênes de milho nos diferentes ambientes avaliados.

Silva Filho et al. (2001), avaliando o comportamento de progênes em dois níveis de nitrogênio não encontraram efeito significativo na interação progênes x níveis de nitrogênio. Corroborando com estes resultados Fidelis et al. (2007), não encontraram efeito significativo para a interação genótipos x nitrogênio, na avaliação de genótipos de milho eficientes na absorção de nitrogênio.

Tabela 4 - Resumo da análise de variância conjunta das variáveis agronômicas de 220 progênies de meios-irmãos de milho e 5 testemunhas, avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados e Caarapó, MS.

Alto N								
FV	GL	QM						
		ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
Progênies	224	0,49**	597,13**	723,67**	46,77**	220,53**	21,34**	5.197.921,01**
Local	1	1,93**	2674,07**	4,62ns	602,67**	4.073,00**	118,63**	2.496.021,93*
P x L	224	0,37**	439,13**	597,24**	9,87ns	131,58**	12,31**	53.898,83**
Erro Efetivo Médio	812	0,16	56,51	268,55	10,26	24,12	3,43	652.213,15
CV %		28,98	9,54	10,02	23,43	9,12	8,79	18,85
Média		1,38	78,74	163,42	13,67	53,83	21,06	4.283,90
Baixo N								
FV	GL	QM						
		ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
Progênies	224	0,27**	395,86**	557,53**	35,44**	146,51**	26,93**	4.803.731,18**
Local	1	0,36ns	175,68ns	813,55*	2.627,82**	347,16**	8,83ns	34.898.080,35**
P x L	224	0,29**	359,73**	488,36**	36,79**	4,28**	23,34**	602.299,96**
Erro Efetivo Médio	812	0,11	104,59	214,07	6,08	49,65	5,93	898.027,25
CV %		27,18	14,23	9,11	18,56	12,67	12,01	20,13
Média		1,22	71,85	160,44	13,28	55,59	20,27	4.705,49

ACAM: acamamento (nota corrigida); AE: altura de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); CE: comprimento de espiga (cm); CLOR: teor de clorofila; DC: diâmetro de colmo (mm); PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹). **, *, ns: significativo a (P<0,01), significativo a (P<0,05) e não significativo, respectivamente pelo teste F.

Para o ambiente de baixo N Os coeficientes de variação obtiveram amplitude entre as características variando de 9,11 a 27,18%, comportamento baixo a alto. Da mesma forma como no ambiente com alto N, conferindo boa a média precisão experimental, (SCAPIM et al., 1995). Em estudo realizado por Silva et al. (2008), avaliando a produtividade de populações de milho em ambiente com alto e baixo nitrogênio, encontraram CV's variando de 19,0 a 22,8% para ambiente com alto N e, para o ambiente com baixo N o CV's variaram de 24,0 a 35,3%. Em estudo realizado por Santos et al. (1998), avaliando progênies de meios-irmãos, obtiveram coeficientes de variação de 22,27 e 23,42%, para o caráter produtividade, nos ambientes de alto e baixo N respectivamente.

Diniz (2015) avaliou controle genético em progênies de meios-irmãos visando a eficiência no uso de N, verificou a existência de precisão experimental de alta magnitude para a análise conjunta para as características altura de espiga, altura de planta, stay green, florescimento feminino, florescimento masculino, teor de clorofila

diâmetro de colmo e produtividade de grãos para alto e baixo N.

Distinguindo as médias entre os ambientes contrastantes de nitrogênio notou-se que o ambiente com alto N obteve as maiores médias com as características acamamento (1,38), havendo redução na média de 11,59% para baixo N. Para as alturas de espiga (78,74 cm) e planta (163,42 cm), sendo em baixo N inferior em 8,75% e 1,82%, respectivamente. Em comprimento de espiga (13,67 cm) e diâmetro de colmo (21,06 mm) o ambiente de alto N foi superior em 2,85% e 3,75%, respectivamente. O ambiente com baixo N foi superior ao alto N com as médias de clorofila (55,59) e produtividade de grãos (4705,49 kg ha⁻¹), sendo superior em 3,16% e 8,95%, respectivamente.

Mesmo com a média do teor de clorofila em baixo N sendo superior ao de alto N, não afetou as maiores médias obtidas em alto N para outras características, isso indica apenas que o teor de clorofila está intimamente relacionado com o teor de nitrogênio na planta. De acordo com Miranda et al. (2005), os teores de clorofila e a produtividade de grãos permitem apenas a eliminação de genótipos pouco eficientes no uso de N, sendo falhos para seleção de materiais genéticos mais eficientes.

A produtividade de grãos em baixo N, sendo maior que alto N, pode estar relacionada ha progênes que utilizam mais adequadamente o nutriente com o decorrer do ciclo produtivo da planta. A superioridade do ambiente com baixo N foi de 8,95% de produtividade de grãos comparado com o ambiente nitrogenado, com uma diferença de 421,59 kg ha⁻¹. Revertendo o diferencial de produtividade para preços no milho e considerando a saca de milho de 60 kg a R\$34,00, nos daria um valor de 238,90 R\$/ha a mais em uma população eficiente no uso do nitrogênio comparado com uma população que exige quantidades elevadas do nutriente, nos levado a custos elevados para o produtor (AGROLINK, 2016). Souza et al. (2008) e Silva (2008), constataram uma diferença de 23,20% e 28,4%, respectivamente, de superioridade de produção, com favorecimento ao baixo N.

Portanto, o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições de estresse nitrogenado apresenta-se como uma opção economicamente viável e ecologicamente sustentável para garantir maior produtividade em sistemas agrícolas com baixa utilização de insumos (SOUZA et al., 2008).

4.3. Estimativa de parâmetros genéticos

Para todas as características foram estimados parâmetros genéticos nos ambientes de alto e baixo N com base na análise conjunta (Tabela 5). As estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas com base na média dos locais, sendo obtidas das análises de interação P x L, as quais tiveram os seus quadrados médios ajustados, (VENCONVSKY et al., 1987). Embora as análises tenham sido feitas em látice, as estimativas dos componentes da variância foram baseadas nas esperanças dos quadrados médios para blocos ao acaso, tendo-se usado os quadrados médios de tratamentos ajustados e o erro efetivo do látice (VIANNA e SILVA, 1978).

As estimativas de herdabilidade com base na média de progênies para as características de alto N variaram de 62,89 (AP) a 87,45% (PROD) e para o índice \hat{b} variou de 1,30 (AP) a 3,09 (AE). Quanto para baixo N o coeficiente de herdabilidade variou de 23,90 (PROD) a 82,81% (CE). Neste ambiente para o índice \hat{b} houve variação de 0,56 (PROD) a 2,20 (CE). O valor mais baixo para o índice \hat{b} para PROD está relacionado à maior variância ambiental ocorrida no ambiente, conseqüentemente menor índice \hat{b} (Tabela 5).

As estimativas da variância genotípica (σ^2_g) e do coeficiente de herdabilidade (h^2) são importantes parâmetros para antever o sucesso de um programa de seleção. A herdabilidade é um parâmetro influenciado pela variância genética, assim, dentre os componentes genéticos, a herdabilidade tem função primordial por predizer o valor genotípico com base na informação fenotípica (FALCONER, 1981). Portanto, pode-se saber se as diferenças detectadas são de natureza genética e se a seleção proporcionará ganhos no programa de melhoramento. Nesse sentido, elevados valores de herdabilidade são aliados importantes na seleção dos melhores híbridos e combinações, para o avanço dos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

Em relação ao h^2 , foram observados valores de alta magnitude em todos os caracteres em alto N. E em baixo N os valores elevados para as características, acima de 60%, e apenas produtividade de grãos obteve 23,90%.

Tabela 5 - Estimativas da variância fenotípica (σ^2f), variância ambiental (σ^2e), variância genética (σ^2g), herdabilidade ($h^2\%$), índice b^{\wedge} (CV_g/CV_e) em 220 progênies de meios-irmãos avaliadas em ambiente com alto e baixo N para análise conjunta.

Alto N							
Parâmetros	ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
(σ^2f)	0,16	199,04	241,22	15,59	73,51	7,11	1732640,33
(σ^2e)	0,05	18,83	89,62	3,42	8,04	1,14	217404,38
(σ^2g)	0,11	180,20	151,70	12,17	65,47	5,97	1515235,95
(h^2)	68,75	90,53	62,89	78,06	89,06	83,97	87,45
Índice b^{\wedge}	1,43	3,09	1,30	1,88	2,85	2,28	2,64
Baixo N							
	ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
(σ^2f)	0,09	131,95	185,84	11,81	48,83	8,97	140.477.873,80
(σ^2e)	0,03	34,86	71,35	2,02	16,55	1,97	106.892.748,70
(σ^2g)	0,05	97,09	114,48	9,78	32,28	7,00	33.585.125,17
($h^2\%$)	59,55	73,58	61,60	82,81	66,10	78,03	23,90
Índice b^{\wedge}	1,29	1,66	1,26	2,20	1,39	1,88	0,56

ACAM: acamamento (nota corrigida); AE: altura de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); CE: comprimento de espiga (cm); CLOR: teor de clorofila; DC: diâmetro de colmo (mm); PROD: produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$).

O índice b^{\wedge} sendo superiores a unidade, quer dizer que a seleção poderá ser efetiva para as características estudadas naquele ambiente, com alto ou baixo N, ou seja, obter ganhos genéticos representativos no melhoramento dessa população. Se fosse valores inferiores a 1, significava que houve grande influência ambiental para aquela a característica, e as chances de insucesso na seleção de progênies inferiores é elevada, pois facilmente podem sofrer variação ambiental.

Diante dos valores observados neste experimento, constata-se grande possibilidade de identificação de genótipos superiores, para o caráter de maior interesse, produtividade de grãos, por apresentarem ampla variância genética e valores elevados de herdabilidade.

A magnitude do coeficiente de h^2 para a característica AP deste estudo têm sido relativamente altos para os ambientes contrastantes de nitrogênio. Coeficientes de magnitudes similares têm sido obtidos por Arias et al. (1999), Santos et al. (2005) e Silva et al. (2004), em experimentos conduzidos em estações experimentais.

Kist (2006) em experimento conduzido em três locais em Anchieta, SC, buscando uma nova variedade de polinização aberta por meios de ciclo recorrente

intrapopulacional, obteve h^2 média dos locais para a característica AP de 76,80% e índice b^{\wedge} de 1,06 e para CE obteve valores para h^2 de 74,08%. Estes valores são semelhantes ao do presente estudo. E índice b^{\wedge} de 0,97, valores que assim como no trabalho considerados elevados e representando condições favoráveis para a seleção.

Heinz et al. (2012), estimaram parâmetros genéticos e os ganhos genéticos na população UFGD 1 para seleção de PMI para eficiência no uso de nitrogênio, onde verificaram que as variâncias para os caracteres relacionados à produção foram maiores quando as progênes foram avaliadas em ambiente com alto N. Nos demais caracteres as variâncias foram maiores em ambiente com baixo N. Corroborando com os resultados Silva et al. (2008), encontraram estimativas dos parâmetros genéticos maiores quando avaliaram as progênes em ambiente de alto N, considerando o caráter produtividade de grãos.

Faluba et al. (2008), avaliando o potencial genético da população de milho UFV7 para melhoramento no Estado de Minas Gerais, verificaram valores de herdabilidade e b^{\wedge} inferiores a 50% e 0,65%, respectivamente, para produtividade de grãos (kg há⁻¹), altura de planta e altura de espiga.

Vencovsky et al. (1987) relata que a maioria dos caracteres quantitativos de importância econômica apresenta herdabilidade ao redor de 20 - 50%. Principalmente para PROD, onde os valores de herdabilidades comum encontrados na literatura são mais baixos, por ser uma característica que é influenciada por vários genes e sofre influência ambiental durante todo o ciclo de vida da planta.

Kist (2006) obteve valores para h^2 de 35,52%, considerados altos para a característica PROD. Para o índice b^{\wedge} de 0,43, pouco favorável para a seleção, e de acordo com o presente estudo, que verificou valor do índice b^{\wedge} de 0,56 em baixo N, sendo, portanto, uma situação relativamente desfavorável à seleção.

Gama et al. (2003), estimaram parâmetros estatístico-genéticos em PMI obteve valores inferiores aos obtidos neste estudo para o índice b^{\wedge} . Carvalho et al. (2003a), avaliaram a população CPATC-3 e usaram o peso de espiga para estimar a produtividade. A partir disto, estimaram o coeficiente de h^2 (40,02%, 48,59% e 40,20%) e o índice b^{\wedge} (0,53, 1,09 e 0,50), para três ciclos sucessivos, respectivamente. Mesmo que as magnitudes dos coeficientes h^2 e índice b^{\wedge} foram relativamente baixas, estes autores concluíram que a população ainda possuía variabilidade genética suficiente para conseguir bons aumentos na produção de espigas.

Geraldi (1977), também estimou valores similares para a variável PROD, a

magnitude do índice b^{\wedge} deste estudo não excedeu a 0,70 e considerou 0,45 um valor médio comum para este parâmetro.

Aliado a isto, pode-se afirmar que de forma geral existe variabilidade genética nas duas populações estudadas e possuem possibilidade de sucesso com a seleção para o próximo ciclo recorrente (C_2). O aumento da magnitude das estimativas de herdabilidade na sequência dos ciclos será um indicativo do acúmulo de alelos favoráveis na população, mostrando que a seleção recorrente é um método eficiente de melhoramento.

4.4. Ganho esperado por Seleção (GS)

Nas tabelas 6 e 7 encontram-se os ganhos obtidos com a seleção a partir do diferencial de seleção (ΔS) em valores absolutos e em percentagens, por meios do índice de Smith (1936) e Hazel (1943) e do proposto por Mulamba e Mock (1978).

Em Dourados para o índice de Smith e Hazel (SH) apenas a característica CLOR em baixo N apresentou ganho esperado com a seleção de -0.27%, e para alto N o caractere ACAM de -4,42% da população selecionada. Para as outras características avaliadas houve ganhos esperados positivos com a população selecionada em alto e baixo N (Tabela 6). Já para ao índice de Mulamba e Mock (MM) em Dourados todas as características apresentaram ganhos esperados com a seleção, inclusive nota-se para a característica ACAM, em alto e em baixo N, um ganho positivo percentual, uma vez que os valores, 2,55 e 5,32%, respectivamente, representam uma possibilidade de redução da média das plantas acamadas na próxima geração de recombinação das progênies selecionadas. (Tabela 7).

Tabela 6 - Estimativas do ganho por seleção pelo índice de Smith (1936) e Hazel (1943) em progênies de meios-irmãos avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados e Caarapó, MS.

Alto N Dourados					
Caracteres	X_o	X_s	h²	GS	GS %
ACAM	1,42	1,53	57,10	-0,06	-4,42
AE	80,15	85,44	94,58	5,00	6,24
AP	163,48	174,71	68,22	7,66	4,68
CE	14,34	15,54	24,78	0,29	2,07
CLOR	52,10	53,51	50,59	0,71	1,36
DC	21,36	21,44	75,58	0,06	0,28
PROD	4.240,90	5.302,08	69,64	739,00	17,42
Baixo N Dourados					
Caracteres	X_o	X_s	h²	GS	GS %
ACAM	1,21	1,14	88,60	0,06	4,95
AE	71,49	74,59	65,69	2,03	2,84
AP	159,67	163,09	63,36	2,16	1,35
CE	14,68	15,25	41,05	0,23	1,59
CLOR	56,10	55,44	23,27	-0,15	-0,27
DC	20,19	20,98	76,05	0,60	2,97
PROD	4.866,27	5.918,03	24,99	262,83	5,40
Alto N Caarapó					
Caracteres	X_o	X_s	h²	GS	GS %
ACAM	1,34	1,35	17,73	-0,001	-0,13
AE	77,34	80,09	77,08	2,11	2,74
AP	163,36	164,15	42,90	0,33	0,20
CE	13,00	14,39	74,95	1,04	8,01
CLOR	55,57	52,06	94,84	-35	-6,31
DC	20,77	22,54	93,63	1,65	7,97
PROD	4.326,90	5.431,78	27,87	307,93	7,11
Baixo N Caarapó					
Caracteres	X_o	X_s	h²	GS	GS %
ACAM	1,24	1,19	39,98	0,019	1,61
AE	72,22	75,03	72,53	2,03	2,82
AP	161,22	164,60	41,46	1,40	0,86
CE	11,89	10,96	84,54	-0,78	6,61
CLOR	55,09	54,91	84,78	-0,15	-0,27
DC	20,35	18,77	99,50	-1,57	-7,72
PROD	4.544,71	5.710,36	23,34	272,06	5,98

ACAM: acamamento (nota corrigida); AE: altura de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); CE: comprimento de espiga (cm); CLOR: teor de clorofila; DC: diâmetro de colmo (mm); PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); X_o: média da população original; X_s: média da população selecionada; h²: herdabilidade; GS: ganho por seleção em valor absoluto GS%: ganho por seleção em valor percentual.

Tabela 7 - Estimativas do ganho por seleção pelo índice de Mulamba e Mock (1978) em progênies de meios-irmãos avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados e Caarapó, MS.

Alto N Dourados (L1)					
Caracteres	Xo	Xs	h²	GS	GS %
ACAM	1,43	1,36	57,10	0,04	2,55
AE	80,16	89,35	94,58	8,69	10,84
AP	163,48	175,69	68,22	8,32	5,09
CE	14,34	15,30	24,78	0,23	1,64
CLOR	52,10	53,95	50,59	0,93	1,79
DC	21,37	22,27	75,58	0,67	3,17
PROD	4.240,91	4.952,69	69,64	495,68	11,68
Baixo N Dourados (L1)					
Caracteres	Xo	Xs	h²	GS	GS %
ACAM	1,22	1,14	88,6	0,06	5,32
AE	71,50	79,22	65,69	5,07	7,09
AP	159,67	170,36	63,36	6,76	4,23
CE	14,69	15,38	41,05	0,28	1,94
CLOR	56,11	57,76	23,27	0,38	0,68
DC	20,20	21,75	76,05	1,18	5,86
PROD	4.866,28	5.448,12	24,99	145,40	2,98
Alto N Caarapó (L2)					
Caracteres	Xo	Xs	h²	GS	GS %
ACAM	1,35	1,24	17,73	0,02	1,43
AE	77,34	83,73	77,08	4,9227	6,36
AP	163,37	169,26	42,90	2,52	1,54
CE	13,01	14,32	74,95	0,9864	7,58
CLOR	55,58	56,72	94,84	1,0873	1,95
DC	20,78	21,94	93,63	1,0850	5,22
PROD	4.326,91	4.824,17	27,87	138,58	3,20
Baixo N Caarapó (L2)					
Caracteres	Xo	Xs	h²	GS	GS %
ACAM	1,25	1,18	39,98	0,03	2,18
AE	72,22	79,66	72,53	5,39	7,47
AP	161,23	168,02	41,46	2,81	1,74
CE	11,90	12,47	84,54	0,48	4,07
CLOR	55,09	57,30	84,78	1,87	3,39
DC	20,36	21,44	99,50	1,07	5,29
PROD	4.544,71	5.011,18	23,34	108,87	2,39

ACAM: acamamento (nota corrigida); AE: altura de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); CE: comprimento de espiga (cm); CLOR: teor de clorofila; DC: diâmetro de colmo (mm); PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); Xo: média da população original; Xs: média da população selecionada; h²: herdabilidade; GS: ganho por seleção em valor absoluto GS%: ganho por seleção em valor percentual.

Os ganhos esperados com a seleção em Caarapó estimado pelo índice SH espera-se perdas nos ganhos esperados com a seleção para as características ACAM e CLOR em alto N e CLOR e DC em baixo N. Para os outros caracteres houveram ganhos esperados positivos para o índice SH (Tabela 6). Já com relação ao índice MM, como no ocorrido em Dourados, a característica ACAM espera-se uma redução da média para a próxima geração recombinação as progênies selecionadas (Tabela 7).

Para a característica AP, resultados dos ganhos preditos para seleção no presente trabalho foram superiores aos encontrados por Chapman e Edmeades (1999), os quais obtiveram um ganho de seleção de 0,70% de redução para este caráter, a uma intensidade seleção de 8%. Arias e Souza Jr (1999) obtiveram ganhos de seleção superiores ao presente estudo para AP em ambos índices, com 8,40% e 6,00%, respectivamente, a partir das populações BR-105 e BR-106, a uma intensidade de seleção da ordem de 20%. Geraldí (1977), a 10% de intensidade de seleção, também estimou ganhos superiores, correspondentes a 10,32% e 13,88% para PMI obtidas a partir da população composta dentado A de grãos amarelos e grãos brancos, respectivamente.

Os ganhos de seleção estimados por Kist (2006) para CE foram de 6,18%, 7,25% e 5,27% em três locais, respectivamente. Tais percentagens corresponderam a um aumento médio de 0,94, 1,07 e 0,82 cm para as populações avaliadas, sendo superiores aos encontrados nas populações selecionadas em L1 estudadas para ambos pindices e em baixo N para L2 do índice SH. O mesmo autor para o caractere DC estimou ganhos por seleção de 2,71%, 4,78% e 5,75%, para três locais, respectivamente, valores consideráveis próximos aos encontrados para o índice de MM.

Tardin et al. (2007) ao utilizar o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) em um programa de seleção recorrente em famílias de irmãos-completos em milho comum obteve ganhos proeminentes para rendimento de grãos, da ordem de 14,26 %. Freitas Júnior et al. (2009), relatou que pelo índice de Smith (1936) e Hazel (1943), foi possível prever ganhos para rendimento de grãos de 11,17% em milho pipoca.

Candido et al. (2011) utilizando o índice de seleção Mulamba e Mock (1978), para seleção de progênies do Composto Isanão VF-1 de milho, verificou ganhos preditos de 1,41, 0,86, e 16,12% para AP, AE, e PROD, respectivamente.

Valores superiores para os ganhos estimados com a seleção foram encontrados por Carvalho e Souza (2007), com objetivo de estimar parâmetros genéticos na

variedade de milho BR 5011 Sertanejo, a fim de se verificar o comportamento da variabilidade genética no decorrer de sucessivos ciclos de seleção no ciclo 1, encontraram GS de 35% para o ciclo C₁, em um só local. O ganho total estimado no ciclo 2 foi de 9,4%, em dois locais e no ciclo C₃ total do ganho esperado foi de 4,9%.

Freitas Jr et al. (2013), avaliaram ganhos genéticos em ciclo C6 em milho pipoca no programa de melhoramento da UENF 14, encontraram pelo índice de Smith e Hazel ganho genético positivo para rendimento de grãos (2,19%). Em ciclos anteriores do mesmo programa de melhoramento genético da UENF, Santos et al. (2007) e Freitas Júnior et al. (2009) encontraram ganhos percentuais semelhantes em milho pipoca, para os ciclos C3, C4 e C5, respectivamente.

Os ganhos de seleção estimados a partir deste estudo para PROD foram superiores a outros trabalhos estimados por Cepeda et al. (2000) e Paterniani e Vencovsky (1978). A partir destes trabalhos, foram estimados ganhos de seleção da ordem de 1,0% e 3,5%, respectivamente. Estes autores justificam os baixos ganhos de seleção, em razão da adoção de elevados tamanhos efetivos populacionais durante a seleção.

Arias e Souza Júnior (1999) verificaram ganhos de 18,00% e 13,80% para PROD, a partir das populações BR-105 e BR-106, respectivamente, a uma intensidade de seleção de 20%, ganhos por seleção superiores ao estudo e equiparado com Dourados. Carvalho et al. (2003b), estimaram um ganho de seleção de 14,3%, a partir da variedade BR 5028 - São Francisco, usando uma intensidade de seleção de 10%.

Analisando as médias das progênies selecionadas pelo índice de Smith (1936) e Hazel (1943), nota-se que a maioria dos caracteres apresenta as maiores médias das populações selecionadas quando em alto N. (Tabela 6). Em Dourados as progênies alocadas em alto N obtiveram maiores médias que baixo N para acamamento, altura de espiga, altura de planta, comprimento de espiga e diâmetro de colmo. Já Caarapó as maiores médias para alto N foram das características acamamento, altura de espiga, comprimento de espiga e diâmetro de colmo. Já para baixo N as maiores médias em Dourados foram das características teor de clorofila e produtividade de grãos. Em Caarapó foram para altura de planta, clorofila e produtividade de grãos. As médias das progênies selecionadas pelo índice Mulamba e Mock (1978), também foram superiores em grande parte para os ambientes com alto N (Tabela 7). Para Dourados as características acamamento, altura de espiga, altura de planta e diâmetro de colmo

obtiveram as maiores médias comparadas ao ambiente com baixo N. Em Caarapó as características com maiores médias foram acamamento, altura de espiga, altura de planta, comprimento de espiga e diâmetro de colmo.

Nota-se que os caracteres teor de clorofila e produtividade de grãos apresentaram sempre maiores médias nos ambientes com baixo N, para os dois índices de seleção estudados, mostrando um bom desempenho das progênies selecionadas quando submetidas ambiente com restrição de N (Tabelas 6 e 7).

O fato das maiores produtividades de grãos serem maiores em ambiente com estresse nitrogenado pode estar relacionado com a tendência dos genótipos aumentarem a quantidade de massa seca do sistema radicular nesses ambientes, ou seja, ao serem submetidas ao estresse de N, as plantas de milho utilizam este nutriente próximo aos sítios de absorção, nas células das próprias raízes, a fim de desenvolverem um maior volume radicular visando aumentar a área a ser explorada (CARVALHO et al., 2012). Segundo Föhse, Claassen e Jungk (1988), as raízes se tornam drenos preferenciais de fotoassimilados quando alguns nutrientes limitam o crescimento das plantas, principalmente nitrogênio e potássio, o que pode ser uma estratégia de adaptação desenvolvida para aumentar a eficiência de absorção quando há limitação de N.

Para o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) a produtividade média das progênies selecionadas para o ambiente com alto N foi de 5302,08 kg ha⁻¹ em Dourados e 5431,78 kg ha⁻¹ em Caarapó, já para baixo N foi de 5918,03 kg ha⁻¹ em Dourados e 5710,36 kg ha⁻¹ em Caarapó, constatando-se um aumento na produtividade de 10,40% e 4,87% quando colocado em baixo N, respectivamente em Dourados e Caarapó (Tabela 6).

Santos et al. (1998), observaram que em baixo N houve uma redução de 27,14%, na produtividade de grãos das progênies de meios-irmãos, em relação ao ambiente com alto N.

Com relação ao índice Mulamba e Mock (1978) ocorreram semelhança aos resultados obtidos pelo índice de SH. A produtividade média das progênies selecionadas para o ambiente com alto N foi de 4952,69 kg há⁻¹ em Dourados e 4824,17 kg ha⁻¹ em Caarapó, já para baixo N foi de 5448,12 em Dourados e 5011,18 em Caarapó, apresentando um aumento na produtividade de grãos de 9,09% e 3,73% quando exposto ao estresse nitrogenado, em Dourados e Caarapó, respectivamente (Tabela 7).

Silva et al. (2008), avaliaram o potencial genético de duas populações de milho,

em dois sistemas de produção, com alta e baixa disponibilidade de Nitrogênio, divergiram com o presente estudo, onde verificaram que a média geral das famílias avaliadas em alto N foi de 5.511kg/ha e, em baixo N, de 3.943 kg/ha, constatando-se uma redução na produtividade de 28,4%. Estes valores estão bem próximos daqueles encontrado por Resende (1989), ao avaliar famílias em solos contrastantes para alumínio, bem como àquele encontrado por Santos et al. (1998), quando avaliaram progênies de meios-irmãos em ambientes de baixa e alta disponibilidade de nitrogênio.

Realizando uma comparação entre o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) e o índice Mulamba e Mock (1978) do presente estudo, verifica-se que o índice MM obteve os melhores resultados de ganho por seleção para a maioria das características nos dois locais estudados e nos dois contrastes de nitrogênio. Apenas a característica produtividade de grãos obteve melhores resultados no índice SH em Dourados e Caarapó, em alto e baixo N (Tabelas 6 e 7).

Contudo, é importante ressaltar que os ganhos estimados no presente trabalho foram baseados na seleção de 20% das progênies e um valor de tamanho efetivo populacional (N_e) correspondente a 200 PMI. Sendo importante a manutenção de tamanhos efetivos elevados durante os ciclos de seleção recorrente, pois permite a obtenção de ganhos genéticos sem os prejuízos decorrentes da redução de variabilidade. Além de permitir o desenvolvimento de programas em longo prazo, garante a disponibilidade de variabilidade para a realização de muitos ciclos de seleção, que podem ser conduzidos por agricultores em suas propriedades. Também aumenta a possibilidade do desenvolvimento de populações com maior estabilidade frente aos sistemas de produção realizados em ambientes estressados (KIST, 2006).

Analisando a produtividade média das testemunhas avaliadas nos dois ambientes, nota-se que em todos locais, nos dois contrastes de nitrogênio e para os dois índices utilizados, a média das progênies selecionadas obtiveram valores de produtividades superiores à média das testemunhas (Tabelas 8 e 9). Estes resultados demonstram o potencial de utilização das progênies para obtenção de variedades comerciais. Segundo Coimbra et al. (2010), as populações de polinização aberta são menos produtivas que as cultivares modernas, embora apresentem uma complexa estrutura genética, sendo importantes fontes de variabilidade na busca por genes responsáveis pela tolerância ou resistência aos fatores bióticos e abióticos.

Tabela 8 - Médias de sete características agronômicas das testemunhas avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados, MS.

Testemunha	ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
	Alto N						
BRS 106	1,41	84,67	168,67	17,67	49,80	19,40	5.597,09
IPR 164	1,00	83,67	171,00	16,17	49,67	21,02	5.007,92
Al Alvaré	1,91	94,33	178,33	15,33	48,30	23,10	4.860,63
Al Bandeirante	1,52	83,33	173,33	15,17	54,53	21,55	3.295,65
Cati Verde 02	1,00	87,33	167,00	14,50	47,63	22,69	4.602,87
Média	1,37	86,67	171,67	15,77	49,99	21,55	4.672,83
Baixo N							
BRS 106	1,00	75,00	167,67	14,50	55,22	21,02	5.136,80
IPR 164	1,28	71,00	161,67	15,33	53,53	22,25	4.345,11
Al Alvaré	1,00	81,33	185,00	14,67	54,17	18,41	5.247,27
Al Bandeirante	1,33	72,67	154,67	13,67	55,20	23,33	4.289,87
Cati Verde 02	1,41	72,00	166,00	13,83	52,63	23,29	4.713,34
Média	1,20	74,40	167,00	14,40	54,15	21,66	4.746,48

ACAM: nota corrigida; AP - Altura de planta (cm); AE - Altura de espigas (cm); CE - comprimento de espigas (cm); CLOR: teor de clorofila total (índice SPAD); DC: diâmetro de colmo (mm); PROD - Produtividade (kg há⁻¹).

Tabela 9 - Médias de sete características agronômicas das testemunhas avaliadas em ambiente com alto e baixo N em Caarapó, MS.

Testemunha	ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
	Alto N						
BRS 106	1,73	72,33	153,33	21,00	50,30	17,81	5.603,12
IPR 164	1,97	73,00	150,33	19,50	50,17	19,43	5.013,95
Al Alvaré	1,14	71,33	162,00	18,67	48,80	21,51	4.969,49
Al Bandeirante	1,14	89,00	158,33	18,50	55,03	19,96	3.209,21
Cati Verde 02	1,14	66,33	148,33	17,83	48,13	21,10	4.516,43
Média	1,42	74,40	154,47	19,10	50,49	19,96	4.662,44
Baixo N							
BRS 106	1,66	65,33	156,33	18,50	54,65	20,16	3.744,89
IPR 164	1,24	71,00	160,00	17,00	52,97	21,78	2.953,20
Al Alvaré	1,24	60,33	151,67	16,17	53,60	23,86	3.855,36
Al Bandeirante	1,00	66,33	153,00	16,00	54,63	18,36	2.897,97
Cati Verde 02	1,28	74,33	156,33	15,33	52,07	23,02	3.321,43
Média	1,28	67,47	155,47	16,60	53,58	21,43	3.354,57

ACAM: nota corrigida; AP - Altura de planta (cm); AE - Altura de espigas (cm); CE - comprimento de espigas (cm); CLOR: teor de clorofila total (índice SPAD); DC: diâmetro de colmo (mm); PROD - Produtividade (kg há⁻¹).

As progênies selecionadas e suas respectivas médias encontram-se no anexo nas Tabelas 1A e 2A.

4.5. Divergência Genética

A importância da divergência genética em estudos de progênies e início de um ciclo de seleção recorrente é fornecer um aporte maior nos resultados de análise de variância, voltados principalmente a variabilidade genotípica, servindo como mais um fator para demonstrar as diferenças entre as progênies de meios-irmãos.

A contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética (S_j^2) para as progênies selecionadas em alto e baixo N para Dourados e Caarapó encontram-se nas tabelas 10 e 11, respectivamente.

De maneira geral nenhuma característica em Dourados se destacou para a diversidade genética em alto e baixo N. Para alto N os maiores valores de contribuição foram do teor de clorofila (19,74%), acamamento (18,40%), altura de planta (17,52%) e diâmetro de colmo (12,67%). Para o ambiente com baixo N, os maiores valores foram de produtividade de grãos (16,86%), comprimento de espiga (16,31%), altura de planta (16,21%) e teor de clorofila (15,53%).

Já para Caarapó, os maiores valores percentuais de contribuição foram para os caracteres teor de clorofila (22,32%), acamamento (19,97%), diâmetro de colmo (14,55%) e comprimento de espiga (13,19%) em alto N. Tendo destaque para altura de planta que obteve o menor valor percentual, com 5,69% de contribuição.

Para baixo N o destaque foi para a característica produtividade de grãos (26,31%), com a maior contribuição na diversidade genética e comprimento de espiga (6,64%) com a menor contribuição da população selecionada.

Rotili et al., (2012), estudando a divergência genética em milho concluíram que as características produtividade de grãos foi a que mais contribuiu com a diversidade genética e a característica comprimento de espiga foi a que menos contribuiu para a dissimilaridade das populações oriundas de cruzamentos de híbridos top cross com linhagens S6.

Tabela 10 - Contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética (S.j') em 44 progênies selecionadas de milho em alto e baixo N Dourados, MS.

Alto N			
Variável	S.j'	%	% acumulada
ACAM	139,98	18,40	28,88
AE	78,20	10,28	50,40
AP	133,32	17,52	68,62
CE	81,13	10,66	81,18
CLOR	150,21	19,74	90,99
DC	96,38	12,67	96,30
PROD	81,70	10,74	100,00
Baixo N			
Variável	S.j'	%	% acumulada
ACAM	86,40	12,80	28,37
AE	82,66	12,25	47,71
AP	109,39	16,21	65,25
CE	110,06	16,31	77,68
CLOR	104,79	15,53	88,75
DC	67,89	10,06	97,18
PROD	113,78	16,86	100,00

Tabela 11 - Contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética (S.j') em 44 progênies selecionadas de milho em alto e baixo N Caarapó, MS.

Alto N			
Variável	S.j'	%	% acumulada
ACAM	132,52	19,97	24,08
AE	83,06	12,52	46,54
AP	37,77	5,69	64,65
CE	87,53	13,19	77,50
CLOR	148,14	22,32	89,40
DC	96,55	14,55	96,62
PROD	78,04	11,76	100,00
Baixo N			
Variável	S.j'	%	% acumulada
ACAM	82,89	13,62	26,68
AE	88,31	14,52	52,24
AP	79,67	13,10	67,58
CE	40,41	6,64	80,29
CLOR	72,59	11,93	88,78
DC	84,40	13,87	95,18
PROD	160,08	26,31	100,00

Observa-se com relação à contribuição relativa de cada caráter, que as características acamamento, teor de clorofila e diâmetro de colmo obtiveram maiores contribuições nos dois locais para alto N, E a característica produtividade de grãos teve a maior contribuição nos dois locais para baixo N, obtendo alto poder de divergência entre as progênies.

A utilização do método de otimização de Tocher fundamentado na dissimilaridade, expressa pela distância de Mahalanobis (D²), possibilitou a formação de sete e doze grupos distintos para alto e baixo N, respectivamente, em Dourados. Sendo que o grupo 1 agrupou o maior número de progênies nos dois ambientes contrastantes de nitrogênio. Os grupos V à VII em alto N foram formados por progênies individuais, e o de X à XII também apresentou progênies isoladas (Tabela 12).

Na Tabela 13 apresentam-se o método de otimização de Tocher relacionado à alto e baixo N de Caarapó, nota-se que para ambos contrastes de N foi formado dois grupos, sendo o segundo grupo de cada ambiente formado apenas por uma progênie, Segundo Cruz et al, (2011), grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que tais indivíduos sejam mais divergentes em relação aos demais.

Coimbra et al, (2010), avaliaram potencial produtivo e a divergência genética de populações de milho resgatadas do sudeste de Minas Gerais, visando à identificação de genótipos promissores para o melhoramento genético, Os resultados permitiram inferir algumas populações de milho apresentaram potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento e que o agrupamento obtido com a utilização de dados quantitativos não foi o obtido ao se utilizar dados qualitativos, por isso, essas informações sobre similaridade devem ser utilizadas de forma conjunta.

Lopes Paixão et al, (2008), estimaram divergência genética em populações de milho em diferentes municípios, Os autores concluíram que existe baixa divergência genética entre as populações de milho, não havendo diferença estatística significativa entre os genótipos avaliados quanto à produtividade de grãos.

A análise de agrupamento estabelecida pelo método de Tocher juntamente com a análise de contribuição relativa de cada caráter permitem inferir que as progênies selecionadas apresentam variabilidade genotípica e poderão ser utilizadas como progenitores no primeiro ciclo recorrente de seleção no programa de melhoramento, visando ao desenvolvimento de genótipos eficientes na utilização de nitrogênio, ou seja, para as condições nas quais o nível tecnológico empregado seja baixo.

5. CONCLUSÕES

1. As estimativas dos parâmetros genéticos demonstraram-se que existe variabilidade suficiente para avançar o programa de seleção recorrente intrapopulacional.
2. Os parâmetros genéticos demonstraram possibilidade de identificação de progênies superiores nos dois ambientes para as características avaliadas, sobretudo quanto à produtividade de grãos.
3. O índice de Mulamba e Mock estimou os maiores ganhos preditos por seleção para a maioria das características nos dois locais estudados e nos dois contrastes de nitrogênio,
4. Houve maior divergência genética para alto e baixo N em Dourados.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGROLINK. **Cotações de grãos de milho**, Disponível em: <http://agrolink.com.br/cotacoes/graos/milho>, Acesso em 20 de janeiro de 2016.
- AMORIM, E, P; SOUZA, J, C, D. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais, **Bragantia**, Campinas, v, 64, n, 3, p, 561-567, 2005.
- ANDRADE, A, C.; FONSECA, D, M, da; QUEIROZ, D, S.; SALGADO, L, T.; CECON, P, R. Adubação nitrogenada e potássica em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum, cv, Napier), **Revista Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, Especial ed., p,1643-1651, 2003.
- ARIAS, C,A,A; SOUZA JÚNIOR, C,L. Genetic variance and covariance components related to intra-and interpopulation recurrent selection in maize (*Zea mays* L.), **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v,21, n,4, p,537-544, 1999.
- BARBÉ, T,C. **Estimativas de divergência genética entre linhas de feijão vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) por meios de análise multivariada e associação com a genealogia**, Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Marçó, 2008.
- BAZINGER, M; LAFFITE, H,R. Efficiency of secondary traits for improving maize for low- nitrogen target environments, **Crop Science**, Madison, v,37, p,1110-1117, 1997.
- BISOGNIN, D,A; CIPRANDI, O; COIMBRA, J,L,M; GUIDOLIN, A,F. Potencial de variedades de polinização aberta de milho em diferentes condições adversas de ambiente, **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v,3, n,1, p,29-34, 1997.
- BORÉM, A; MIRANDA, G,V. **Melhoramento de Plantas**, 5,ed, Viçosa: Editora UFV, 2009, 529p.
- BREDEMEIER, C; MUNDSTOCK, C,M. Regulação da absorção e assimilação do nitrogênio nas plantas, **Ciência Rural**, Santa Maria, v,30, n,2, p, 365-372, 2000.
- CANDIDO, L,S; ANDRADE, J,A,C; GARCIA, F,Q; GONÇALVES, L,S,A, JÚNIOR, A,T,A. Seleção de progênies de meios-irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha, **Ciência Rural**, Santa Maria v,41, n,6, 2011.
- CARVALHO, H,S,L; GUIMARÃES, P,E,O; LEAL, M,L,S; CARVALHO, P,C,L; SANTOS, M,X. 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.
- CARVALHO, A, D, F.; SOUZA, J, C.; RIBEIRO, P, H. Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em regiões dos Estados de Roraima e Minas Gerais, **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v,27, n,8, p,985-990, 2003.

- CARVALHO, H,W,L.; SANTOS, M,X.; LEAL, M,L,S.; SOUZA, E,M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v,38, n,1, p,73 -78, 2003b.
- CARVALHO, H,W,L; SOUZA, E,M. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo, **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v,42, n,6, p,803-809, junho, 2007.
- CARVALHO, R.P; VON PINHO, R.G; DAVIDE, L.M.C. Eficiência de cultivares de milho na absorção e uso de nitrogênio em ambiente de casa de vegetação. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 6, p. 2125-2136, 2012.
- CATAPATTI, T, R; GONÇALVES, M,C; NETO, M,R,S; SOBROZA, R. Tamanho de amostra e número de repetições para avaliação de caracteres agrônômicos em milho-pipoca, **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v, 32, n, 3, p, 855-862, 2008.
- CEPEDA, M,C.; SOUZA JR, C,L.; PANDEY, S.; LEON, L,N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v, 35, n,8, p,1585-1593, 2000.
- CHAPMAN, S,C; EDMEADES, G,O. Selection improves drought tolerance in tropical maize populations: II, Direct and correlated responses among secondary traits, **Crop Science**, Madison v,39, p,1315-1324, 1999.
- CHIORATO, A. F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.) do banco de Germoplasma do instituto agrônômico-IAC**. 85f. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Vegetal) Instituto Agrônômico de Campinas, 2004.
- COIMBRA, R, R; MIRANDA, G, V.; CRUZ, C, D.; MELO, A, V de; ECKER, F, R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais, **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v, 41, n, 1, p, 159-166, 2010.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Conab). **Levantamento da produção de grãos: segunda safra 2015**, Disponível em: <www.conab.gov.br>, Acesso em: 08 de março, 2015.
- CRUZ, C. D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C, D; CARNEIRO, P,C,S; REGAZZI, A,J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, v.2, 3ª Edição, Viçosa: Editora UFV, 2014, 668 p.
- CRUZ, J,C; FILHO, I,A,P; SIMÃO, E,P. **478 Cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 14/15**, Documento 167, Embrapa Milho e Sorgo, Novembro de 2014.

DINIZ, R.P. **Análise dialéctica e correlação entre caracteres envolvendo progênies de milho em doses contrastantes de nitrogênio**. Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Genética e melhoramento de plantas/Universidade Federal de Lavras, 2015.

EPAGRI. **Variedades de Polinização aberta**, Outubro de 2013, Disponível em: http://www.epagri.sc.gov.br/wp-content/uploads/2013/10/Milho_Variedades_de_polinização_aberta.pdf.

FAKOREDE, M,A,B; MOCK, J,J. Changes in morphological and physiological traits associated with recurrent selection for grain yield in maize, **Euphytica**, Dordrecht, v,27, p,397-409, 1978.

FALCONER, D,S. **Introdução à genética quantitativa**, Viçosa, MG: UFV, Impr, Univ., 1981, 279p.

FALUBA, J,S. **Potencial genético da população de milho UFV7**, Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, 2008.

FEHR, W, R. **Principles of Cultivar Development: Theory and Technies**, Iowa State Univesity, 1987, p,536.

FERREIRA, D,F. **Estatística Multivariada**, Lavras, Editora UFLA, 2008.

FIETZ, C,R; FISCH, G,F. **O clima da região de Dourados, MS**, Editora Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados, 2006, 32 p.

FIDELIS, R, R,; MIRANDA, G, V,; SANTOS, I, C,; GALVÃO, J, C, C,; PELUZIO, J, M,; LIMA, S, O. Fontes de germoplasma de milho para estresse de baixo nitrogênio, **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v, 37, n, 3, p, 147-153, 2007.

FÖHSE, D,; CLAASSEN, N,; JUNGK, A. Phosphorus efficiency of plants. I. External and internal P requirement and P uptake efficiency of different plant species. **Plant Soil**, The Hague, v. 110, n. 1, p. 101-109, 1988.

FREITAS, I,L,J; JÚNIOR, A,T,A; VIANA, A,P; PENA,G,F; CABRAL,P,S; VITORAZZI, C; SILVA, T,R,C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho pipoca, **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v,48, n,11, p,1464-1471, novembro, 2013.

FREITAS JÚNIOR, S, de P,; AMARAL JÚNIOR, A,T, do; RANGEL, R,M,; VIANA, A,P. Predição de ganhos genéticos na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção, **Semina: Ciências Agrárias**, v,30, p,803-814, 2009.

GAMA, E,E,G,; SANTOS, M,X,; FERRÃO, R,G; MEIRELES, W,F,; PACHECO, C,A,P,; PARENTONI, S,N,; GUIMARÃES, P,E,O. Potencial genético de um sintético

de milho de grãos duros para a formação de híbridos, **Ciência Rural**, Santa Maria, v,33, n,4, p,615-619, 2003.

GERALDI, I, O. **Estimação de parâmetros genéticos de variáveis do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento**, Piracicaba, 1977, 119p, Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo.

GOMES, F. P; GARCIA, C.H. Experimentos em látice: planejamento e análise por meios de pacotes estatísticos, **Séries técnica IPEF**, Piracicaba, 7 (23): 1-69, dez,1991.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; BEZERRA NETO, F.V.; PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, p.193-198, 2007.

GUIMARÃES, L. J. M. **Caracterização de genótipos de milho desenvolvidos sob estresse de nitrogênio e herança da eficiência de uso deste nutriente**, 110 p, Tese (Pós-Graduação em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa 2006.

HALLAUER, A. R; CARENA, M. J; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**, New York: Springer, 2010, 680p.

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

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

JOHNSON, R, A; WICHERN, D, W. **Applied Multivariate Statistical Analysis**, New Jersey, USA: Englewood Cliffs, 642p, 1992.

KIST, V. **Seleção recorrente de famílias de meios-irmãos em população composta de milho (*Zea mays* L.) procedente de Anchieta – SC**, Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina, 2006.

LOPES PAIXÃO, S; CAVALCANTE, M; FERREIRA, P, V; MADALENA, J. A. S da; PEREIRA, R. G. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de Alagoas, **Caatinga**, Mossoró, v,21, n,4, p,191-195, 2008.

MACHADO, A. T. **Perspectivas do melhoramento genético em milho (*Zeamays*L.) visando eficiência na utilização do nitrogênio**, Universidade Federal do Rio de Janeiro, 1998, 217p, Tese de Doutorado.

MAGALHÃES, P. C; DURÃES, F. A. M; CARNEIRO, N. P; PAIVA, E. **Circular Técnica: Fisiologia do Milho**, Embrapa, Sete Lagoas, MG, Dezembro, 2002.

MAJEROWICZ, N.; PEREIRA, J. M. S.; MEDICI, L. O; BISON, O; PEREIRA, M. B; SANTOS JÚNIOR, U. M. Estudo da eficiência de uso do nitrogênio em variedades locais e melhoradas de milho, **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v, 25, n, 2, p, 129-136, 2002.

MARENCO, R, A; LOPES, N. F. **Fisiologia vegetal**: fotossíntese, respiração, relações hídricas e nutrição mineral, 3, ed, Viçosa: UFV, 2009, 486p.

MIRANDA, G.V; GODOY, C.L; GALVÃO, J.C.C; SANTOS, I.C; ECKERT, F.R; SOUZA, L.V. Selection of discrepant maize genotypes for nitrogen use efficiency by a chlorophyll meter, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v,5, p,451-459, 2005.

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

PACHECO, C, A P; SANTOS, M. X; CRUZ, C. D; PARENTONI, S.N; GUIMARÃES, P. E. O; GAMA, E. E. G; SILVA, A. E; CARVALHO, H. W. L; VIEIRA JR, P. A. Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties, **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v, 25, n, 4, p,441-448, 2002.

PALOMINO, E, C; RAMALHO, M. A, P; FERREIRA, D. F. Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meios-irmãos de milho, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v, 35, n, 07, p, 1433-1439, 2000.

PATERNIANI, E; CAMPOS, M.S. Melhoramento do Milho, In: Borém, A, **Melhoramento de espécies cultivadas**, Viçosa: UFV, 1999, p,817.

PATERNIANI, E; VENCOSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.), **Maydica**, Iowa, v, 23 , p, 209-219, 1978.

PEREIRA, H, S; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J; FARIA, L. C; COSTA, J. G. C; DÍAZ, J. L. C; RAVA, C. A; WENDLAND, A. Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro comum, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v,44, n,4, p,374-383, 2009.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**, 15ª Piracicaba: FEALQ, 2009, 451p.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**, New York, John Wiley and Sons, 1952, 390p.

RAMALHO, M. A. P; SANTOS, J. B; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**, Editora Globo: São Paulo, 3,ed, p,199-229, 1994.

REGAZZI, A. J; SILVA, H. D; VIANA, J. M. S; CRUZ, C. D. Análises de experimentos em látice quadrado com ênfase em componente de variância, II, Análise

Conjunta, **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v,34, n,11, p,1987-1997, nov, 1999.

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

RESENDE, M. D. V. **Seleção de genótipos de milho em solos contrastantes**, 1989, 212 p, Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1989.

RESENDE, M. D. V; SOUZA JR, C. L. Número de Repetições e Tamanho da Parcela para Seleção de Progênes de Milho em Solos sob Cerrado e Fértil, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v,32, n 8, 1997.

ROTILI, E. A; CANCELLIER, L. P; DOTTO, M. A; PELUZIO, J. M; CARVALHO, E. V. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins, **Revista Ciências Agrônomicas**, vol,43 no,3 Fortaleza, 2012.

SANGOI, L. Rendimento de grãos e margem bruta de cultivares de milho com variabilidade genética contrastante em diferentes sistemas de manejo, **Ciência Rural**, Santa Maria,v,36, n, 03, p, 747-755, 2006.

SANTOS, M. X; GUIMARÃES, P. E. O; PACHECO, C. A. P; FRANÇA, G. E; PARENTONI, S. N; GAMA, E. E. G; LOPES, M. A. Melhoramento intrapopulacional no Sintético Elite Nt para solos pobres em nitrogênio, I, Parâmetros genéticos de produção, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília v,33, p,29-34, 1998.

SANTOS, M. F; MORO, G. V; AGUIAR, A. M; SOUZA JR, C. L. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations, **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v,28, n,4, p,781-788, 2005.

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

SILVA, A. R; SOUSA JR, C. L; AGUIAR, A. M; SOUZA, A. P. Estimates of genetic variance and level of dominance in a tropical maize population, I, Grain yield and plant traits, **Maydica**, Iowa, v,49, p,65-71, 2004.

SILVA, E. F. da; MARCHETTI, M. E; SOUZA, L. C. F; MERCANTE, F. M; RODRIGUES, E. T; VITORINO, A. C. T. Inoculação do feijoeiro com *Rhizobium tropici* associada á exsudato de *Mimosa flocculosa* com diferentes doses de nitrogênio, **Revista Bragantia**, Campinas, v,68, p,443-451, 2008.

SILVA FILHO, J. L; CARVALHO, S. F; RAMALHO, M. A. P. Comportamento de famílias endógamas de três populações de milho ao nitrogênio em cobertura, **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v, 25, n, 01, p, 14-22, 2001.

SILVA, H. D; REGAZZI, A. J; CRUZ, C. D; VIANA, J. M. S. Análises de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância, I, Análise Individual, **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v,34, n,10, p,1811-1822, out, 1999.

SILVA, R. G; MIRANDA, G. V; CRUZ, C. D; GALVÃO, J. C. C; SILVA, D. C. Potencial genético das populações de milho UFVM 100 e UFVM 200 avaliadas em solos com deficiência de nitrogênio, **Revista Caatinga**, Mossoró, v,21, n,1, p, 22-29, 2008.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence, **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v,41, p,237-245, 1981.

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

SOARES, M. O; MIRANDA, G. V; GUIMARÃES, L. J. M; MARRIEL, I. V; GUIMARÃES, C. Parâmetros genéticos de uma população de milho em níveis contrastantes de nitrogênio, **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v, 42, n, 01, p, 168-174, 2011.

SOUZA JÚNIOR, C. L. **Memorias da XVII Reunión Latinoamericana del maiz**, Cartagena de Indias: Corpoica/CIMMYT, 1997, In: XVII Reunión Latinoamericana del maiz, Cartagena Indias, p, 37-58, 1998.

SOUZA, L. V.; MIRANDA, G. V; GALVÃO, J. C. C; ECKERT, F. R; ANTOVANI, E. E; LIMA, R. O; GUIMARÃES, L. J. M. Genetic control of grain yield and nitrogen use efficiency in tropical maize, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v, 43, n, 11, ,517-1523, 2008.

TAIZ, L; ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**, 3,ed, Porto Alegre: Artmed, 2004, 719 p, USDA, Department of Agriculture, Agricultural Statistics (Washington: USDA, 2014).

TARDIN, F. D; PEREIRA, M. G; GABRIEL, A. P. C; AMARAL JÚNIOR, A. T; SOUZA FILHO, G. A. Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize, **Crop Breeding Applied Biotechnology**, Vol,7, pág,225-233, 2007.

VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**, Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 486 p.

VENCOVSKY, R; MIRANDA FILHO, J. B; SOUZA JÚNIOR, C. L. **Quantitative genetics and com breeding in Brasil**, In: International Conference on Quantitative Genetics, 2 Raleigh, 1987, Procecdings, Sunderland: Sinauer Associates, 1987, p,465-477.

VIANNA, R, T; SILVA, J. C. Comparação de três métodos estatísticos de análise de variância em experimentos em látice em milho (*Zea mays* L.), **Experientiae**, Viçosa, MG, v, 24, p, 21-41, 1978.

VIÉGAS, G, P; MIRANDA FILHO, J. B. Milho Híbrido, In: Paterniani, E, **Melhoramento e Produção de Milho**, Piracicaba – ESALQ: Fundação Cargill, Marprint, 1978, p,650.

WEYHRICH, R, A; LAMKEY, K, R; HALLAUER, A. R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population, **Crop Science**, Madison, v,38, p, 308-321, 1998.

ANEXOS

Tabela 1A - Médias de sete características agrônômicas de 44 progênies selecionadas em ambiente com alto e baixo N em Dourados, MS,

Progênies	ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
118	1,49	70,00	155,00	14,17	47,43	19,26	7014,77
58	1,27	94,33	186,00	15,00	47,70	22,97	6425,61
48	1,00	86,67	170,00	14,00	61,23	22,80	6204,67
80	1,97	96,33	191,67	14,67	55,97	21,82	6167,84
138	1,49	89,33	187,00	15,17	51,17	21,91	6020,55
30	1,83	74,33	164,00	15,00	57,43	20,95	5946,91
131	1,48	88,33	168,67	16,33	53,53	24,38	5781,20
201	1,24	77,67	157,00	16,25	57,83	21,72	5744,38
1	1,27	65,00	164,00	15,67	59,33	22,98	5615,50
10	1,00	88,33	163,00	17,67	56,77	21,12	5541,85
40	1,14	90,67	185,67	14,67	53,10	22,52	5486,62
212	1,58	94,67	176,33	15,67	50,57	20,35	5468,21
112	1,58	86,00	192,00	14,50	56,33	22,53	5339,33
21	1,83	80,00	171,00	15,25	54,93	22,29	5284,09
11	1,66	82,00	159,33	16,67	57,50	21,65	5247,27
50	1,97	91,67	177,67	13,50	54,73	20,19	5210,45
3	1,00	89,67	180,00	16,00	46,93	22,67	5210,45
13	1,67	90,33	175,67	15,17	52,53	21,59	5192,04
197	1,71	99,67	185,00	15,00	51,37	21,80	5099,98
182	1,97	72,00	170,00	15,17	50,97	21,71	5081,57
70	1,00	83,00	166,67	16,33	50,83	22,30	5081,57
33	2,22	83,33	179,33	14,50	54,07	23,30	5026,33
19	1,49	82,33	190,33	15,00	56,83	22,34	4989,51
89	1,49	91,33	189,67	14,83	48,80	20,13	4934,28
14	1,49	93,33	172,33	16,83	57,07	22,12	4897,45
101	1,72	96,00	188,33	15,33	52,47	22,03	4897,45
41	1,49	81,00	191,33	13,33	60,47	21,46	4823,81
203	1,85	89,33	180,00	14,33	48,23	21,23	4750,16
169	1,49	96,67	170,33	14,83	52,17	24,75	4676,52
164	1,00	82,33	178,00	14,67	54,50	23,40	4621,28
100	2,10	92,00	178,67	13,17	60,73	21,41	4529,22
142	1,47	109,67	195,33	14,67	57,93	22,40	4473,99
23	1,58	84,00	164,67	16,83	59,00	21,77	4473,99
144	1,61	91,33	184,67	15,83	52,53	18,89	4381,93
45	1,14	90,33	186,33	16,17	54,30	21,64	4179,41
51	1,83	86,33	172,00	15,50	54,93	19,63	4160,99
134	1,55	101,00	176,67	16,00	48,30	22,11	4142,58
180	1,41	99,67	175,00	16,50	48,27	23,20	4124,17
157	1,75	97,67	184,33	13,67	57,00	20,48	4050,53
130	1,75	89,33	156,00	15,17	55,20	24,84	3958,47

29	1,00	110,33	186,67	16,17	61,27	25,29	3903,23
172	1,79	91,33	183,00	15,33	55,60	20,44	3700,71
73	1,82	97,67	174,00	15,67	57,10	23,01	3535,00
79	2,15	88,67	185,00	12,50	59,87	25,48	3093,13
Média	1,55	88,98	176,99	15,20	54,43	22,07	4965,66

Baixo N							
71	1,00	82,33	174,33	14,33	54,50	21,88	6922,71
216	1,00	80,67	161,33	14,83	58,03	21,23	6812,24
72	1,14	84,33	159,33	15,67	54,93	22,24	6793,83
84	1,00	74,00	163,67	16,67	58,17	22,77	6333,55
118	1,61	81,67	166,00	15,00	60,27	17,67	6315,13
185	1,38	85,67	169,00	16,00	54,50	22,50	6131,02
26	1,00	72,67	174,00	14,83	53,27	27,36	6131,02
100	1,00	86,00	185,00	13,67	53,53	23,78	5965,32
85	1,61	68,67	154,00	16,33	57,00	24,60	5928,50
112	1,24	78,00	160,67	15,00	60,93	19,20	5928,50
93	1,67	83,33	174,00	15,50	57,57	22,62	5910,08
184	1,14	70,67	178,33	17,50	57,37	19,67	5910,08
63	1,61	75,33	151,33	17,67	60,80	20,67	5854,85
110	1,66	72,00	170,00	14,50	60,47	21,22	5836,44
217	1,27	74,33	165,00	16,17	51,63	22,70	5818,02
183	1,27	93,00	188,00	15,00	53,63	20,63	5762,79
73	1,14	83,67	181,00	15,83	51,23	21,29	5670,73
138	1,00	65,33	175,00	14,83	61,67	22,71	5670,73
171	1,49	75,00	179,00	15,83	57,40	18,63	5652,32
145	1,00	74,67	180,67	14,17	61,37	20,96	5615,50
161	1,41	76,33	165,67	16,67	62,10	22,02	5597,09
107	1,88	81,00	166,33	14,17	52,07	21,54	5560,26
190	1,24	69,33	165,00	15,17	59,27	20,92	5523,44
203	1,00	69,33	163,00	16,00	61,97	21,93	5449,80
197	1,52	86,67	166,00	14,83	61,10	20,12	5412,97
160	2,06	81,00	167,33	15,00	57,13	22,57	5394,56
149	1,00	83,33	155,33	15,83	63,83	21,90	5320,91
130	1,14	75,00	168,33	15,67	55,50	22,04	5284,09
141	1,14	83,00	169,00	14,50	59,07	23,05	5228,86
212	1,14	72,00	162,67	17,67	62,13	24,62	5173,62
108	1,47	79,00	156,00	15,50	55,37	23,50	5136,80
62	1,24	94,33	183,33	15,67	55,40	16,75	5136,80
92	1,58	68,67	169,00	17,33	58,10	18,44	5081,57
191	1,41	77,00	163,00	14,50	57,93	21,22	5026,33
94	1,41	78,00	175,33	17,00	58,23	20,92	4971,10
59	1,00	78,33	177,00	16,17	58,47	18,53	4952,69

44	1,47	80,67	169,67	18,00	53,63	21,44	4768,57
142	1,00	78,67	165,67	15,67	65,00	22,21	4750,16
207	1,38	57,33	160,33	16,50	65,07	24,12	4713,34
165	2,58	82,67	169,00	14,50	48,63	22,59	4713,34
220	1,24	90,00	173,00	16,50	56,77	18,34	4676,52
140	1,00	94,67	187,67	15,83	53,03	22,64	4602,87
167	1,75	74,33	167,67	15,33	59,20	23,12	4363,52
54	1,00	89,67	161,67	16,17	62,97	21,39	4363,52
Média	1,32	78,67	169,02	15,67	57,73	21,60	5503,77

ACAM: nota corrigida; AP - Altura de planta (cm); AE - Altura de espigas (cm); CE - comprimento de espigas (cm); CLOR: teor de clorofila total (índice SPAD); DC: diâmetro de colmo (mm); PROD - Produtividade (kg há⁻¹)

Tabela 2A - Médias de sete características agrônômicas de 44 progênies selecionadas em ambiente com alto e baixo N em Caarapó, MS,

Progênies	ACAM	AE	AP	CE	CLOR	DC	PROD
	Alto N						
131	1,55	94,67	173,00	14,00	61,03	24,22	5937,13
112	1,82	87,67	169,33	12,17	63,83	21,37	5495,26
7	1,82	96,00	184,00	12,33	41,37	27,02	5551,01
132	1,58	92,67	184,33	12,17	60,73	23,80	4346,11
80	1,47	78,67	170,00	12,33	63,47	24,30	6323,77
23	1,48	84,00	169,33	18,00	52,00	23,84	4629,92
25	1,85	79,00	175,33	16,00	40,93	23,11	4917,46
192	1,55	87,67	179,67	13,83	65,67	17,91	4480,02
194	1,55	83,00	169,00	14,00	62,20	20,42	4516,43
118	1,67	73,33	175,33	11,83	54,93	24,57	7090,02
13	1,67	83,00	170,67	12,83	40,07	25,10	5244,50
24	1,69	84,33	160,67	15,00	44,57	24,46	4935,88
220	1,75	77,67	275,33	17,33	52,17	17,76	5455,83
170	1,41	88,00	178,00	12,50	61,77	20,72	4295,91
30	1,33	79,33	162,33	16,17	50,43	25,11	6157,62
4	1,49	88,00	173,67	13,00	43,37	22,83	4906,61
101	1,52	86,00	152,67	13,00	59,97	22,42	5053,38
164	1,61	59,67	179,33	13,50	62,00	21,81	4534,84
129	1,69	89,67	174,33	12,17	57,30	21,42	3911,87
142	1,94	82,00	172,67	12,33	65,43	16,99	4629,92
212	1,14	103,00	173,33	19,00	51,07	18,76	5503,05
6	1,80	92,00	181,33	12,00	43,83	22,32	4299,03
3	1,00	90,33	172,67	13,67	39,93	24,25	5311,66
191	1,61	91,67	159,67	11,17	61,97	21,18	4811,42
185	1,38	86,33	167,33	11,17	68,07	20,71	4730,74
110	1,33	87,67	156,33	9,83	64,63	23,85	5716,20
169	1,14	90,33	154,67	13,67	59,67	23,16	4682,55
9	1,00	103,67	185,33	11,50	51,53	23,48	4876,82
130	1,85	80,33	158,67	12,83	62,70	21,17	4114,40
134	1,38	96,00	168,67	13,67	55,80	20,32	4206,04
14	1,55	70,33	166,00	14,50	50,07	23,87	4986,88
88	1,55	73,33	163,33	14,00	57,20	22,24	4549,23
215	1,14	98,00	183,00	18,50	53,43	17,35	4583,45
38	1,73	83,00	179,67	15,50	50,07	20,55	3470,00
89	1,58	74,33	166,33	12,50	56,30	21,49	5009,52
22	1,14	80,00	175,33	14,50	45,70	22,99	4740,38
21	1,48	83,67	163,00	12,92	47,93	22,27	5440,02
58	1,00	88,67	166,67	12,67	55,20	20,96	6500,85
73	1,38	80,00	167,67	13,33	64,60	21,13	3793,77
18	1,73	75,00	164,67	11,67	54,47	24,12	4751,16

113	1,33	86,33	169,00	14,17	57,80	21,93	3304,29
62	1,27	64,67	174,00	13,50	59,83	22,53	4641,29
10	1,14	71,00	166,33	15,33	49,77	24,39	5723,75
195	1,58	83,00	147,00	14,50	61,37	18,64	5177,15
Média	1,49	84,25	172,25	13,65	55,14	22,11	4939,48

Baixo N							
171	1,86	77,33	175,00	12,83	56,83	24,50	5449,80
160	1,41	103,67	170,67	16,00	56,57	21,27	5192,03
23	1,38	70,67	171,00	18,17	56,00	22,20	6363,00
164	2,02	83,00	165,33	11,33	63,20	24,16	4105,76
159	1,67	73,67	161,67	13,33	60,90	23,37	4529,22
39	1,27	103,67	188,33	10,50	63,33	19,27	5221,49
70	1,27	74,00	181,67	11,83	59,60	19,10	5663,37
174	1,61	53,67	167,67	11,33	68,07	24,44	5376,15
2	1,49	75,33	165,00	13,33	54,07	26,27	4466,62
3	2,58	71,00	171,33	13,83	52,40	22,61	4613,92
62	1,27	94,67	165,00	13,33	54,17	20,89	5000,56
176	1,77	91,67	180,67	9,67	54,17	23,20	4197,81
216	1,86	65,67	159,33	13,83	55,80	23,24	5420,34
112	1,00	92,67	176,67	11,17	58,70	19,73	5725,97
63	1,14	83,67	160,00	10,50	59,93	22,22	5718,60
110	1,47	75,33	162,33	9,17	59,90	22,21	5633,91
96	1,27	78,00	160,00	11,83	57,07	20,29	6432,97
170	1,33	86,33	174,00	11,00	52,97	23,07	4400,34
141	1,67	79,67	170,67	10,50	58,50	18,98	5026,33
161	1,58	71,00	162,33	12,00	61,53	19,90	5394,56
97	1,27	78,00	171,00	14,17	57,30	18,31	4665,47
142	1,55	82,00	172,67	11,50	62,77	15,35	4547,63
138	1,14	73,00	173,33	11,50	61,10	19,24	5468,21
91	1,14	91,67	176,00	11,50	52,07	20,27	5935,86
169	1,00	86,00	173,67	12,00	53,43	25,51	4529,22
118	1,14	75,33	158,00	10,83	58,03	22,93	6112,61
178	1,82	89,00	167,00	9,08	53,77	22,59	4731,75
187	1,55	90,33	164,00	9,00	56,77	24,02	4216,23
211	1,00	72,33	174,00	14,67	55,67	23,46	4149,95
132	1,24	90,00	174,00	12,50	51,50	22,16	4197,82
131	1,77	67,33	161,00	11,17	61,57	22,58	4455,58
61	1,00	85,33	175,00	11,83	55,53	21,21	4558,68
28	1,24	58,00	160,00	17,83	56,17	25,22	4945,32
88	1,00	74,00	161,33	12,50	58,93	20,60	6083,15
133	1,82	75,00	176,00	63,83	46,67	20,45	4032,11
82	1,41	81,00	180,33	11,83	49,60	18,51	5497,67
172	1,47	76,33	159,67	14,33	50,93	21,20	5118,39

86	1,27	90,33	176,33	8,50	59,83	19,72	4374,57
103	1,14	84,33	173,00	11,17	50,37	22,23	4952,69
21	1,27	71,00	150,33	13,08	57,83	20,63	5884,31
167	1,24	78,67	168,00	11,67	58,63	20,11	4160,99
84	1,14	100,00	166,67	8,50	57,30	19,15	6197,30
101	1,00	89,67	180,33	12,83	53,20	20,78	4363,52
146	1,24	83,67	167,33	10,50	56,37	17,12	5799,61
Média	1,40	80,61	169,27	13,22	56,80	21,46	5066,17

ACAM: nota corrigida; AP - Altura de planta (cm); AE - Altura de espigas (cm); CE - comprimento de espigas (cm); CLOR: teor de clorofila total (índice SPAD); DC: diâmetro de colmo (mm); PROD - Produtividade (kg há⁻¹)