

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

RODRIGO DOS SANTOS

CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS PROMISSORAS DE MILHO

CURITIBA

2018

RODRIGO DOS SANTOS

## CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS PROMISSORAS DE MILHO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Agrárias.

Orientador: Prof. Dr. João Carlos Bessalho Filho.

CURITIBA

2018

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELO SISTEMA DE BIBLIOTECAS/UFPR -  
BIBLIOTECA DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, DOUGLAS ALEX JANKOSKI CRB 9/1167  
COM OS DADOS FORNECIDOS PELO (A) AUTOR (A)

SA237c Santos, Rodrigo dos  
Caracterização de linhagens promissoras de milho / Rodrigo dos Santos. - Curitiba, 2018.  
61 f.: il., graf., tabs.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia - (Produção Vegetal).  
Orientador: João Carlos Bepalhok Filho

1. Milho - Cultivo. 2. Milho - Melhoramento Genético. 3. Milho - Doenças e pragas. I. Bepalhok Filho, João Carlos. II. Título. III. Universidade Federal do Paraná.

CDU 633.15



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO  
SETOR SETOR DE CIÊNCIAS AGRARIAS  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO AGRONOMIA  
(PRODUÇÃO VEGETAL)

## TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL) da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da Dissertação de Mestrado de **RODRIGO DOS SANTOS** intitulada: **CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS PROMISSORAS DE MILHO**, após terem inquirido o aluno e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua                     APROVAÇÃO                     no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo Colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

Curitiba, 01 de Março de 2018.

BRUNO PORTELA BRASILEIRO  
Presidente da Banca Examinadora (UFPR)

RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA  
Avaliador Interno (UFPR)

JOSÉ LUIS CAMARGO ZAMBON  
Avaliador Externo (UFPR)

## AGRADECIMENTOS

À Deus, por sempre abrir as portas em minha vida.

Aos meus pais Terezinha e Henrique (*In memoriam*), pelos ensinamentos de vida e mostrarem o caminho da dedicação, respeito e caráter como pessoa.

Aos meus irmãos Carlinhos, Edson, Silmar, Luis Felipe, Paulo Cesar (*In memoriam*), Cleusa, Cleonice e Claudete, que vivenciaram toda essa trajetória.

Ao meu orientador Prof. Dr. João Carlos Bespalhok Filho, pelo apoio e inúmeras conversas de orientação.

Aos meus co-orientadores Ricardo A. Oliveira, Bruno Brasileiro, Paulo Bueno, Natasha A. Hamada pela colaboração e ensinamentos.

Aos meus Professores de graduação Paulo Bueno, Natasha A. Hamada, Christiano Pitta, Carolina Hoppen, José Roberto, Frank S. Lagos e Silvia L. Zanmaria pelos incentivos em seguir no mestrado.

Aos Professores que despertaram os primeiros passos na pesquisa Paulo Fernando Adami e Christiano Pitta só tenho a agradecer – lhes.

Aos melhoristas, Srs. Francisco Ide e Rodrigo Gomes da Estação de Pesquisa da empresa Nidera Sementes, pela oportunidade da pesquisa e pelos ensinamentos.

Aos amigos que auxiliaram na pesquisa de campo Alexsandro Festa, Alexandre Goulart, Luis Eduardo Lanzarini e Leonardo Farina.

Aos amigos que sempre torceram pelo meu sucesso e ajudaram Adilso, Fernando, Josivan, Juliane, Paulo, Rafael e Saulo.

À Universidade Federal do Paraná, ao Setor de Ciências Agrárias e o Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, pela oportunidade.

À CAPES, pela bolsa concedida e a Nidera Sementes pela permissão para uso das informações.

## RESUMO

Para obter êxito em um programa de melhoramento genético de milho que visa à obtenção de híbridos, faz-se necessário à identificação de linhagens promissoras para a fixação de características agronômicas. Baseado nisso, o objetivo deste trabalho foi avaliar 15 linhagens de milho oriundas de um programa de melhoramento genético comercial visando selecionar as mais promissoras, a partir de caracteres morfoagronômicos. O experimento foi conduzido na área experimental da estação de pesquisa da Nidera Sementes localizada no município de Abelardo Luz, Estado de Santa Catarina, utilizando o delineamento experimental em blocos ao acaso com três repetições, cada parcela sendo constituída de 4 linhas de 5 m de comprimento e 55 cm entre linhas. Foram avaliadas características morfológicas, como: altura de inserção de espiga, diâmetro de colmo, tipo de folha, tipo de grão, coloração, tipo de raiz, tamanho de pendão, altura de planta, dias para floração masculina e feminina, nível de doença ao *Helminthosporium turcicum*, *Phaeosphaeria maydis* e doenças de espiga. Também foram avaliadas as características agronômicas: massa de mil grãos, grãos por fileira, fileiras por espiga, grãos por espiga, espigas por planta, gramas por planta, espigas por parcela, granulometria e classificação de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância, e médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Os componentes da produção foram utilizados na análise de trilha. A linhagem MA6 demonstrou-se a linhagem mais promissora em decorrência do maior número de características agronômicas com médias desejáveis como, gramas por planta, massa de mil grãos, grãos por espiga e grãos por fileira. Pelas condições apresentadas, as linhagens AT3, MA3, LAN1 e AT5 podem ser utilizadas como fêmea em outros programas de melhoramento genético, pois apresenta elevada produção de grãos por planta. As linhagens AT3, MA2, AT4, MA3, MA4 e MA7 demonstraram-se promissoras quanto à sanidade, podendo incorporar novos cruzamentos no programa de melhoramento genético com esta finalidade.

**Palavras-chave:** Planta. Melhoramento Genético. Características agronomicas.

## ABSTRACT

In order to be successful in a corn breeding program to obtain hybrids, it is necessary to identify promising lines for the establishment of agronomic traits. Based on this, the objective of this work was to evaluate 15 maize lines from a commercial genetic improvement program to select the most promising ones from morphoagronomic characters. The experiment was conducted in the experimental area of the Nidera Seeds research station located in the municipality of Abelardo Luz, State of Santa Catarina, using a randomized complete block design with three replicates, each plot consisting of 4 lines of 5 m in length and 55 cm between rows. Morphological characteristics were evaluated, such as: ear insertion height, stalk diameter, leaf type, grain type, coloration, root type, tassel size, plant height, days for male and female flowering, disease level at *Helminthosporium turcicum*, *Phaeosphaeria maydis* and ear diseases. The agronomic characteristics were also evaluated: mass of one thousand grains, grains per row, rows per spike, grains per spike, spikes per plant, grams per plant, spikes per plot, grain size and grain classification. Data were submitted to analysis of variance, and means were grouped by the Scott-Knott test at the 5% probability level. Production components were used in track analysis. The MA6 line showed the most promising lineage due to the greater number of agronomic characteristics with desirable means such as grams per plant, mass of one thousand grains, grains per spike and grains per row. Due to the presented conditions, the lines AT3, MA3, LAN1 and AT5 can be used as a female in other breeding programs since it presents high production of grains per plant. The AT3, MA2, AT4, MA3, MA4 and MA7 strains showed promising results regarding sanity and could incorporate new crosses into the breeding program for this purpose.

**Keywords:** Plant. Genetic Improvement. Agronomic Characteristics.

## LISTA DE TABELAS

TABELA 1. AVALIAÇÃO A CAMPO DAS CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DAS 15 LINHAGENS DE MILHO – ABELARDO LUZ – SC.....	25
TABELA 2. AVALIAÇÃO A CAMPO DAS CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS EM RELAÇÃO A ALTURA DE PLANTA, FLORAÇÃO MASCULINA E FEMININA E A RAZÃO ENTRE ELAS DAS 15 LINHAGENS DE MILHO – ABELARDO LUZ – SC.....	28
TABELA 3. NOTA E CLASSIFICAÇÃO DE DOENÇAS EM PARTE AEREA E ESPIGA EM 15 LINHAGENS DE MILHO. ABELARDO LUZ - 2015. ...	30
TABELA 4. AVALIAÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS AGRONOMICAS E TAMANHO DE GRÃOS DE 15 LINHAGENS DE MILHO – ABELARDO LUZ – SC. ....	32
TABELA 5. MATRIZ DE CORRELAÇÃO ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO DE 15 LINHAGENS DE MILHO, ABELARDO LUZ – SC, 2015. ....	35
TABELA 6. ESTIMATIVA DOS EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS EM 15 LINHAGENS SOBRE A PRODUÇÃO DE MILHO, ABELARDO LUZ – SC, 2015. ....	35
TABELA 7. TIPO DE GRÃO, COLORAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE GRÃOS DE 15 LINHAGENS DE MILHO. ABELARDO LUZ – SC, 2015. ....	36

## LISTA DE ABREVIATURAS

2n	- Diploide
A	- Ardido
AE	- Altura de espiga
AM	- Amarela
AP	- Altura de planta
B	- Branca
Br	- Brotado
C	- Coloração de grão
CF	- Colmo fino
CGC	- Capacidade geral de combinação
Cm	- Centímetros
D	- Duro
DC	- Diâmetro do colmo
DE	- Doença de espiga
DT	- Dentado
EP	- Espigas por planta
EPR	- Espigas por parcela
F1	- Primeira geração
FE	- Fileiras por espiga
FL	- Folha lisa
FP	- Folha pilosa
FRF	- Floração feminina
FRM	- Floração masculina
G/P	- Gramas por planta
GE	- Grãos por espiga
GF	- Grão por fileira
Há	- Hectare
HET	- <i>Helminthosporium turcicum</i>
I	- Intermediário
IAC	- Instituto Agrônomo do Paraná
IEA	- Inserção de espiga alta

IEB	- Inserção de espiga baixa
IFMF	- Intervalo de florescimento masculino e feminino
Kg	- Kilograma
L	- Litro
m	- Metro
ml	- Mililitro
MMG	- Massa de Mil Grão
n	- Haploide
Pg	- Pendão Grande
PHM	- <i>Phaeospheria maydis</i>
Pm	- Pendão médio
PM	- Produção Media
PN	- Peneira
Pp	- Pendão pequeno
Q	- Quebrado
S	- suscetível
S2	- Segunda geração de autofecundação
S3	- Terceira geração de autofecundação
S7	- Sétima geração de autofecundação
T/R	- Tolerante / Resistente
TF	- Tipo de Folha
TP	- Tamanho de Pendão
TR	- Tipo de Raiz
V	- Vermelha

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	<b>10</b>
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>13</b>
2.1	A CULTURA DO MILHO: ASPECTOS GERAIS .....	13
2.2	MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO .....	15
2.3	GRUPOS HETERÓTICOS.....	16
2.4	OBTENÇÃO DE LINHAGENS.....	19
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>21</b>
3.1	MATERIAL VEGETAL E TRATOS CULTURAIS.....	21
3.2	AVALIAÇÕES REALIZADAS.....	22
3.3	ANÁLISE DE DADOS .....	24
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>24</b>
4.1	CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS.....	25
4.2	CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS .....	31
<b>5</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	<b>38</b>
	<b>REFERENCIAS</b> .....	<b>39</b>
	<b>ANEXOS</b> .....	<b>46</b>

## 1 INTRODUÇÃO

A cultura do milho desempenha um papel importante na agricultura brasileira, fornecendo vários produtos para a alimentação humana, animal e para a indústria. Cada vez mais os centros de pesquisa de melhoramento genético de milho, buscam desenvolver novos cultivares com maior potencial produtivo e adaptado a diferentes regiões do Brasil. Sendo, considerada por muitos de suma importância para a cadeia agropecuária brasileira, assim como a soja, tanto em termos de valorização quanto de produção (FANCELLI, 1994).

A grande importância dessa cultura se deve muito ao aspecto social, pois é cultivada também por produtores rurais com baixa tecnologia e sem grandes áreas, tornando-se uma atividade lucrativa (EMBRAPA, 2002). Segundo CONAB (2017), na safra 2016/2017 foram colhidos 97,71 milhões de toneladas de milho, onde 30,46 milhões são referentes à primeira safra (majoritariamente região sul) e 67,25 milhões referentes à segunda safra (região sul e sudeste). Houve um aumento de 10,4% na área plantada com relação à safra 2015/2016, representando 17,6 milhões de hectares. Este aumento significativo se deu principalmente em virtude das cotações do milho encontrar-se em altos patamares.

Uma das causas da valorização do milho foi o avanço tecnológico (Bt e RR) empregado no manejo da cultura, que aumentaram a produtividade. Esse incremento de tecnologia fez com que o preço da semente de milho ficasse em um valor médio de mercado. A escolha de cada cultivar de milho vai depender em qual posicionamento ela será empregada safra ou safrinha, como: produção de grãos ou silagem. As cultivares usadas na safra 2016/2017 podem ser divididas em transgênicas 67,93 % e convencionais 32,06 % com ciclo hiperprecoce e superprecoce 24,61 %, precoce 67,93 %, semiprecoce e normal 4,44% (EMBRAPA, 2016).

O grande impulso na produção de milho no país deve-se ao setor de aves e suínos, devido ao consumo potencial da região sul em produzir proteína animal, a qual é exportada para vários países, além do aumento na demanda interna. A necessidade em abastecer esses mercados aumenta cada vez mais, acompanhando o ritmo de crescimento populacional a nível mundial. A previsão da população mundial em 2050 seja de 9,8 bilhões de habitantes, sendo acrescentados

2,2 bilhões de pessoas à atual, de 7,6 bilhões; nesse período a população das áreas urbanas irá dobrar, subindo de 3,6 bilhões, para 6,3 bilhões (CARRER et al., 2010; UN DESA, 2011).

Como consequência desse aumento populacional, há também uma necessidade de aumentar a produção de alimentos, a fim de atender as necessidades básicas da população. Estudos indicam que será necessário produzir cerca de 70% a mais de alimentos para atender esta demanda, refletindo num aumento médio anual de 44 milhões de toneladas. Neste contexto, os programas de melhoramento genético são importantes para contribuir com os avanços, sendo o objetivo, adaptar as plantas as diferentes condições de cultivo, melhorar a qualidade dos alimentos e aumentar o rendimento por área cultivada (TESTER; LANGRIDGE, 2010).

Para obter sucesso em um programa de melhoramento genético de milho que busque desenvolver híbridos, é fundamental realizar a identificação de populações promissoras para obtenção de linhagens superiores. Erros na etapa de obtenção de linhagens podem dificultar o programa, pois são inúmeras as opções de populações que podem ser selecionadas. A seleção por si só não garante a fixação de características de interesse (LIMA et al., 2000).

A importância da escolha das linhagens que seguirão para os cruzamentos precisa ser de uma população base, ou seja, um material de determinado grupo heterótico que venha a sofrer sucessivas autofecundações (linhagens elite) até a obtenção de uma linhagem pura (6 a 8 ciclos de autofecundação). Uma linhagem considerada ideal para seguir em um programa de melhoramento genético de milho, deve possuir algumas atribuições que o melhorista busca, como: altura de planta, capacidade geral de combinação (combinação com outros grupos heteróticos), produção de pólen, produção de grãos, arquitetura de planta, resistência ou tolerância a doenças e ciclo de floração (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Pioneiros das pesquisas sobre heterose, SHULL (1909) e EAST (1909), constataram que o cruzamento entre duas linhagens endogâmicas de milho teria como resultado uma próxima geração, denominada "F1", com características agrônômicas totalmente superiores aos seus descendentes. Na época, esta tecnologia não foi desenvolvida comercialmente pelo fato de possuir um elevado custo e pela onerosidade para produzir as sementes, devido à produção em linhagens endogâmicas, as quais eram muito pouco produtivas. JONES (1918)

propôs a técnica de híbridos duplos para resolver o problema quanto à produção de sementes, porém o método resultaria numa variabilidade genética muito alta com relação a uma população de híbridos simples.

Atualmente, a hibridação é à base do programa de melhoramento genético de milho. Podem ser segundo MIRANDA e GALVÃO (2008):

- *Híbrido Simples*: genótipo obtido entre o cruzamento de duas linhagens endogâmicas divergente (linhagem A x linhagem B) apresentando maior uniformidade e maior potencial produtivo. Porém, as sementes são de custo elevado em decorrência da baixa produtividade da linhagem utilizada como fêmea;

- *Híbrido duplo*: genótipo obtido entre o cruzamento de dois híbridos simples (AxB x CxD). São genótipos que apresentam maior variabilidade genética, menor uniformidade e custo das sementes;

- *Híbrido Triplo*: genótipo obtido entre o cruzamento de um híbrido simples (AxB) com o progenitor feminino sendo uma terceira linhagem (C).

Em 1927, DAVIS propõe o método *top cross*, alternativa para reduzir o número de cruzamentos e o volume de trabalho para produzir híbridos. O método consiste em avaliar um grande número de linhagens comparando-as com um material comercial de referência, chamado de testador, via ensaios com repetições. Este método permite ao melhorista comparar e avaliar características agronômicas das linhagens em cruzamentos com os testadores, descartando do programa de melhoramento as linhagens inferiores ao testador, o que torna todo processo mais eficiente (NURMBERG et al., 2000).

O melhoramento genético do milho tem conseguido aumentar a produtividade, inserindo características agronômicas desejáveis na planta, como espigas grandes, cilíndricas, bem empalhadas e bem granadas; grãos tipo dentado, cor amarela e profunda; estigmas de cor clara e soltos; sabugo de coloração branca e grãos com endurecimento relativamente lento, possibilitando período de colheita mais longo (FORNASIERI-FILHO, 1992).

Estima-se que metade do incremento em produtividade das principais plantas cultivadas nas últimas cinco décadas seja em decorrência das técnicas de melhoramento genético (BORÉM; MIRANDA, 2009). No caso do milho, a adoção do

cultivo via híbridos proporcionou grandes saltos em produtividade, principalmente pela possibilidade de aumentar a densidade de plantas por área, reduzindo-se o espaçamento entre linhas de 0,9 m para 0,50 e 0,45 m. Porém, cada híbrido recebe recomendações de densidade populacional específica para obter altos rendimentos (ALVAREZ et al., 2006).

Na atualidade a produção de milho é baseada em híbridos simples, pelo motivo de serem genótipos com maior produtividade comparado aos híbridos duplos, por possuírem maior uniformidade de plantas dentro de uma população, de forma superior ao híbrido duplo, porém, suas sementes são de custo elevado, e na maioria das vezes seu custo compensa em virtude da produtividade proporcionada (EMBRAPA, 2011).

Portanto, este trabalho possuiu como objetivo avaliar 15 linhagens de milho, a fim de selecionar as mais promissoras, visando à obtenção de linhagens superiores a partir de avaliações morfológicas e agronômicas, as quais foram realizadas através do programa de melhoramento genético da Nidera Sementes.

## **2 REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1 A CULTURA DO MILHO: ASPECTOS GERAIS**

O milho (*Zea mays* L.) é uma planta alógama e monóica que pertence à família das Poaceae, têm como centro de diversidade o México e a América Central. Sua espécie ancestral é o *teosinto*, desprovido de palha. A seleção de genótipos ocorreu pelo próprio homem domesticando e originando assim a seleção de genótipos mais interessantes que seguiram uma evolução até os que encontramos nos dias atuais (SANTOS, 2009).

Na evolução aparecem outros parentes mais distantes do milho que foram encontrados em outros países da América Latina, principalmente no Brasil, do gênero *Tripsacum*, conhecido como capim Guatemala. Esse gênero não tem como característica realizar cruzamento genético como o *Teosinto* pelas diferenças genéticas significativas (CIB, 2010).

A espiga mais antiga é datada de 7.000 a. c. no vale do Tehucan. A ação do homem proporcionou a evolução do milho por meio de seleção visual no campo levando em consideração características como produção, resistência a doenças e adaptação em diferentes áreas geográficas (CIB, 2010).

Com relação à origem do milho, citam-se três teorias principais na literatura. A primeira sugere que uma planta selvagem deu origem ao milho, conhecida como Evolução Divergente. A segunda teoria cita o milho como um antepassado do *teosinto*, relatando que o milho deu sucessão ao *teosinto*. A terceira cita o milho como descendente único do *teosinto*, mediante a seleção realizada ao longo dos anos pelo homem, sendo amplamente aceita e difundida (FORNASIERI FILHO, 2007).

Devido a sua origem tropical, o milho necessita de calor e umidade para o seu desenvolvimento. Em regiões de clima subtropical, a variação de luz e calor exerce grande influência sobre o seu desenvolvimento. A temperatura do ar é o componente meteorológico de maior importância, sendo ela o componente que irá definir a duração dos períodos de desenvolvimento da planta (LOZADA; ANGELOCCI, 1999).

Seu ciclo vegetativo é de aproximadamente 120 dias, a partir da semeadura até a colheita, a qual varia de acordo com os genótipos: superprecoce, precoce e tardio. Em condições ótimas de crescimento, com temperaturas médias superiores a 20°C, o ciclo das variedades superprecoces pode variar de 80 a 110 dias, e as variedades precoces / tardias de 110 a 140 dias, em média, até atingir a maturidade fisiológica. Quando as temperaturas médias são inferiores a 20 °C, o ciclo aumenta em torno de 10 a 20 dias a cada 0,5°C de diminuição da temperatura, de acordo com o genótipo (REZENDE et al., 2004).

O milho figura como o cereal mais produzido no mundo, o Brasil encontra-se na terceira posição, com uma produção de 97,71 milhões de toneladas na safra 2016/17, em uma área de 17,6 milhões de hectares. Os Estados Unidos é o maior produtor do grão, produzindo 384,8 milhões de toneladas na safra 2016/17 em 34,7 milhões de hectares, seguido pela China, que na safra 2016/17 produziu 219 milhões de toneladas em 36 milhões de hectares (CONAB, 2017; USDA, 2017).

No Brasil, o milho é cultivado durante dois períodos denominados de primeira e segunda safra (ou “safrinha”). O cultivo de primeira safra é realizado durante a primavera, compreendido entre o fim de agosto, concentrado principalmente na

região Sul do Brasil, e vai até o mês de novembro nas regiões Sudeste e Centro-Oeste, participando com cerca de 30% da produção total e tendo o Rio Grande do Sul como o maior produtor, com 6 milhões de toneladas na safra 2016/17. A segunda safra, conhecida como safrinha, refere-se ao milho de sequeiro, semeado durante os meses de janeiro a abril, onde na maioria das áreas é cultivado após a soja de primeira safra; nesta época, o Mato Grosso é responsável por maior parte do milho produzido, com 28,6 milhões de toneladas na safra 2016/17. O aumento na produção de milho na safrinha ocorre pela concorrência com a soja no período de primeira safra, sendo compensado, então, na segunda safra (CONAB, 2017).

## 2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO

Em épocas passadas, os produtores utilizavam cultivares de polinização aberta, obtendo desempenho produtivo muito inferior comparado à atualidade. Naturalmente, ocorreram pesquisas para desenvolver plantas mais produtivas, iniciando assim os programas de melhoramento. Em 1909, SHULL propôs o primeiro método de melhoramento genético de milho, via endogamia e hibridação. Relatou uma grande variabilidade genética dentro de uma população de milho e chegou à conclusão de que populações de polinização livre possuem vários genótipos distintos, e pelo processo proposto de endogamia, haveria a possibilidade de obter linhagens puras.

Intercruzando as linhagens puras, observou-se que o vigor híbrido era restaurado nos cruzamentos (híbridos simples). Em 1909, SHULL, baseado em seus estudos e convencido que o método tinha potencial para melhorar a produtividade do milho, sugeriu o seguinte procedimento: autofecundar dentro de uma população heterozigótica para obter as linhagens puras, posteriormente realizar os cruzamentos entre as linhagens e avaliar os híbridos para determinar os mais produtivos. Porém, o alto custo das sementes (em decorrência do oneroso processo de produção das mesmas) colocou o método em dúvida.

JONES (1918) propôs outro método de hibridação com híbridos duplos, os quais são obtidos pelo cruzamento entre híbridos simples. Este método colaborou para a problemática da produção de sementes, tornando o processo de obtenção mais simples. A partir disto, a utilização de híbridos de milho foi ampla, e segundo

HALLAUER (1990), na década de 1950, o *Corn Belt* americano (cinturão do milho - EUA) foi quase totalmente semeado com híbridos duplos.

O cruzamento entre linhagens para a produção de sementes de milho híbrido revolucionou o melhoramento genético convencional, onde tal descoberta foi uma das maiores contribuições à agricultura mundial, tornando possível obter ganhos consideráveis em produtividade, a qual alcançou recordes, impulsionando o mercado de sementes, que passou a ser mais competitivo (GIORGENON, 2015).

PATERNIANI (1978) relatou como vantagens da exploração da heterose decorrente dos cruzamentos: aumentar a carga genética e minimizar a interação com o ambiente na geração F1, produzir plantas de alta uniformidade em uma mesma população, associar as características distintas de genitores distintos em um curto espaço de tempo, e obter interações gênicas favoráveis na geração híbrida.

As primeiras pesquisas de milho no Brasil datam de 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas – IAC, e em 1935 na Universidade Federal de Viçosa. O primeiro híbrido duplo surgiu em 1946 e um simples em 1952, buscando obter plantas com produtividade superior as usualmente cultivadas. Neste momento, o Brasil passava a ser o segundo país a adotar a produção comercial de milho baseada em materiais híbridos (FANCELLI, 1994; BORÉM; MIRANDA, 2013).

Após a aceitação do híbrido duplo e a estabilidade econômica dos agricultores, surgiu a necessidade de obter maiores produtividades. Baseado nisto, os centros de pesquisas de melhoramento genético de milho buscaram desenvolver híbridos mais produtivos como o híbrido triplo e o híbrido simples, mesmo que tivessem o custo elevado para o cultivo, seu incremento produtivo proporcionaria maior lucro por estes cultivares para os agricultores (SOUZA SOBRINHO, 2001).

### 2.3 GRUPOS HETERÓTICOS

Segundo HALLAUER et al. (2010), o germoplasma de milho é organizado em grupos heteróticos. Esses grupos possuem linhagens com características genéticas similares, e são úteis para explorar de forma eficiente a heterose e/ou a capacidade específica de combinação quando se combina linhagens de grupos heteróticos distintos. Linhagens de um mesmo grupo heterótico possuem alto grau de similaridade genética.

As linhagens pertencem a um mesmo grupo quando a heterose decorrente de um cruzamento entre elas é baixa, evidenciando assim que não possuem características contrastantes; linhagens com elevada heterose em cruzamentos entre si são alocadas em grupos heteróticos distintos, visto que sua capacidade de combinação é alta. Em resumo, os grupos heteróticos se desenvolvem mediante a identificação de linhagens que geram características agronômicas similares diante de cruzamentos com diferentes linhagens (BESPALHOK et al., 2017).

Com a combinação entre linhagens de grupos heteróticos diferentes, os genes serão incorporados para a próxima geração a fim de aumentar sua produtividade, minimizando riscos de perdas em relação a doenças ou a intempéries, aumentando a qualidade nutricional do grão com aminoácidos essenciais (CIB, 2010).

SCHON et al. (2010), mediante o cruzamento de genótipos oriundos de dois grupos heteróticos distintos – *Stiff Stalk Synthetic* e *Lancaster Sure Crop* – observaram que diferentes alelos haviam sido fixados (quando todos os indivíduos da população tem o mesmo alelo) a partir de cada grupo heterótico, concluindo que a combinação de diferentes grupos heteróticos proporciona maior heterose com relação a variável produtividade.

Pesquisas realizadas nos Estados Unidos demonstraram que determinados grupos heteróticos (*Reid, Lancaster, Minnesota 13, e Stiff Stalk Synthetic*, por exemplo) resultam em um maior número de linhagens promissoras que outros grupos heteróticos (*Hickory King, Krug, e Corn Borer Synthetic 1*, por exemplo). Relaciona-se a isto à origem dos genes combinada ao processo massivo de seleção, o que resultou em uma população com um conjunto de genes desejáveis em híbridos comerciais. Os grupos heteróticos que resultam em linhagens menos promissoras podem ter passado por processos de seleção tão eficientes quanto os promissores, mas se os genes de interesse não estiverem incluídos na população de origem, as técnicas de seleção não irão ter importância (HALLAUER et al., 2010).

Cada grupo de milho tem suas características específicas. O grupo *Tuxpeño* é de origem tropical e apresenta boa produção, mas apresenta problemas de raiz, possui facilidade de heterose com outros grupos, boa CGC (Capacidade Geral de Combinação) (NIDERA, 2015)\*.

---

\* NIDERA, S. **Comunicação pessoal**. Estação de pesquisa e Melhoramento de Milho. Abelardo Luz, Santa Catarina. Abril, 2015.

O grupo *Lancaster* é de origem americana temperada (materiais adaptados às condições do Brasil), precoce, possui resistência a *Helminthosporium turcicum*, é usado como macho e apresenta problema de grão e baixa sanidade. O grupo *Stiff Stalk* tem boa precocidade (maior que algumas linhagens do grupo *Lancaster*), suscetibilidade ao *Helminthosporium turcicum*, boa qualidade de espiga, ótimo vigor de raiz e boa qualidade de grão. O grupo *Flint Argentino* é um grupo de clima temperado com boa precocidade, baixa altura de planta, baixa inserção da espiga, pendão pequeno, baixa qualidade de grão e producibilidade baixa (NIDERA, 2015)\*.

O desenvolvimento de novas linhagens de milho é realizado, geralmente, selecionando progênies de linhagens intercruzadas dentro de um mesmo grupo heterótico, levando em consideração a capacidade específica de combinação, que fornece estimativas dos efeitos genéticos (LAUDE; CARENA, 2014).

O germoplasma temperado foi utilizado como fonte de variabilidade genética em diversas décadas de melhoramento, onde várias gerações de seleção foram realizadas, possuindo como consequência um germoplasma altamente produtivo. Geralmente, populações temperadas são sintéticas, geradas a partir de um pequeno grupo de linhagens, diferentemente do germoplasma tropical, que é formado por indivíduos gerados a partir do cruzamento de várias populações. Por essa razão as populações temperadas tendem a apresentar uma base genética mais estreita que as populações tropicais (HALLAUER et al., 2010).

WELLHAUSEN (1978) identificou quatro raças de germoplasma tropical que são utilizadas para o melhoramento de milho nos trópicos até hoje: *Tuxpeño*, *Cuban Flint*, *Coastal Tropical Flint* e *ETO*. *Tuxpeño* é o único *flint* considerado superior aos demais, levando em consideração sua alta capacidade produtiva, alto vigor e resistência às doenças mais comuns do milho.

A alocação de linhagens em diferentes grupos heteróticos pode ser feita pela relação de *pedigrees*, adaptabilidade e estabilidade, *top crosses*, cruzamentos dialélicos e distância genética estimada via caracteres morfológicos ou marcadores moleculares (BERTAN et al., 2007).

Com o intuito de gerar informações mais precisas na classificação em grupos heteróticos comparado a outros métodos, pesquisadores têm sugerido o uso de marcadores moleculares para agrupamento das linhagens com características genéticas semelhantes. A utilização desta técnica permite acessar a diversidade

genética de determinadas linhagens e organizá-las em grupos heteróticos distintos com maior acurácia (FLINT-GARCIA et al., 2009).

## 2.4 OBTENÇÃO DE LINHAGENS

Teoricamente, as combinações híbridas de maior potencial estão relacionadas com o grau de divergência genética dos parentais envolvidos em um cruzamento. Porém, esta divergência não determina necessariamente o máximo potencial a ser obtido numa heterose. Dessa maneira, é fundamental utilizar alguma forma de seleção sobre os genitores, conciliando métodos que revelem as melhores combinações possíveis (MAGNAVACA, 1998).

Para a obtenção de linhagens de milho explora-se a heterose ou vigor híbrido, originado do cruzamento entre duas linhagens homozigotas ou mais. Para PATERNIANI e CAMPOS (1999), a produção de híbridos de alto desempenho só é possível mediante o cruzamento entre linhagens elites. Para desenvolver estas linhagens é necessário obtê-las mediante processos de autofecundação e cruzá-las posteriormente com um testador, identificando e selecionando as linhagens com maior capacidade de combinação (BARBOSA, 2009).

Segundo PATERNIANI e CAMPOS (2005), são definidas etapas distintas durante a condução do programa de melhoramento genético de milho: escolha da população, obtenção de linhagens, avaliação da capacidade de combinação e testes de combinações híbridas.

Tradicionalmente, o processo para a obtenção de linhagens consiste na autofecundação sucessiva de plantas de determinada população, buscando obter genótipos homozigotos; os primeiros descendentes de uma população autofecundada são chamados de S1, a população autofecundada a partir de S1 é chamada de S2 e assim por diante (BESPALHOK et al., 2017).

Como consequência dos ciclos de autofecundação, as plantas irão apresentar pouco vigor, também relatado como depressão endogâmica. Durante todo esse processo, são realizadas seleções baseadas na avaliação de características agronômicas de interesse. Os ciclos sucessivos de autofecundação repetem-se até que a maioria dos locos esteja em homozigose, acontecendo geralmente com seis a sete autofecundações, onde se obtém uma nova linhagem (BATTISTELLI, 2012).

Como o tempo necessário para atingir a homozigose desejada via autofecundação é longo, há alternativas capazes de acelerar o processo com o intuito de obter linhagens homozigotas de forma mais rápida, como o método de duplo-haplóides. É mais vantajosa, expressando apenas locos homozigotos, excluindo heterozigotos; assim, prevalecem apenas quatro genótipos homozigotos (AABB, AAbb, aaBB e aabb, por exemplo). Contudo, em um processo normal de autofecundação em espécies diplóides, considerando dois pares de locos independentes (AAbb) e (aaBB), o genótipo recessivo “aabb” tem probabilidade de ser encontrado na proporção de 1/16 em uma população S2. Quando aplicado, o método de duplo-haplóides induz o genótipo “aabb” a apresentar uma probabilidade de ocorrência de 1/4 na população. Isso ocorre devido à ausência dos heterozigotos, prevalecendo apenas quatro genótipos homozigotos (AABB, AAbb, aaBB e aabb). Realizando este processo, obtém-se uma linhagem homozigota em uma única geração (PIERRE et al., 2011).

O método de duplo-haplóides consiste em obter linhagens a partir de plântulas geradas de células haploides e posterior duplicação. Pode ser realizado *in vivo* (por meio de indução genética) e *in vitro* (por técnicas de cultura de tecido), onde a técnica *in vivo* tem sido mais utilizada, baseando-se na utilização de linhagens indutoras de haplóides, seguida por duplicação cromossômica (GEIGER; GORDILLO, 2009).

Segundo COUTO (2013), a técnica *in vivo* só é possível de ser realizado em escala comercial devido a uma marcação morfológica nas sementes de milho, o que permite ao melhorista separar as sementes haplóides e diplóides provenientes do cruzamento do doador com o indutor. O marcador fenotípico é baseado na pigmentação por antocianina, determinado pelo gene R-navajo (R1nj), que promove a pigmentação com antocianina no endosperma e no embrião das sementes diplóides, enquanto as sementes haploides apresentam pigmentação somente no endosperma, ficando com o embrião branco (CHASE; NANDA, 1965).

A técnica artificial utiliza compostos conhecidos como bloqueadores mitóticos, isto é, a colchicina é o composto mais utilizado pelos melhoristas, em concentrações de 0,02% a 0,125%. Ela liga-se à tubulina, inibindo a polimerização de microtubulos, não havendo, assim, a migração dos cromossomos para os polos das células. Com isso, as células haplóides (n) passam a ser diplóides (2n) (BELICUAS et al., 2007).

Outra alternativa, para atingir a depressão endogâmica em linhagens de milho é a utilização de linhagens parcialmente endogâmicas, sendo linhagens que passaram por um menor número de autofecundações (S2, S3) que resultariam em uma endogamia parcial e boa capacidade combinatória, identificadas em avaliações precoces nas primeiras gerações. Por não atingirem grau elevado de endogamia, linhagens parcialmente endogâmicas são mais produtivas (CABRERA, 2001).

GOOD e HALLAUER (1977) relata que linhagens S3 produzem em média 20% a mais do que as linhagens S7. Segundo SOUZA JÚNIOR (2001), linhagens S3 possuem 87,5% dos locos em homozigose, conjuntamente com uma variabilidade genética baixa, tornando viável o uso desse tipo de linhagem para desenvolver híbridos de milho comercialmente.

### **3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 MATERIAL VEGETAL E TRATOS CULTURAIS**

O experimento foi conduzido na área experimental da estação de pesquisa da Nidera Sementes, localizada no município de Abelardo Luz, na região oeste do Estado de Santa Catarina. Com latitude de 26° 33' 53" sul, longitude de 52°19'42" oeste e altitude de 760 metros. O clima é classificado como mesotérmico úmido com verões quentes e invernos frios, com temperatura entre 18°C e 30°C, precipitação de 1930 mm durante 2015, dividida em 26% no verão, 24% outono, 24% no inverno e 26% na primavera, suas bacias hidrográficas são banhadas pelos rios Chapecó e Chapecozinho (IBGE, 2015).

O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso, sendo autofecundada 100 plantas por parcela, com 3 repetições de 4 linhas de 5 m de comprimento e entrelinha 55 cm, foram avaliadas 15 linhagens sendo uma testemunha comercial (AT1) de milho, sendo elas: Flint Argentino x Flint Tropical (AT1, AT2, AT3, AT4, AT5), Tuxpeño Mexicano x Stiff Stalk Americano (MA1, MA2, MA3, MA4, MA5, MA6, MA7), Lancaster (LAN1, LAN2) e Tuxpeño (TUX).

A cultura que antecedeu o preparo do solo para o plantio de milho foi aveia. A dessecação da área foi feita 20 dias antes da plantação com FINALE® (GLUFOSINATO-SAL DE AMÔNIO - BAYER – 2 L/ha) e o inseticida LORSBAN® (CLORPIRIFÓS - DOW AGROSCIENCES – 1 L/ha) para controlar lagartas

presentes na aveia, e prevenindo dessa maneira o surgimento precoce no milho. Nos campos de milho foi realizado o controle das plantas daninhas invasoras, abertura de corredores entre parcelas, eliminação de mistura e plantas dominadas. O controle de invasoras entre linhas e corredores foi feito com máquina costal de 20 L, com a utilização de PRIMATOP® (ATRAZINA + SIMAZINA - SYNGENTA – 1 L/ha), SOBERAN® (TEMBOTRIONA - BAYER - 50 ml/ha) e OROBOR® (BORO e NITROGENIO - ORO AGRI - 20 ml/ha) como espalhante adesivo.

O tratamento de sementes foi feito com LORSBAN® (CLORPIRIFÓS - DOW AGROSCIENCES), STANDAK TOP® (FIPRONIL, PIRACLOSTROBINA, TIOFANATO METILICO - BASF), CRUISER® (THIAMETOXAN – SYNGENTA) e CROPSTAR® (IMIDACLOPRIDO – BAYER) no volume de 100 ml para cada 60 mil sementes. A mistura utilizada pela empresa é feita com o auxílio de álcool 92%, em 20 litros de água. Na combinação é acrescido 1 litro do produto comercial e 700 ml de álcool. A adição do álcool é para propiciar uma rápida secagem das sementes tratadas, facilitando o tratamento em quantidade.

O plantio foi realizado no dia 5 de outubro de 2014, com uma semeadora adaptada a condições de pesquisa. A fertilização feita na área experimental foi de uma aplicação de 400 Kg/ha do adubo 12-30-20 na linha de semeadura, seguidos de mais 400 Kg/ha em cobertura. Toda área foi corrigida com calcário no início dos trabalhos com sucessão a cada três anos com milho, aveia (cobertura verde) e soja.

Para o controle de lagartas foram utilizados 2 Kg de pasta de amido de mandioca, sendo aplicada de forma manual nas parcelas com maior incidência de lagartas. A pasta é composta por TRACER® (ESPINOSADE - DOW AGROSCIENCES - 400 ml), MUSTANG® (ZETA-CIPERMETRINA FMC - 200 ml) e 2 Kg de amido de mandioca, que é suficiente para oito parcelas de 40 m<sup>2</sup>, distribuídos planta a planta.

Antes da emissão do estilo-estigma, as espigas foram protegidas com sacos plásticos para que não houvesse fecundação. Também se ensacou o pendão da mesma planta para posterior coleta de autofecundação, quando 75% das hastes iniciaram o processo de antese (maturação das anteras), todas as linhagens foram autofecundadas.

### 3.2 AVALIAÇÕES REALIZADAS

As linhagens foram submetidas à avaliação de características morfológicas como: altura de inserção de espiga (AE), diâmetro de colmo (DC), tipo de folha (TF), tipo de raiz (TR), tamanho de pendão (TP), altura de planta (AP), dias para floração masculina (FRM) e feminina (FRF), avaliação do nível de doença (tolerância / resistência, intermediário e suscetível) ao *Helminthosporium turcicum*, *Phaeosphaeria maydis* e doenças de espiga (DE) (*Diplodia maydis* e *Ustilago maydis*).

Bem como, foram avaliadas as características agronômicas como: massa de mil grãos (MMG), grãos por fileira (GF), fileiras por espiga (FE), grãos por espiga (GE), espigas por planta (EP), peso de grãos por planta (G/P), número de espigas por parcela (EPR), a granulometria (PN 16, PN18 e PN20), tipo de grão (D e DT), coloração (AM, B e V) e classificação de grãos (A, Q e Br)

As avaliações de altura de planta e inserção da espiga foram realizadas após o pendoamento, com o auxílio de uma régua graduada, obtida pela medição da distância do solo até a extremidade do pendão para a altura de planta, e do solo até o nó originário da espiga para inserção de espiga (considerando até 80 cm de altura como inserção baixa e acima de 80 cm como inserção alta). As plantas foram medidas de forma aleatória dentre das plantas úteis, sendo avaliadas 10 plantas em cada parcela.

Para avaliação do diâmetro de colmo foram amostradas 10 plantas de forma aleatória, realizando a medição com um paquímetro na altura de 5 cm acima do solo.

A análise do tipo de folha foi realizada visualmente, classificando-as como lisa ou pilosa.

Para avaliação do tipo de raiz é realizada de forma visual, mas também se leva em consideração o diâmetro do colmo, porque considera que quanto maior for o colmo da planta, a raiz tende-a ser mais grossa, sendo agrupadas em raiz fina ou raiz grossa.

A observação do tamanho do pendão foi realizada após a emissão do mesmo, classificando-o de acordo com a quantidade de hastes, sendo: pendão pequeno (1-6 hastes), pendão médio (7-12 hastes) e pendão grande (13-18 hastes).

Os dias até a floração, tanto masculino como feminino, foram avaliados diariamente desde a emergência das plântulas até o período em questão.

Por conseguinte, as avaliações dos componentes de rendimento foram realizadas dentro de cada população, contando-se o número total de espigas produzidas e amostrando uma espiga aleatória da população, onde foi realizada a contagem do número de fileiras por espiga (FE), número de grãos por espiga (GE), número de grãos por fileiras (GF) e o peso em gramas por planta (G/P) retirada da pesagem da espiga selecionada.

Para a avaliação da massa de mil grãos (MMG), foi retirada uma amostra de cada parcela contendo 1000 grãos aleatórios. Nesta mesma amostra foi determinada a coloração de grãos, granulometria (peneira), número de grãos ardidos (causado pela quebra mecânica ou pelo excesso de chuvas sucedidas pelo aparecimento de fungos) quebrados e brotados (germinados) com o uso de uma balança e o auxílio de peneiras de número 16, 18, 20 e um fundo para contraste.

Portanto, as análises de sanidade quanto aos patógenos *Helminthosporium turcicum*, *Phaeosphaeria maydis* e doenças de espiga (*Diplodia maydis* e *Ustilago maydis*) foram realizadas via amostragem de 10 plantas por parcela, de forma aleatória, determinando uma nota atribuída em escala de 1, 2 e 3 para tolerante/resistente; 4, 5 e 6 para Intermediário e 7, 8 e 9 para suscetível.

### 3.3 ANÁLISE DE DADOS

Os dados quantitativos das características agronômicas foram submetidos à análise de variância, utilizando o programa computacional ASSISTAT e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott (1974) ao nível de 5% de probabilidade ( $p < 0,05$ ).

As características agronômicas, como: produção média (PM), espiga por parcela (EPR), massa de mil grãos (MMG) e grãos por espiga (GE) foram submetidas à análise de Trilha e após matriz de correlação e estimativa de efeitos diretos e indiretos sobre a produção média das linhagens de milho, utilizando o programa R.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 4.1 CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS

Quanto à altura de inserção de espigas, a maioria das linhagens avaliadas (AT1, MA2, AT4, MA3, LAN1, LAN2, AT5, MA4 e MA6) apresentaram inserção de espiga baixa, pois apresentaram altura de inserção inferior a 0,80 m (TABELA 1). Apenas as linhagens AT2, AT3, MA1, TUX, MA5 e MA7 contiveram inserção de espiga alta. Para REPKE et al. (2012) a inserção de espiga alta em plantas de 49 cultivares comerciais não teve influência sobre o acamamento, sendo que os autores inferiram que o principal fator que influencia na ocorrência do acamamento é a altura atingida pelas plantas. Para POSSAMAI et al. (2001), plantas altas com inserção alta são vantajosas na hora da colheita.

TABELA 1. AVALIAÇÃO A CAMPO DAS CARACTERÍSTICAS MORFOLOGICAS DAS 15 LINHAGENS DE MILHO – ABELARDO LUZ – SC.

Grupos heteroticos	Linhagem	IEA	IEB	CF	CG	FL	FP	RG	RF	P	Pm	Pg
Flint Argentino x Flint Tropical	*AT1	-	X	-	X	-	X	X	-	-	X	-
	AT2	X	-	-	X	X	-	X	-	X	-	-
	AT3	X	-	-	X	-	X	X	-	-	-	X
	AT4	-	X	X	-	X	-	X	-	-	X	-
	AT5	-	X	X	-	X	-	X	-	-	X	-
Tuxpeño Mexicano x Stiff Stalk American	MA1	X	-	X	-	-	X	X	-	-	X	-
	MA2	-	X	-	X	-	X	-	X	X	-	-
	MA3	-	X	-	X	-	X	X	-	-	X	-
	MA4	-	X	-	X	X	-	X	-	-	X	-
	MA5	X	-	-	X	-	X	X	-	-	X	-
	MA6	-	X	X	-	X	-	X	-	-	-	X
	MA7	X	-	-	X	-	X	-	X	X	-	-
Lancaster	LAN1	-	X	-	X	X	-	-	X	-	X	-
	LAN2	-	X	X	-	X	-	-	X	-	X	-
Tuxpeño	TUX	X	-	X	-	X	-	X	-	-	X	-

\* testemunha; IEA: inserção de espiga alta (acima de 80 cm); IEB: inserção de espiga baixa (abaixo de 80 cm); CF: colmo fino (abaixo de 30 mm de diâmetro); CG: colmo grosso (acima de 30 mm de diâmetro); FL: folha lisa; FP: folha pilosa; RG: Raiz grossa (visual); RF: raiz fina (visual); Ppeq: pendão pequeno (1-6 hastes); Pm: pendão médio (7-12 hastes); Pg: pendão grande (13-18 hastes).

Contudo, KOSHIMA (2009) avaliou oito linhagens e obteve altura de inserção de espigas variando de 101,17 a 118,81 cm, afirmando que a inserção baixa de

espigas é uma característica desejável nas linhagens fêmeas, potencializando a capacidade de polinização pelas linhas de macho.

Na avaliação do diâmetro do colmo, a maioria das linhagens apresentaram colmo grosso (acima de 30 mm de diâmetro) (TABELA 1) (Anexo 1), ou seja, maior estruturação da planta para formação da sua arquitetura (posição das folhas). BELEZE et al. (2003), afirma que o diâmetro do colmo servirá para reserva de assimilados, onde posteriormente serão remobilizados das reservas acumuladas no colmo para a espiga, refletindo em maior rendimento de grãos. Dá-se preferência a linhagens de colmo grosso, pois terão melhores condições de constituir uma fonte de reserva para o enchimento dos grãos.

A maioria das linhagens de milho apresentou maior número de folhas lisas do que folhas pilosas, a concentração de sílica na composição das folhas pilosas as tornam mais ásperas. Segundo RODRIGUES JUNIOR (1980) e WILSON (1993), a sílica auxilia na redução da severidade da patologia, pois confere maior rigidez à parede celular, dificultando a colonização por patógenos. Há poucas informações na literatura quanto ao tipo de folha na seleção de linhagens de milho.

De acordo com SANGOI et al. (2002), a arquitetura foliar na cultura do milho tem grande influência na produção da planta, onde folhas eretas, que tiverem maior angulação têm maior incidência de luz interna, menor sombreamento entre folhas, resultando numa maior exposição das folhas com a luz solar, aumentando a produção de fotoassimilados, podendo ser revertido em produtividade. Porém, não foram realizadas avaliações quanto à arquitetura foliar.

Na avaliação do tipo de raiz, 10 linhagens (AT2, AT3, AT4, MA1, MA3, TUX, AT5, MA4, MA5, MA6) acompanharam a testemunha (AT1) de raiz grossa, o que confere uma maior fixação e absorção de nutrientes da planta no solo devido a maior área de absorção e emissão de um maior número de raízes secundárias. Segundo MARSCHNER (1995), a raiz se torna fina quando existe deficiência de nutrientes na solução do solo, tende a se alongar, ampliando sua área superficial e ficando mais fina. Como se excluiu a deficiência de fósforo como resultante de plantas com raiz fina (RF), a variável RF atribui-se ao genótipo da linhagem.

Nas avaliações de tamanho de pendão, três linhagens (AT2, MA2 e MA7) apresentaram pendão pequeno (Pp); já a testemunha (AT1) e mais nove (MA1, AT4, TUX, MA3, LAN1, LAN2, AT5, MA4, MA5) apresentaram pendão médio (Pm), ou seja, apresentam uma média de 7 a 12 hastes no pendão, que confere uma maior

capacidade de produção de pólen em comparação com os pendões pequenos e vantagem em relação aos pendões grandes por apresentar menor chance de quebrar pela ação do vento.

As linhagens AT3 e MA6 com pendão grande (Pg) não possuem viabilidade para serem utilizadas como “macho”. Existem linhagens com pendões pequenos, mas com uma grande produção de pólen. Então, avalia-se a variável tamanho do pendão com relação à resistência das hastes a quebra pela ação do vento; opta-se por linhagens com pendões médios e pequenos (desde que apresentem boa produção de pólen). Além disso, HALLAUER et al. (2010) relatam que pendões grandes provocam maior sombreamento nas folhas-bandeira, reduzindo a taxa fotossintética dessas folhas; e atuam como dreno, redirecionando uma quantidade menor de nutrientes para a espiga e grãos.

BASTOS (2012), avaliou híbridos e linhagens para determinar os caracteres que mais contribuem para a heterose na produtividade de grãos de milho; constatou que o peso do pendão e a produtividade de grãos apresentaram correlação, embora pequena, onde plantas com maior produtividade de grãos apresentaram pendões menores. De modo contrário, as linhagens que apresentaram pendão grande (AT3 e MA6) foram as que apresentaram maior peso de grãos por planta.

Em relação à altura de planta (AP), as linhagens AT2, AT3, MA2, TUX, MA3, LAN1, AT5, MA5, MA6 e MA7 diferiram estatisticamente das outras por serem mais altas (1,8 a 1,9 m). As demais linhagens (MA1, AT4, LAN2 e MA4) e a testemunha (AT1) apresentaram altura inferior (1,6 a 1,7 m). Apenas a linhagem AT4 apresentou altura menor do que a testemunha (TABELA 2).

A altura pode ser influenciada pelo sistema de plantio e espaçamento (REPKE et al., 2012). Segundo KOSHIMA (2009), plantas altas são ideais para desempenhar a função de macho, pois quanto mais alta a planta, maior o potencial de polinizar um maior número de linhas de fêmeas; já as plantas baixas são desejáveis em linhagens utilizadas como fêmeas, aumentando a suscetibilidade de pólen por parte da linhagem macho.

FERREIRA (2008) avaliou a altura de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em *top crosses*, em três locais do Estado de São Paulo, obtendo plantas de 1,68 cm até 2,20 cm.

Quanto às avaliações de dias para floração masculina (FRM) (TABELA 2), a testemunha (AT1) apresentou ciclo de 65 dias para FRM, e cinco das linhagens

testadas (MA1, MA2, LAN1, MA4 e MA6) tiveram o mesmo ciclo, três (MA3, LAN2 e MA5) apresentaram ciclo menor que a testemunha com cerca de 60 a 62 dias de florescimento e outras seis linhagens (AT2, AT3, AT4, TUX, AT5 e MA7) contiveram ciclo para FRM acima de 70 dias e um coeficiente de variação de 6,69 sendo considerado de baixa dispersão.

TABELA 2. AVALIAÇÃO A CAMPO DAS CARACTERÍSTICAS MORFOLOGICAS EM RELAÇÃO A ALTURA DE PLANTA, FLORAÇÃO MASCULINA E FEMININA E A RAZÃO ENTRE ELAS DAS 15 LINHAGENS DE MILHO – ABELARDO LUZ – SC.

Grupos heteroticos	Linhagem	AP (m)	FRM (dias)	FRF (dias)	IFMF
Flint Argentino x Flint Tropical	*AT1	1,7 b	65 c	70 c	5
	AT2	1,9 a	72 a	75 a	3
	AT3	1,9 a	72 a	73 b	1
	AT4	1,6 b	72 a	70 c	-2
	AT5	1,9 a	70 b	70 c	0
Tuxpeño Mexicano x Stiff Stalk Americano	MA1	1,7b	65 c	65 d	0
	MA2	1,8 a	65 c	65 d	0
	MA3	1,8 a	60 e	60 e	0
	MA4	1,7 b	65 c	65 d	0
	MA5	1,8 a	60 e	65 d	5
	MA6	1,8 a	65 c	65 d	0
	MA7	1,8 a	72 a	73 b	1
Lancaster	LAN1	1,8 a	65 c	65 d	0
	LAN2	1,7 b	62 d	65 d	3
Tuxpeño	TUX	1,9 a	72a	72b	0
CV%		5,62	1,10	0,95	92,90

\* testemunha; AP: altura de planta; FRM: dias para floração masculina; FRF: dias para floração feminina; IFMF: intervalo de florescimento masculino e feminino. Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Scott e Knott (1974), a 5% de probabilidade. CV%: coeficiente de variação.

Em relação à avaliação de dias para a floração feminina (FRF) (TABELA 2) a testemunha apresentou ciclo de 70 dias, sendo que as linhagens AT4 e AT5 demonstraram também o mesmo ciclo. Sete linhagens avaliadas (MA1, MA2, LAN1, LAN2, MA4, MA5 e MA6) possuíram ciclo de 65 dias; a linhagem MA3 apresentou ciclo de 60 dias e outras quatro linhagens (AT2, AT3, TUX e MA7) ciclos de 72 a 75 dias entre o plantio até FRF.

A linhagem MA3 mostrou ser a linhagem mais precoce, apresentando FRF aos 60 dias. De modo contrário, a linhagem AT2 foi a mais tardia, com FRF aos 75 dias.

Segundo CRUZ et al. (2011), o pendão deve surgir primeiro na planta (condição conhecida como protandria, onde o órgão masculino amadurece antes do feminino). A boneca deve aparecer de 2 a 5 dias depois do aparecimento do pendão. Quando isso acontece, o intervalo de florescimento masculino e feminino (IFMF) é considerado positivo, e quando o pendão surge depois da boneca é

considerado negativo (condição chamada de protoginia, onde o órgão feminino amadurece antes do masculino), situação verificada apenas na linhagem AT4, com IFMF de -2. DURÃES et al. (2000) também constatou o fenômeno da protoginia em 5 linhagens (IFMF entre -2,1 a -1,5) quando avaliou linhagens de milho buscando selecionar plantas tolerantes a seca. As linhagens que apresentam protoginia são indesejáveis.

Quando o pendão e a boneca surgirem simultaneamente, o IFMF é considerado nulo. O IFMF desejável é o positivo, o mais curto possível e de forma positiva, pois logo que houver a abertura das anteras no pendão é desejável que as estruturas receptoras (estigmas) já tenham emergido, garantindo a fertilização da maioria dos grãos e evitando a contaminação com pólen de plantas indesejadas.

A avaliação da floração determina quais linhagens seguem para o campo ou são descartadas do programa, as que apresentam muitos dias de diferença entre a floração masculina e feminina possuem baixa viabilidade do pólen. Caso o avaliador selecione uma planta com grande diferença de dias entre a floração masculina e feminina, as características genéticas da população em questão têm maiores chances de serem provenientes ao descarte, podem ocorrer de plantas não serem polinizadas e causar má granação da espiga.

Para CAMPOS et al. (2004), a ocorrência de um déficit hídrico na época da floração pode antecipá-la ou atrasá-la, pelas condições desfavoráveis em que a planta se encontra. ZAIDI et al. (2008) relata que intervalos entre floração masculina e feminina menor que 5 dias auxiliam na identificação de linhagens tolerantes a condições de estresse, como por déficit ou excesso de água.

Quanto maior o intervalo entre a floração masculina e feminina, maior será o efeito negativo sobre o rendimento de grãos. Quando este intervalo for menor, traduz-se numa adaptação ao estresse hídrico e está associado ao rendimento de grão sobre condições adversas, acarretando num maior potencial hídrico da planta durante o florescimento.

Podendo ser observada em seguida as notas em relação à sanidade das linhagens. Quanto a doenças de espiga, a maioria das linhagens (AT2, AT3, MA1, AT4, MA3, MA4, MA5, MA6, MA7) mostrou-se pouco superiores à testemunha (AT1) (TABELA 3), a qual também se apresenta tolerante/resistente. Apenas as linhagens LAN1 e LAN2 demonstraram sanidade intermediária.

Com relação à sanidade foliar contra *Phaeosphaeria maydis*, 8 linhagens (AT3, MA1, MA2, AT4, TUX, MA3, MA4 e MA7) apresentaram maior sanidade comparadas à testemunha (AT1), e a linhagem AT5 mostrou-se com nota pouco inferior à testemunha (Nota 4), mas ainda mostrando-se intermediária. As demais linhagens (AT2, LAN1, LAN2, MA5 e MA6) mostraram-se com mesmo nível de sanidade comparado à testemunha. A resistência genética é a melhor maneira de evitar percas por sua ocorrência, visto que a eficácia de fungicidas sobre esta doença é baixa.

Apenas a testemunha e a linhagem MA1 apresentaram-se com nível intermediário de sanidade foliar contra *Helminthosporium turcicum* (TABELA 3), onde a linhagem TUX demonstrou ser suscetível. As demais linhagens indicam ser tolerantes e / ou resistentes.

TABELA 3. NOTA E CLASSIFICAÇÃO DE DOENÇAS EM PARTE ÁREA E ESPIGA EM 15 LINHAGENS DE MILHO. ABELARDO LUZ - 2015.

Grupos heteróticos	Linhagens	DE		PHM		HET	
		Nota	Classif.	Nota	Classif.	Nota	Classif.
	*AT1	2	T/R	5	I	4	I
Flint Argentino x Flint Tropical	AT2	1	T/R	5	I	3	T/R
	AT3	1	T/R	1	T/R	1	T/R
	AT4	1	T/R	1	T/R	2	T/R
	AT5	3	T/R	4	I	3	T/R
	MA1	1	T/R	2	T/R	4	I
Tuxpeño Mexicano x Stiff Stalk Americano	MA2	2	T/R	3	T/R	1	T/R
	MA3	1	T/R	2	T/R	1	T/R
	MA4	1	T/R	2	T/R	1	T/R
	MA5	1	T/R	5	I	1	T/R
	MA6	1	T/R	5	I	1	T/R
	MA7	1	T/R	2	T/R	1	T/R
	LAN1	5	I	5	I	1	T/R
Lancaster	LAN2	5	I	5	I	0	T/R
Tuxpeño	TUX	3	T/R	2	T/R	7	S
CV%		74,36		49,72		51,30	

\* testemunha; DE: doenças de espiga; PHA: *Phaeosphaeria maydis*, HT: *Helminthosporium turcicum*, T/R: tolerante/resistente; I: intermediário, S: suscetível. CV%: coeficiente de variação.

As linhagens avaliadas têm uma alta adaptação na região Sul do país, pois seus genitores são provenientes dos programas de melhoramento genético desenvolvidos na região sul, apresentam uma boa resistência a doenças de final de ciclo. As linhagens AT3, MA2, AT4, MA3, MA4 e MA7 demonstraram serem as

linhagens de maior nível de tolerância/resistência a doenças (TABELA 3), tendo potencial para transferir essa característica em programas de melhoramento.

Sendo assim, busca-se obter híbridos com bom nível de tolerância ou resistência a doenças, visto que essas são as de maior incidência na região sul do Brasil. Porém, linhagens de alta produtividade com sanidade desfavorável permanecem no programa, pois se mostram capazes de produzir mesmo com baixos níveis de sanidade.

## 4.2 CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

A produtividade de cada linhagem pode variar de acordo com a época de plantio e o regime de precipitações pluviométricas. Na safra agrícola de 2014/2015 as condições foram favoráveis para o plantio antecipado, não sendo registrada a ocorrência de geada e déficit hídrico.

Com relação à massa de mil grãos (MMG), a testemunha AT1 apresentou um MMG de 240 g (TABELA 4), sendo que 11 linhagens (AT2, AT3, MA1, MA2, AT4, MA3, LAN1, LAN2, AT5, MA5 e MA7) obtiveram MMG maiores; a linhagem MA6 mostrou MMG de 350 g, 45% maior que a testemunha.

Embora todas as linhagens tenham sido submetidas aos mesmos tratamentos culturais, a linhagem TUX com MMG de 190 g e MA4 com MMG de 235 g mostraram-se inferiores a testemunha (TABELA 4), identificando-os como genótipos inferiores com relação à produtividade. Porém, LEANDRO (2016) afirma que quanto mais pesado o grão, menos sementes haverá na espiga, impactado diretamente na quantidade de sementes produzida; neste sentido, linhagens com MMG menor podem ser consideradas como vantajosas quando se busca produzir maiores volumes de semente.

Na avaliação de grãos por fileira (TABELA 4), todas as linhagens avaliadas apresentaram um número maior que a testemunha AT1, onde a linhagem MA1 demonstrou 36 grãos por fileira, maior número entre as linhagens avaliadas. A quantidade de grãos por fileira pode ser relacionada com o potencial de produção de grãos, estima-se que quanto maior o comprimento de espiga, maior é o rendimento de grãos (KOSHIMA, 2009). Segundo BALBINOT JR. et al. (2005), o número de grãos por fileira é afetado pelo tamanho da espiga, o qual é definido a partir das 12 folhas (estádio V12) até a fecundação (estádio R1), e estresses durante esta fase

têm potencial para afetar essa variável; contudo, isto não foi observado à campo durante o andamento do trabalho.

TABELA 4. AVALIAÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E TAMANHO DE GRÃOS DE 15 LINHAGENS DE MILHO – ABELARDO LUZ – SC.

Grupos heteróticos	Linhagens	MMG	FE	GF	GE	EP	G/P	EPR	Tamanho de grãos		
									PN16	PN18	PN20
Flint	*AT1	240 d	18 a	20 d	360 g	1,40 c	80 d	29 j	0,00 g	39,58 d	60,42 c
Argentino	AT2	285 c	16 a	25 c	400 d	1,35 c	125 b	26 f	14,04 b	49,12 b	36,84 f
x	AT3	305 b	16 a	29 b	464 b	1,31 c	135 a	24 f	0,00 g	21,31 f	78,69 b
Flint	AT5	245 d	18 a	24 c	432 c	2,04 b	130 a	51 b	8,16 d	46,94 c	44,90 e
Tropical	AT4	245 d	14 b	23 c	322 h	1,20 c	100 c	17 h	10,20 c	46,94 c	42,86 e
Tuxpeño	MA1	255 d	14 b	36 a	504 a	1,88 b	105 c	47 b	3,92 f	37,25 d	58,82 c
Mexicano	MA2	290 c	14 b	25 c	350 g	1,85 b	105 c	36 d	0,00 g	17,24 g	82,76 b
	MA3	330 a	12 b	31 b	372 f	1,72 b	135 a	42 c	0,00 g	1,52 i	98,48 a
x	MA4	235 d	16 a	29 b	464 b	4 a	110 c	75 a	19,15 a	51,06 b	29,79 g
Stiff Stalk Americano	MA5	340 a	12 b	31 b	372 f	1,58 c	120 b	37 d	0,00 g	4,41 i	95,59 a
	MA6	350 a	14 b	27 c	378 e	1,51 c	145 a	34 e	0,00 g	2,86 i	97,14 a
	MA7	245 d	16 a	24 c	384 e	1,26 c	95 c	21 g	18,37 a	57,14 a	24,49 g
Lancaster	LAN1	305 b	16 a	25 c	400 d	1,28 c	130 a	22 g	0,00 g	8,20 h	91,80 a
	LAN2	330 a	14 b	25 c	350 g	1,51 c	75 d	34 e	9,09 d	28,79 e	62,12 c
Tuxpeño	TUX	190 e	12 b	24 c	288 i	1,11 c	115 b	10 i	5,26 e	44,74 c	50,00 d
CV%		16,82	13,32	15,13	14,70	42,01	18,10	47,51	29,87	4,04	1,68

\* testemunha; MMG: massa de mil grãos (g); FE: fileiras por espiga; GF: grãos por fileira; GE: grãos por espiga; EP: espigas por planta; G/P: gramas por planta (g); EPR: espigas por parcela; PN: peneira. Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Scott e Knott (1974), a 5% de probabilidade. CV%: coeficiente de variação.

Quanto ao número de fileiras por espiga (FE), a testemunha AT1 obteve um número alto (TABELA 4), com 18 FE, e se pode afirmar que tem um sabugo de maior diâmetro. A linhagem AT5 apresenta o mesmo número de fileiras de grãos por espiga que a testemunha. Outras cinco linhagens (AT2, AT3, LAN1, MA4 e MA7) apresentaram 16 fileiras de grãos por espiga. Com 14 fileiras as linhagens MA1, MA2, AT4, LAN2 e MA6, e com 12 fileiras as linhagens TUX, MA3 e MA5.

A grande importância da quantidade de fileiras por espiga é diretamente relacionada com o tamanho do sabugo. As linhagens com 18 ou 16 fileiras tendem a ter maior diâmetro de sabugo e grãos menos profundos, resultando em grãos mais leves. Devido a esse fator é preciso selecionar linhagens com menor quantidade de FE e maior profundidade de grão, pois as espigas com grãos maiores tendem a ter maior volume e maior massa de grãos.

Segundo BERGAMASCHI e MATZENUER (2014), o genótipo da planta determina o FE, onde o ambiente resulte em um grau de interferência menor nesta característica. Diferentemente, o número de grãos por fileira é uma característica com influência direta do ambiente, podendo ser afetada por diversos estresses durante a fase vegetativa, como a falta de água e nutrientes.

Quanto ao número de grãos por espiga (GE), a linhagem MA1 também apresentou a maior média de grãos por espiga (TABELA 4), com 504 GE. Apenas as linhagens MA2, AT4, TUX e LAN2 apresentaram GE inferior à testemunha (360 GE), com 350, 322, 288 e 350 GE, respectivamente. As linhagens AT2, AT3, MA1, MA3, LAN1, AT5, MA4, MA5, MA6 e MA7 mostraram-se GE acima da referência.

MOHAMMADI et al. (2003) afirma que o número de grãos por espiga, conjuntamente com a massa de mil grãos, são os componentes mais importantes na predição de rendimento de grãos em híbridos de milho. LEANDRO (2016) cita que linhagens com maior número de grãos por espiga são vantajosas quando se busca obter maior número de sementes, tornando maior a disponibilidade de sementes de determinado híbrido no mercado.

A variável GE também pode ser afetada por estresses durante o período de tempo correspondente entre os estádios vegetativos que inicia no V5 até o V15, que irão determinar a quantidade de grãos em potencial, no início da sua formação dos grãos é a correta polinização (NIELSEN, 2005).

A quantidade de espigas por planta (EP) (TABELA 4) também é uma variável determinante na avaliação das linhagens que elas possam prosseguir em um programa de melhoramento. Estatisticamente, pelo menos 10 linhagens não diferiram entre si, sendo elas: (AT1, AT2, AT3, AT4, MA7, LAN1, TUX, MA5, MA6 e LAN2) apresentaram acima de 1,11 a 1,58 espigas por planta, dentre elas à testemunha (AT1), número considerado excelente para as avaliações do programa de melhoramento genético. Linhagens que apresentam uma quantidade de espiga por planta superior a duas são descartadas, visto que são espigas malformadas e de tamanho reduzido, caracterizando-as de baixa qualidade; plantas oriundas de linhagens com até duas espigas por planta são ideais, as quais demonstram ser de boa granação e de maior tamanho, caracterizando alta qualidade de espiga. Outras quatro linhagens (AT5, MA1, MA2 e MA3) obtiveram 1,72 a 2,04 espigas por planta e a linhagem MA4 teve em média 4 espigas por planta.

Plantas com espigas únicas são mais vigorosas e tendem a conter mais peso na espiga. A quantidade de espigas por planta pode variar com relação ao espaçamento entre plantas e linhas. Segundo os melhoristas Rodrigo Gomes e Francisco Ide, algumas populações observadas em outros campos isolados chegaram a apresentar até nove espigas, e considera-se uma anomalia em função do espaçamento, da fertilidade do solo e da radiação solar recebida. Quantidades excessivas de espigas geram espigas pequenas malformadas, dispensáveis para o programa de melhoramento, gerando o descarte da mesma.

O peso de grãos por planta (G/P) é outra variável com influência direta sobre a produtividade, e são afetadas também pela MMG, GF, FE e EP, reunindo-os em uma única variável. A linhagem MA6, além de apresentar maior MMG, também obteve o maior G/P (TABELA 4), com 145 g, diferença de 65 g em comparação com a testemunha (80 g), mostrando-se como um genótipo superior e de grande interesse. A comparação de médias agrupou as linhagens MA6, AT3, MA3, LAN1 e AT5, que também possuíram valores maiores de G/P, embora outras linhagens também tenham sido superiores a testemunha. Apenas a linhagem LAN2 apresentou G/P inferior à testemunha.

Quanto ao número de espigas por parcela (EPR), a linhagem MA4 diferenciou-se estatisticamente das demais, com 75 EPR (TABELA 4). Dessa maneira, o número de espigas por planta apresentou uma variação, sendo que, o número total de espigas por parcelas (EPR) foi coletado em decorrência da secagem e a polinização das plantas naturalmente, até atingir a umidade de grãos desejada em torno de 14 a 20 %, para realizar a colheita do campo de ensaio das linhagens da estação de pesquisa.

Observou-se uma alta correlação (0,95) entre o número de espiga por parcela (EPR) com a produção média (PM) (TABELA 5), concluindo que o número de espigas por parcela é a variável de maior influência sobre a produção média. Em seguida, o número de grãos por espiga (GE) como segunda variável mais influente sobre a produção média (0,61).

LOPES et al. (2007) chegaram à conclusão de que a MMG exerceu efeito direto sobre o aumento da produtividade de grãos. RIBEIRO (2012) concluiu que a MMG e o número de grãos por planta são as variáveis que mais influenciam sobre a produção média.

Nas avaliações de granulometria, seis linhagens (AT3, MA2, 8XHB39, LAN1, MA5 e MA6) não apresentaram grãos na menor peneira (PN 16) como a testemunha AT1, com 49,12 % AT2; 51,06 % MA4 e 57,14 % MA7 da sua MMG, refletindo em grãos médios (PN 18) (TABELA 4), pelo menos quatro linhagens tiveram mais de 90% de seus grãos na PN 20, MA3 com 98,48%; LAN1 com 91,80%; MA5 com 95,59% e MA6 com 97,14%. Na avaliação de multicolinearidade (alto grau de correlação entre as variáveis independentes) quanto mais próximo o valor do determinante se aproxima de zero mais intensa ela é (MONTGOMERY; PECK; VINING, 2006).

TABELA 5. MATRIZ DE CORRELAÇÃO ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO DE 15 LINHAGENS DE MILHO, ABELARDO LUZ – SC, 2015.

Efeitos	Variáveis			
	PM	EPR	MMG	GE
PM	-	0,95	0,21	0,61
EPR		-	0,13	0,61
MMG			-	0,06
GE				-

PM: produção média, EPR: espigas por parcela, MMG: massa de mil grãos e GE: grãos por espiga.

O efeito direto sobre a produção média das linhagens de milho (TABELA 6) se deu pela variável EPR (0,914). O coeficiente de determinação ( $R^2_{0,919}$ ) a variável explicaram 91,9% da variação da produção média. O efeito indireto de GE sobre EPR também foi alto, maior que o efeito residual o qual reforça a importância dessa variável em relação à produção média. De acordo com IVANOVIC e ROSIC 1985, descrevem que através da análise de trilha, tem efeito de componentes de rendimento sobre a produtividade de grãos no milho.

TABELA 6. ESTIMATIVA DOS EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS EM 15 LINHAGENS SOBRE A PRODUÇÃO DE MILHO, ABELARDO LUZ – SC, 2015.

Efeitos	Variáveis		
	EPR	MMG	GE
Direto PM	0,914	0,086	0,047
Indireto EPR	-	0,116	0,559
Indireto MMG	0,011	-	0,005
Indireto GE	0,028	0,003	-
$R^2$		0,919	
Efeito residual		0,283	
Determinante da matriz		0,615	

Número de Condição: 4.260 PM: produção média, EPR: espigas por parcela, MMG: massa de mil grãos e GE: grãos por espiga.

O material MA6 tem 14 fileiras de grãos por espigas, e a maioria de sua MMG classificado na maior peneira (PN 20) com 97,14% e outros 2,86% na PN 18, o que reflete em ótima qualidade de grãos, sendo grãos grandes e proporção uniforme dentre as peneiras. As linhagens ideais são aquelas com mínima proporção de grãos em PN 16.

Outra característica avaliada foi quanto à classificação do grão (TABELA 7). Oito linhagens avaliadas (AT2, AT3, AT4, TUX, AT5, MA5, MA6 e MA7) apresentaram grão duro, assim como a testemunha. A coloração de grãos (C) também foi avaliada (Anexo 2), 11 linhagens (AT2, AT3, MA2, AT4, MA7, MA6, MA5, MA4, AT5, LAN2, MA3) demonstraram cor do grão amarela, a linhagem MA1 apresentou cor branca e as linhagens TUX e LAN1 cor vermelha.

Linhagens que apresentam grãos de coloração amarela são de interesse, pois há uma necessidade obter altos teores de carotenóides com atividade pró-vitamínicos A. Sendo as xantofilas (luteína, betacriptoxantina e zeaxantina) e carotenos (betacaroteno, alfacaroteno e betazeacaroteno), a fim de tornar disponível maior quantidade desses nutrientes na dieta (WELCH, 2002), os quais são abundantes em grãos de coloração amarela.

TABELA 7. TIPO DE GRÃO, COLORAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE GRÃOS DE 15 LINHAGENS DE MILHO. ABELARDO LUZ – SC, 2015.

Grupos heteroticos	Linhagem	Tipo de grão		
		D	DT	C
Flint Argentino X Flint Tropical	*AT1	X	-	AM
	AT2	X	-	AM
	AT3	X	-	AM
	AT4	X	-	AM
	AT5	X	-	AM
Tuxpeño Mexicano X Stiff Stalk	MA1	-	X	B
	MA2	-	X	AM
	MA3	-	X	AM
	MA4	-	X	AM
	MA5	X	-	AM
	MA6	X	-	AM
	MA7	X	-	AM
Americano	LAN2	-	X	AM
	LAN1	-	X	V
Tuxpeño	TUX	X	-	V

Grupos heteroticos	Linhagem	Classificação		
		A	Q	Br
Flint Argentino X Flint Tropical	*AT1	1,18 h	0,5 c	17,1 a
	AT2	5,14 c	0,1 d	0,78 d
	AT3	1,22 h	0,1 d	0,05 g
	AT4	1,57 g	0,2 d	0,09 g
	AT5	1,56 g	0 e	0,16 f
Tuxpeño Mexicano X Stiff Stalk	MA1	0,78 i	0,1 d	0 h
	MA2	0,12 j	0,1 d	0 h
	MA3	5,02 d	0 e	0 h
	MA4	0,59 i	0,5 c	0,29 e
	MA5	0,52 i	0 e	0 h
	MA6	0,72 i	0 e	0 h
	MA7	3,15 e	0 e	0 h
Lancaster	LAN2	2,67 f	0,7 b	0 h
	LAN1	6,63 b	2,6 a	0,84 c
Tuxpeño	TUX	7,43 a	0,1 d	0,98 b
CV%		0,28	19,20	1,86

\* testemunha; D: Grão Duro; DT: Grão Dentado; C: Cor (AM: Amarelo, B: Branco, V: Vermelho); A: Ardido; Q: Quebrado; B: Brotado. Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Scott e Knott (1974), a 5% de probabilidade. CV%: coeficiente de variação.

Na classificação dos grãos em ardidos (A), quebrados (Q) e brotados (Br) (TABELA 7), a qual é baseada na % da MMG, a testemunha AT1 apresentou 1,18% de A, 0,5% de Q e 17,1% de Br. Nessa avaliação a linhagem que obteve os melhores resultados foi a MA6 que teve 0,72% de A, não apresentando Q e Br. A linhagem que teve menor quantidade de A foi a MA2 com 0,12%, e a que possuiu a maior quantidade de A foi TUX com 7,43%, e essa mesma linhagem desempenhou o maior número de Q com 6,34 g.

A testemunha AT1 diferiu estatisticamente, apresentando um resultado muito discrepante na questão de grãos Br, com 17,1% da MMG, motivo desse alto valor foi em decorrência da linhagem ficar por maior tempo (comparado às demais) após a senescência em campo, devido à colheita ter sido realizada apenas quando todas as plantas mostraram-se secas, dessa maneira, tentando reduzir a umidade dos grãos para níveis de umidade menores que 25%.

As linhagens AT2, AT3, AT4, TUX, LAN1, AT5 e MA4 tiveram entre 0,05% a 0,98 % de grãos Br, enquanto as demais (MA1, MA2, MA3, LAN2, MA5, MA6 e MA7) não apresentaram grãos Br.

## 5 CONCLUSÕES

A linhagem MA6 possui o maior número de características desejáveis em relação aos aspectos morfológicos e agronômicos, destacando-se em gramas de grãos por planta, massa de mil grãos, fileira de grãos por espiga e grãos por fileira, possivelmente por ser oriunda de um cruzamento entre Tuxpeño Mexicano x Stiff Stalk Americano.

Contudo, algumas linhagens apresentaram resultados superiores à testemunha, principalmente as linhagens AT3, MA3, LAN1 e AT5, as quais poderiam ser utilizadas como fêmea em outros programas de melhoramento por apresentarem alta produção em gramas de grãos por planta.

Além disso as linhagens AT3, MA2, AT4, MA3, MA4 e MA7, demonstraram alto nível de tolerância/resistência em relação a doenças, mostrando ser promissoras na transferência dessas características.

## REFERÊNCIAS

- ALVAREZ, C. G. D.; VON PINHO, R. G.; BORGES, I. D. Avaliação de características agrônômicas e de produção de forragem e grãos de milho em diferentes densidades de milho e espaçamento entre linha. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 30, n. 03, p. 402-408, 2006.
- AUTRIQUE, E.; NACHIT, M.M., MONNEVEUX, P.; TANKSLEY, S.D.; SORRELLS, M.E. Genetic diversity in durum wheat based on RFLPs, morphological traits and coefficient of parentage. **Crop Science**, 1996.
- BALBINOT JR, A., BACKES, R., ALVES, A., OGLIARI, J., & FONSECA, J. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 11, n. 2. 2005.
- BARBOSA, M. P. M. **Avaliação do desequilíbrio de ligação e da origem genética em Duplo Haploide de Milho**. Jaboticabal. São Paulo. Julho 2009. 62p.
- BATTISTELLI, G. M. Estratégias para obtenção e identificação de duplo-haploides em milho tropical. Lavras, UFLA. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)**. 2012.
- BELEZE, J.R.F.; ZEOULA, L.M.; CECATO, U.; DIAN, P.H.M.; MARTINS, E.N.; ALENCARIANO JOSÉ DA SILVA FALCÃO, A. J. S. Avaliação de cinco híbridos de milho (*Zea mays*, L.) em diferentes estádios de maturação: produtividade, características morfológicas e correlações. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa - MG, v. 32, n. 3, 2003.
- BELICUAS, P. R. GUIMARAES, C.T.; PAIVA, L.V.; DUARTE, J.M.; MALUF, W.R.; PAIVA, E. Androgenetic haploids and SSR markers as tools for the development of tropical maize hybrids. **Euphytica**, Wageningen, v. 165, n. 1, 2007.
- BERGAMASCHI, H; MATZENUER, R. **O milho e o clima**. Porto Alegre: Emater / RS - Ascar, 2014.
- BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. VARIEDADES HÍBRIDAS: OBTENÇÃO E PREDIÇÃO. In: BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**. Disponível em <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%2015.pdf>> Acesso em 04 de setembro de 2017.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. **Melhoramento de plantas**. 6 Ed. Viçosa, MG. UFLA. 2013.
- CABRERA, A. C. Uso de linhagens parcialmente endogâmicas S3 para a produção de híbridos simples de milho. **Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Vegetal)**. Universidade de São Paulo, ESALQ. 2001.

CAMPOS, H.; COOPER, M.; HABBEN, J. E.; EDMEADES, G. O.; SCHUSSLER, J. R. Improving drought tolerance in maize: a view from industry. **Field Crops Research**, v.90, p.19-34, 2004.

CARRER, H.; BARBOSA, A. L.; RAMIRO, D. A. Biotecnologia na Agricultura. **Dossiê Biotecnologia**, v. 24, n. 70, São Paulo, 2010.

CHASE, S. S.; NANDA, D. K. Comparison of variability in inbred lines and monoploid-derived lines of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 5, n. 4, 1965.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos (2016/2017)**. Brasília, 2017.

CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA (CIB). **Guia do Milho: Tecnologia do campo à mesa Cartilha**. Paraná: CIB, 2010.

COSTA, E. F. N.; SANTOS, P. H. A. D.; FIGUEIREDO, U. J.; FERREIRA, R. A. D. C.; SOUZA, J. C. de. **Avaliação do Caráter Stay-Green em Milho em Diferentes Densidades Populacionais**. UFLA. Lavras - Minas Gerais. 2009.

COUTO, E. G. O. Indução de haploides e duplicação cromossômica em milho. Lavras - UFLA. **Dissertação (Mestrado em Biotecnologia Vegetal)**, 2013.

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

DAVIS, R.L. Report of the plant bleeder. **Rep. Puerto Rico Agricultural Experiment Station**, p. 14-15, 1927.

DURÃES, F.O.M.; MAGALHAES, P.C.; FERRER, J.L.R.; MACHADO, R.A.F. Adaptação de milho às condições de seca: 2. Florescimento e Maturidade Fisiológica de Sementes de Linhagens Contrastantes para o Parâmetro Fenotípico IFMF. In: **CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO**, Uberlândia, MG. ABMS; Embrapa, 2000.

EAST, E.M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experimental Station Report**, Connecticut, v.1907, p.419-428, 1909.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Jornal Eletrônico da Embrapa Milho e Sorgo**. Ano 05 - Edição 31 - Sete Lagoas – MG. Setembro de 2011.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Mercado de sementes de milho no Brasil: safra 2016/2017 / Israel Alexandre Pereira Filho, Emerson Borghi**. - Sete Lagoas : Embrapa Milho e Sorgo, 28 p. : il. -- (Documentos / Embrapa Milho e Sorgo, ISSN 1518- 4277; 202), 2016.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **O programa de melhoramento de milho do centro nacional de pesquisa de milho e sorgo**. Sete Lagoas, Minas Gerais. 2002.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **O programa de melhoramento de milho do centro nacional de pesquisa de milho e sorgo**. Sete Lagoas, Minas Gerais. 1995.

FANCELLI, A. L. **Tecnologia da produção do milho para alta produtividade**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura e Luiz de Queirós, Universidade de São Paulo, 222p. 1994.

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

FERREIRA, E.A. Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em top crosses, em três locais do Estado de São Paulo. Pós-Graduação - IAC. **Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético Vegetal)**. 2008.

FLINT-GARCIA, S.A. BUCKLER, E.S.; TIFFIN, P.; ERSOZ, E.; SPRINGER, N.M. Heterosis is prevalent for multiple traits in diverse maize germplasm. *Plos One*, San Francisco, v. 4, n. 10, 2009.

FORNASIERI FILHO D. 1992. **A cultura do milho**. Jaboticabal: FUNEP. 273p.

GHEBRU, B.; SCHMIDT, R. J.; BENNETZEN, J. L. Genetic diversity of Eritrean sorghum landraces assessed with simple sequence repeat (SSR) markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 105, n. 2, 2002.

GIORGENON, C.H.B. Capacidade de combinação para seleção de genótipos de milho – Jaboticabal: FCAV/UNESP. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)**. 2015, 54 p.

GOOD R.L.; HALLAUER, A.R. Inbreeding depression in maize by selfing and fullsibbing. **Crop Science**, v.17, n.6, 1977.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.; MIRANDA, J. B. F. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. Ames: Iowa State University, 2010.

HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbred lines. **Maydica**, Bergamo, v.35, n.1, p.1-16, 1990.

HESLOT, N.; JANNINK, J. L.; SORRELLS, M. E. Perspectives for Genomic Selection Applications and Research in Plants. **Crop Science**, Madison, v. 55, n. 1, 2014.

IVANOVIC, M.; ROSIC, K. Path coefficient analysis for three stalk traits and grain yield in maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, Bergamo, v. 30, p. 233-239, 1985.

JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station**, v.207, p.5-100, 1918.

KOSHIMA, F.A.T. Estabilidade e adaptabilidade para caracteres de produção em linhagens de milho. Jaboticabal: FCAV/UNESP. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)**. 2009. 80p.

LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M.; GARCIA, A.A.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SOUZA, A.P. Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers? **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 111, n. 7, 2005.

LAUDE, T.P.; CARENA, M. J. Diallel analysis among 16 maize populations adapted to the northern U.S. Corn Belt for grain yield and grain quality traits. **Euphytica**, Wageningen, v. 200, n. 1, 2014.

LEANDRO, K.R. Análise de trilha para seleção de caracteres fenotípicos em linhagens de milho. Uberlândia, Universidade Federal de Uberlândia. **Trabalho de conclusão de curso (Bacharel em Estatística)**. 2016.

LIMA, M. L. A.; GARCIA, A.A.; OLIVEIRA, K.M.; MATSUOKA, S.; ARIZONO, H.; DE SOUZA, C.L.J.; DE SOUZA, A.PI. Analysis of genetic similarity detected by AFLP and coefficient of parentage among genotypes of sugar cane (*Saccharum spp.*). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, n. 1, 2002.

LIMA, M. W. O. P.; SOUZA, E. A.; RAMALHO, M. A. P. Procedimentos para a escolha de populações de milho para a extração de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 153-158, 2000.

LIU, S. CANTRELL, R.G.; MCCARTY-JR, J.C.; STEWART, J.MCD. Simple sequence repeat-based assessment of genetic diversity in cotton race stock accessions. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 5, 2000.

LOPES, S.J.; LÚCIO, A.D.C.; STORCK, L.; DAMO, H.P.; BRUM, B.; SANTOS, V.J.D. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 6, 2007.

LOZADA, B.I.; ANGELOCCI, L.R. Efeito da temperatura do ar e da disponibilidade hídrica do solo na duração de subperíodos e na produtividade de um híbrido de milho. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, Santa Maria, v.7, n.1, p.37-43, 1999.

LU, Y.; YAN, J.; GUIMARÃES, C. T.; TABA, S.; HAO, Z.; GAO, S.; CHEN, S.; LI, J.; ZHANG, S.; VIVEK, B. S.; MAGOROKOSHO, C.; MUGO, S.; MAKUMBI, D.; PARENTONI, S. N.; SHAH, T.; RONG, T.; CROUCH, J. H.; XU, Y. Molecular characterization of global maize breeding germplasm based on genome-wide single nucleotide polymorphisms. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 120, n. 1, 2009.

MAGALHÃES, P.C.; DURÃES, F.O.M.; PAIVA, E. **Fisiologia da planta de milho**. Sete Lagoas: EMBRAPA / CNPMS, 1995. 27p.

MAGNAVACA, R. **Desenvolvimento de híbridos de milho em empresas privadas**. Lavras, UFLA, 1998. p. 163-170.

MANIFESTO, M. M. et al. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 3, 2001.

MARSCHNER, H. Mineral nutrition of higher plants. San Diego: **Academic Press**, 1995.

MIRANDA, G.V, GALVÃO, J. C. **Tecnologia de Produção de Milho**, Editora UFV, Lavras, MG, 2008.

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M.; SINGH, N.N. Sequential path model for determining interrelationship among grain yield related characters in maize. **Crop Science**, Madison, v.43, n.5. 2003.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A.; VINING, G. G. **Introduction to linear regression analysis**. John, Wiley and Sons, Inc., New York, 612p, 2006.

NIELSEN, R. L. Kernel set scuttlebutt. **Corn News Network, West Lafayette, IN**. 2005. Disponível em: <<https://www.agry.purdue.edu/ext/corn/news/timeless/Tassels.html>> Acesso em: 04 de maio de 2017.

NURMBERG, P.L.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em top crosses. In: **Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, 1. 2000, Goiânia: Embrapa, 2000.

PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. 650p.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do milho**. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.

PIERRE, P. M. O. DAVIDE, L.M.C.; COUTO, E.G.O.; SILVA, T.N.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Duplo-haplóides: estratégias para obtenção e importância no melhoramento genético do milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 10, n. 1, 2011.

POSSAMAI, J. M.; SOUZA, C. M.; GALVAO, J. C. C. **Sistemas de preparo do solo para o cultivo do milho safrinha**. Bragantina, Campinas, v. 60, n. 2, p. 79-82, 2001.

PRIOLLI, R.H.G. MENDES-JUNIOR, C.T.; ARANTES, N.E.; CONTEL, E.P.B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, 2002.

R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>. (2009).

REPKE, R.A.; CRUZ, S.J.S.; MARTINS, M.B.; SENNA, M.S.; FELIPE, J.S.; DUARTE, A.P. e BICUDO, S.J. **Altura de planta, altura de inserção de espiga e número de plantas acamadas de cinco híbridos de milho**. XXIX CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO - Águas de Lindóia – São Paulo, 2012.

REZENDE, R.; FREITAS, P.S.L.; MARTOVANI, E.C.; FRIZZONE, J.A. Função de produção da cultura do milho e do feijão para diferentes lâminas e uniformidade de aplicação de água. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.266, n.4, p.503-511, 2004.

RIBEIRO, C. B. Caracteres que explicam a heterose na produtividade de grãos de milho. Lavras: UFLA. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)**. 2012.

RODRIGUES JUNIOR, C.J. 1980. **Mecanismos de resistência das plantas aos agentes patogênicos**. Lisboa, Junta de Investigações Científicas do Ultramar.

SANGOI, L.; LECH, U.; RAMPAZZO, C. Acúmulo de matéria seca em híbridos de milho sob diferentes relações entre fonte e dreno. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília - DF, v.37, n.3, 2002.

SANTOS, F. M. C. Capacidade de combinação de híbridos comerciais de milho visando à obtenção de híbridos de F2. **Dissertação (Mestrado em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia)** – Pós-Graduação – IAC. 2009.

SCHÖN, C. C. DHILLON, B.S.; UTZ, H.F.; MELCHINGER, A.E. High congruency of QTL positions for heterosis of grain yield in three crosses of maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 120, n. 2, 2010.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, 1974.

SHULL, G.H. **A pure line method of corn breeding**. Report “American Breeders Association”, Washington, v.5, p.51-59, 1909.

SOUZA SOBRINHO, F. Divergência genética de híbridos simples e alternativas para a obtenção de híbridos duplos de milho. 2001. 96p. **Tese (doutorado em genética e melhoramento de plantas)**. UFLA – Universidade Federal de Lavras. 2001.

TESTER, M.; LANGRIDGE, P. Breeding Technologies to Increase Crop Production in a Changing World. **Science**, v.327, 2010.

UN DESA - United Nations Department of Economic and Social Affairs. World Economic and Social Survey. **Policy Brief No. 12**. New York: United Nations. Disponível em: <[http://www.un.org/en/development/desa/policy/wess/wess\\_current/2011wess.pdf](http://www.un.org/en/development/desa/policy/wess/wess_current/2011wess.pdf)>. Acesso em 8 de agosto de 2017.

USDA – UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Supply and Demand Estimates, October/2017**. Disponível em: <[https://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/Secretary\\_Briefing.pdf](https://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/Secretary_Briefing.pdf)>. Acesso em 20 de outubro de 2017.

VAN INGHELANDT, D.; MELCHINGER, A.E.; LEBRETON, C.; STICH, B. Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding program assessed with SSR and SNP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 120, n. 7, 2010.

WELCH, R.M. Breeding strategies for biofortified staple plant foods to reduce micronutrient malnutrition globally. **Journal of Nutrition**, v.132, 2002.

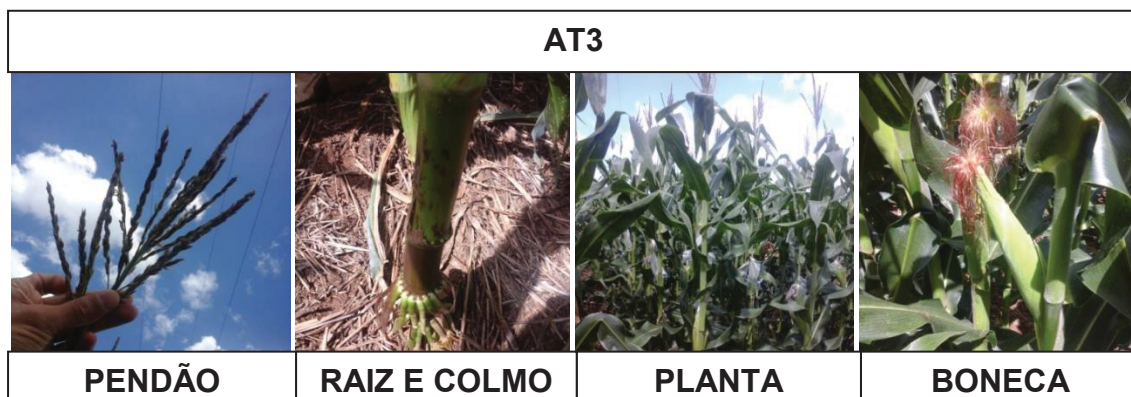
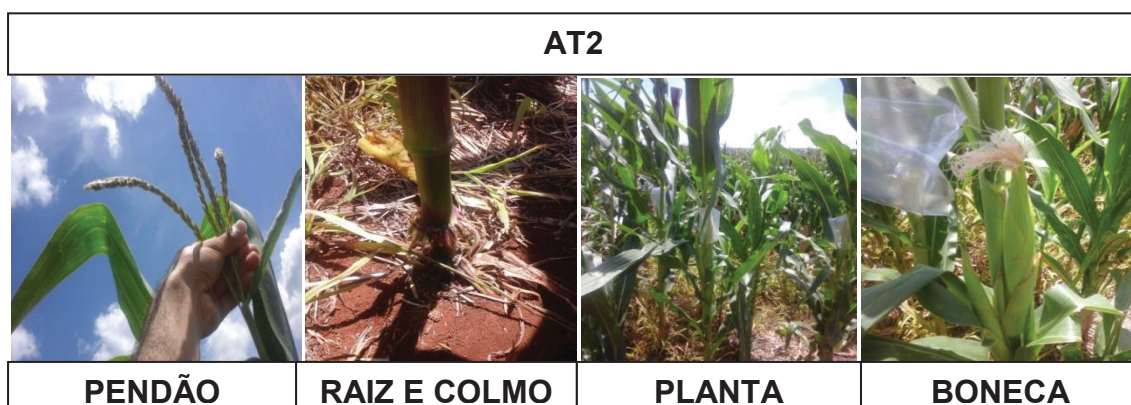
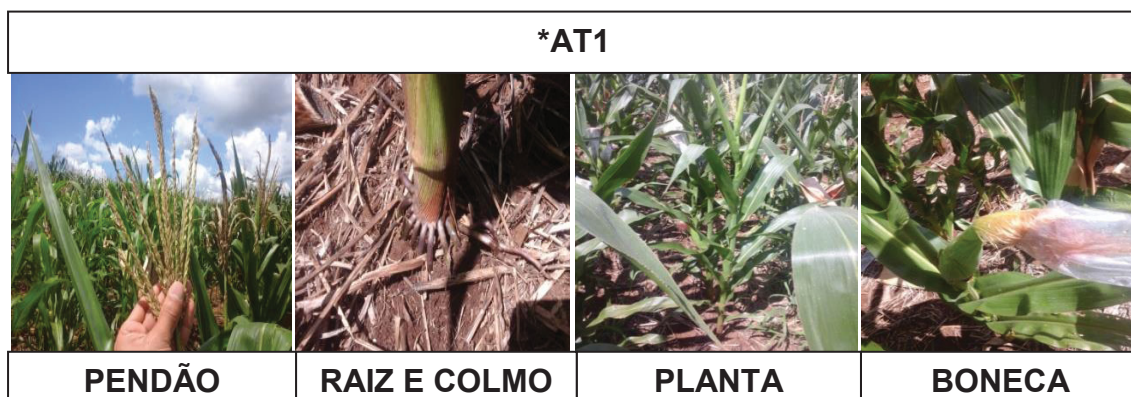
WELLHAUSEN, E. J. Recent developments in maize breeding in the tropics. In: D. B. Walden (Ed.) **Maize breeding and genetics**. New York: 1978.

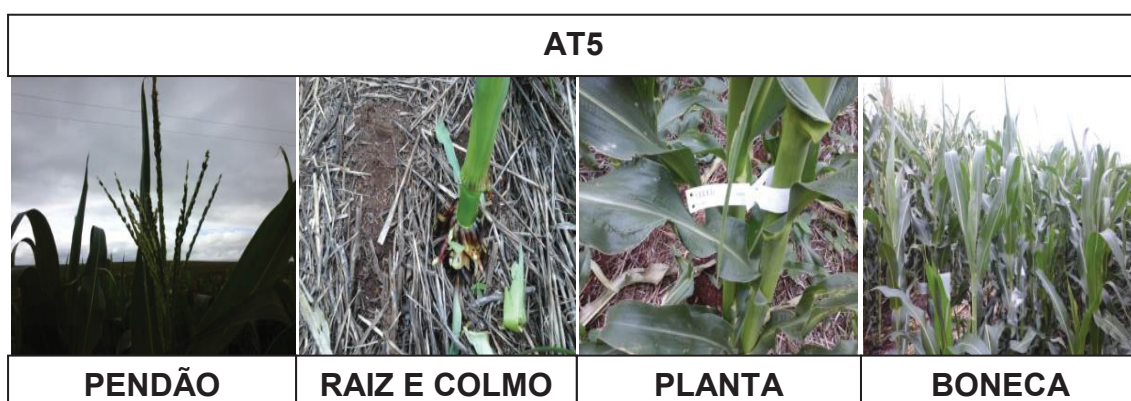
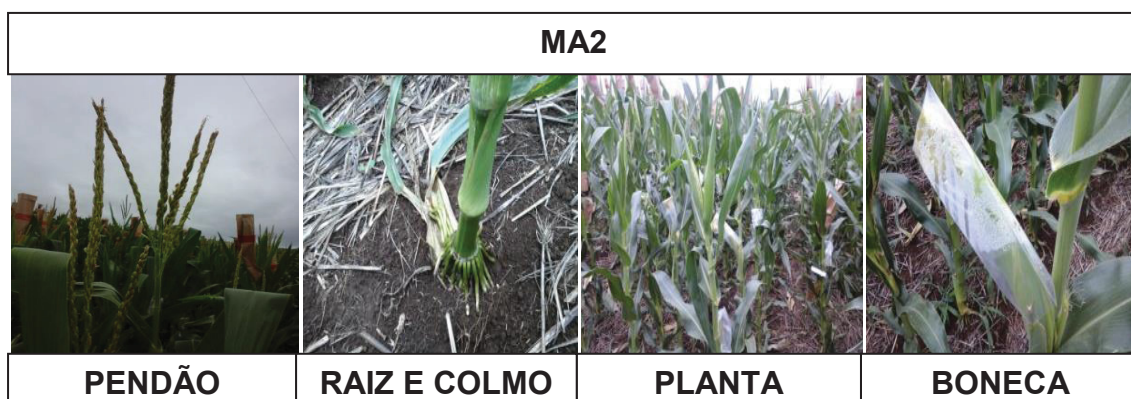
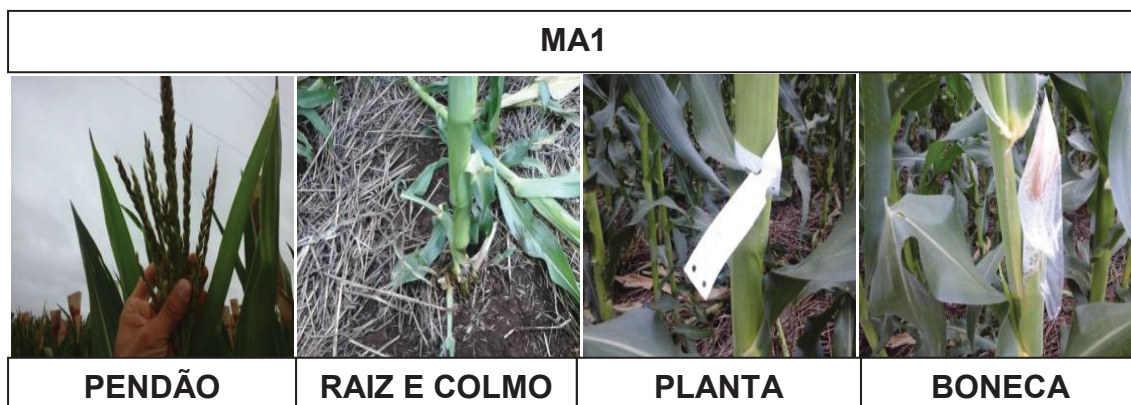
WILSON, J.R. 1993. **Forage cell wall structure and digestibility**. Pp. 1-32. In: J.R. Wilson (Ed.). Organization of forage plant tissues. USA, Rd. Madison.

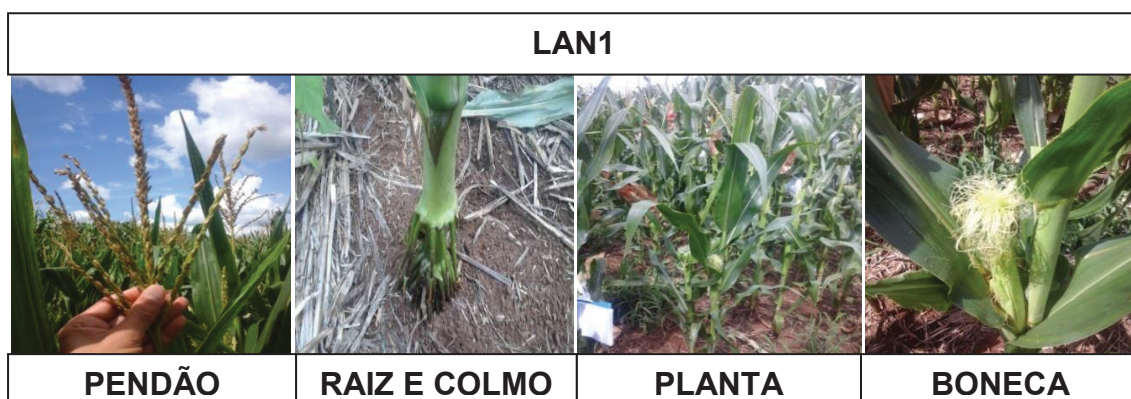
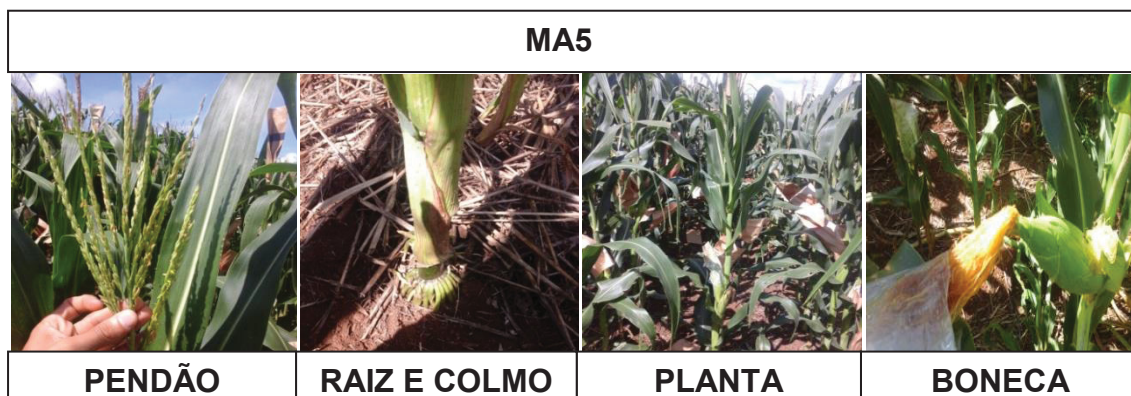
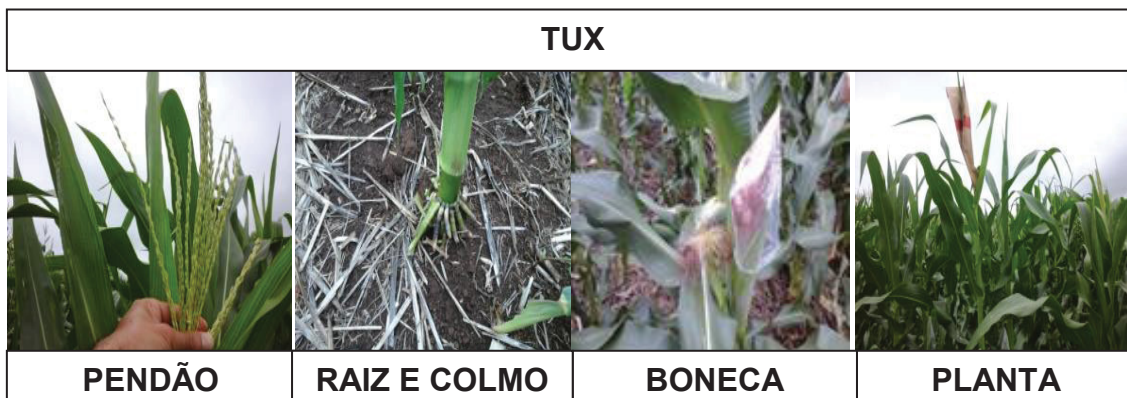
ZAIDI, P. H.; YADAV, M.; SINGH, D. K.; SINGH, R. P. Relationship between drought and excess moisture tolerance in tropical maize (*Zea mays* L.). **Australian Journal of Crop Science**, v.1, n.3, p.78-96, 2008.

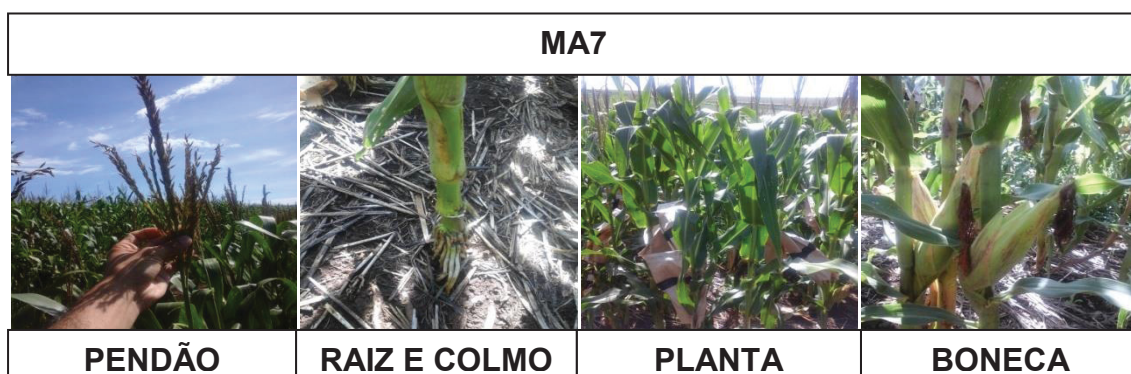
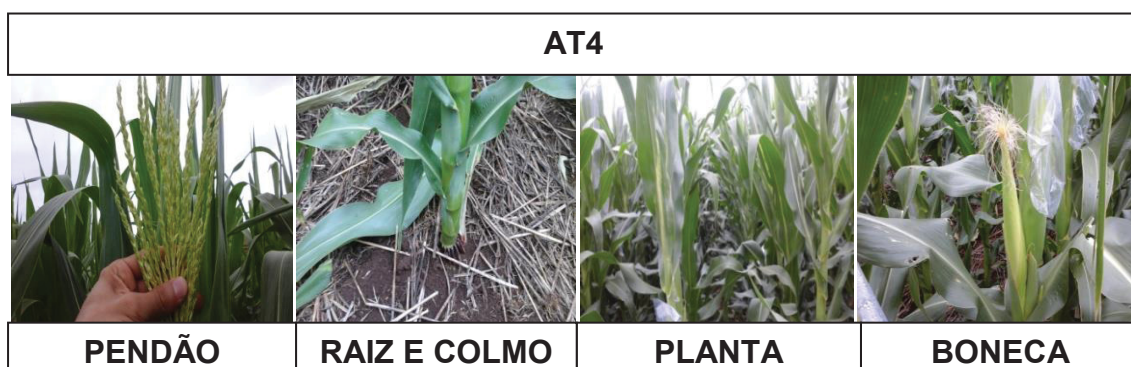
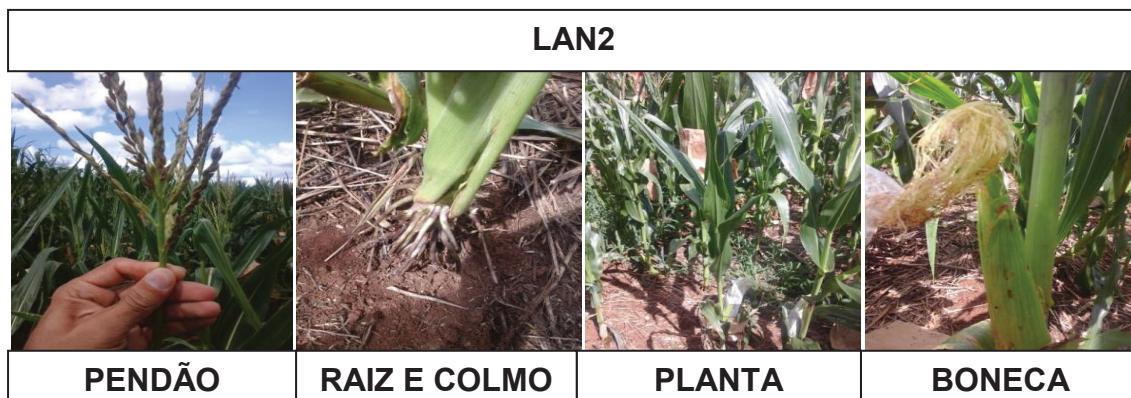
**ANEXOS**

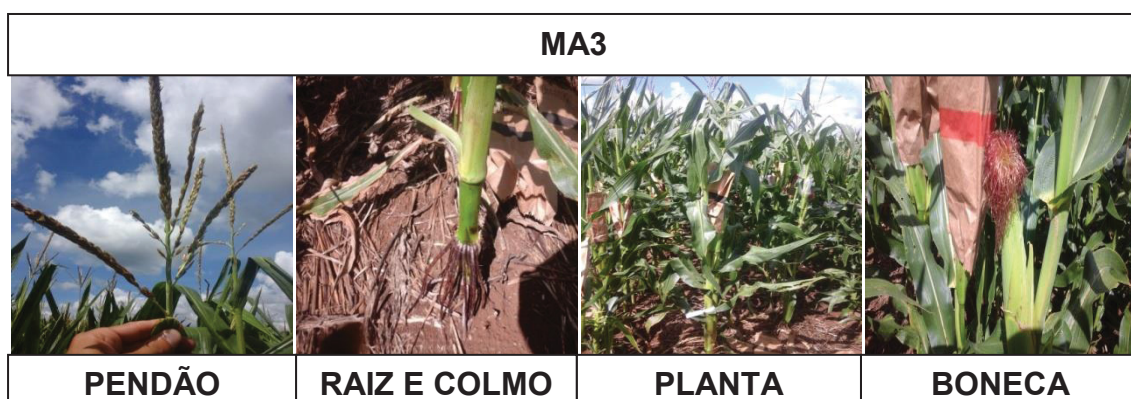
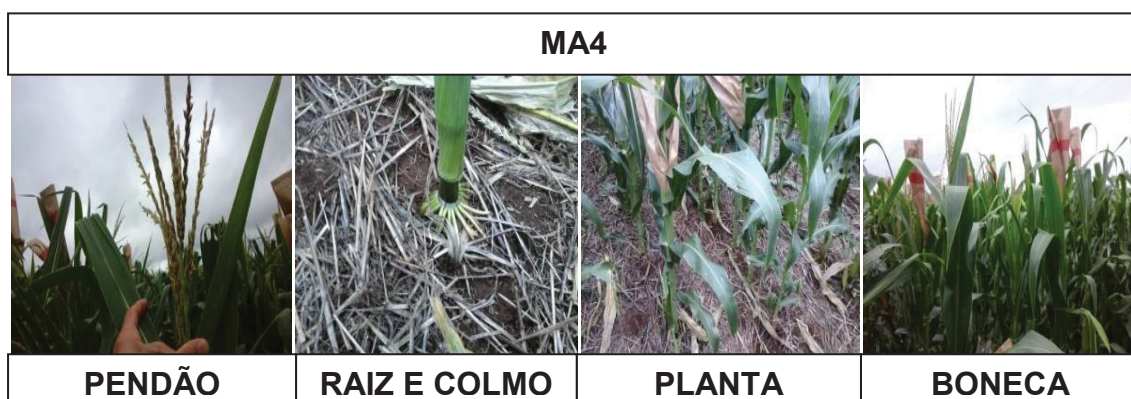
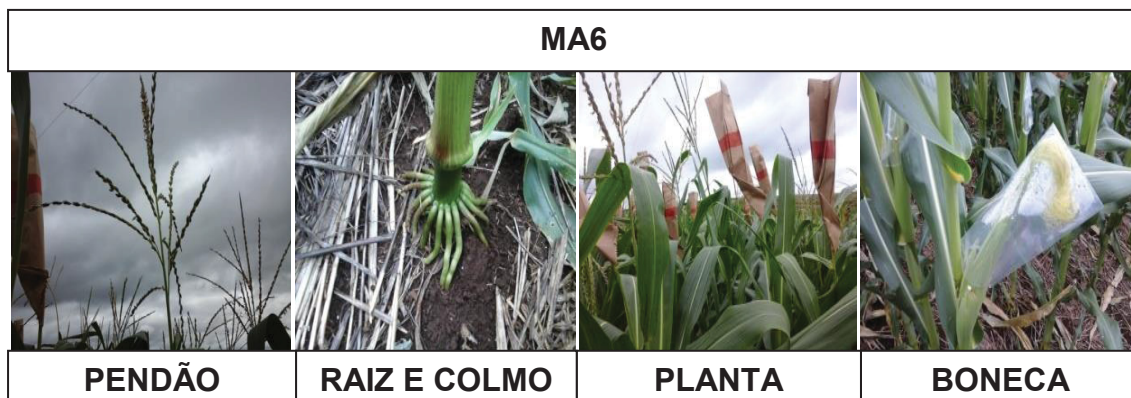
Anexo 1. Imagens ilustrativas de cada linhagem durante avaliações no campo experimental.











Anexo 2. Imagens ilustrativas das espigas de cada linhagem durante avaliações após a colheita.

