

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DE
MILHO COM ADUBAÇÃO E SEM ADUBAÇÃO FOSFATADA**

FLORENCIO DAVID VALDEZ OCAMPO

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2017**

**SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS
DE MILHO COM ADUBAÇÃO E SEM ADUBAÇÃO FOSFATADA**

FLORENCIO DAVID VALDEZ OCAMPO

Engenheiro Agrônomo

Orientador: PROF. DR. MANOEL CARLOS GONÇALVES

Co-orientadora: PROF^a. DR^a. LIVIA MARIA CHAMMA DAVIDE

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

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2017**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

O15s	<p>Ocampo, Florencio David Valdez. Seleção simultânea de progênies de meios irmãos de milho com adubação e sem adubação fosfatada. / Florencio David Valdez Ocampo. – Dourados, MS : UFGD, 2022.</p> <p>Orientador: Prof. Manoel Carlos Gonçalves. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados.</p> <p>1. Zea mays L. 2. Adubação fosfatada. 3. Índices de seleção. 4. Parâmetros genéticos. I. Título.</p>
------	---

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central – UFGD.

©Todos os direitos reservados. Permitido a publicação parcial desde que citada a fonte.



ATA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE MESTRADO APRESENTADA PELO CANDIDATO FLORENCIO DAVID VALDEZ OCAMPO, ALUNO DO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO STRICTO SENSU EM AGRONOMIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO "PRODUÇÃO VEGETAL".

Ao primeiro dia do mês de setembro de dois mil e dezessete às treze horas e trinta minutos, em sessão pública, realizou-se na Universidade Federal da Grande Dourados, a Defesa de Dissertação de Mestrado intitulada "Seleção simultânea de progênies de meios irmãos de milho com adubação e sem adubação fosfatada", apresentada pelo mestrando FLORENCIO DAVID VALDEZ OCAMPO, do Programa de Pós-Graduação em AGRONOMIA, à Banca Examinadora constituída pelos membros: Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves/UFPGD (presidente/orientador), Profa. Dra. Liliam Silvia Candido/UFPGD (membro titular), Profa. Dra. Nancy Farfan Carrasco/IFMS (membro externo). Iniciados os trabalhos, a presidência deu a conhecer ao candidato e aos integrantes da Banca as normas a serem observadas na apresentação da Dissertação. Após o candidato ter apresentado a sua Dissertação, os componentes da Banca Examinadora fizeram suas arguições. Terminada a Defesa, a Banca Examinadora, em sessão secreta, passou aos trabalhos de julgamento, tendo sido o candidato considerado APROVADO, fazendo jus ao título de MESTRE EM AGRONOMIA. Nada mais havendo a tratar, lavrou-se a presente ata, que vai assinada pelos membros da Comissão Examinadora.

Dourados, 01 de setembro de 2017.

Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves _____

Profa. Dra. Liliam Silvia Candido _____

Profa. Dra. Nancy Farfan Carrasco _____

A Deus, minha família e amigos

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Aos meus orientadores, Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves e Profa. Dra. Livia Maria Chamma Davide, pelas orientações acadêmicas e profissionais durante o mestrado.

Ao Diretor da Faculdade de Ciências Agrárias e Coordenador do Programa de Pós-graduação em Agronomia da Universidade Federal da Grande Dourados pela acolhida e tratamento humano.

A todos os professores da pós-graduação que contribuíram para a minha formação.

Aos amigos de pós-graduação em especial Arthur Kenji Mendes Maeda, Raul Sánchez Jara, Renata Marchiori, Wesley Souza Prado e Euriann Lopes Marques Yamamoto.

A todos aqueles que contribuíram para a realização deste trabalho e para a minha formação.

SUMÁRIO

	PÁGINA
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Considerações gerais sobre a cultura do milho.....	3
2.2. Fosforo na cultura do milho.....	3
2.3. Parâmetros genéticos.....	4
2.4. Seleção simultânea de caracteres	6
3. MATERIAL E MÉTODOS	11
3.1. Obtenção das progênies de meios-irmãos (PMI)	11
3.2. Ensaios de avaliação das progênies de meios-irmãos	12
3.3. Análises estatísticas e genéticas	14
3.3.1 Análises de variância das progênies de meios irmãos.....	14
3.3.2. Estimacão de parâmetros genéticos.....	15
3.3.3. Índices de seleçã.....	16
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
4.1. Avaliação das PMI em diferentes níveis de P	21
4.2. Estudo de Parâmetros genéticos.....	24
4.3. Índice de seleçã.....	27
5. CONCLUSÕES.....	31
6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	32
7. ANEXOS.....	40

LISTA DE TABELAS

	PÁGINA
Tabela 1. Ciclo, cor do grão, tipo do grão, nível de tecnologia e empresa detentora das variedades utilizadas para a extração das progênes de meios-irmãos.....	11
Tabela 2. Análise química do solo da camada 0-20 cm de profundidade e características climáticas da área experimental em Dourados-MS, safra 2015.....	13
Tabela 3. Resumo da análise de variância para caracteres morfoagronômicos em 250 progênes de meios-irmãos de milho e 6 testemunhas referente a dois experimentos na presença e ausência de adubação fosfatada.....	23
Tabela 4. Estimativas dos componentes da variância para caracteres morfoagronômicos em 250 progênes de meios-irmãos de milho e 6 testemunhas, avaliadas em ambiente com presença e ausência de adubação fosfatada.....	26
Tabela 5. Estimativas de ganho nos caracteres agronômicos e de produção utilizando a herdabilidade (h^2), desvio padrão genético (DPg), coeficiente de variação genético (CVg), índice de coeficiente de variação (CVr) e pesos arbitrários (PA), como peso para os índices de Smith e Hazel, Mulamba e Mock, Pesek, Baker e distância Genótipo-Ideótipo, em 250 progênes de meios irmãos de milho e 6 testemunhas em ausência de adubação fosfatada.....	28
Tabela 6. Estimativas de ganho nos caracteres agronômicos e de produção utilizando a herdabilidade (h^2), desvio padrão genético (DPg), coeficiente de variação genético (CVg), índice de coeficiente de variação (CVr) e pesos arbitrários (PA), como peso para os índices de Smith e Hazel, Mulamba e Mock, Pesek e Baker e distância Genótipo-Ideótipo, em 250 progênes de meios irmãos de milho e 6 testemunhas em presença de adubação fosfatada.....	30

LISTA DE ANEXOS

Anexo 1. Progênies selecionadas em presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico o CVg.....	41
Anexo 2. Progênies selecionadas em presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico DPg.....	42
Anexo 3. Progênies selecionadas em presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico h^2	43
Anexo 4. Progênies selecionadas em presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico PA.....	44
Anexo 5. Progênies selecionadas em presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico CVr.....	45
Anexo 6. Progênies selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico CVg.....	46
Anexo 7. Anexo 6. Progênies selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico DPg.....	47
Anexo 8. Progênies selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico H^2	48
Anexo 9. Progênies selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico CVr.....	49
Anexo 10. Progênies selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico PA.....	50
Anexo 11. Progênies selecionadas em alta disponibilidade de fósforo, com o índice de Pesek e Baker, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h^2 , PA e CVr.....	51
Anexo 12. Progênies selecionadas em presença de adubação fosfatada, com o índice de Mulamba e Mock, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h^2 , PA e CVr..	52
Anexo 13. Progênies selecionadas em presença de adubação fosfatada, com o índice de Smith e Hanzel, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h^2 , PA e CVr....	53

Anexo 14. Progênes selecionadas em presença de adubação fosfatada, com o índice da Distancia Genótipo Ideótipo, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H ² , PA e CVr.....	54
Anexo 15. Progênes selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com o índice de Pesek e Baker, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h ² , PA e CVr.....	55
Anexo 16. Progênes selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com o índice de Mulamba e Mock, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h ² , PA e CVr..	56
Anexo 17. Progênes selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com o índice de Smith e Hanzel, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h ² , PA e CVr.....	57
Anexo 18. Progênes selecionadas em ausência de adubação fosfatada, com o índice da Distancia Genótipo Ideótipo, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h ² , PA e CVr.....	58

Ocampo , F. D. V. Seleção simultânea de progênies de meios irmãos de milho com adubação e sem adubação fosfatada. 2017. 70 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS.

RESUMO

A seleção de genótipos superiores em milho pode ser realizada com base em índices de seleção. Essa metodologia têm sido eficientes para a obtenção de genótipos superiores, por permitir predição simultaneamente ganhos para caracteres de importância agrônômica. Desta forma, os objetivos do presente trabalho foram avaliar o ganho percentual e total com a seleção de 250 progênies de meios irmãos de milho e 6 testemunhas, baseada em índices de seleção; avaliar as correlações entre as características avaliadas, e estimar os parâmetros genéticos mais importantes em ambiente com presença e ausência de adubação fosfatada. Para isso, foram selecionadas 250 progênies de meios irmãos provenientes do cruzamento ao acaso de 5 variedades de milho as quais apresentaram bom desenvolvimento nas condições ambientais de Mato Grosso do Sul. Posteriormente essas progênies foram avaliadas em dois ambientes (na presença e ausência de adubação fosfatada). Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos incompletos látice simples 16x16 com duas repetições. As avaliações feitas nas progênies de meios irmãos foram produtividade de grãos, altura de espiga, altura de planta, diâmetro de colmo, floração feminina, floração masculina, intervalo de florescimento, diâmetro de espiga e comprimento de espiga. A análises de variância realizada, e posteriormente os parâmetros genéticos estimados evidenciaram comportamento diferenciado das progênies em base às condições ambientais de presença e ausência de adubação fosfatada. Para a predição de ganhos com a utilização de índices de seleção as progênies foram submetidas uma intensidade de seleção de 20 %, foi utilizada quatro métodos de índices de seleção com cinco pesos econômicos diferentes. Os resultados indicam que maior predição de ganhos para produtividade de grãos com o método de Mulamba e Mock na ausência de adubação fosfatada e na presença de adubação.

Palavras chave: *Zea mays* L., adubação fosfatada, índices de seleção, parâmetros genéticos.

Ocampo, F. D. V. Simultaneous corn half-sib progenies selection with and without phosphate fertilization. 2017. 70 f. Dissertation (Master in Agronomy) - Federal University of Grande Dourados, Dourados - MS.

ABSTRACT

The selection of superior genotypes in corn can be performed on the basis of selection indexes. This methodology has been efficient to obtain superior genotypes, since it allows prediction simultaneously gains for characters of agronomic importance. In this way, the objectives of the present work were to evaluate the percentage and total gain with the selection of 250 progenies of half sibs and six controls, based on selection indexes; to evaluate the correlations between the characteristics evaluated, and to estimate the most important genetic parameters in an environment with presence and absence of phosphate fertilization. For this purpose, 250 progenies of half siblings were selected from the random crossbreeding of five maize varieties, which showed good development in the environmental conditions of Mato Grosso do Sul. Later, these progenies were evaluated in two environments (in the presence and absence of phosphate fertilization). The experiments were installed in a simple lattice incomplete blocks design with two replicates. The evaluations made in the progenies of half siblings were grain yield, ear height, plant height, stem diameter, female flowering, male flowering, flowering interval, ear diameter and ear length. The analysis of variance performed, and later the estimated genetic parameters showed a differentiated behavior of the progenies based on the environmental conditions of presence and absence of phosphate fertilization. For the prediction of gains with the use of selection indexes the progenies were submitted to a selection intensity of 20%, four selection indices methods with five different economic weights were used. The results indicate that greater prediction of grain yield gains with the method of Mulamba and Mock in the absence of phosphate fertilization, and in the presence of fertilization.

Key words: *Zea mays* L., phosphate fertilization, Selection of indexes, genetic parameters.

1. INTRODUÇÃO

O milho é uma das mais importantes culturas, ocupando um lugar de destaque na pesquisa científica e na economia mundial. É utilizado como fonte para a alimentação humana e animal, também como matéria prima para a indústria.

Existem muitos problemas com os diversos fatores que afetam a produtividade da cultura de milho, os estresses abióticos como o déficit de nutrientes podem desencadear uma série de respostas negativas nas plantas a partir de alterações da expressão gênica e do metabolismo celular. O genótipo também influencia na resposta das plantas ao estresse. Conseqüentemente, a diferente combinação de condições pode provocar respostas diferenciadas das plantas para um mesmo tipo de estresse (FRITSCHÉ-NETO e BORÉM, 2011).

Alguns estudos buscam identificar e caracterizar genótipos mais eficientes na absorção de nutrientes, visando melhor adaptação dos cultivares às diferentes condições de cultivo. Na cultura do milho e principalmente no Brasil, ainda é incipiente pesquisas sobre a procura de progênies eficientes na absorção e utilização de P realizados (FERNANDES; MURAOKA, 2002; FIDÉLIS et al., 2008; FRITSCHÉ NETTO, 2011; MACHADO et al., 2001; MAEDA, 2016), mesmo sendo um dos seis macronutrientes (N, P, K, Ca, Mg e S) essenciais na planta.

É por isso que o melhoramento genético vegetal apresenta-se como uma valiosa estratégia para o aumento da produtividade de forma sustentável e ecologicamente (BORÉM & MIRANDA, 2013). Os estudos que buscam encontrar progênies eficientes no uso de P podem contribuir na redução da dependência de importação de fosfatados, e o aumento de produtividade em regiões de baixo uso de insumos. Entretanto, a maioria das cultivares desenvolvidas pelos programas de melhoramento de plantas é voltada exclusivamente para altas produtividades em ambientes favoráveis, demandam altas doses de insumos e, em geral, utilizam estes insumos de forma ineficiente.

Para se estabelecer as bases de um programa de seleção para eficiência no uso de P, é importante fundamentalmente conhecer a variabilidade genética das populações escolhidas. Esta variabilidade pode ser detectada através de estudos prévios que visem a estimação de parâmetros genéticos que são ferramentas importantes nos programas de melhoramento e o estudo de correlações entre caracteres, muitas vezes em condições ou ambientes específicos (PACKER, 1998).

Nos programas de melhoramento, a seleção de genótipos superiores é realizada com base em índices, por permitir obter ganhos para diversos caracteres de importância agronômica e econômica, simultaneamente. Os índices de seleção são técnicas multivariadas que associam as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada. Funcionam como um caráter adicional, resultante da combinação de determinadas características escolhidas pelo melhorista, permitindo melhorar diversos caracteres simultaneamente, independentemente da existência ou não de correlação entre estes (CRUZ e REGAZZI, 2001; VILARINHO *et al.*, 2003).

A seleção de progênies realizadas com base em um determinado índice pode aumentar a eficiência do processo de seleção, permitindo selecionar genótipos com padrões agrônomicos mais próximos aos genótipos ideais em menor espaço de tempo.

Com tudo o objetivo geral do presente trabalho foi avaliar a predição de ganho percentual e total com a seleção de 250 progênies de meios irmãos de milho e 6 testemunhas, baseada em diferentes índices de seleção e diferentes pesos econômicos

Os objetivos específicos foram:

- Estimar parâmetros genéticos das progênies de meios irmãos nos dois ambientes em estudo.
- Avaliar PMI em diferentes níveis de P
- Aplicar índices de seleção com as progênies selecionadas.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Considerações gerais sobre a cultura do milho

O milho é originário da América Central e tem sido desenvolvido nos últimos oito mil anos, na América do Sul, o milho era cultivado pelos indígenas sob diferentes condições, épocas de semeadura e altitudes, principalmente, pela grande variabilidade genética existente e especificidade desenvolvida pela cultura em ambientes específicos. Na sequência, variedades de milho indígenas foram melhoradas pelos povos ocidentais do hemisfério Norte, que desenvolveram as primeiras raças comerciais, que mais tarde foram reintroduzidas na América do Sul, dando origem as nossas raças recentes (PATERNIANI et al., 2000).

Por volta de 1915, ocorreu uma introdução de milho no Brasil procedente da América do Norte, que foi cultivada e cruzada com o milho local. A partir desses cruzamentos, foram produzidas muitas variedades que foram, posteriormente, disseminadas pelo país. Na sequência desse período, os agricultores deram início ao processo de seleção simples, selecionando de suas lavouras as melhores espigas de plantas individuais (PATERNIANI e CAMPOS, 1999).

A principal utilização do milho é como constituinte de rações para nutrição de suínos, aves e bovinos. (ABIMILHO, 2016). Embora a principal utilização seja como fonte de energia através do amido dos seus grãos, o milho também pode ser empregado como matéria prima em diferentes segmentos e produtos, tendo mais de 3.500 formas de utilização direta e indireta.

A produção nacional de milho na safra de 2015/2016 atingiu um volume de aproximadamente 66,6 milhões de toneladas, das quais 40,8 milhões de toneladas foram produzidos na segunda safra. Na segunda safra de 2013/14 alcançou-se uma produção recorde de 48,3 milhões de toneladas, apresentando um incremento de 2,9% comparado com safra anterior. Na segunda safra de 2015/2016 a produtividade caiu em relação aos anos anteriores, devido à falta de chuvas nas principais regiões produtoras do país (CONAB, 2016).

2.2. Fosforo na cultura do milho

Os solos do Brasil são carentes de fósforo (P) em consequência do material que lhe deu origem, como rochas basálticas, ricos em sesquióxidos, gibsite e caulinita (RAIJ, 1991) e segundo Rolim Neto et al., (2004) isso se deve também pela a quantidade e a área

da superfície dos óxidos de Fe e Al, que têm participação no aumento da adsorção de fosfato. A adsorção do P ocorre primeiramente nos sítios de menor labilidade e, em seguida, o P remanescente é remanejado em frações retidas com menor energia e de maior disponibilidade para as plantas (RHEINHEIMER e ANGHINONI, 2001).

O fósforo é elemento chave em processos metabólicos ligados à energia e à ativação enzimática, e participa ainda na formação de compostos bioquímicos, como ácidos nucleicos e fosfolipídios, dos quais depende todo o funcionamento da planta. Deficiência de fósforo acarreta alterações na morfologia, na fisiologia da planta, no transporte e na utilização interna de outros nutrientes. A principal forma de suprimento de fósforo nos solos brasileiros tem sido o uso de fertilizantes. Devido à alta capacidade de adsorção de fósforo nos solos argilosos, altas doses de adubos fosfatados são necessárias para obter altas produtividades (DECHEN e NACHTIGALL, 2007).

Segundo os mesmos autores o fósforo no solo é dividido em dois grandes grupos, dependendo da natureza do composto a que está ligado: o fósforo inorgânico, forma na qual as plantas são capazes de absorver, e fósforo orgânico, que deve ser mineralizado para que as plantas possam absorvê-lo.

O fosforo é um dos seis macronutrientes (N, P, K, Ca, Mg e S) para o desenvolvimento das plantas, desempenhando papel importante na produção, na transferência e no armazenamento de energia via ATP e NADPH, em todos os processos biológicos. É componente central de processos metabólicos, incluindo fotossíntese e respiração, participa da ativação e desativação de enzimas, é elemento estrutural dos ácidos nucleicos e fosfolipídios, e serve como um componente em sinais de cascatas de tradução (RAUSCH e BUCHER, 2002).

A concentração de fósforo na planta é relativamente pequena, mas a deficiência desse elemento no solo pode resultar em atraso na maturação, redução no desenvolvimento floral, baixa qualidade de sementes e decréscimo na produtividade (HYLAND et al., 2005). Limitações na disponibilidade de P no início do ciclo vegetativo podem resultar em restrições no desenvolvimento das plantas, não havendo possibilidade de recuperação posteriormente, mesmo aumentando o suprimento de P a níveis adequados (GRANT et al., 2001).

2.3 Parâmetros genéticos

O acompanhamento da população segregante possibilita ao melhorista o controle de sua população e de seus métodos. No entanto, a eficiência dos métodos adotados

depende de informações que podem ser preditas por meio dos componentes de variância. Assim, a obtenção destes componentes tem sido de fundamental importância no melhoramento genético (MAURO et al., 1995; CRUZ et al., 2012).

O uso da variância no estudo dos caracteres quantitativos tem algumas vantagens, como, por exemplo, o fato de os efeitos individuais de cada loco ao serem elevados ao quadrado impossibilita que os efeitos de vários locos se cancelem caso os genes dominantes estejam agindo em sentidos contrários, e, isso faz com que se tenha uma ideia verdadeira do que realmente está ocorrendo, diferente do que ocorre com o uso da média.

Outra vantagem do uso da variância é possibilitar a estimativa de parâmetros genéticos e ambientais, permitindo identificar o tipo de ação gênica predominante no controle do caráter sob seleção e adotar estratégias de melhoramento mais eficientes, tanto para a obtenção de ganhos genéticos, como para manutenção de base genética mais adequada (RAMALHO et al., 1993; MAURO et al., 1995; RAMALHO et al., 2012, Cruz et al., 2012).

A estimativa de parâmetros genéticos possibilita a obtenção de informações sobre a natureza da ação gênica envolvida na herança dos caracteres e fornece bases para a avaliação dos programas de melhoramento genético de uma população (ROBINSON e COCKERHAM, 1965). Assim, as variâncias aditiva e de dominância, a herdabilidade e as correlações genéticas estão, dentre os parâmetros genéticos, como os mais importantes para a escolha das populações-base e do método de seleção mais adequado (LORDÊLO, 1982), e um dos primeiros passos num programa de melhoramento (GERALDI, 1977).

Somente com o conhecimento desses parâmetros, o melhorista pode tomar decisões acertadas sobre os métodos a serem seguidos (MORETI et al., 1994). É sabido, também, que cada população apresentará, em cada ambiente, valores diferentes para os diversos parâmetros genéticos e estatísticos, pois esses parâmetros dependem da estrutura genética da população e das condições ambientais.

Sendo assim, pouco vale utilizar parâmetros estimados em outros locais e referentes a outras populações, para resolver problemas específicos, tais como fazer a previsão do progresso genético para certa população sob seleção. Neste caso, apenas parâmetros estimados na própria população e no próprio local têm valor (MORETI et al., 1994).

A estimativa da herdabilidade representa a proporção da variação fenotípica total que é devida a diferenças genéticas (RAMALHO et al., 2012). A herdabilidade é importante por ser uma medida da hereditariedade de qualquer caráter; ela estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo, ou o grau de correspondência entre valor fenotípico e valor genético (FALCONER, 1987; NYQUIST, 1991; RAMALHO et al., 2012).

Dentre as utilidades do conhecimento sobre a herdabilidade do caráter, a que tem maior destaque num programa de melhoramento é a possibilidade de estimar o ganho com a seleção antes que esta seja realizada. A importância dessa estimativa é devido ao fato de permitir, entre outras coisas, que o melhorista escolha o método de seleção mais eficiente e as possíveis alternativas para se conduzir o processo seletivo (RAMALHO et al., 2012).

Um programa de melhoramento é mais efetivo quando age sobre caracteres de alta herdabilidade e que tenham alguma associação com a produtividade ou outro caráter de importância econômica. Daí a relevância de se realizarem trabalhos no sentido de estimar parâmetros genéticos como herdabilidade, correlação e ganhos genéticos (PEREIRA, 1985).

Outra forma de estimar a variabilidade genética de uma população, principalmente em etapas mais avançadas de um programa de melhoramento, é através do uso do coeficiente de variância genético (CVg). O CVg representa a razão entre o desvio-padrão genético e a média da população, ou seja, ele expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter e se constitui em um bom referencial, pelo fato de ser um parâmetro adimensional e diretamente proporcional à variância genética (RANGEL et al., 2000; FERRÃO et al., 2008).

A sua importância é verificada pois permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente na população em diferentes caracteres, possibilitando comparar os níveis de variabilidade genética presente em diferentes genótipos, ambientes e caracteres (RESENDE et al., 1991; FERRÃO et al., 2008).

Outra vantagem de estimar coeficiente de variação genética é o fato de ser um indicador da grandeza relativa das mudanças que podem ser conseguidas em cada característica por meio da seleção, ou seja, um indicador do ganho genético (RANGEL et al., 2000).

2.4. Seleção simultânea de caracteres

Na obtenção de genótipos superiores aos já existentes no mercado, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que

lhe confira rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaçam as exigências do consumidor (CRUZ et al., 2012).

No entanto, desenvolver cultivares nem sempre é uma tarefa fácil, uma vez que a correlação negativa entre as principais características de valor econômico dificulta a seleção de genótipos de interesse para o melhoramento e torna necessário o emprego de procedimentos genético-estatísticos que permitam minimizar ou, mesmo, tornar inócuos os efeitos deletérios da resposta correlacionada (SANTOS et al., 2007).

Uma maneira de aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica (CRUZ et al., 2012). Os métodos de seleção simultânea podem ser agrupados em três metodologias: Método Tandem também conhecido como “Método unitário” e Seleção em Turno; Método dos níveis independentes de eliminação; e Método do índice de seleção (BERNARDO, 2010; FALCONER, 1987; PEREIRA, 2008).

Os métodos de seleção em tandem e por níveis independentes de eliminação configuram entre as mais simples e antigas metodologias de seleção em múltiplos caracteres. A primeira consiste em melhorar um caráter até um nível desejado, para que se possa melhorar outro nas gerações seguintes. Todavia, essa metodologia é restrita a programas de seleção recorrente e pode acontecer do melhoramento de um caráter reduzir os ganhos já obtidos em outro. Já os níveis independentes de eliminação podem também ser aplicados em programas de obtenção de linhagens e híbridos. Consiste no descarte de indivíduos que não atingem um padrão mínimo desejado para vários caracteres. Sua principal desvantagem é deixar de selecionar indivíduos que apresentam baixo desempenho em um ou dois caracteres, mas são excepcionais em diversos outros (BERNARDO, 2002).

O método do índice de seleção permite obter ganhos simultâneos mesmo para caracteres com efeitos adversos, que podem ter origem na ligação gênica ou na pleiotropia, mesmo quando a seleção é para caracteres quantitativos simultaneamente (RESENDE et al., 1990; SANTOS et al., 2007).

Segundo Garcia e Sousa Júnior (1999), o índice de seleção é a combinação linear de valores fenotípicos em um único valor. Como resultado, tem-se uma medida que concentra os méritos e deméritos de cada genótipo para vários caracteres. Quando a seleção é praticada com base em um índice, combinando uma série de informações referentes aos indivíduos candidatos à seleção, esperam-se respostas máximas nos valores genéticos desses indivíduos e, conseqüentemente, maior precisão na seleção. Assim o

índice de seleção constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres, que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea e otimizar os ganhos por seleção (CRUZ et al., 2012).

Existem várias opções de índices de seleção apresentados na literatura, tais como: índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice-base de Williams (1962), índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock (1978), índice multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), índice por ganhos desejados (PESEK e BAKER, 1969), índice livre de pesos e medidas, distância genótipo-ideótipo (CRUZ e CARNEIRO, 2006), índice Z (Ramalho et al., 2012), entre outros.

Os índices de seleção disponíveis já citados, podem ser divididos em não paramétricos ou não lineares, devido ao fato de não levarem em consideração nenhum parâmetro populacional em sua composição, e os chamados índices paramétricos ou lineares, que levam em sua composição medidas de parâmetros populacionais em combinação linear para sua estimação. O emprego dos índices paramétricos é apropriado quando os genótipos formam uma amostra aleatória, já os não paramétricos podem ser aplicados tanto a amostras aleatórias, quanto a genótipos selecionados (LESSA et al., 2010).

O primeiro índice de seleção utilizado no melhoramento de plantas foi desenvolvido por Smith (1936), onde combinava covariâncias genéticas e fenotípicas com os caracteres e seus respectivos valores econômicos, obtendo e introduzindo assim o termo valor genético. Posteriormente, esse índice sofreu modificações por Fisher (1936), em um trabalho conhecido como índice otimizado, em que, as modificações sugeriam, basicamente, que o valor genético do indivíduo poderia ser estimado através de combinações lineares de valores fenotípicos observáveis. (LIN, 1978; GARCIA; e SOUSA JÚNIOR, 1999; LESSA et al, 2010).

Em seguida, Hazel (1943) adaptou o método para que seu uso no melhoramento animal fosse possível, dessa forma o método ficou conhecido como Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). Segundo Cruz et al. (2012), o índice clássico consiste é um índice paramétrico, resultante da combinação linear dos valores fenotípicos dos vários caracteres economicamente importantes, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico.

Para Ramalho et al. (2012), a obtenção dos valores dos pesos para o caráter é a principal dificuldade da aplicação desse índice. Outra limitação do índice clássico é que a seleção possibilita a maximização de ganhos simultâneos gerais, assim o ganho genético

para um determinado caráter não pode ser particularizado, uma vez que não é feita nenhuma restrição na função maximização derivada (CRUZ et al., 2012). Informações mais detalhadas sobre essa metodologia e o emprego dela podem ser encontradas nos trabalhos de Lin (1978), Garcia e Sousa Júnior (1999), Cruz e Carneiro (2006) e Ramalho et al. (2012).

O índice de distância genótipo-ideótipo é não paramétrico e se baseia na distância entre cada genótipo e um ideótipo, ou seja, determina um valor específico para cada característica montando assim uma espécie de genótipo ideal, ou ideótipo o qual pode ou não existir dentro da população, e obtém a diferença entre a média de cada característica e o valor atribuído ao ideótipo e em seguida se calcula a distância entre o genótipo e o ideótipo, e então, o valor obtido desta distância será o próprio índice (LESSA et al., 2010).

O índice proposto por Williams (1962) denominado de índice-base se caracteriza por evitar a interferência de imprecisões das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, na estimação dos coeficientes que constituem o índice. Esse método utiliza apenas os pesos econômicos associados aos caracteres envolvidos para ponderar a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres e é mais eficiente quando as correlações entre os caracteres são baixas (CRUZ e CARNEIRO, 2006; GIOGIA, 2006; RAMALHO et al., 2012).

Segundo Cruz e Carneiro (2006), devido a essa característica, este índice tem apresentado boa aceitação pelos melhoristas e tem revelado resultados satisfatórios quando utilizado como critério de seleção em vários trabalhos científicos Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos ou “ranks”, que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento.

O cálculo para obtenção desse índice depende apenas das médias fenotípicas dos genótipos onde as mesmas são ajustadas para cada caráter de acordo com o interesse do melhorista. Dessa forma são obtidos os postos que se referem à posição dos genótipos depois de efetuado o ordenamento. Vale ressaltar que, no uso desse índice, pode-se atribuir pesos econômicos aos caracteres de interesse. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012).

Tendo em vista um mercado cada vez mais exigente, o uso de índices de seleção em programas de melhoramento tem sido uma estratégia vantajosa. Isso pode ser verificado, principalmente, no que diz respeito aos caracteres adequados a esse mercado e

ao tempo necessário para o lançamento de uma nova cultivar, pois permite ganhos significativos não apenas em um, mas em vários caracteres ao mesmo tempo.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Primeira Etapa. Obtenção das progênes de meios-irmãos (PMI)

As PMI foram obtidas a partir do cruzamento ao acaso entre cinco variedades de polinização aberta (Tabela 1). As sementes foram adquiridas no campo de produção da empresa Sementes Bonamigo, localizada no município de Bandeirantes-MS. Estas variedades foram escolhidas por apresentarem boa tolerância em condições de estresse abiótico e por desenvolverem bem nas condições climáticas da região centro-sul do Mato Grosso do Sul.

A semeadura foi realizada no Sítio Maeda localizado no município de Caarapó-MS, com latitude de 22°29'28"S, longitude de 54°56'10"W e 471 m de altitude na primeira safra 2014/2015.

Tabela 1. Ciclo, cor do grão, tipo do grão, nível de tecnologia e empresa detentora das variedades utilizadas para a extração das progênes de meios-irmãos.

Variedade	Ciclo	Cor do Grão	Tipo do Grão	Nível de Tecnologia	Empresa
IPR 164	P	AM/AL	SMDURO	B/M	IPR
AL Avaré	I	AM/AL	SMDURO	B	DSMM/CATI
AL	SP	AM/AL	SMDURO	B/M	DSMM/CATI
Bandeirante					I
Cati Verde	SP	AM	SMDENT	B	DSMM/CATI
02					I
BRS 106	I	AM	SMDENT	B/M	Embrapa

Ciclo: P – precoce, SP – semiprecoce, I – intermediário; Cor do grão: AL – alaranjado, AM – amarelo; Tipo do grão: SMDURO – semiduro, SMDENT – semidentado; Tecnologia: B – baixo, M – médio; Empresa: IPR – Instituto Agrônômico do Paraná, DSMM/CATI – Departamento de Sementes, Mudanças e Matrizes/Coordenadoria de Assistência Técnica Integral;

A semeadura das variedades ocorreu em campo isolado, propiciando o acasalamento ao acaso sem riscos de cruzamentos com outras cultivares e em uma área sob

condição de baixo fósforo. As adubações dos demais nutrientes foram feitas conforme recomendações de Fancelli e Dourado Neto (2008).

A área total do campo de seleção foi de 7500 m², em que cada variedade possuía uma área de 1500 m², semeadas lado a lado 15 linhas de 100 metros para cada variedade. De cada variedade foram selecionadas 50 progênies, obtendo-se o total de 250 progênies de meios-irmãos. A colheita foi realizada individualmente, de forma que cada planta foi escolhida por possuírem as melhores espigas com base em observações de notas de sanidade com relação ao ataque de pragas e doenças, comprimento de espiga, sintomas foliares ao estresse de fósforo, altura de planta e espiga, grau de empalhamento da espiga e prolificidade.

As espigas foram debulhadas separadamente, manualmente e identificadas no Laboratório de Sementes da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados (FCA/UFGD). As nomeações das progênies foram feitas de acordo com a variedade de origem, sendo classificadas por números, de 1 a 50 as progênies oriundas da variedade IPR 164, de 51 a 100 da BR 106, de 101 a 150 da Cati Verde 02, de 151 a 200 da AL Bandeirante e de 201 a 250 da AL Avaré.

As sementes de cada PMI foram contadas e divididas, sendo uma parte armazenada em câmara seca a 18°C e a outra selecionada para a semeadura dos ensaios de avaliação das progênies em alto e baixo nível de fósforo.

3.2. Segunda Etapa. Avaliação das progênies de meios-irmãos

Na segunda safra de 2015 foram realizados os ensaios de avaliação compostos pelas 250 PMI selecionadas na condição de baixo P. As PMI foram alocadas em dois ensaios (alto e baixo P) em Dourados-MS, semeados na Fazenda Experimental de Ciências Agrárias (FAECA) da UFGD, localizada na latitude 22°11'55"S, longitude de 54°56'07"W e 452 metros de altitude. A semeadura ocorreu após a colheita da soja.

Na Tabela 2 estão apresentados os valores referentes à análise química, granulométrica da camada de 0-20 cm do solo, bem como das condições climáticas durante o período de avaliação da área experimental em Dourados-MS.

Tabela 2. Análise química do solo da camada 0-20 cm de profundidade da área experimental e condições climáticas em Dourados-MS, safra 2015.

Profundidade cm 0-20	Ca	Mg	H+Al	K	P (Mel.)	MO	pH CaCl ₂
	-----cmolc dm ⁻³ -----				--mg dm ⁻³ --	%	
Dourados – MS	2,6	2,0	1,8	0,8	16	3,0	5,0

Características climáticas	Pluviométricos (mm)					T ° Média	UR Média
	MAR	ABR	MAI	JUN	AGO	°C	%
Dourados – MS	89,9	99,6	209,4	68,4	108	23,35	65,84

Os ambientes de avaliação e seleção dos genótipos estudados foram divididos em alto P e baixo P. As doses utilizadas foram de 100 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 0 kg ha⁻¹ de P₂O₅, formando assim as doses alta e baixa de fósforo, respectivamente. As doses foram definidas de tal maneira que as plantas estivessem em condição de estresse. No entanto segundo Fritsche Neto e Borem (2012), este estresse não deveria ser acentuado ao ponto de ofuscar a variabilidade genética das populações.

As 250 PMI de milho foram avaliadas em cada ambiente contrastante de P com seis testemunhas, sendo elas as variedades utilizadas no ciclo de seleção das PMI (Tabela 1) e o híbrido simples 30A37, da empresa Morgan, de ciclo superprecoce, porte médio, grão semiduro, grãos alaranjados, alto nível tecnológico e potencial produtivo. Assim no total foram avaliados 256 genótipos.

O delineamento experimental utilizado nos experimentos foi o de blocos incompletos em látice simples 16x16, com 2 repetições por ensaio. A parcela experimental foi constituída de uma linha de cinco metros, espaçadas entre si por 0,90 m e 0,20 m entre plantas, totalizando a área da unidade experimental de 4,5 m². Após 30 dias da semeadura foram feitas a adubação de cobertura com 100 kg ha⁻¹ de uréia e o desbaste de plantas, mantendo a população em 55000 plantas ha⁻¹. O controle de ervas daninha foi feito com aplicações dos herbicidas de nome comercial Soberan[®] (Tembotriona) e Atanor 50 SC[®] (Atrazina), nas respectivas doses de 0,2 L ha⁻¹ e 3 L ha⁻¹. Para controle de lagartas foi realizada a aplicação do inseticida Premio[®] (Clorantriliprole) na dose de 0,2 L ha⁻¹, utilizando uma bomba costal com jato dirigido no cartucho da planta.

As avaliações foram realizadas em três momentos distintos. As primeiras foram de florescimento feminino (FF) e florescimento masculino (FM), em dias após a semeadura. O FF foi estimado quando 50% das plantas da parcela apresentaram estilo-

estigma receptivo e o FM foi estimado quando 50% das plantas da parcela apresentaram um terço do pendão emitindo pólen. Com os dias de florescimento foi calculado o intervalo entre florescimento feminino e masculino (IF), correspondente à diferença em dias entre FF e FM.

Na fase de pré-colheita foram avaliados: altura de planta (AP), sendo obtida pelas médias das amostragens feitas ao nível do solo a inserção da folha-bandeira, em metros. As alturas de inserção da espiga, sendo obtidas pelas médias das distâncias do nível do solo até a inserção da espiga superior, em metros. Em ambas as avaliações foi utilizada uma trena e avaliadas 5 plantas por parcela. A medição diâmetro de colmo (DC) foi realizada com o paquímetro, em milímetros, no estádio R4 de grãos farináceos, a 20 cm do colo da planta.

Após a colheita foi determinado o comprimento da espiga (CE) por meio da média de comprimento de 5 espigas despalhadas em centímetros com auxílio de uma régua e determinado a produtividade de grãos (PG), corrigido para 13 % de umidade, em kg ha^{-1} .

3.3. Análises estatísticas e genéticas

Todas as análises estatísticas foram feitas com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2013)

3.3.1. Análises de variância das progênies de meios irmãos

Inicialmente, realizou-se a análise de variância individual para cada ensaio, considerando a presença e ausência da adubação fosfatada, de acordo com o modelo proposto por Silva et al. (1999), considerando-se a análise individual intrablocos com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados de acordo com o seguinte modelo estatístico:

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

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

μ é uma constante inerente a todas as observações;

t_i é o efeito fixo do tratamento i ;

r_j é o efeito fixo da repetição j ;

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

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

Foi realizado o cálculo para a eficiência do látice em relação ao de blocos casualizados em cada ensaio, com base nas seguintes fórmulas:

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

EE_f é o erro efetivo médio do látice;

E_e é o quadrado médio do erro intrablocos;

r é o número de repetições;

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

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

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

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

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

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

3.3.2. Estimação de parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos e seus estimadores foram analisados para cada característica, utilizando-se as seguintes expressões (Cruz *et al.*, 2004):

a) Variância fenotípica: $V_f = \frac{QMg}{K}$

b) Variância genética: $V_g = \frac{QMg - QMr}{K}$

c) Variância ambiental: $V_e = \frac{QMr}{K}$

d) Herdabilidade média no sentido amplo: $h^2 = \frac{V_g}{V_f}$

- e) Coeficiente de variação genético: $CV_g = \frac{100\sqrt{V_g}}{MG}$
- f) Coeficiente de variação ambiental: $CV_e = 100\frac{\sqrt{QMr}}{MG}$
- g) Razão entre os coeficientes de variação genético e de ambiente: $CV_r = \frac{CV_g}{CV_e}$
- h) Acurácia: $AS = \left(1 - \frac{1}{Fc}\right) 0,5$ conforme Resende & Duarte (2007).
($Fc = QM_g/QM_r$)

Em que: $K = \frac{N - \left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^g r_i\right)}{g-1}$ e $N = \sum_{i=1}^g r_i$, em que r_i é o número máximo de repetição do i -ésimo genótipo.

QM_g: quadrado médio do genótipo

QM_r: quadrado médio do resíduo

MG: média geral

3.3.3. Índices de seleção

Foram atribuídos cinco pesos econômicos sendo estes os valores de desvio padrão genético (DP_g), índice de coeficiente de variação (CV_r), herdabilidade (h^2), pesos arbitrários (PA) e coeficiente de variação genético (CV_g), para as características de altura de espiga (AE), altura de planta (AP), diâmetro de colmo (DC), florescimento masculina (FM), florescimento feminina (FF), intervalo de florescimento (IF), comprimento de espiga (CE) e produtividade de grãos (PG).

A intensidade de seleção de progênies utilizada foi de 20%, sendo selecionadas então 52 de 250 progênies de meios irmãos de milho e seis testemunhas, considerada uma intensidade boa, pois não descarta uma quantidade grande de progênies.

Utilizaram-se os seguintes índices, conforme descritos em Cruz e Regazzi (2001): índice de Mulamba e Mock (1978), o índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), o proposto por Pesek e Baker (1969), e o índice de distância Genótipo-Ideótipo.

3.3.3.1 Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943)

Foi obtido por meio da combinação linear das características de importância econômica, sendo os coeficientes de ponderação estimados de forma a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico.

O agregado genotípico foi constituído por outra combinação linear envolvendo os valores genotípicos desconhecidos, estimada por meio da expressão:

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = a'g, \text{ em que:}$$

H : agregado genotípico;

a : vetor n x 1 de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g : matriz n x p de valores genotípicos desconhecidos das n características consideradas no índice;

n : número de características no índice;

p: número de progênies avaliadas.

O índice de seleção é estimado usando a seguinte expressão:

$$I = b_1 y_1 + b_2 y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_{i=1}^n b_i y_i = b'y, \text{ em que:}$$

I : índice de seleção;

b : vetor n x 1 de coeficientes de ponderação do índice;

y : matriz n x p de médias fenotípicas conhecidas das n características consideradas no índice;

n : número de características no índice.

p: número de progênies avaliadas.

Para o processo de estimação do índice de seleção de cada progênie, que consiste em maximizar a correlação entre o agregado genotípico e o índice, considere:

P : matriz n x n de variâncias e covariâncias fenotípicas e

G : matriz n x n de variâncias e covariâncias genotípicas.

Desta forma, o vetor b , estimador dos coeficientes de ponderação do índice, foi obtido por meio da seguinte expressão:

$$b = P^{-1}Ga$$

O ganho esperado na característica j , quando a seleção foi praticada sobre o índice, foi expresso como:

$$\Delta g_{j/I} = DS_{j/I} h_j^2, \text{ em que:}$$

$\Delta g_{j/I}$: ganho esperado para a característica j , quando a seleção foi baseada no índice I ;

$DS_{j/I}$: diferencial de seleção da característica j , para a seleção feita com base no índice

I ;

h_j^2 : herdabilidade da característica j .

3.3.3.2 Índice de Pesek e Baker (1969)

Na construção do índice foi realizada com base na expressão do ganho esperado para as características consideradas no índice, da seguinte forma:

$$\Delta g = \frac{G\hat{b}i}{\hat{\sigma}_I}, \text{ em que:}$$

Δg : ganho estimado pelo índice;

G : matriz $n \times n$ de variâncias e covariâncias genotípicas entre as características;

\hat{b} : vetor $1 \times n$ dos coeficientes de ponderação estimados do índice de seleção;

i : diferencial de seleção do índice I em unidades de desvio padrão;

$\hat{\sigma}_I$: desvio padrão do índice I .

Substituindo Δg pelo vetor dos ganhos desejados, $\Delta g d$, estima-se o vetor \hat{b} por meio da seguinte expressão:

$\hat{b} = G^{-1} \Delta g d \frac{\hat{\sigma}_I}{i}$, mas $\frac{\hat{\sigma}_I}{i}$ não afeta a proporcionalidade dos \hat{b}_i , então \hat{b} pode ser estimado como:

$$\hat{b} = G^{-1} \Delta g d$$

3.3.3.3 Índice de soma de ranques de Mulamba e Mock (1978)

Este método consistiu em primeiro ordenar os genótipos em relação a cada uma das características em ordem desejável para o melhoramento. Em seguida foi obtido o índice multiplicando o peso econômico de cada característica pelo ranque de cada genótipo na característica, conforme a seguinte expressão:

$$I_i = \sum_j p_j r_{ij}, \text{ em que:}$$

I_i : índice do i-ésimo genótipo;

p_j : peso econômico atribuído à j-ésima característica;

r_{ij} : ranque do i-ésimo genótipo na j-ésima característica.

3.3.3.4 Índice de distância genótipo-ideótipo

Este índice foi proposto por Schwarzbach (1972), citado por Wricke e Weber (1986, p.346), é descrito por Cruz (2006) da seguinte forma: é definido, para cada caráter, os valores ótimos e os intervalos de valores considerados desejáveis para o melhoramento. É considerado o valor fenotípico médio do i-ésimo genótipo em relação ao j-ésimo caráter, X_{ij} , o valor fenotípico médio transformado, Y_{ij} e uma constante referente à depreciação da média do genótipo por estar fora dos padrões desejáveis para o melhoramento, C_j .

Então, define-se:

LI_j : limite inferior do caráter j que deve ser apresentado pelo genótipo, conforme desejado para o melhoramento;

LS_j : limite superior do caráter j que deve ser apresentado pelo genótipo, conforme desejado para o melhoramento;

VO_j : valor ótimo do caráter j que deve ser apresentado pelo genótipo, conforme desejado para o melhoramento;

Se $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij}$;

Se $X_{ij} < LI_j$, então $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$;

Se $X_{ij} > LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$.

É considerado que $C_j = LS_j - LI_j$. O valor C_j garante que qualquer valor X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resulta num valor Y_{ij} com valor próximo do valor ótimo, VO_j . Desta forma, a transformação de X_{ij} é realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo. Os valores Y_{ij} , obtidos por transformação, são padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter, obtendo então os valores y_{ij} , conforme expressão dada a seguir:

$$y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{s(Y_j)}, \text{ em que:}$$

$s(Y_j)$: desvio padrão do caráter j;

a_j : peso econômico do caráter j

Os valores VO_j também são padronizados e ponderados de acordo com a seguinte expressão:

$$vo_j = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{s(Y_j)}$$

Com base nos valores obtidos anteriormente, são calculados os valores do índice DGI expressos como as distâncias entre os genótipos e o ideótipo, conforme expressão a seguir:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \left(y_{ij} - vo_j \right)^2}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliação das PMI em diferentes níveis de P

Na presença de adubação fosfatada foram verificadas diferenças significativas entre as progênes de meios irmãos (PMI), nas características AE, AP, DC, FF, FM, PG, DE e CE. Entretanto não foi verificadas diferenças significativas IF. Na ausência de adubação fosfatada foram observadas diferenças significativas nas características de AE, AP, DC, FF, FM, e PG. Entretanto para IF, DE e CE não foram observadas diferenças significativas pelo teste de F. (tabela 3)

As informações obtidas na análises de variância relatada anteriormente com exceção do IF, evidenciam ampla variabilidade e potencial agrônômico das PMI para o processo de seleção de progênes promissoras.

Analisando a eficiência do delineamento experimental teve-se na maioria das características avaliadas, valores superiores aos 100% isto pode ser considerado bom, já que valores iguais a 100 ou inferiores evidenciaria a ineficiência do delineamento utilizado. Pimentel Gomes e Garcia (1991) consideram que para o látice ter eficiência elevada é necessário que seja grande o efeito dos blocos. No caso de áreas experimentais uniformes ou de blocos mal localizados, o látice pode ter eficiência da ordem de 100% e seria equivalente a um ensaio em blocos completos casualizados.

Na presença de adubação fosfatada as características nas quais o delineamento mostrou-se eficiente foram em DC (100,2), FF (109,81), FM (107,06), DE (100,42) e PG (100,13), entanto o delineamento não foi eficiente para as características de AE, AP, IF e CE. Na ausência de adubação fosfatada o delineamento látice simples foi eficiente para as características de AE (100,01), AP (100,64), FF (113,77), FM (108,90), IF (101,53), DE (102,29), CE (100) e PG (100,19), porem não foi eficiente para DC (98,38) mesmo assim ficou muito perto do valor de 100. Segundo os resultados obtidos o delineamento látice simples mostrou maior eficiência quando as progênes foram avaliadas na presença de adubação fosfatada.

As estimativas do coeficiente de variação experimental apresentaram baixa magnitude, indicando boa precisão em todas as características avaliadas em ambos os contrastes de P. A Exceção foi IF onde altos valores para CV na presença de adubação

fosfatada (41,64%) e na ausência de adubação fosfatada (27,76%) foram constatadas. Isso pode ser explicado pelo fato de se tratarem de progênies de meios irmãos ainda em fases iniciais de seleção que não se encontram estabilizadas, oriundas de cinco variedades distintas, algumas de diferentes ciclos. Contudo, essas estimativas estão semelhantes com o relatado por autores para essa característica (PARENTONI, 2008; SILVA, 2002).

Na presença de adubação fosfatada as medias da maioria das características avaliadas foram superiores enquanto comparadas na ausência de adubação fosfatada. Na altura das plantas (AP) foi observada uma média geral de 156,61 cm para o ambiente sem adubação, enquanto em ambiente com adubação de fosfatada foi de 216,65 cm. Observou-se também em AE, DC, DE e CE características diretamente relacionadas à produtividade medias superiores na presença de adubação fosfatada quando comparadas na ausência de adubação. É importante ressaltar que os dados médios de florescimento evidenciam precocidade na FF e FM em presença de adubação com medias de 80,94 e 78,57, entanto na ausência de adubação foram 83,77 e 80,43 dias respectivamente.

No o ambiente sem adubação o IF foi maior, de 3,33 dias, enquanto com presença a da adubação foi de 2,37 dias, intervalos entre florescimento masculino e feminino (IF) muito pronunciados pode levar à diminuição da produtividade de grãos. Isto ocorre devido à falta de sincronismo entre o florescimento e à escassez de pólen durante a fase de emissão do estilo-estigma, como também a um abortamento de grãos, logo após a fertilização. Aumentos no intervalo de florescimento, em ambientes sob estresse de fósforo, foram reportados (MENDES, 2012; PARENTONI, 2008),

Para produtividade de grãos (PG), a adubação fosfatada incrementou em média 1122,13 kg ha⁻¹ em comparação à obtida em baixo nível, isto revela a limitação do nutriente na produtividade. A produtividade do milho na safra 2015/2016 no Mato Grosso Do Sul atingiu 5.382 kg ha⁻¹ (CONAB, 2016), enquanto que na avaliação das 250 PMI foi conseguido 3890,62 kg há⁻¹, e 2768,49 kg há⁻¹ em alta e baixa disponibilidade. Fica enfatizado que as PMI em estudo apresentam alto potencial para serem utilizados em programas de melhoramento e para obtenção de novos materiais comerciais.

Tabela 3. Resumo da análise de variância para caracteres morfoagronômicos em 250 progênies de meios-irmãos de milho e 6 testemunhas referente a dois experimentos com adubação fosfatada e sem adubação fosfatada.

F V	GL	QUADRADO MÉDIO NA PRESENÇA DE ADUBAÇÃO FOSFATADA								
		AE	AP	DC	FF	FM	IF	DE	CE	PG
Rep	1	58,45	807,51	12,07	244,75	59,81	63,28	3,90	459,61	753817,02
Bloco/ Rep	30	48,74	105,07	10,46	7,59	8,72	0,84	12,10	2,40	256890,15
Trat (ajustado)	255	853,80**	1538,27**	15,81**	8,22**	8,63**	0,82 ^{ns}	12,96*	4,05*	901972,18**
Erro	225	89,99	189,91	10,03	3,26	4,25	0,97	10,19	3,05	233401,94
Média		98,62	216,55	22,60	80,94	78,57	2,37	47,23	17,37	3890,62
Eficiência (%)		94,60	94,74	100,02	109,81	107,06	98,41	100,42	97,48	100,13
F V	GL	Quadrado Médio Na Ausência De Adubação Fosfatada								
		AE	AP	DC	FF	FM	IF	DE	CE	PG
Rep	1	9,84	43,94	59,93	1,53	0,12	2,67	16,13	2,97	407720,30
Bloco (rep)	30	49,36	162,30	10,36	10,72	6,62	1,19	19,58	3,75	315621,91
Trat (ajustado)	255	209,09**	467,10**	16,22*	11,44**	10,14**	0,90 ^{ns}	13,65 ^{ns}	3,75 ^{ns}	1054190,85**
Erro	225	47,92	131,23	12,01	3,95	2,95	0,85	13,05	3,65	280845,12
Média		56,90	156,61	20,19	83,77	80,43	3,32	40,55	15,87	2768,49
Eficiência (%)		100,01	100,64	98,38	113,77	108,90	101,53	102,29	100,00	100,19

^{ns}, **, *: Não significativo e significativos a ($p < 0,01$) e a ($P < 0,05$), respectivamente, pelo teste F; AE: altura de espiga; AP: altura de planta; DC: diâmetro de colmo; FF: florescimento feminino; FM: florescimento masculino; IF: intervalo de florescimento; DE: diâmetro de espiga; CE: comprimento de espiga e PG: produtividade de grãos.

4.2. Estudo de Parâmetros genéticos

O componente da variância genotípica é resultado das diferenças genéticas entre as progênes de meios irmãos. Um valor alto desse componente é indicativo de ampla variabilidade genética para a característica, sendo de importância na identificação de progênes superiores. Em geral, as estimativas foram elevadas em ambos os ambientes, bem próximas às estimativas de variância fenotípicas, indicando que diferenças entre as progênes seriam função, principalmente, da constituição genética destas.

As estimativas dos parâmetros genéticos das 250 PMI são apresentadas na Tabela 4. Observa-se que as estimativas da variância fenotípica (V_f) e genotípica (V_g) na maioria das características avaliadas são superiores em alta disponibilidade de fósforo. Esta situação indica que os genótipos expressaram maior variabilidade em presença de adubação fosfatada. Pelo contrário as V_g e V_p da PG foram superiores na ausência de adubação certificando que a baixa disponibilidade desse nutriente favorece a variação desse parâmetro genético nas PMI em estudo.

Os coeficientes de herdabilidade (h^2) constatadas na presença de adubação fosfatada nas características avaliadas foram altas em AE (89,46), AP (87,65), FF (60,28), FM (50,67), e PG (74,12), mas foram baixas nas características DC (36,51), DE (21,36), e CE (24,59). Em ausência de adubação fosfatada foram encontrados altos valores para h^2 nas características de AE (77,08), AP (71,91), FF (65,40), FM (70,83) e PG (73,36), não assim nas características de DC (25,98), IF (5,38), DE (4,36) e CE (2,47)

A h^2 das características AE, AP e PG foram superiores na presença de adubação fosfatada, entanto que as características de FF e FM apresentaram maiores valores na ausência de adubação fosfatada. Estimativas altas como as encontradas neste trabalho na maioria das características, reforçam a hipótese, de que a maior parte das variações encontradas nas PMI é devida a causas genéticas, condição essa, muito favorável para a seleção (SILVA e BARRICHELO, 2006). Estes resultados podem ser decorrentes da estabilidade em relação às variações da disponibilidade do nutriente.

Do Vale et al., (2011), citam que a seleção para caracteres que apresentam alta herdabilidade e controle genético, principalmente do tipo aditivo, poderá ser realizada pelo desempenho individual, ou seja, desempenho *per se* das linhagens. Quando o caráter for de baixa herdabilidade ou apresentar herança devida a genes de efeitos não aditivos, a seleção dos genótipos deverá ser realizada com base no desempenho em híbridos.

Considerando o parâmetro do coeficiente de variação genético (CVg) que é um importante parâmetro que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade genética presente nas PMI de milho para uma determinada característica (FERRÃO et al., 2008), foi verificado valor alto na PG com (22,46) na ausência de adubação, e na presença de adubação 14,86%. As outras características que alcançaram valores acima de 7% o qual é considerado um bom indicador de potencial genético no melhoramento em condições brasileiras segundo Rodrigues et al., (2011), foram AP (11,91), AE (19,81) e DC (7,51) tanto na presença e na ausência de adubação fosfatada AE (15,77), AP (8,27), DC (7,18) e PG (22,46), indicando assim, a ampla variação genética presente entre as PMI para ser explorada na seleção. Entanto para as outras características de importância agrônômica como o DE e CE os valores obtidos foram abaixo de 7% mesmo na presença e ausência de adubação fosfatada.

O CVr que é o quociente entre CVg e CVe, representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (Vencovsky, 1978). Por exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde, Vencovsky e Barriga (1992), sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção. O CVr estimados para as características na presença de adubação fosfatada foram altas para AE (2,06), AP (1,18) e PG (1,19), e foram baixas para DC (0,53), FF (0,87), FM (0,71), DE (0,36) e CE (0,40).

Na ausência de adubação fosfatada as características que apresentaram adequados valores de CVr foram AE (1,29), AP (1,13), FM (1,10) e PG (1,17). Com tudo foram baixas nas características de DC (0,41), FF (0,97), IF (0,16), DE (0,15) e CE (0,11). Em geral existe uma relação entre a h^2 e o CVr nas características, onde a herdabilidade foi alta o CVr também foi alta, indicando que a maior parte da variação entre as progênies para as característica em questão foram de natureza genotípica e menos influenciada pelo ambiente

Tabela 4. Estimativas dos componentes da variância para caracteres morfoagronômicos em 250 progênies de meios-irmãos de milho e 6 testemunhas, avaliadas em ambiente com alta e baixa disponibilidade de fósforo.

Parâmetros	NA PRESENÇA DE ADUBAÇÃO FOSFATADA								
	AE	AP	DC	FF	FM	IF	DE	CE	PG
V _g	381,90	674,17	2,88	2,47	2,18	-	1,38	0,49	334285,12
V _p	426,90	769,13	7,90	4,11	4,31	0,41	6,48	2,02	450986,09
V _e	44,995	94,955	5,015	1,63	2,125	0,485	5,095	1,525	116700,97
H ² (%)	89,46	87,65	36,51	60,28	50,67	-	21,36	24,59	74,12
Ac	0,94	0,93	0,60	0,77	0,71	-	0,46	0,50	0,86
CV _e (%)	9,61	6,36	14,01	2,23	2,62	41,64	6,75	10,06	12,41
CV _g (%)	19,81	11,91	7,51	1,94	1,88	0	2,49	4,06	14,86
CV _r	2,06	1,88	0,53	0,87	0,71	-	0,36	0,40	1,19
Parâmetros	NA AUSÊNCIA DE ADUBAÇÃO FOSFATADA								
	AE	AP	DC	FF	FM	IF	DE	CE	PG
V _g	80,58	167,93	2,10	3,74	3,59	0,23	0,29	0,04	386672,86
V _p	104,54	233,55	8,11	5,72	5,07	0,45	6,82	1,87	527095,42
V _e	23,96	65,615	6,005	1,975	1,475	0,425	6,525	1,825	140422,56
H ² (%)	77,08	71,91	25,98	65,40	70,83	5,38	4,36	2,47	73,36
Ac (%)	0,88	0,85	0,51	0,81	0,84	0,23	0,20	0,16	0,85
CV _e (%)	12,16	7,31	17,16	2,37	2,13	27,76	8,91	12,04	19,14
CV _g (%)	15,77	8,27	7,18	2,30	2,35	4,67	1,34	1,35	22,46
CV _r	1,29	1,13	0,41	0,97	1,10	0,16	0,15	0,11	1,17

V_g: variância genotípica; V_p: variância fenotípica; h²: herdabilidade; CV_e: coeficiente de variação ambiental; CV_g: coeficiente de variação genotípico; CV_r: coeficiente de variação relativo. AE: altura de espiga; AP: altura de planta; DC: diâmetro de colmo; FF: florescimento feminino; FM: florescimento masculino; IF: intervalo entre florescimento; DE: diâmetro de espiga; CE: comprimento de espiga e PG: produtividade de grãos.

A acurácia seletiva reflete a qualidade das informações e dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos. Quanto maior a acurácia seletiva na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético. Um dos entraves à obtenção de ganhos genéticos mais expressivos no melhoramento de plantas é a baixa acurácia seletiva. Segundo escala de Resende (2002) as acurácias (Ac) varia de 0 a 1,

sendo muito alta as maiores a 0,9; alta de 0,7 a 0,9; moderada de 0,5 a 0,7 e baixa as inferiores a 0,5.

Portanto, devem-se destacar que os resultados obtidos para as estimativas da Ac, encontram-se em nível de moderada a alta na maioria das características, mesmo na presença como na ausência de adubação fosfatada, excetuando os valores estimados em IF (0,23);DE (0,20)e CE (0,16) todas em na ausência de adubação fosfatada.

De forma geral existe bastante variabilidade genética para ser explorada na seleção nas características de AE, AP FF, FM e PG, é possível a obtenção de avanços significativos com a seleção para a maioria dos caracteres priorizados pelos agricultores.

4.3. Índices de seleção

Nas tabelas 7 e 8, são apresentados os ganhos percentuais e totais obtidos utilizando quatro metodologias e cinco pesos econômicos diferentes. Avaliando os ganhos totais (GT) na ausência de adubação fosfatada as diferentes metodologias e pesos utilizados, a maioria dos GT foram positivos excetuando as obtidas nos índices de Mulamba e Mock (MM) com os pesos de h^2 (-9,4) e CVr (-9,4), mesmo assim em ambos foram encontradas ganhos percentuais positivos de 12,65% para PG. Além disso, com os índices de Pesek e Baker (PB), e Smith e Hanzel (SH), os GT encontrados foram semelhantes 26,79. Os GT preditos no índice Genótipo Ideótipo (GI) foram as mais altas com todos os pesos utilizados.

Com os índices de PB e SH são conseguidos ganhos para PG com todos os pesos utilizados, além disso, e importante salientar que nas duas metodologias são conseguidas perdas com a seleção nas características de IF, FM e FF, situação muito favorável já que na procura de linhagens precoces estas metodologias mostraram-se bastante eficientes.

A predição de ganhos para a PG no índice de MM foram positivas observando-se maiores ganhos utilizando os pesos de DPg e PA, também avaliando o IF, FF e FM foram encontradas perdas com todos os pesos utilizados, porem esta metodologia também mostrou-se eficiente.

O índice que geralmente se destaca na cultura do milho é o proposto por Mulamba & Mock (1978), sendo considerado por vários autores como um índice de fácil interpretação e aplicabilidade. Assim, podemos citar alguns trabalhos que obtiveram sucesso com sua utilização na cultura do milho, como o de Rangel et al. (2011) que destaca a superioridade deste índice na predição de ganhos simultâneos nas duas principais

características ao melhoramento de milho de pipoca, mesmo Berilli et al. (2013) mostram que o índice de Mulamba & Mock (1978) entre os índices testados, foi o que mais se adaptou aos objetivos do programa. Também Cunha (2010) também observou ganhos elevados em seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho, utilizando este índice.

No índice GI também foram observadas ganhos com todos os pesos utilizados, mas predição mais altas para PG foi obtido com o peso de DPg (27,73) com esse mesmo peso foi constatada perdas em IF, FF e FM. No entanto com os demais pesos não foram verificadas perdas nessas características diferindo assim o índice de GI com as metodologias de SH, PB e MM na predição de perdas nas características mencionadas.

As progênies selecionadas no índice de PB em baixo nível de fósforo foram as mesmas com os diferentes pesos utilizados e iguais as escolhidas com o método de SH com os pesos de CVg, DPg e PA, com tudo com os pesos de H² e CVr as progênies selecionadas foram diferentes no índice de SH (anexo 6, 7, 8 ,9 e 10). É importante destacar de que selecionando com o método de SH e PB as primeiras nove progênies selecionadas são iguais 213-205-233-225-97-232-128 e 214. As progênies que foram selecionadas com o método de MM e que aparecem em todos os grupos formados com os cinco pesos econômicos diferentes são: 233-201-222-97-190-205-195-128-235-234-250 e 168 conseguindo 4,6% de coincidência (anexo 16). No entanto As progênies que foram selecionadas com o método de GI e que aparecem em todos os grupos formados com os cinco pesos econômicos diferentes são: 11- 255-225-251-248-253-147-254, alcançando apenas uma coincidência de 3%.

Tabela 5. Estimativas de ganho nos caracteres agrônômicos e de produtividade utilizando a herdabilidade (h^2), desvio padrão genético (DPg), coeficiente de variação genético (CVg), índice de coeficiente de variação (CVr) e pesos arbitrários (PA), como peso para os índices de Smith e Hazel, Mulamba e Mock, Pesek, Baker e distância Genótipo-Ideótipo, em 250 progênies de meios irmãos de milho e 6 testemunhas em ausência de adubação fosfatada.

C	Pesek e Baker					Smith e Hanzel				
	CVg	DPg	H ²	CVr	PA	CVg	DPg	H ²	CVr	PA
AE	1,55	1,55	1,55	1,55	1,55	1,55	1,55	1,6	1,6	1,55
AP	0,51	0,51	0,51	0,51	0,51	0,51	0,51	0,51	0,51	0,51
DC	-1,43	-1,43	-1,43	-1,43	-1,43	-1,43	-1,43	-1,12	-1,12	-1,43
FF	-0,65	-0,65	-0,65	-0,65	-0,65	-0,65	-0,65	-0,61	-0,61	-0,65
FM	-0,73	-0,73	-0,73	-0,73	-0,73	-0,73	-0,73	-0,068	-0,068	-0,73
IF -	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05
DE	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,03	0,03	0,04

CE	0	0	0	0	0	0	0	0,01	0,01	0
PG	27,55	27,55	27,55	27,55	27,55	27,55	27,55	27,68	27,68	27,55
GT	26,79	26,79	26,79	26,79	26,79	26,79	26,79	27,37	27,37	26,79
	Mulamba e Mock					Genótipo - Ideótipo				
C	CVg	DPg	H ²	CVr	PA	CVg	DPg	H ²	CVr	PA
AE	-12,97	1,63	-11,97	-11,97	1,11	11,04	1,63	11,64	12,01	-1,64
AP	-3,62	0,77	-4,77	-4,77	-0,05	4,19	0,77	4,65	4,59	0,8
DC	0,46	-1,11	-1,95	-1,95	-0,85	1,78	-1,11	1,21	1,16	0,41
FF	-0,41	-0,45	-1,56	-1,56	-0,69	0,3	-0,45	1,2	1,2	0,51
FM	-0,66	-0,5	-1,74	-1,74	-0,84	0,08	-0,5	1,38	1,33	0,13
IF -	0,2	-0,05	-0,1	-0,1	0,03	0,32	-0,05	0,03	0,09	0,54
DE	0,04	0,04	0,05	0,05	0,11	0,03	0,04	0	0,01	0,13
CE	0	0,01	-0,01	-0,01	0,3	0,04	0,01	0,01	0,01	0,08
PG	17,01	27,73	12,65	12,65	26,46	15,69	27,73	9,37	9,12	11,74
GT	0,14	28,07	-9,4	-9,4	25,31	33,47	28,07	29,49	29,52	17,1

Avaliando os GT preditos com os índices utilizados na presença de adubação fosfatada foram encontrados valores negativos com o índice de PB com todos os pesos utilizados, mas é bom expor que com todas elas foram encontradas ganhos percentuais positivos para PG, Com tudo também foram preditos perdas com todos os pesos econômicos em FM e FM.

Com o índice de SH foram preditas ganhos percentuais na PG com todos os pesos utilizados em torno a 17 %, ademais foram preditas perdas em FF e FM. Utilizando o índice de GI, foram constatadas perdas em FF e FM com o peso de DPg e PA com o CVg apenas foi predita perdas para FM não assim para FF, os ganhos totais conseguidos com este índice foram positivas com todos os pesos econômicos.

Na metodologia de MM foram preditas ganhos percentuais com todos os pesos econômicos para PG, mas com o DPg e PA observou-se maiores ganhos. Assim também foram encontradas perdas em FF e FM, respeito aos GT foi encontrados valores positivos com DPg e PA, com os peso de CVg, h²,e CVr os ganhos foram negativos.

As progênies selecionadas com PB e que aparecem em todos os grupos formados utilizando os cinco pesos econômicos diferentes são as seguintes: 216-255-15-1-177-234-209-32-91-174-229-45-80-248-233-28-18-239-194-125-256-226-82-241-190-74-217-237-21-225-149-205-71-34-2 e 196, conseguindo uma coincidência de 15% (anexo 11). Enquanto as progênies selecionadas com o índice de SH as progênies que não são encontradas em todos os grupos são apenas as progênies 38, 174 e 25 (anexo 13).

Com o índice de MM as progênes que estão constituídas em todos os grupos formados são 233-226-74-174-236-242-227-235-192-252-209-256-36-229-90-225-255-96 e 254 constituindo 7,3% de coincidência (anexo 12). Porém as progênes selecionadas com o GI que se encontra em todos os grupos formados são apenas as seguintes: 13-133-201-21 e 63 com uma coincidência de 1,9% (anexo 14).

Fazendo uma análise geral os maiores ganhos percentuais para PG foram encontrados com o peso de DPg no índice de Mulamba e Mock na presença de adubação (17,38) e na ausência (27,73).

Os métodos com os quais foram conseguidos GT positivos e muito importantes tanto em alta como em baixa disponibilidade de fósforo foram com SH e GI, onde os ganhos estão compreendidos entre 17 e 33% (tabela 5 e 6).

Tabela 6. Estimativas de ganho nos caracteres agrônômicos e de produtividade utilizando a herdabilidade (h^2), desvio padrão genético (DPg), coeficiente de variação genético (CVg), índice de coeficiente de variação (CVr) e pesos arbitrários (PA), como peso para os índices de Smith e Hazel, Mulamba e Mock, Pesek e Baker e distância Genótipo-Ideótipo, em 250 progênes de meios irmãos de milho e 6 testemunhas na presença de adubação fosfatada

Pesek e Baker						Smith e Hanzel				
C	CVg	DPg	H ²	CVr	PA	CVg	DPg	H ²	CVr	PA
AE	-5,42	-6,83	-4,58	-5,1	-5,32	2,07	0,9	2,94	4,02	0,9
AP	-5,92	-6,55	-5,56	-6,01	-5,84	0,7	0,24	1,08	1,48	0,24
DC	0,78	0,15	0,71	0,4	0,55	-0,81	-0,52	-0,62	-0,8	-0,52
FF	-1,06	-1,08	-1,18	-1,2	-1,14	-0,48	-0,48	-0,3	-0,31	-0,48
FM	-0,92	-0,98	-1,05	-1,06	-1,03	-0,52	-0,51	-0,35	-0,37	-0,51
IF -	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DE	0,23	0,58	0,44	0,43	0,5	0,1	0,14	0,12	0,09	0,14
CE	2,47	1,88	2,35	2,32	2,32	-0,31	-0,09	-0,28	-0,39	-0,09
PG	1,57	9,3	1,86	2,45	3,81	17,24	17,37	17,23	17,11	17,37
GT	-8,27	-3,53	-7,01	-7,77	-6,15	17,99	17,05	19,82	20,83	17,05
Mulamba e Mock						Genótipo - Ideótipo				
C	CVg	DPg	H ²	CVr	PA	CVg	DPg	H ²	CVr	PA
AE	-21,79	-1,66	-19,69	-22,65	-3,3	8,95	0,88	16,95	8,95	-0,42
AP	-11,82	-0,98	-11,38	-12,65	-1,33	4,34	0,2	9,83	4,34	-0,25
DC	0,61	-0,26	0,32	-0,6	-0,1	0,7	-0,33	2,08	0,7	0,39
FF	-0,59	-0,37	-1,2	-0,97	-0,67	0,24	-0,44	1,14	0,24	-0,17
FM	-0,62	-0,38	-1,13	-0,95	-0,74	-0,21	-0,43	1,07	-0,21	-0,28
IF -	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DE	0,23	0,13	0,31	0,36	0,27	0,09	0,11	-0,2	0,09	0,25
CE	0,52	-0,12	0,67	0,44	0,67	-0,02	-0,17	-0,22	-0,02	0,45
PG	10,27	17,38	8,01	7,63	16,31	8,45	17,39	3,19	8,45	16,49
GT	-23,19	13,74	-24,09	-28,85	11,21	22,54	17,21	33,84	22,54	16,46

5. CONCLUSÕES

- As progênies tiveram um comportamento diferenciado na presença de adubação fosfatada nas características de AE, AP, DC, FF, FM, DE,CE e PG, com tudo na ausência de adubação as características de AE, AP, DC, FF, FF e PG.
- O estudo de parâmetros genéticos demonstra que existe ampla variabilidade genética entre as progênies na presença de adubação fosfatada nas características de AE, AP, e PG, e na ausência de adubação nas características de AE, AP, FM e PG.
- Maiores ganhos tanto na presença como na ausência de adubação fosfatada foram encontradas para PG com o índice de Mulamba e Mock.

6. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

ABIMILHO. ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DE MILHO (2016). Disponível em: <<http://www.abimilho.com.br>>. Acesso em: 20 de Julho, 2016.

AHSAN, M.; WRIGHT, D.; VIRK, D. S. Genetic analysis of salt tolerance in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). **Cereal Research Communication**, Budapest, v. 24, n. 2, p. 353-360, June 1996.

ALVES, G. F. **Alterações nas propriedades genéticas de uma população submetida à seleção massal para prolificidade**. 2002. 69 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.

BERILLI, A.P.C.G., PEREIRA, M.G., TRINDADE, R.S., COSTA, F.R.C., CUNHA, K.S. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum** 35: 435-441, 2013.

BERNARDO, O. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2 ed. Wood burg: Stemma, 2010, 400p.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Wood bury: Stemma, 2002. 368 p.

BIGOTO, C. A. **Estudo na população ESALQ PB-1 de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente**. 1988. 112 f. Dissertação (Mestrado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

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

CAMARA, T.M.M.; et al. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**. Campinas, v.66. n. 4, p.

CARVALHO, A. D. F.; SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P. Capacidade de combinação de progênies parcialmente endogâmicas obtidas de híbridos comerciais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n. 3, p. 429-437, 2004.

CARVALHO, S.P. de. Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção, sob multicolinearidade. Viçosa: UFV, 1995. 163p.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. 8ª ed. Brasília: Conab, 2016, Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>, Acesso em: 20 de Junho, 2016.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2.

CRUZ CD; REGAZZI AJ. 2001. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. rev. Viçosa: UFV. 390p. CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos**

biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

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

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 1. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2a ed., 2001, p.390.

CUNHA, K.S. 2010. **Marcadores moleculares aplicados à seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays*, L.)**. 73f. (Dissertação de Mestrado) – Universidade Estadual do Norte Fluminense “Darcy Ribeiro”, Campos do Goytacazes, Brasil.

DAROS, M. et al. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. *Ciência Rural*, v.34, n.5, p.1389-1394, 2004.

DECHEN, A. R.; NACHTIGALL, R. G. Elementos requeridos à nutrição de plantas. In: NOVAIS, R. F. et al. (Org.). **Fertilidade do solo**. Viçosa, MG: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 2007. p. 91-132.

BORÉM, A. (Eds.) **Melhoramento de plantas para condições de estresses abióticos**. Visconde do Rio Branco, Editora Suprema. p.81-99, 2011.

FALCONER DS (1987) **Introdução à genética quantitativa**. Trad. Silva MA. & Silva JC. Viçosa, Imprensa Universitária Federal de Viçosa. 279p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. England: Longman, 1996. 463p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Livroceres: Livraria e Editora Agropecuária Ltda, 2ª Edição, 2008, 360 p.

FERRÃO, R.G., CRUZ, C.D., FERREIRA, A., CECON, P.R., FERRÃO, M.A.G., FONSECA, A.F.A., CARNEIRO, P.C.S., SILVA, M.F. Parâmetros genéticos em café conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43: 61- 69, 2008.

FERNANDES, C.; MURAOKA, T. Absorção de fósforo por híbridos de milho cultivados em solo de cerrado. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v. 59, n. 4, p. 781-787, out./dez. 2002.

FIDÉLIS, R. R. et al. Classificação de populações de milho quanto a eficiência e resposta ao uso de fósforo em solos naturais de cerrado. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 24, n. 3, p. 39-45, July/Sept. 2008.

FISHER, R. A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. **Annals of Eugenics**, v. 7, n. 2, p. 179-188, 1936.

FRITSCH NETTO, R. **Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho**. 2011. 28 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2011.

FRITSCH NETTO, R.; BORÉM, A. **Plant breeding for abiotic stress tolerance**. Springer. Heidelberg. 183p. 2012.

FRITSCH NETTO, R.; BOREM, A. Melhoramento de plantas para condições de estresses abióticos. Viçosa: UFV, 2011. 250 p.

FURLANI, A. M. C.; LIMA, M.; NASS, L. L. Combining ability effects for P efficiency characters in maize grown in low P nutrient solution. **Maydica**, Bergamo, v. 43, n. 3, p. 169-174, 1998.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices não paramétricos para seleção de cultivares. **Bragantina**, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999.

GERALDI, I. O. **Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento**. 1977, 103 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

GONZÁLEZ, P. A. et al. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 3, p. 419-425, 1994.

GORZ, H. J. et al. Combining ability effects for mineral elements in forage sorghum hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 27, n. 2, p. 216-219, Apr. 1987.

GRANT, C. A. et al. A importância do fósforo no desenvolvimento inicial da planta. **Informações Agronômicas**, Piracicaba, v. 95, p. 1-16, set. 2001.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa State University Press, 1981, 468p.

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

HYLAND, C. et al. **Phosphorus basics: the phosphorus cycle**. New York: Cornell University, 2005. 2 p. (Agronomy Fact Sheet Series).

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Multivariate distributions: applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Pearson, 2007. 488 p.

KASSOUF, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ PB1. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., 1986, Maceió. **Anais...** Brasília: Embrapa/CNPMS, 1986. p. 119-131.

KUREK, A. J. et al. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimentos de grãos em feijão. **Revista Brasileira de Agrocência**, Pelotas, v. 7, n. 1, p. 29-32, jan./abr. 2001.

LESSA L. S.; LEDO C. A. S.; SANTOS V. S.; SILVA S.; PEIXOTO C. P. Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**, v. 69, p. 525-534, 2010.

LI, C. C. **Path analysis – a primer**. Boxwood: Pacific Grove, 1975. 346p.

LIN, C. Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 52, p. 49-56, 1978.

LORDÊLO, J. A. C. **Parâmetros genéticos nas populações de milho Piranão-VD2 e Piranão-VF1**. 1982. 63 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1982.

MACHADO, C. T. T.; FURLANI, A. M. C.; MACHADO, A. T. Índices de eficiência de variedades locais e melhoradas de milho ao fósforo. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 225-238, 2001.

MAEDA, A. K. M. **Seleção de Genótipos de milho eficientes no uso de fósforo por meio de análise dialélica e análise AMMI-Biplot**. 2016. 91 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS, 2016.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, R. R.; LOPES, A. C. A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, v.39, n.2, p.348-354, 2009.

MAURO, A. O.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C. S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, p. 667-672, 1995.

MORETI, D.; GONÇALVES, P. S.; GORGULHO, E. P.; MARTINS, A. L. M.; BORTOLETTO, N. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de caracteres juvenis em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, p. 1099-1109, 1994.

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

NYQUIST, W.E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Reviews in Plant Science**, v.10, p.235-322, 1991.

OMOIGUI, L. O.; ISHIYAKU, M. F.; KAMARA, A. Y.; ALABI, S. O.; MOHAMMED S.G. Genetic variability and heritability studies of some reproductive traits in cowpea

(*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **African Journal of Biotechnology**, v. 5, n. 13, p. 1191-1195, 2006.

PARENTONI, S. N. et al. Eficiência na utilização de fósforo em genótipos de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., 2000, Uberlândia. **Resumos...** Sete Lagoas: ABMS/EMBRAPA Milho e Sorgo; UFU, 2000. p. 92.

PARENTONI, S. N.; SOUZA, C. L. de. Phosphorus acquisition and internal utilization efficiency in tropical maize genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 7, p. 893-901, jul. 2008.

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

PATERNIANI, E.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X. **O Valor dos Recursos Genéticos para o Brasil**. Paralelo 15, 2000, p.136.

PAULA, R.C.; PIRES, I.E.; BORGES, R.C.G.; CRUZ, C.D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p.159-165, 2002.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5ª. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008. 617p.

PEREIRA, J. R. **Seleção de irmãos completos, visando a qualidade da semente e outros caracteres agronômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 1985. 85 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1985.

PESEK, J., BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 49, p. 803-804, 1969.

PIERCE, B. A. **Genética: um enfoque conceitual**. 3ª. ed. Rio de Janeiro: Editora Guanabara Koogan, 2013. 774p.

PIMENTEL GOMES, F. 1991. **Índice de variação**: um substituto vantajoso do coeficiente de variação. IPEF: Piracicaba. 4 p. (Circular técnica 178).

RAIJ, V.B. **Fertilidade do solo e adubação**. São Paulo, Piracicaba: Editora Agronômica Ceres, POTAFOS, 343 p. 1991.

RAMALHO MAP, Santos JB & ZIMMERMANN, MJO (1993) Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia, UFG. 271p.

RAMALHO, M. A. P. **Eficiência de alguns processos de seleção intra populacional no milho baseados em famílias não endógamas**. 1977. 122 f. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2ª. ed. Lavras: UFLA, 2012, 305p.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P. de; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 25, p. 1595-1604, 2000.

RANGEL, R. M.; AMARAL JÚNIOR, A.; FLEITAS JÚNIOR, S. 2011. Associação entre características agronômicas e capacidade de expansão em população de milho pipoca sobseleção recorrente. *Ciência Agrotec.. Lavras*. v. 35, n. 2, p. 225 - 233.

RAUSCH, C.; BUCHER, M. Molecular mechanisms of phosphate transport in plants. **Planta**, Berlin, v. 216, n. 1, p. 23-37, Jan. 2002.

RESENDE, M.D.V. de; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 22/23, p. 61-77, 1991.

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

RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E. B.; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.21, p.1-13, 1990.

RHEINHEIMER, D.S.; ANGHINONI, I. Distribuição do fósforo inorgânico em sistemas de manejo de solo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, p.151-160, 2001.

RISSI, R. **Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão**. 1980. 87 f. Dissertação (Mestrado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latinoamericana**, San José, v. 2, n. 1, p. 23-38, 1965.

ROCHA, M. M.; CAMPELO, J. E. G.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V.Q.; LOPES, A. C. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, v. 8, n. 1, p. 135-141, 2003.

RODRIGUES, L.R., SILVA, P.R.F. 2011. **Indicações técnicas para o cultivo do milho e do sorgo na Rio Grande do Sul: Safras 2011/2012 e 2012/2013**. FEPAGRO, Porto Alegre, Brasil. 140p.

ROLIM NETO, F.C., SCHAEFER, C.E.G.R., COSTA, L.M., CORRÊA, M.M., FERNANDES FILHO, E.I., IBRAIMO, M.M. Phosphorus adsorption, specific surface, and mineralogical attributes of soils developed from volcanic rocks from the Upper Paraíba, MG (Brazil). **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.28, n.6, p.953-964, 2004.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SANTOS, F. S.; JÚNIOR, A. T. A.; JÚNIOR, S. P. F.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. GONZAGA. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

SHIMELIS, H.; SHIRIZGANI, R. Variance components and heritabilities of yield and agronomic traits among cowpea genotypes. **Euphytica**, v. 176, p. 383-389, 2010.

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

SILVA, E. S. et al. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM – **Caatinga**, Mossoró, v. 14, n. 1/2, p. 43-52, 2001.

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

SILVA, M. G. M.; VIANA, A.P. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 2, p. 525-531, jun. 2012.

SILVA, P.H.M., BARRICHELO L.E.G. Progressos recentes na área florestal. In: PATERNIANI, E. **Ciência, Agricultura e Sociedade**. Embrapa, Brasília, Brasil. p. 439-456, 2006.

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

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection índices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, v. 13, p. 184-186, 1973.

VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto – SP. Revista Brasileira de Genética, 1992, p.496.

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

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2nd, 1987, Raleigh. **Proceedings...** Sunderland: Sinauer Associates, 1988. p. 465-477.

Vilarinho AA, Viana JMS, Santos JF & Câmara TMM (2003) Eficiência da seleção de progênies S1 e S2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. *Bragantia*, 62:9-17.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. ***Biometrics***, v. 18, p. 375-393, 1962.

ANEXOS

Anexo 1. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distância Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico o CVg

PB			MM			GI			SH		
219	244	225	233	241	158	176	233	139	256	148	220
216	239	149	226	191	18	147	34	198	227	47	225
255	194	127	74	200	225	4	155	21	99	104	235
15	125	205	174	199	46	205	192	162	213	245	13
1	119	71	239	145	255	251	187	123	229	252	147
177	256	34	236	45	251	43	36	99	21	205	253
234	93	20	237	163	62	236	108	232	4	2	226
209	142	164	242	214	144	16	120	136	201	16	90
32	226	2	190	253	29	13	69	200	133	65	219
91	82	36	227	25	220	11	97	94	236	74	96
174	50	179	235	256	96	178	201	183	72	34	38
131	241	146	216	98	254	38	148	75	233	254	27
229	190	152	192	36	213	168	186	63	192	86	174
45	74	196	249	229	175	177	153	77	255	212	25
80	217		232	250		254	5		36	44	
248	237		248	206		133	96		176	62	
233	243		234	224		189	160		251	30	
28	144		252	90		1	231		63	198	
18	21		209	152		65	44		11	37	

Anexo 2. Progênies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico DPg

PB			MM			GI			SH		
256	227	248	256	63	253	233	191	9	256	63	220
255	235	249	227	62	212	74	248	51	227	74	253
229	45	149	229	245	209	174	25	90	99	245	225
209	217	254	213	176	2	190	192	213	213	104	174
233	125	28	233	235	90	249	18	225	229	148	90
216	2	231	99	226	25	237	199	254	21	47	30
74	80	197	236	104	206	241	80	214	4	254	242
177	237	194	192	254	65	235	200	96	201	205	13
91	205	24	255	205	16	236	229	244	133	86	37
1	239	82	252	44	79	226	253	175	236	65	96
174	32	71	74	174	96	239	250	144	233	62	25
234	34	133	36	34	13	209	132	36	192	34	219
15	213	200	201	220	148	216	227	207	72	16	147
21	36	250	4	219	8	45	163	98	255	44	209
236	190		251	86		234	255		36	235	
226	232		21	47		256	224		251	2	
225	90		72	198		232	223		176	198	
241	199		133	242		252	242		11	226	
18	62		11	225		145	231		252	212	

Anexo 3. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico H^2

PB			MM			GI			SH		
216	239	179	233	252	9	212	92	186	256	148	225
15	248	71	74	248	250	135	126	133	227	47	220
255	244	93	236	191	223	76	151	38	99	104	13
234	74	127	174	255	244	60	153	172	213	245	147
1	194	21	237	199	197	136	2	61	229	252	235
177	241	199	249	145	132	53	124	203	21	2	253
209	217	205	190	192	219	47	67	147	4	16	226
219	119	34	209	254	98	77	86	123	201	205	90
91	190	2	241	225	32	211	134	156	133	65	38
80	243	197	256	229	242	63	108	21	236	212	96
32	50	232	235	231	217	150	72	97	72	74	219
174	226	20	232	213	163	3	187	201	233	34	27
45	82	24	226	200	214	111	75	71	192	86	203
229	28	146	45	80	93	173	137	162	255	254	242
131	225		234	90		120	78		36	44	
233	237		239	253		43	218		176	62	
125	149		216	96		104	169		251	30	
256	142		25	36		13	28		63	37	
18	144		18	227		155	42		11	198	

Anexo 4. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico PA

PB			MM			GI			SH		
216	241	50	233	232	249	227	44	174	256	63	220
255	226	34	236	201	237	233	34	8	227	74	253
15	239	235	205	226	18	21	176	200	99	245	225
234	248	243	21	16	147	229	2	98	213	104	174
209	217	232	36	251	86	201	205	252	229	148	90
1	225	199	256	219	99	213	255	232	21	47	30
177	190	144	74	96	13	236	226	187	4	254	242
256	194	236	255	227	177	36	198	199	201	205	13
91	237	127	254	235	242	133	147	245	133	86	37
229	244	197	4	209	220	4	256	212	236	65	96
219	131	36	213	252	98	11	90	120	233	62	25
174	21	179	225	72	1	192	225	65	192	34	219
32	28	24	34	231	97	242	254	104	72	16	147
80	119	142	229	44	37	99	74	38	255	44	209
233	82		192	2		251	220		36	235	
45	149		174	90		63	16		251	2	
74	205		133	62		62	177		176	198	
18	71		11	198		13	96		11	226	
125	2		176	63		72	47		252	212	

Anexo 5. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico CVr

PB			MM			GI			SH		
216	74	144	233	191	9	176	233	139	256	47	147
15	239	71	74	248	51	147	34	198	227	11	225
255	241	127	174	25	90	4	155	21	99	104	13
234	244	93	190	192	213	205	192	162	213	2	220
1	194	21	249	18	225	251	187	123	21	245	38
177	248	199	237	199	254	43	36	99	229	16	253
209	217	24	241	80	214	236	108	232	4	212	77
80	190	197	235	200	96	16	120	136	201	65	219
91	119	232	236	229	244	13	69	200	133	205	90
32	243	205	226	253	175	11	97	94	72	34	96
219	50	2	239	250	144	178	201	183	236	252	203
174	226	235	209	132	36	38	148	75	233	86	27
45	82	34	216	227	207	168	186	63	192	254	235
229	225	20	45	163	98	177	153	77	255	30	226
131	237		234	255		254	5		36	37	
233	28		256	224		133	96		176	74	
125	149		232	223		189	160		63	44	
256	179		252	242		1	231		251	62	
18	142		145	231		65	44		148	198	

Anexo 6. Progenies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico CVg

PB			MM			GI			SH		
213	8	147	233	230	199	11	4	146	213	8	147
205	254	100	201	34	211	255	104	125	205	254	100
233	34	226	222	70	2	16	30	90	233	34	226
225	256	193	97	235	58	63	168	220	225	256	193
255	178	195	190	164	186	225	256	218	255	178	195
97	24	234	205	242	221	213	108	228	97	24	234
232	222	217	195	78	255	251	232	212	232	222	217
128	208	166	241	147	42	178	126	102	128	208	166
214	228	235	128	253	168	247	54	28	214	228	235
250	253	70	220	88	229	69	113	177	250	253	70
73	75	210	59	187	86	75	136	193	73	75	210
201	168	203	191	68	225	3	198	185	201	168	203
3	71	9	105	83	174	71	206	62	3	71	9
197	212	62	184	234	39	74	147	14	197	212	62
104	18		62	250		217	254		104	18	
11	190		140	237		248	25		11	190	
30	55		180	106		253	233		30	55	
248	37		213	9		91	161		248	37	
251	31		57	189		44	133		251	31	

Anexo 7. Progenies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico DPg

PB			MM			GI			SH		
213	8	147	213	3	71	213	251	71	213	8	147
205	254	100	255	8	168	225	8	234	205	254	100
233	34	226	225	34	234	233	34	190	233	34	226
225	256	193	30	178	55	205	253	37	225	256	193
255	178	195	233	73	37	255	73	55	255	178	195
97	24	234	205	253	24	30	178	24	97	24	234
232	222	217	232	75	195	11	75	220	232	222	217
128	208	166	11	256	220	232	256	166	128	208	166
214	228	235	214	222	166	214	222	217	214	228	235
250	253	70	104	212	217	104	212	62	250	253	70
73	75	210	128	147	235	128	147	235	73	75	210
201	168	203	208	201	62	208	226	195	201	168	203
3	71	9	228	226	57	248	193	57	3	71	9
197	212	62	248	31	12	228	210	12	197	212	62
104	18		97	193		250	201		104	18	
11	190		197	190		197	31		11	190	
30	55		250	210		97	18		30	55	
248	37		254	100		254	100		248	37	
251	31		251	18		3	168		251	31	

Anexo 8. Progenies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico H^2

PB			MM			GI			SH		
213	8	147	70	2	203	11	185	92	213	254	193
205	254	100	201	98	166	16	225	109	205	256	226
233	34	226	97	205	85	206	210	47	233	201	100
225	256	193	128	65	250	69	251	189	225	178	190
255	178	195	86	73	68	255	3	122	255	34	217
97	24	234	184	195	120	192	104	74	97	24	234
232	222	217	37	35	67	77	28	25	232	208	166
128	208	166	9	190	140	126	4	93	128	228	195
214	228	235	83	94	168	160	162	172	214	253	235
250	253	70	22	174	232	91	12	254	3	222	210
73	75	210	105	8	235	178	208	253	250	75	203
201	168	203	50	234	233	30	228	5	11	71	70
3	71	9	39	24	112	108	75	226	73	168	62
197	212	62	202	182	118	247	125	147	197	55	220
104	18		84	106		133	248		104	212	
11	190		191	222		113	217		251	18	
30	55		52	237		76	46		30	37	
248	37		241	249		136	63		248	147	
251	31		229	42		14	146		8	31	

Anexo 9. Progenies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico CVr

PB			MM			GI			SH		
213	8	147	70	2	182	11	76	25	213	254	193
205	254	100	201	98	68	16	185	47	205	256	226
233	34	226	97	73	85	69	225	93	233	201	100
225	256	193	128	205	42	206	3	109	225	178	190
255	178	195	86	195	250	255	28	46	255	34	217
97	24	234	37	190	67	126	251	254	97	24	234
232	222	217	83	65	120	192	63	253	232	208	166
128	208	166	184	94	235	91	162	210	128	228	195
214	228	235	9	35	140	77	12	75	214	253	235
250	253	70	22	174	233	178	248	189	3	222	210
73	75	210	105	234	232	108	104	122	250	75	203
201	168	203	202	8	118	160	217	44	11	71	70
3	71	9	50	106	112	247	208	161	73	168	62
197	212	62	39	24	168	133	74	147	197	55	220
104	18		229	249		30	146		104	212	
11	190		191	222		113	92		251	18	
30	55		84	166		136	228		30	37	
248	37		52	203		14	125		248	147	
251	31		241	237		4	172		8	31	

Anexo 10. Progenies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com os índices de Pesek e Baker (PB), Mulamba e Mock (MM), Distancia Genótipo - Ideótipo (GI) e Smith e Hanzel (SH) utilizando como peso econômico PA

PB			MM			GI			SH		
213	8	147	97	248	195	233	205	25	213	8	147
205	254	100	255	3	31	255	248	60	205	254	100
233	34	226	233	37	68	11	90	234	233	34	226
225	256	193	213	104	63	62	253	78	225	256	193
255	178	195	232	254	30	190	235	208	255	178	195
97	24	234	205	250	241	220	177	7	97	24	234
232	222	217	256	251	203	201	28	44	232	222	217
128	208	166	220	166	100	222	232	58	128	208	166
214	228	235	253	222	208	242	59	189	214	228	235
250	253	70	168	55	197	213	16	31	250	253	70
73	75	210	11	234	62	97	198	57	73	75	210
201	168	203	73	147	228	247	91	14	201	168	203
3	71	9	225	235	249	4	147	207	3	71	9
197	212	62	128	178	34	88	251	221	197	212	62
104	18		201	54		195	254		104	18	
11	190		190	83		69	68		11	190	
30	55		24	8		218	168		30	55	
248	37		75	9		241	225		248	37	
251	31		214	71		63	49		251	31	

Anexo 11. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com o índice de Pesek e Baker, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, h², PA e CVr

CVg																		
219	216	255	15	1	177	234	209	32	91	174	131	229	45	80	248	233	28	18
244	239	194	125	119	256	93	142	226	82	50	241	190	74	217	237	243	144	21
225	149	127	205	71	34	20	164	2	36	179	146	152	196					
DPg																		
256	255	229	209	233	216	74	177	91	1	174	234	15	21	236	226	225	241	18
227	235	45	217	125	2	80	237	205	239	32	34	213	36	190	232	90	199	62
248	249	149	254	28	231	197	194	24	82	71	133	200	250					
h ²																		
216	15	255	234	1	177	209	219	91	80	32	174	45	229	131	233	125	256	18
239	248	244	74	194	241	217	119	190	243	50	226	82	28	225	237	149	142	144
179	71	93	127	21	199	205	34	2	197	232	20	24	146					
PA																		
216	255	15	234	209	1	177	256	91	229	219	174	32	80	233	45	74	18	125
241	226	239	248	217	225	190	194	237	244	131	21	28	119	82	149	205	71	2
50	34	235	243	232	199	144	236	127	197	36	179	24	142					
CVr																		
216	15	255	234	1	177	209	80	91	32	219	174	45	229	131	233	125	256	18
74	239	241	244	194	248	217	190	119	243	50	226	82	225	237	28	149	179	142
144	71	127	93	21	199	24	197	232	205	2	235	34	20					

Anexo 12. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com o índice de Mulamba e Mock, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H², PA e CVr

CVg																		
233	226	74	174	239	236	237	242	190	227	235	216	192	249	232	248	234	252	209
241	191	200	199	145	45	163	214	253	25	256	98	36	229	250	206	224	90	152
158	18	225	46	255	251	62	144	29	220	96	254	213	175					
DPg																		
256	227	229	213	233	99	236	192	255	252	74	36	201	4	251	21	72	133	11
63	62	245	176	235	226	104	254	205	44	174	34	220	219	86	47	198	242	225
253	212	209	2	90	25	206	65	16	79	96	13	148	8					
h ²																		
233	74	236	174	237	249	190	209	241	256	235	232	226	45	234	239	216	25	18
252	248	191	255	199	145	192	254	225	229	231	213	200	80	90	253	96	36	227
9	250	223	244	197	132	219	98	32	242	217	163	214	93					
PA																		
233	236	205	21	36	256	74	255	254	4	213	225	34	229	192	174	133	11	176
232	201	226	16	251	219	96	227	235	209	252	72	231	44	2	90	62	198	63
249	237	18	147	86	99	13	177	242	220	98	1	97	37					
CVr																		
233	74	174	190	249	237	241	235	236	226	239	209	216	45	234	256	232	252	145
191	248	25	192	18	199	80	200	229	253	250	132	227	163	255	224	223	242	231
9	51	90	213	225	254	214	96	244	175	144	36	207	98					

Anexo 13. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com o índice de Smith e Hanzel, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H², PA e CVr

CVg																		
256	227	99	213	229	21	4	201	133	236	72	233	192	255	36	176	251	63	11
148	47	104	245	252	205	2	16	65	74	34	254	86	212	44	62	30	198	37
220	225	235	13	147	253	226	90	219	96	38	27	174	25					
DPg																		
256	227	99	213	229	21	4	201	133	236	233	192	72	255	36	251	176	11	252
63	74	245	104	148	47	254	205	86	65	62	34	16	44	235	2	198	226	212
220	253	225	174	90	30	242	13	37	96	25	219	147	209					
h ²																		
256	227	99	213	229	21	4	201	133	236	72	233	192	255	36	176	251	63	11
148	47	104	245	252	2	16	205	65	212	74	34	86	254	44	62	30	37	198
225	220	13	147	235	253	226	90	38	96	219	27	203	242					
PA																		
256	227	99	213	229	21	4	201	133	236	233	192	72	255	36	251	176	11	252
63	74	245	104	148	47	254	205	86	65	62	34	16	44	235	2	198	226	212
220	253	225	174	90	30	242	13	37	96	25	219	147	209					
CVr																		
256	227	99	213	21	229	4	201	133	72	236	233	192	255	36	176	63	251	148
47	11	104	2	245	16	212	65	205	34	252	86	254	30	37	74	44	62	198
147	225	13	220	38	253	77	219	90	96	203	27	235	226					

Anexo 14. Progenies selecionadas na presença de adubação fosfatada, com o índice da Distancia Genótipo Ideótipo, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H², PA e CVr

CVg																		
176	147	4	205	251	43	236	16	13	11	178	38	168	177	254	133	189	1	65
233	34	155	192	187	36	108	120	69	97	201	148	186	153	5	96	160	231	44
139	198	21	162	123	99	232	136	200	94	183	75	63	77					
DPg																		
233	74	174	190	249	237	241	235	236	226	239	209	216	45	234	256	232	252	145
191	248	25	192	18	199	80	200	229	253	250	132	227	163	255	224	223	242	231
9	51	90	213	225	254	214	96	244	175	144	36	207	98					
h ²																		
212	135	76	60	136	53	47	77	211	63	150	3	111	173	120	43	104	13	155
92	126	151	153	2	124	67	86	134	108	72	187	75	137	78	218	169	28	42
186	133	38	172	61	203	147	123	156	21	97	201	71	162					
PA																		
227	233	21	229	201	213	236	36	133	4	11	192	242	99	251	63	62	13	72
44	34	176	2	205	255	226	198	147	256	90	225	254	74	220	16	177	96	47
174	8	200	98	252	232	187	199	245	212	120	65	104	38					
CVr																		
176	147	4	205	251	43	236	16	13	11	178	38	168	177	254	133	189	1	65
233	34	155	192	187	36	108	120	69	97	201	148	186	153	5	96	160	231	44
139	198	21	162	123	99	232	136	200	94	183	75	63	77					

Anexo 15. Progenies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com o índice de Pesek e Baker, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H², PA e CVr

CVg																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					
DPg																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					
h ²																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					
PA																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					
CVr																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					

Anexo 16. Progênies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com o índice de Mulamba e Mock, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H², PA e CVr

CVg																		
233	201	222	97	190	205	195	241	128	220	59	191	105	184	62	140	180	213	57
230	34	70	235	164	242	78	147	253	88	187	68	83	234	250	237	106	9	189
199	211	2	58	186	221	255	42	168	229	86	225	174	39					
DPg																		
213	255	225	30	233	205	232	11	214	104	128	208	228	248	97	197	250	254	251
3	8	34	178	73	253	75	256	222	212	147	201	226	31	193	190	210	100	18
71	168	234	55	37	24	195	220	166	217	235	62	57	12					
h ²																		
70	201	97	128	86	184	37	9	83	22	105	50	39	202	84	191	52	241	229
2	98	205	65	73	195	35	190	94	174	8	234	24	182	106	222	237	249	42
203	166	85	250	68	120	67	140	168	232	235	233	112	118					
PA																		
97	255	233	213	232	205	256	220	253	168	11	73	225	128	201	190	24	75	214
248	3	37	104	254	250	251	166	222	55	234	147	235	178	54	83	8	9	71
195	31	68	63	30	241	203	100	208	197	62	228	249	34					
CVr																		
70	201	97	128	86	37	83	184	9	22	105	202	50	39	229	191	84	52	241
2	98	73	205	195	190	65	94	35	174	234	8	106	24	249	222	166	203	237
182	68	85	42	250	67	120	235	140	233	232	118	112	168					

Anexo 17. Progênes selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com o índice de Smith e Hanzel, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H², PA e CVr

CVg																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					
Dpg																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					
h ²																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	3	250	11	73	197	104	251	30	248	8
254	256	201	178	34	24	208	228	253	222	75	71	168	55	212	18	37	147	31
193	226	100	190	217	234	166	195	235	210	203	70	62	220					
PA																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	250	73	201	3	197	104	11	30	248	251
8	254	34	256	178	24	222	208	228	253	75	168	71	212	18	190	55	37	31
147	100	226	193	195	234	217	166	235	70	210	203	9	62					
CVr																		
213	205	233	225	255	97	232	128	214	3	250	11	73	197	104	251	30	248	8
254	256	201	178	34	24	208	228	253	222	75	71	168	55	212	18	37	147	31
193	226	100	190	217	234	166	195	235	210	203	70	62	220					

Anexo 18. Progenies selecionadas na ausência de adubação fosfatada, com o índice da Distancia Genótipo Ideótipo, utilizando como pesos econômicos o CVg, Dpg, H², PA e CVr

CVg																		
11	255	16	63	225	213	251	178	247	69	75	3	71	74	217	248	253	91	44
4	104	30	168	256	108	232	126	54	113	136	198	206	147	254	25	233	161	133
146	125	90	220	218	228	212	102	28	177	193	185	62	14					
DPg																		
213	225	233	205	255	30	11	232	214	104	128	208	248	228	250	197	97	254	3
251	8	34	253	73	178	75	256	222	212	147	226	193	210	201	31	18	100	168
71	234	190	37	55	24	220	166	217	62	235	195	57	12					
h ²																		
11	16	206	69	255	192	77	126	160	91	178	30	108	247	133	113	76	136	14
185	225	210	251	3	104	28	4	162	12	208	228	75	125	248	217	46	63	146
92	109	47	189	122	74	25	93	172	254	253	5	226	147					
PA																		
233	255	11	62	190	220	201	222	242	213	97	247	4	88	195	69	218	241	63
205	248	90	253	235	177	28	232	59	16	198	91	147	251	254	68	168	225	49
25	60	234	78	208	7	44	58	189	31	57	14	207	221					
CVr																		
11	16	69	206	255	126	192	91	77	178	108	160	247	133	30	113	136	14	4
76	185	225	3	28	251	63	162	12	248	104	217	208	74	146	92	228	125	172
25	47	93	109	46	254	253	210	75	189	122	44	161	147					