



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA

THIAGO PABLO MARINO

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM
POPULAÇÕES DE MILHO SUPERDOCE UTILIZANDO
PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS**

Londrina
2014

THIAGO PABLO MARINO

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM
POPULAÇÕES DE MILHO SUPERDOCE UTILIZANDO
PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS**

Dissertação de Mestrado apresentado ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Josué Maldonado Ferreira

Londrina
2014

**Catálogo elaborado pela Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca Central da
Universidade Estadual de Londrina.**

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)

M339e Marino, Thiago Pablo.
Estimação de parâmetros genéticos em populações de milho superdoce utilizando progênies de meio-irmãos / Thiago Pablo Marino. – Londrina, 2014.
78 f. : il.

Orientador: Josué Maldonado Ferreira.
Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, 2014.
Inclui bibliografia.

1. Milho-doce – Melhoramento genético – Teses. 2. Milho-doce – Variedades – Teses. 3. Hereditariedade – Teses. 4. Genética vegetal – Teses. I. Ferreira, Josué Maldonado. II. Universidade Estadual de Londrina. Centro de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular. III. Título.

CDU 631.52:633.15

THIAGO PABLO MARINO

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES DE
MILHO SUPERDOCE UTILIZANDO PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS**

Dissertação de Mestrado apresentado ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre.

BANCA EXAMINADORA

Orientador: Prof. Dr. Josué Maldonado Ferreira
Universidade Estadual de Londrina – UEL

Prof. Dr. Leandro Simões Azeredo Gonçalves
Universidade Estadual de Londrina – UEL

Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim
Universidade Estadual de Maringá – UEM

Londrina, 24 de Março de 2014.

DEDICO

À mulher da minha vida Laís Bastos Martins pelo apoio incondicional em todos os momentos, principalmente nos de incerteza.

Sem você nenhuma conquista valeria a pena.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à DEUS, que é meu maior porto seguro. Com a ajuda Dele eu tive forças para chegar ao final dessa jornada.

Aos meus pais Marly Marino e Ângelo Marino e toda minha família, que foram à base de tudo pra mim, apoiando-me nos momentos difíceis com força, confiança, amor, ensinando-me a persistir nos meus objetivos e ajudando a alcançá-los.

À minha futura esposa Lais os mais sinceros agradecimentos, pois sem ela eu não estaria aqui e nem conseguiria trilhar este caminho como foi trilhado. Agradeço também a toda sua família por estarem sempre ao meu lado me apoiando em tudo.

Agradeço ao meu orientador Prof. Dr. Josué Maldonado Ferreira, não só pela constante orientação neste trabalho, mas sobretudo pela sua amizade, seus conselhos, que com certeza levarei por toda a minha vida. Agradeço as cobranças, exigências, dinamismo, confiança e por acreditar em meu potencial.

Aos meu grande amigo Robson Rockembacker por todo apoio neste trabalho e durante todos estes anos que passei no laboratório. Aos meus amigos de laboratório que com certeza sentirei muitas saudades: Andressa Nakagawa, Paulo Gabriel Dalto, Matheus Dalsente, Heitor Dias, Alana Cavalcante, Jéssica Pestana, Larissa Xavier, Julio Harbs e Pedro Kiyota. A eles agradeço pela amizade, pela ajuda neste trabalho e todas as risadas dadas durante todo este tempo que passamos juntos.

À Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina e a Tropical Melhoramento & Genética (TMG) por terem disponibilizado as áreas para serem instalados os experimentos.

Ao Programa de Pós Graduação em Genética e Biologia Molecular e todo o corpo docente pelos ensinamentos.

À Universidade Estadual de Londrina pela oportunidade de ter concluído esta Pós-graduação. Agradeço em especial a Professora Ana Lúcia assim como a Sueli que sempre me ajudaram quando precisei.

Agradeço também a todos meus amigos e colegas que direta ou indiretamente me ajudaram não somente para a conclusão deste trabalho, mas que estiveram sempre ao meu lado durante todo o curso de Pós-graduação.

MARINO, Thiago Pablo. **Estimação de parâmetros genéticos em populações de milho superdoce utilizando progênies de meio-irmãos**. 2014. 78 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2014.

RESUMO

O milho doce é um tipo especial de milho caracterizado por conter maiores concentrações de açúcares no grão, quando comparado com o milho comum, sendo pouco difundido no Brasil principalmente pelas poucas cultivares disponíveis no mercado. Uma das etapas iniciais de um programa de melhoramento genético é caracterização do potencial das populações sendo fundamental determinar a variabilidade genética existente, as perspectivas de ganhos com a seleção e as associações entre os caracteres. O objetivo deste trabalho foi determinar o potencial genético de duas populações de milho superdoce para o melhoramento, por meio de estimativas de variância genética, herdabilidade, ganho com a seleção e verificar correlações genéticas entre as principais características agrônômicas em milho doce. Durante a safra de verão 2012/2013, foram avaliadas, em dois locais de cultivos, 150 progênies de meio-irmãos juntamente com o híbrido simples BRS-Vivi, utilizado como testemunha. As características avaliadas foram: teor de sólidos solúveis; peso de espigas com palhas; peso de espigas sem palhas; peso de espigas industrializáveis; peso de grãos; relação do peso de espigas sem palhas sobre o peso total de espigas com palhas; relação do peso de espigas industrializáveis sobre o peso total das espigas sem palhas; relação do peso dos grãos sobre o peso total das espigas industrializáveis; rendimento industrial; prolificidade; comprimento de espigas; diâmetro de espigas; dias para florescimento masculino; dias para florescimento feminino; altura de plantas e altura de espigas. As populações ST2109B e ST0509A apresentam ampla variabilidade genética para todas as características, no qual as estimativas dos parâmetros genéticos indicaram grande potencial de melhoramento genético destas populações. As características peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos são fortemente correlacionadas entre si. Aumento na produção de espigas e grãos está associado geneticamente com o aumento no comprimento das espigas e na seleção de plantas mais altas. O progresso no aumento do rendimento industrial esta fortemente associado com a seleção de plantas com maiores diâmetros de espigas.

Palavras-chave: *Zea mays var. Saccharata*. Variedade. Milho doce. Sólidos solúveis.

MARINO, Thiago Pablo. **Estimation of genetic parameters in supersweet corn populations using half-sib progenies.** 2014. 78 p. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Molecular Biology) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2014.

ABSTRACT

Sweet corn is a special type of corn characterized to contain higher concentrations of sugars in the grain compared with regular corn. In Brazil, this type of different corn is not widely disseminated mainly by the few cultivars available on the market. One of the early stages of a breeding program is to characterize the potential of populations, where is essential to determine the genetic variability, the gain with the selection and the relationships between the traits. The objective of this study was to determine the genetic potential of two supersweet corn populations for improvement, using estimates of genetic variance, heritability, gain with the selection and to study the genetic correlations among the major agronomic traits in sweet corn. During the growing season 2012/2013, were evaluated in two locations of crops, 150 different half-sib together with the hybrid BRS-Vivi, used as a check. The following characteristics were evaluated: soluble solids; husked ear weight; dehusked ear weight; industrial ear weight; grain weight; ratio of husked ear weight; ratio of industrial ear weight on the total of dehusked ears weight; ratio of the grains weight on the total of industrial ears weight; industrial yield; prolificacy; ear length; diameter of ears; days to tasseling; days to silking; plant height and ear height. The ST2109B and ST0509A have wide genetic variability for all traits, where estimates of genetic parameters indicated a great potential for genetic improvement. The characteristic husked ear weight, dehusked ear weight, industrial ear weight and grain weight are strongly correlated. Increased production of ears and grains are genetically associated with the increase in the ears length and the selection of higher plants. Progress in increasing of industrial productivity is strongly associated with the selection of plants that has larger ears diameters.

Keywords: *Zea mays var. Saccharata*. Variety. Sweet corn. Soluble solids.

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 – Formulário para obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos das análises de variância agrupada	29
Quadro 2 – Formulário para obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos das análises de variância conjunta	31

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Composição do endosperma de vários genótipos de milho aos 21 e 22 dias após a polinização na maturação das sementes (Tracy, 2001).....	15
Tabela 2 – Conteúdo de carboidratos no endosperma de cinco genótipos de milho em quatro estágios de colheita (Tracy, 2001).....	16
Tabela 3 – Intervalo observado na literatura para estimativas de médias, variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), para teor de sólidos solúveis (TSS), produtividade de espigas com palha (ECP), produtividade de espigas sem palha (ESP), produtividade de grãos (PG), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE), altura de plantas (AP) e altura da espiga (AE), com base em 15 publicações *.....	21
Tabela 4 – Esquema da análise de variância individual com as respectivas esperanças do quadrado médio	28
Tabela 5 – Esquema da análise de variância agrupada das 150 progênies de meio-irmãos da população ST2109B e ST0509A, com as respectivas esperanças do quadrado médio, para um local.....	29
Tabela 6 – Esquema da análise de variância conjunta dos conjuntos dos experimentos agrupados com as respectivas esperanças do quadrado médio.....	30
Tabela 7 – Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças do quadrado médio	38
Tabela 8 – Fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios e níveis de significância da análise de variância agrupada de 150 progênies (Prog.) da população ST2109B e seus respectivos coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$) para cada característica avaliada, em dois ambientes	49
Tabela 9 – Quadrados médios e níveis de significância da análise de variância conjunta de 150 progênies da população ST2109B desdobradas em locais (Local); na interação de Conjunto e locais (Conj x Local); progênies dentro de Conjunto (Progênie/Conj); da interação entre progênie dentro de Conjunto e locais (Progênie/Conj)x Local e seus respectivos coeficiente de variação ($CV_e\%$) para cada característica avaliada em dois locais	50

Tabela 10 – Estimativas, com base na análise de variância conjunta, da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), ganho de seleção (GS), média, máximo (Máx.) e mínimo (Mín.) da população original (Pop. Original), média da população melhorada (Pop. Melhorada) de 150 progênes da população ST2109B e a média da testemunha (BRS Vivi).....	51
Tabela 11 – Correlações Genética Aditiva em Londrina (diagonal superior) e em Cambé (diagonal inferior) de caracteres de 150 progênes da população ST2109B	52
Tabela 12 – Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças do quadrado médio	58
Tabela 13 – Fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios e níveis de significância da análise de variância agrupada de 150 progênes (Prog.) da população ST0509A e seus respectivos coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$) para cada característica avaliada, em dois ambientes	68
Tabela 14 – Quadrados médios e níveis de significância da análise de variância conjunta de 150 progênes da população ST0509A desdobradas em locais (Local); na interação de Conjunto e locais (Conj x Local); progênes dentro de Conjunto (Progênie/Conj); da interação entre progênie dentro de Conjunto e locais (Progênie/Conj)x Local e seus respectivos coeficiente de variação ($CV_e\%$) para cada característica avaliada em dois locais	69
Tabela 15 – Média, máximo (Máx.) e mínimo (Mín.) da população original (Pop. Original), média da população melhorada (Pop. Melh.) de 150 progênes da população ST0509A e a média da testemunha (BRS Vivi), avaliadas em dois Locais.....	70
Tabela 16 – Estimativas, com base na análise de variância conjunta, da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), ganho de seleção (GS), média da população original (Pop. Original) e média da população melhorada (Pop. Melhorada) de 150 progênes da população ST0509A	71
Tabela 17 – Correlações Genética Aditiva em Londrina (diagonal superior) e em Cambé (diagonal inferior) de caracteres de 150 progênes da população ST0509A	72

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 –Dados climáticos referentes ao período experimental, Londrina – PR, Nov2012/Abr2013 (Fonte: IAPAR, 2013), do plantio até a colheita dos experimentos para avaliação das populações ST2109B e ST0509A na FAZESC e TMG.....	25
--	----

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1	O MILHO DOCE	14
2.	MELHORAMENTO GENÉTICO DO MILHO DOCE	17
2.2.1	Metodologias Utilizadas no Melhoramento do Milho Doce	18
2.3	ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	19
2.3.1	Estimativas de Variâncias	19
2.3.2	Estimativas de Herdabilidade	21
2.3.3	Correlação entre Caracteres	22
3	MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1	MATERIAL GENÉTICO	24
3.2	PREPARO E CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS	24
3.3	CARACTERÍSTICAS AVALIADAS	26
3.4	ANÁLISE ESTATÍSTICA DOS DADOS	28
3.4.1	Análises de Variâncias Individuais, Agrupadas e Conjuntas	28
3.4.2	Correlações entre Caracteres	31
	ARTIGO 1	33
	Referências	45
	ARTIGO 2	53
	Referências	65
	REFERÊNCIAS	73

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores de milho, com pesquisa e alta tecnologia que fazem desta cultura uma das mais importantes do agronegócio brasileiro. Diante de toda a infraestrutura existente e com a demanda sempre crescente por produtos diferenciados, o Brasil tem potencial para produção de outros tipos de milho, entre eles o milho doce.

O milho doce (*Zea mays var. saccharata*) é classificado como um tipo especial de milho, destinado exclusivamente ao consumo humano e é utilizado principalmente como milho verde, tanto *in natura* como para processamento pelas indústrias de conservas. O consumo *in natura* é predominante nos EUA e Canadá, países em que o milho doce é um dos vegetais mais populares, enquanto no Brasil, o consumo ocorre principalmente na forma de milho enlatado, possivelmente pela falta de informação dos consumidores e também pelo pouco conhecimento que os agricultores têm deste tipo de milho. A carência de informações provém do reduzido número de pesquisas com o milho doce e cultivares disponíveis aos agricultores e o elevado custo das sementes.

Atualmente, estão registradas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares 45 cultivares de milho doce, porém apenas três estão sendo comercializadas para os agricultores em todo o país. Havendo uma baixa disponibilidade de cultivares disponíveis, há a necessidade de produção de genótipos superiores que atendam os mais exigentes consumidores.

Uma das etapas mais importantes no desenvolvimento de uma cultivar é a produção e melhoramento genético de populações base, que são úteis tanto para produção de linhagens e híbridos como para o desenvolvimento de variedades de polinização aberta.

Para se conhecer o potencial destas populações é imprescindível a estimação dos parâmetros genéticos, tais como estimativas de variância, herdabilidades, ganhos esperados com a seleção e correlações genéticas. Esses parâmetros possibilitam a tomada de decisão com relação ao método mais apropriado, assim como os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa de melhoramento genético.

Diante disto, neste estudo objetivou-se determinar o potencial genético de duas populações de milho superdoce (ST2109B e ST0509A) para o melhoramento, por meio do estudo dos seus parâmetros genéticos, tais como: estimativas de médias, componentes de

variância fenotípica, herdabilidade e ganho de seleção, e identificar associações entre características agronômicas em milho super doce que auxiliem na seleção.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O MILHO DOCE

O milho doce é um dos vegetais mais populares dos EUA e Canadá, sendo consumido *in natura* ou industrializados na forma de conservas, grãos ou espigas congelados, grãos desidratados ou como minimilho (baby corn) (TRACY, 2001). Após a colheita, a palhada da cultura pode ser utilizada para ensilagem (SOUZA et. al., 1990).

Na safra de 2008, a área mundial cultivada com este tipo de milho era de 1,04 milhões de hectares (USDA, 2010), sendo os Estados Unidos, atualmente, o país com a maior área produtiva, cerca de 107 mil hectares. Este seguimento tem crescido nos últimos anos e a tendência é a manutenção deste crescimento, visando principalmente o mercado para exportação (USDA, 2013).

No Brasil, no ano de 2009, foram cultivados aproximadamente 43,2 mil hectares (ABRASEM, 2011), em que praticamente 100% da produção foi destinada ao processamento industrial com a cultivar híbrida Tropical Plus, sendo os cultivos localizados principalmente no Centro-Oeste do País que é processado por 10 indústrias de alimentos (SYNGENTA, 2010).

Esta cultura é uma alternativa de cultivo para agricultores, em áreas próximas a grandes centros urbanos e, em razão de suas características agrônômicas, pode obter preços diferenciados no mercado, principalmente pelo caráter doce do seu endosperma (PEREIRA FILHO, et al. 2009).

O milho doce é um tipo de milho especial com sabor adocicado, afetado pela relação da quantidade de açúcar e amido no endosperma. A maioria dos mutantes utilizados em milho doce tem como objetivo aumentar o teor de açúcar e diminuir o teor de amido (TRACY, 2001). Estas mutações envolvem pelo menos um dos oito genes mutantes que afetam a biossíntese de carboidratos no endosperma, sendo os principais: *shrunken2* (*sh2*), localizado no cromossomo 3; *brittle1* (*bt1*), no cromossomo 5; *sugary enhancer* (*se*), *sugary* (*su*) e *brittle2* (*bt2*), todos no cromossomo 4; *dull* (*du*), no cromossomo 10; *waxy* (*wx*), no cromossomo 9, e *amilose extender* (*ae*), no cromossomo 5. Tais genes podem atuar de forma simples, em combinações duplas ou triplas. Entretanto, algumas características indesejáveis podem vir associadas a estes genes, como: menor potencial germinativo e baixa resistência ao ataque de pragas e doenças, em decorrência do maior teor de açúcares, quando comparado ao milho comum (TRACY, 2001).

Estes mutantes para síntese de amido podem ser divididos em duas classes, com base em seus efeitos sobre a composição do endosperma (BOYER e SHANNON, 1984). A primeira classe, dos milhos superdoces, é composta pelos mutantes *brittle1* (*bt1*), *brittle2* (*bt2*), e *shrunk2* (*sh2*) que são responsáveis por acumular açúcares em detrimento do amido e diminuir consideravelmente os carboidratos totais na fase de maturação de sementes, sendo utilizados comercialmente (TRACY, 2001). De 18 a 21 dias após a polinização (fase R3 - colheita do milho doce), estes mutantes possuem de quatro a oito vezes o total de açúcar encontrado no endosperma comparado ao milho comum, com teores de sacarose podendo chegar à aproximadamente 25% da matéria seca (Tabela 1).

Tabela 1 – Composição do endosperma de vários genótipos de milho 21 e 22 dias após a polinização ou maturação das sementes (Tracy, 2001).

Genótipo	Matéria Seca (mg)	Amido (%)	Sacarose (%)	Açúcar Redutor (%)	PSA (%)	Matéria Seca (maduro, em mg)	Amido (maduro, em %)
21 dias após a polinização							
normal	68,5	80,0	2,9	4,8	-	-	-
<i>bt1</i>	55,2	16,9	19,3	21,3	-	-	-
<i>bt2</i>	38,9	7,4	17,6	41,6	-	-	-
<i>sh2</i>	53,2	21,0	22,5	26,3	-	-	-
22 dias após a polinização							
normal	87,0	48,9	7,3	3,9	0,2	246	83
<i>ae</i>	67,3	25,4	15,8	4,4	0,4	153	80
<i>du</i>	72,7	42,1	11,8	4,3	0,3	142	76
<i>sh2</i>	65,8	17,4	24,6	8,3	0,3	74	54
<i>su</i>	61,0	20,6	11,6	4,3	27,7	134	32
<i>wx</i>	87,8	52,6	7,5	2,9	0,2	239	75

PSA: Polissacarídeos solúveis em água.

A segunda classe, dos milhos doces, abrange os mutantes, *amilose extender1* (*ae1*), *dull1* (*dul*), *sugary1* (*su1*) e *waxy1* (*wx1*), que alteram os tipos e quantidades de polissacarídeos. Os alelos *ae1*, *dul* e *wx1* geralmente resultam em pouco menos de amido no grão maduro do que os tipos não mutantes. Estes três mutantes promovem aumentos menores em teores de açúcares totais, 21 dias após a polinização em relação à primeira classe e não permite que o milho doce seja aceito na indústria quando estes genes são usados isoladamente (Tabela 1). No entanto, as ações complementares de certas combinações de genes duplos e triplos de mutantes da segunda classe resultam em níveis de açúcares iguais aos encontrados nos mutantes da primeira classe (Tabela 2).

Tabela 2 – Conteúdo de carboidratos no endosperma de cinco genótipos de milho em quatro estágios de colheita (Tracy, 2001).

Genótipo	Dias após a polinização	Açúcares Totais (%)	PSA (%)	Amido (%)	Carboidratos Totais (%)
normal	16	17,6	3,7	39,2	60,5
	20	5,9	2,8	66,2	74,9
	24	4,8	2,8	69,2	76,1
	28	3,0	2,2	73,4	78,6
<i>su</i>	16	25,7	14,3	23,3	65,3
	20	15,6	22,8	28,0	66,5
	24	13,1	28,5	29,2	70,8
	28	8,3	24,2	35,4	69,6
<i>sh2</i>	16	28,3	5,6	22,3	56,1
	20	34,8	4,4	18,4	57,6
	24	29,4	2,4	19,6	51,4
	28	25,7	5,1	21,9	52,8
<i>su sh2</i>	16	33,1	5,0	7,2	47,3
	20	33,5	4,9	11,7	50,1
	24	27,8	4,6	14,4	46,9
	28	24,5	4,9	15,7	45,4
<i>ae du wx</i>	16	46,7	4,2	15,9	66,7
	20	38,7	3,6	26,6	68,9
	24	34,3	4,5	31,1	69,9
	28	28,1	4,9	32,0	65,1

PSA: Polissacarídeos solúveis em água.

O gene *su1* é encontrado nos cultivares do grupo doce cristal apresenta como limitação o curto período de permanência dos grãos no ponto de colheita, resultando em perda do sabor adocicado. Aos 28 dias após o florescimento (DAP), os teores de açúcares em genótipos com este mutante diminuem 50% ou mais em relação aos da primeira classe, tornando o período de colheita como um limitador dos genótipos com genes deste grupo. Mutantes do grupo 1 possuem altos teores de sacarose, sendo que aos 28 DAP, estes possuem duas vezes mais açúcares que os com *su1* aos 21 DAP (Tabela 2), o que faz o período de colheita poder ser estendido.

Segundo Tracy (2001), a perda de água dos grãos de plantas dos genótipos contendo o alelo *sh2* é mais demorada, devido ao maior potencial osmótico conferido pela alta concentração de açúcar nessas partes.

Por fim, o alelo *sugary enhancer* (*se*) não se enquadra em nenhuma das duas classes propostas anteriormente, além de não ser conhecido o seu modo de ação bioquímico.

Quando combinado em homozigose com *su1*, também resulta em teores de açúcares próximos da classe 1 e níveis de polissacarídeos solúveis em água similares ao *su1* não modificado (TRACY, 2001).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MILHO DOCE

O cultivo do milho doce apresenta algumas características que o classifica como uma hortaliça. As espigas são colhidas *in natura* com aproximadamente 75% de umidade, o cultivo é intensivo em pequenas áreas, geralmente sob irrigação e com alto investimento de tecnologia. Além disso, é um produto destinado exclusivamente para o consumo humano e de alto valor agregado (FILGUEIRA, 2000).

Para atender tanto aos interesses da indústria de enlatados quanto à produção para o consumo *in natura* e ao próprio produtor, o programa de melhoramento de milho doce deve ser conduzido com o objetivo de obter cultivares com alguns atributos para melhor aceitação, como, por exemplo: possibilidade de cultivo o ano todo; produção em campo superior a 12.000 kg ha⁻¹ de espigas empalhadas; resistência a doenças, especialmente mancha por *Phaeosphaeria*, ferrugem, helmintosporiose e enfezamento; tolerância à lagarta-da-espiga e à lagarta-do-cartucho; ciclo variando entre 90 e 110 dias; uniformidade de maturação das espigas; longevidade no período da colheita com espigas apresentando teores de umidade entre 68% e 75%, adequado para o envazamento e ao consumo *in natura*; índice de espigas igual a uma espiga por planta, com cerca de 20 cm de comprimento, de formato cilíndrico com número de fileiras igual ou superior a 14; resistência ao acamamento e quebramento de plantas; plantas de porte médio; bom empalhamento da espiga, sempre cobrindo a ponta sem ultrapassar 12 camadas de palha; pedúnculo firme; grãos profundos e de coloração intensa; teor de sólidos solúveis acima de 30%, exigido pelo mercado consumidor; espessura do pericarpo acima de 45 micras e rendimento industrial maior que 39%. Uma textura muito tenra, apesar de desejável pelo consumidor, pode ser prejudicial, já que fatores ambientais podem provocar o rompimento do pericarpo, depreciando o produto e expondo o endosperma à infestação por patógenos (PEREIRA FILHO et al., 2003).

A aceitação pelo consumidor é necessária e indispensável, quando se quer colocar no mercado uma nova cultivar melhorada. Assim, a avaliação sensorial do milho em termos da preferência do consumidor passa a ser importante ferramenta no processo (OLIVEIRA JUNIOR et al., 2006).

Para a indústria, um genótipo com menos palha pode facilitar o processo de despalhamento. No campo, este material pode ser mais suscetível às pragas de espigas, como a mosca-da-espiga (*Euxesta spp.*) e lagarta-da-espiga (*Helicoverpa zea*). Dessa forma, é importante a busca por materiais com uma adequada relação de palhas na espiga (PEREIRA et al., 2008).

No Brasil, são poucas empresas governamentais e privadas que vêm desenvolvendo programas de melhoramento para produção de cultivares de milho doce. Estão registradas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares 45 cultivares de milho doce, porém apenas três estão sendo comercializadas para os agricultores em todo o país (BRASIL, 2014). Havendo uma baixa disponibilidade de cultivares disponíveis, há a necessidade de produção de genótipos superiores que atendam os mais exigentes consumidores.

2.2.1 Metodologias Utilizadas no Melhoramento do Milho Doce

O melhoramento do milho doce segue muitas das metodologias desenvolvidas para milho comum, porém apresenta algumas peculiaridades, principalmente pelo uso final da cultivar, do efeito xênia e da alta perecibilidade do produto final. Estes fatores afetam diretamente os métodos usados na avaliação de progênies, linhagens e híbridos (TRACY, 2001).

Em termos gerais, o melhoramento pode ser realizado de duas formas básicas, sendo a principal delas a introdução de alelos via retrocruzamentos, ou seja, a introdução do caráter doce, que é monogênico e recessivo, em um material genético de endosperma comum, que possua características agrônomicas bem conhecidas, e seja de uso comercial ou bem adaptado às regiões de cultivo. A segunda envolve submeter o germoplasma doce a programas de melhoramento, sugundo os o objetivos mais convenientes para cada programa, sendo os métodos de seleção recorrente os mais empregados (PARENTONI et al. 1990).

O uso de cruzamentos dialélicos tem ganhado espaço entre os melhoristas de milho doce, pois permite avaliar os genótipos envolvidos e suas diversas combinações híbridas, como apresentados nos trabalhos de Tracy (1990), Teixeira et al. (2001), Bordallo (2001), Bordallo et al. (2005) Teixeira et al. (2009). Neste caso é possível avaliar o tipo de ação gênica atuante, bem como a capacidade geral e a capacidade específica de combinação (HALLAUER et al., 2010).

Entre os vários métodos de seleção intrapopulacional para aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações, o de seleção entre e dentro de progênie de meio-irmãos tem-se mostrado eficiente, pois permite a obtenção de progressos genéticos de forma mais rápida, pela possibilidade de realização de um ciclo a cada dois anos (HALLAUER et al., 2010).

De modo geral, os programas de melhoramento de milho doce objetivam a obtenção de materiais de alta produtividade e superiores para o consumo humano, *in natura* ou enlatado (PARENTONI et al., 1990).

2.3 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

Análises biométricas, sobretudo as estimativas de parâmetros genéticos, são de grande importância nos trabalhos de melhoramento. Informações sobre a variância genotípica e herdabilidade são determinantes na escolha do método de melhoramento mais adequado à cultura e permitem fazer inferências sobre a predição de ganhos com a seleção (CRUZ e REGAZZI, 2001).

Não obstante, o conhecimento das correlações entre características também assume importância relevante, sobretudo quando se deseja obter ganhos indiretos ou mesmo simultâneos em diferentes características. Uma das vantagens desse procedimento, além do ganho em si, é a economia de tempo e de mão-de-obra (FALCONER e MACKAY, 1996). A eficiência da seleção de um caráter pode ser aumentada quando se detém este conhecimento, especialmente quando o caráter principal for de difícil seleção e possuir baixa herdabilidade (CRUZ e REGAZZI, 2001).

2.3.1 Estimativas de Variâncias

Os componentes de variabilidade fenotípica resultam da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambientais. Os efeitos ambientais mascaram os genéticos, e desta forma, à variabilidade total em relação a maior variabilidade ocasionada pelos efeitos ambientais dificulta a seleção de genótipos superiores. Os efeitos genéticos, de uma população panmítica, podem ser decompostos em variância genética aditiva, que está associada aos efeitos médios dos genes; variância genética dominante, que está associada aos efeitos das interações intra-alélicas e variância genética epistática, que é devido aos efeitos das interações interalélicas (HALLAUER et al., 2010).

A eficiência de seleção no melhoramento de populações baseia-se, principalmente, na utilização da variância genética aditiva. Os métodos de melhoramento neste sentido envolvem a recombinação dos melhores indivíduos das famílias, com base em avaliação fenotípica ou genotípica, objetivando o aumento da frequência dos alelos desejáveis (RUSSEL, 1975).

Em experimentos com progênes de meio-irmãos, estima-se a variância genética aditiva, que permite ao melhorista a verificação das alterações na variabilidade genética e a escolha do melhor método de seleção, fornecem subsídios para o planejamento e condução dos experimentos dentro dos programas de melhoramento (HALLAUER et al., 2010).

A variância aditiva é o mais importante componente estimado, pois é quem principalmente determina as propriedades genéticas observadas de uma população e de que consequências ocorrerão após passar por seleção (FALCONER e MACKAY, 1996).

Estudos genéticos em milho doce realizado por Santos et al. (2014); Jha et al. (2013); Alan et al. (2013); Solomon (2011); İlker (2011); Asghar e Mehdi (2010); Kashiani e Saleh (2010); Has e Has (2009); Pinho et al. (2008); Nigussie e Saleh (2007); Eltahir e Saleh (2003); Eltahir et al. (2003); Cardoso (2002); Saleh et al. (2002) e Saleh et al. (1994) fornecem estimativas de médias, variância genética aditiva e herdabilidade no sentido amplo e restrito para uma série de características de importância agrônômica, que são sumarizadas na Tabela 3, com a apresentação dos valores máximos e mínimos observados nestes estudos.

Para a característica número de espigas por hectare, Eltahir et al. (2003) e Saleh et al. (2002), obtiveram estimativas de variância genética aditiva iguais a 548700,69 (espigas ha⁻¹)² e 40907914 (espigas ha⁻¹)², respectivamente.

Em um estudo com 10 linhagens em estado avançado de homozigose, Kashiani e Saleh (2010) obtiveram estimativas de variância genética de 4,5 (dias)² para florescimento masculino e 8,9 (dias)² para florescimento feminino. Valores semelhantes foram obtidos por Nigussie e Saleh (2007) em 2 populações de milho doce, com estimativas iguais a 2,52 (dias)² e 3,5 (dias)², respectivamente. Valores bem superiores foram observados por Saleh et al. (2002) com estimativas de 22,8 (dias)² para florescimento masculino e 14,8 (dias)² para florescimento feminino.

Tabela 3 – Intervalo observado na literatura para estimativas de médias, variância genética aditiva (σ_A^2), herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), para teor de sólidos solúveis (TSS), produtividade de espigas com palha (ECP), produtividade de espigas sem palha (ESP), produtividade de grãos (PG), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE), altura de plantas (AP) e altura da espiga (AE), com base em 15 publicações*.

Características	Parâmetros Genéticos			
	Média	σ_A^2	h_a^2 (%)	h_r^2 (%)
TSS	10,9 - 28,5	0,34 - 16,40	23,4 - 93,9	--
ECP (g planta ⁻¹)	308 - 525	632,3 - 1331,49	47,9 - 92,8	93,64
ECP (t ha ⁻¹)	7,12 - 32,12	2,78 - 4,38	56,7 - 92,9	29,00
ESP (g planta ⁻¹)	159 - 430	321 - 1150	55,5 - 99	--
ESP (t ha ⁻¹)	5,17 - 24,6	0,035 - 3,46	14,8 - 99	--
PG (t ha ⁻¹)	11,5 - 20,9	0,38 - 1,56	55,9	--
CE (cm)	7,6 - 26,8	0,55 - 2,38	19,4 - 92,2	58,00 - 92,80
DE (cm)	2,6 - 5,5	0,021 - 0,042	43,8 - 64,8	85,48
AP (cm)	98,7 - 232	0,67 - 1935,42	51,1 - 99,6	91,49
AE (cm)	30,6-82,4	19,6 - 1102,44	56,6 - 99,8	--

* Santos et al. (2014); Jha et al. (2013); Alan et al. (2013); Solomon (2011); İlker (2011); Asghar e Mehdi (2010); Kashiani e Saleh (2010); Has e Has (2009); Pinho et al. (2008); Nigussie e Saleh (2007); Eltahir e Saleh (2003); Eltahir et al. (2003); Cardoso et al. (2002); Saleh et al. (2002) e Saleh et al. (1994).

2.3.2 Estimativas de Herdabilidade

A herdabilidade é utilizada para se avaliar a confiança do valor fenotípico como indicador do valor genotípico, sendo dependente da magnitude de vários componentes de variância, afetada pela mudança de qualquer um deles (FALCONER e MACKAY, 1996). A herdabilidade não é uma propriedade do caráter unicamente, mas também da população e das circunstâncias ambientais a que estão sujeitos os indivíduos que compõem a mesma.

É possível se estimar dois tipos de herdabilidade: herdabilidade no sentido amplo e restrito. A herdabilidade no sentido amplo é a razão da variância genotípica pela variância fenotípica, sendo no sentido restrito a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (FALCONER e MACKAY, 1996).

Devido à importância atribuída a herdabilidade, deve-se conhecê-la para a condução do programa de melhoramento, sendo muitas das decisões práticas tomadas em função da sua magnitude (FEHR, 1987).

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil por quantificar a importância relativa da proporção aditiva da proporção genética, que pode ser transmitida para a próxima

geração, e desta forma, acaba demonstrando a porcentagem do caracter que pode ser herdada aos descendentes (FEHR, 1987; BORÉM, 2001), permitindo estimar o ganho com a seleção.

Cardoso et al. (2002), estudando o potencial de ganho de seleção em três populações de milho super doce, obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido restrito variando de 95% a 56%, para florescimento femino; 78% a 51%, para altura de plantas e 86% a 29% para teor de sólidos solúveis. Has e Has (2009), obteveram estimativas iguais a 24% para número de espigas; 29% para peso de espigas com palha; 33% para diâmetro de espigas; 58% para comprimento de espigas e 70% para florescimento médio.

2.3.3 Correlações entre Caracteres

A correlação estimada por meio do coeficiente de correlação, segundo Hallauer et al. (2010) e Cruz e Regazzi (2001), tem importância no melhoramento de plantas, porque quantifica o grau de associação genético e não-genético entre dois ou mais caracteres., principalmente quando os caracteres envolvidos possuem herança complexa e estão correlacionado um ao outro facilmente indetectável. Sendo assim, o conhecimento da associação entre caracteres e as consequências causadas pela mudança simultânea de dois caracteres quaisquer, podem resultar em maior eficiência na seleção, ganhando tempo e economizando trabalho (AMARAL JÚNIOR et al., 1997).

O estudo das relações existentes entre os caracteres são, geralmente, avaliadas por correlações genóticas, fenóticas e de ambiente. Segundo Vencovsky (1978), a correlação pode ser causada por efeitos pleiotrópicos dos genes, no qual um ou muitos genes possuem influência em várias características, ou por falta de equilíbrio de ligação. Neste último caso a correlação genética será transitória manifestando-se, especialmente, nas primeiras gerações de populações obtidas do intercruzamento de progênies geneticamente divergentes (FALCONER e MACKAY, 1996).

Ao se medir vários caracteres em um mesmo indivíduo, é de se esperar que todos eles serão afetados pelas condições ambientais em que este indivíduo se desenvolveu. Assim, as variações de ambiente, em um conjunto de plantas, podem provocar correlações entre os caracteres, positivas ou negativas, de natureza unicamente ambiental, ficando evidente de que não basta somente conhecer a correlação fenotípica, pois esta é geralmente mascarada pelos efeitos ambientais, ou seja, pela correlação ambiental. Por este motivo deve-se obter os componentes aditivo e ambiental (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

As características de produtividade de espigas e número de espigas por hectare são consideradas as mais importantes em cultivos de milho superdoce (ASSUNÇÃO et al. 2010, REVILLA et al. 2010, GÓMEZ et al. 2008). Buscar características associadas, de fácil mensuração ou que possam ser mediadas precocemente é um dos principais objetivos do melhorista.

Estudando híbridos simples e linhagens de milho doce, Jha et al. (2013) e Jawaharlal et al. (2011), respectivamente, encontraram associações significativas e negativas entre florescimento masculino e feminino com peso de espigas com e sem palha. Ilker (2011) encontrou associações positivas de altura de plantas e comprimento de espigas com peso de espigas com palha. Vassilevska-Ivanova (2007), obteve correlações genéticas positivas entre altura de plantas e comprimento de espigas, assim como entre comprimento de espigas e número de grãos por fileiras, que são determinantes para a produtividade em milho.

A relação peso de espiga sem palhas por peso de espigas com palhas, que mostra a porcentagem de palha no genótipo, mostrou-se ser associada positivamente com comprimento de espigas e produção de espigas sem palhas por diversos autores, Eltahir et al. (2003), Kumari et al. (2008), Nigussie e Saleh (2007), Has e Has (2009), Kashiani et al. (2010), Khazaei et al. (2010) and Jawaharlal et al. (2011).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO

Foram avaliadas no presente estudo, separadamente, 150 progênies de meio-irmãos de duas populações de milho superdoce, homozigóticas para o gene *bt2*, desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento Genético de Milho do Departamento de Biologia Geral da Universidade Estadual de Londrina. As populações ST2109B e ST0509A, foram selecionadas devido terem se destacado em experimentos de competição realizados previamente, nos quais apresentaram as melhores médias para um série de características agronomicas desejáveis. Como testemunha foi utilizado o híbrido simples BRS-Vivi, desenvolvido pela EMBRAPA, portadora do gene *sh2* em homozigose.

Os dois grupos de 150 progênies de meio-irmãos foram obtidas em dois lotes isolados de recombinação das populações, instalados na Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina durante a safra 2011/12, sendo escolhidas as espigas com quantidades suficientes de sementes para montagem dos experimentos e serem amostrados para recombinação das progênies selecionadas.

3.2 PREPARO E CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS

As 150 progênies de cada população foram sub-divididas, aleatoriamente, em 3 conjuntos de 50 progênies. Cada conjunto de 50 progênies, mais a testemunha, foram avaliadas utilizando o deliniamento em blocos casualizados com três repetições, sendo as parcelas formadas por fileiras simples de 4,00 m de comprimento, no espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas.

Os três conjuntos de 50 progênies de meio-irmãos, de cada população, alocados em 3 experimentos foram avaliados em dois locais: em Londrina-PR, na área experimental da FAZESC (Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina) (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude) e em Cambé-PR, na área da experimental da TMG (Tropical Melhoramento e Genética Ltda.) (23°16'33"S, 51°16'40"W e 680 m de altitude), durante a safra agrícola 2012/2013.

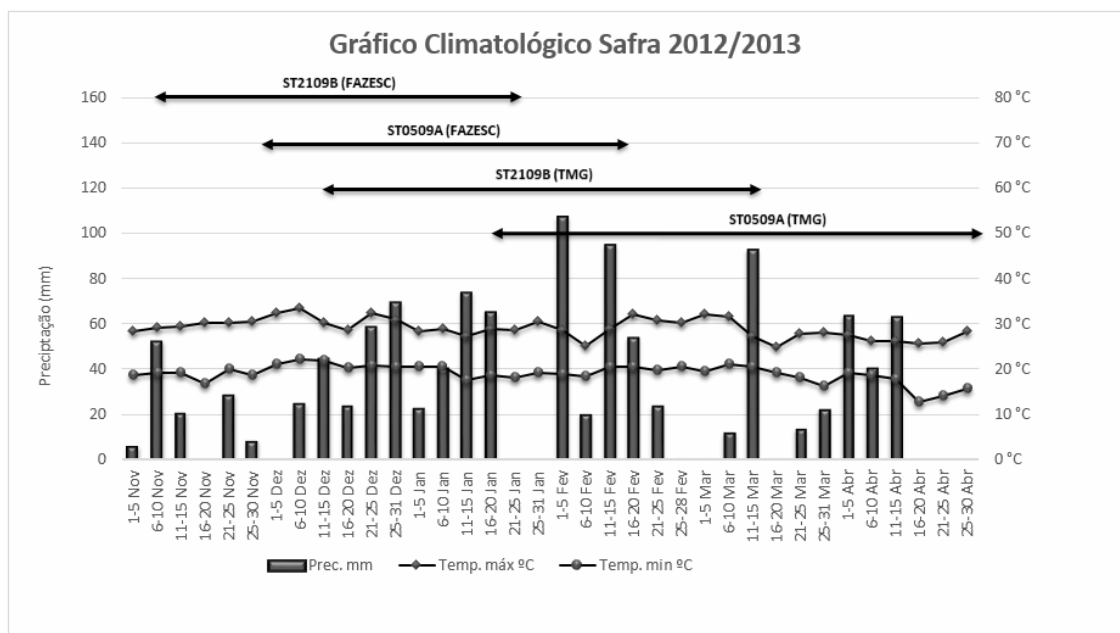
Os experimentos da população ST2109B foram semeados no dia 08 de Novembro de 2012 em Londrina-PR e 14 de Dezembro de 2012 em Cambé-PR. Os

experimentos da população ST0509A foram semeados no dia 26 de Novembro de 2012 em Londrina-PR e no dia 16 de Janeiro de 2013 em Cambé-PR.

As semeaduras foram realizadas manualmente, utilizando-se dez sementes por metro linear. O desbaste foi realizado quando as plantas apresentaram de quatro a cinco folhas expandidas, deixando-se a densidade de 62500 plantas ha⁻¹. Os conjuntos de 3 experimentos, de cada população, foram instalados isolados dos demais tipos de milho, com a finalidade de evitar possíveis contaminações.

O clima em Londrina e Cambé, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Cfa, ou seja, clima subtropical úmido, com chuvas em todas as estações, podendo ocorrer secas no período de inverno. Os dados climatológicos, com dados de precipitação e temperatura máxima e mínima da safra 2012/2013 foram levantados na estação do Instituto Agrônômico do Paraná, em Londrina (Figura 1).

Figura 1 – Dados climáticos referentes ao período experimental, Londrina – PR, Nov2012/Abr2013 (Fonte: IAPAR, 2013), do plantio até a colheita dos experimentos para avaliação das populações ST2109B e ST0509A na FAZESC e TMG.



Os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações técnicas de cultivo do milho comum, no qual nenhuma das áreas receberam qualquer tipo de irrigação ou pulverização contra lagarta-da-espiga. Foram aplicados 350 kg ha⁻¹ do formulado 10-15-15 no plantio e 110 kg ha⁻¹ de uréia em cobertura, vinte dias após o plantio, em todos os experimentos.

A colheita foi realizada quando as plantas da parcela atingiram, aproximadamente, 25 dias após o florescimento e estavam no ponto de colheita recomendado para a cultura, com grãos apresentando 75% de umidade, aproximadamente.

3.3 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

As características avaliadas foram:

- dias para florescimento masculino (FM), sendo considerada a parcela florescida quando 50% das plantas apresentavam 1/3 do pendão com inflorescências masculinas emitindo pólen;
- dias para florescimento feminino (FF), sendo considerada a parcela florescida quando 50% das plantas apresentavam inflorescências femininas com os estilo estigmas iguais ou maiores que 1 cm de comprimento;
- altura da planta (AP, em cm), determinada pela média da distância em centímetros, do nível do solo até a inserção da folha bandeira, de três plantas representativas de cada parcela;
- altura de espiga (AE, em cm), determinada pela média da distância em centímetros, do nível do solo até a inserção da primeira espiga, de três plantas representativas de cada parcela;
- número de plantas por parcela (ST);
- número de espigas por parcela (NE);
- prolificidade (PRO), obtido pela razão NE/ST, que mostra o número médio de espigas por planta;
- peso de espiga com palha (ECP, em g planta⁻¹), determinado pelo peso de espigas com palha total da parcela, que foram corrigidos para umidade de 75% e para estande ideal de 20 plantas por parcela, sendo o valor final dividido pelo estande ideal;
- peso de espiga sem palha (ESP, em g planta⁻¹), determinado pelo peso de espigas sem palha total da parcela, que foram corrigidos para umidade de 75% e para estande ideal de 20 plantas por parcela, sendo o valor final dividido pelo estande ideal;
- peso de espigas industrializáveis (PEI, em g planta⁻¹), determinado pelo peso de espigas industrializáveis da parcela, que foram corrigidos para umidade de 75% e para estande ideal de 20 plantas por parcela, sendo o valor final dividido pelo estande ideal. Foram

denominadas espigas industrializáveis as que não apresentavam grãos podres ou ataque por lagartas;

- peso de grãos (PG, em g plata^{-1}), determinado pelo peso de grãos da parcela, que foram corrigidos para umidade de 75% e para estande ideal de 20 plantas por parcela, sendo o valor final dividido pelo estande ideal.
- relação de espigas RE, obtido pela divisão do peso de espigas sem palha (ESP) pelo peso de espigas com palha (ECP) da parcela, que mostra de forma indireta a proporção de palhas da parcela;
- relação PEI/ESP, obtido pela divisão do peso de espigas industrializáveis (PEI) pelo peso de espigas sem palha (ESP) da parcela, que mostra de forma indireta a proporção de espigas industrializáveis em relação ao peso total das espigas sem palhas da parcela;
- relação PG/PEI, obtido pela divisão do peso de grãos (PG) pelo peso de espigas industrializáveis (PEI) da parcela, que mostra de forma indireta a proporção do peso dos grãos em relação ao peso total das espigas industrializáveis da parcela;
- rendimento industrial RI, obtido pela divisão do peso de grãos pelo peso de espigas com palha.
- teor de sólidos solúveis (TSS), determinado por meio de um refratômetro digital, a partir de uma amostra representativa de 50 gramas de grãos por parcela que foram prensados para extração do caldo dos grãos de milho para medição;
- comprimento de espigas (CE, em cm), determinada pela média do comprimento de 5 espigas representativas da parcela;
- diâmetro de espigas (DE, em cm), determinada pela média do diâmetro de 5 espigas representativas da parcela;
- porcentagem de umidade de grãos (U, em %), obtido por meio de uma amostra de 50g de grãos por parcela e estas foram devidamente identificadas e deixadas em estufa a 105 °C durante 24 horas para posterior obtenção do dado (BRASIL, 2009).

A porcentagem de umidade (U) foi calculada na base do peso úmido, aplicando-se a seguinte fórmula: $U = 100 (P-p) / P-t$; em que, P = peso inicial (peso do recipiente e sua tampa mais o peso da semente úmida); p = peso final (peso do recipiente e sua tampa mais o peso da semente seca); t = tara (peso do recipiente com sua tampa).

As características de produtividade foram corrigidas para uma umidade de 75% por meio da expressão $PF = PI (100 - U) / (100 - 75)$, em que, PF = peso final de

espigas ou grãos da parcela; PI = peso inicial de espigas ou grãos da parcela; U = porcentagem de umidade inicial e 75 = umidade padrão dos grãos.

A partir da obtenção do PF, foi realizada a correção para estande ideal de 20 plantas por parcela, segundo a metodologia proposta por Miranda Filho (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992) para as características de peso de espigas com e sem palha, industrializáveis e peso de grãos, segundo a expressão: $PC = PF - b (ST - ST_i)$, no qual: PC = peso corrigido de espigas ou grãos da parcela; PF = peso de espigas ou grãos apenas corrigidos para umidade; ST = estande observado; ST_i = estande ideal e b = coeficiente de regressão linear que atua como fator de compensação, estimado a partir dos dados experimentais.

3.4 ANÁLISE ESTATÍSTICA DOS DADOS

3.4.1 Análises de Variâncias Individuais, Agrupadas e Conjuntas

Primeiramente, os dados foram testados quanto às pressuposições da análise de variância para averiguar a existência de normalidade dos resíduos de Shapiro-Wilk, (1964). A seguir, foram realizadas as análises de variâncias individuais seguindo o esquema apresentado na Tabela 4.

Tabela 4 – Esquema da análise de variância individual com as respectivas esperanças do quadrado médio.

Fonte de Variação	GL	QM	F	E(QM)
Bloco	2	Q_1	Q_1/Q_3	--
Progênie	49	Q_2	Q_2/Q_3	$\sigma_e^2 + J\sigma_p^2$
Erro	98	Q_3		σ_e^2

Após as análises de variância individuais, foi realizado o teste F máximo de Hartley (1950), para verificar se os quadrados médios residuais dos conjuntos de três experimentos utilizados para avaliação de cada população são homogêneos.

As análises de variância agrupada dos experimentos por local (Tabela 3) foram realizadas agrupando progênies dentro dos conjuntos (C) de experimentos, segundo o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + (B/C)_{jk} + C_k + (P/C)_{ik} + e_{ijk}, \text{ no qual:}$$

Y_{ijk} = o valor observado da i -ésima progênie, avaliada na j -ésima repetição, dentro do k -ésimo conjunto de experimento;

μ = a média geral das progênies;

$(B/C)_{jk}$ = o efeito aleatório do j -ésimo bloco dentro do k -ésimo conjunto de experimento;

C_k = o efeito aleatório do k -ésimo conjunto de experimento;

$(P/C)_{ik}$ = é o efeito aleatório da i -ésima progênie dentro do k -ésimo conjunto de experimento;

e_{ijk} = o erro experimental.

Tabela 5 – Esquema da análise de variância agrupada das 150 progênies de meio-irmãos da população ST2109B e ST0509A, com as respectivas esperanças do quadrado médio, para um local.

Fonte de Variação	GL	QM	F	E(QM)
Bloco/Conjunto	6	Q_1	Q_1/Q_4	$\sigma_e^2 + I\sigma_{B/C}^2$
Conjunto	2	Q_2	$(Q_2+Q_4)/(Q_1+Q_3)$	$\sigma_e^2 + J\sigma_{P/C}^2 + I\sigma_{B/C}^2 + IJ\sigma_C^2$
Progênie/Conjunto	147	Q_3	Q_3/Q_4	$\sigma_e^2 + J\sigma_{P/C}^2$
Erro	294	Q_4		σ_e^2

Foram obtidas as estimativas dos componentes de variância da análise agrupada seguindo as equações do Quadro 1.

Quadro 1 – Formulário para obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos das análises de variância agrupada.

Estimativas de Parâmetros Genéticos	Fórmulas
Variância ambiental	$\hat{\sigma}_e^2 = Q_4$
Variância de progênies de meio-irmãos dentro de conjuntos;	$\hat{\sigma}_{P/C}^2 = \frac{(Q_3 - Q_4)}{J}$
Variância aditiva média	$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{P/C}^2$
Variância fenotípica média	$\sigma_F^2 = \frac{(Q_3)}{J}$
Herdabilidade no sentido restrito	$h_r^2 = \frac{(Q_3 - Q_4)}{Q_3}$
Ganho de seleção entre progênies para os dois sexos	$GS = k \frac{\sigma_{P/C}^2}{\sqrt{\sigma_F^2}}$
Média da população melhorada	$Pop_{melhorada} = \mu + GS$
Coefficiente de variação ambiental	$CV_e \% = 100 \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu}$

k : é o coeficiente tabelado em função da porcentagem de seleção de 10% das progênies ($k=1,7550$);

As análises de variância conjuntas dos locais (L) e dos conjuntos de experimentos (C) de 150 progênies de meio-irmãos (Tabela 6) foram realizadas segundo o modelo estatístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + (B/C/L)_{jkl} + (C/L)_{kl} + L_l + (P/C)_{ik} + (P/C)L_{ikl} + e_{ijk}, \text{ no qual:}$$

Y_{ijkl} = o valor observado da i -ésima progênie, avaliada na j -ésima repetição, dentro do k -ésimo conjunto de experimentos, no l -ésimo local;

μ = a média geral das progênies;

$(B/C/L)_{jkl}$ = o efeito aleatório da interação entre o j -ésimo bloco dentro do k -ésimo conjunto de experimentos no l -ésimo local;

$(C/L)_{kl}$ = o efeito aleatório do k -ésimo conjunto de experimentos dentro do l -ésimo local;

L_l = o efeito fixo do l -ésimo local;

$(P/C)_{ik}$ = o efeito aleatório da i -ésima progênie dentro do k -ésimo conjunto de experimentos;

$(P/C)L_{ikl}$ = o efeito aleatório da interação entre a i -ésima progênie dentro do k -ésimo conjunto de experimentos e o l -ésimo local;

e_{ijk} = o erro experimental.

Tabela 6 – Esquema da análise de variância conjunta dos conjuntos dos experimentos agrupados com as respectivas esperanças do quadrado médio.

FV	GL	QM	F	E(QM)
Bloco/Conjunto/Local	12	Q ₁	Q ₁ /Q ₆	$\sigma_e^2 + I\sigma_{B/C/L}^2$
Conjunto /Local	4	Q ₂	(Q ₂ +Q ₆)/(Q ₁ +Q ₅)	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)xL}^2 + I\sigma_{B/C/L}^2 + IJ\sigma_{C/L}^2$
Local	1	Q ₃	Q ₃ /Q ₂	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)xL}^2 + I\sigma_{B/C/L}^2 + IJ\sigma_{C/L}^2 + IJK\phi_L$
Progênie/Conjunto	147	Q ₄	Q ₄ /Q ₆	$\sigma_e^2 + JL\sigma_{P/C}^2$
(Progênie/Conjunto) xLocal	147	Q ₅	Q ₅ /Q ₆	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)xL}^2$
Erro	588	Q ₆		σ_e^2

$$\alpha = L/(L-1)$$

Foram obtidas as estimativas dos componentes de variância da análise conjunta seguindo as equações do Quadro 2.

Quadro 2 – Formulário para obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos das análises de variância conjunta.

Estimativas de Parâmetros	Fórmulas
Variância ambiental;	$\hat{\sigma}_e^2 = Q_6$
Variância da interação progênes de meio-irmãos dentro de conjuntos de experimentos, em cada local;	$\hat{\sigma}_{(P/C)L}^2 = \frac{(Q_5 - Q_6)}{J\alpha}$
Variância de progênes de meio-irmãos dentro de conjunto de experimentos;	$\hat{\sigma}_{(P/C)}^2 = \frac{(Q_4 - Q_6)}{JL}$
Variância aditiva média;	$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{(P/C)}^2$
Variância fenotípica média;	$\sigma_F^2 = \frac{(Q_4)}{JL}$
Herdabilidade no sentido restrito;	$h_r^2 = \frac{(Q_4 - Q_6)}{Q_4}$
Ganho de seleção entre progênes para os dois sexos	$GS = k \frac{\sigma_{(P/C)}^2}{\sqrt{\sigma_F^2}}$
Média da população melhorada	$Pop_{melhorada} = \mu + GS$
Coefficiente de variação ambiental	$CV_e \% = 100 \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu}$

k: é o coeficiente tabelado em função da porcentagem de seleção de 10% das progênes (k=1,7550);

A testemunha não foi inserida nas análises de variância, a qual foi utilizada apenas sua média e esta comparada com as progênes.

3.4.2 Correlações Entre Caracteres

A correlação entre duas características X e Y foi estimada pelos coeficientes de correlação genotípica-aditiva (r_A) de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), por meio das seguintes expressões:

$$C\hat{O}V(X, Y)_A = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(X+Y)_A}^2 + \hat{\sigma}_{(X)_A}^2 + \hat{\sigma}_{(Y)_A}^2] \quad r_A = \frac{C\hat{O}V(X, Y)_A}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{(X)_A}^2 \cdot \hat{\sigma}_{(Y)_A}^2)}}$$

no qual:

$C\hat{O}V(X, Y)_A$: estimativa da covariância genética aditiva entre o caráter X e Y;

$\hat{\sigma}_{(X+Y)_A}^2$: estimativa da variância genética aditiva do caráter X+Y;

$\hat{\sigma}^2_{(X)_A}$: estimativa da variância genética aditiva do caráter X;

$\hat{\sigma}^2_{(Y)_A}$: estimativa da variância genética aditiva do caráter Y;

A significância das estimativas de correlações fenotípicas foi avaliada pela estatística t, dada pela expressão $t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{I-2}$, em que t está associado a I-2 graus de liberdade e em um nível de significância α (5%), sendo I o número de progênies avaliados (STEEL e TORRIE, 1980).

ARTIGO 1

CORRELAÇÕES GENÉTICAS E HERANÇA DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS EM MILHO SUPERDOCE

Artigo a ser submetido à revista científica:

Pesquisa Agropecuária Brasileira – PAB.

Correlações genéticas e herança de características agronômicas em milho superdoce.

Resumo – O objetivo deste trabalho foi determinar o potencial genético da população de milho superdoce ST2109B para o melhoramento por meio de estimativas de variância genética, herdabilidade, ganho com a seleção e verificar correlações genéticas entre as principais características agronômicas em milho doce. Durante a safra de verão 2012/2013, foram avaliadas 150 progênies, em dois locais de cultivos. As características avaliadas foram: teor de sólidos solúveis; peso de espiga com palha; peso de espiga sem palha; peso de espigas industrializáveis; peso de grãos; relação de peso de espigas despalhadas; relação do peso de espigas industriais sobre o peso total das espigas sem palhas; relação do peso dos grãos sobre o peso total das espigas industriais; rendimento industrial; prolificidade; comprimento de espigas; diâmetro de espigas; dias para florescimento masculino; dias para florescimento feminino; altura de plantas e altura de espigas. A população ST2109B apresentou ampla variabilidade genética para todas as características no qual as estimativas dos parâmetros genéticos indicaram grande potencial de melhoramento genético desta população. As características peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos são fortemente correlacionadas entre si. Aumento na produção de espigas e grãos está associado geneticamente com o aumento no comprimento das espigas e na seleção de plantas mais altas. O progresso no aumento do rendimento industrial esta fortemente associado com a seleção de plantas com maiores diâmetros de espigas.

Termos para indexação: *Zea mays* var. *Saccharata*. Variedade. Milho doce. Sólidos solúvel.

Genetic correlations and inheritance of agronomic traits in supersweet corn.

Abstract – The objective of this study was to determine the genetic potential of the supersweet corn population ST2109B to improve by estimates of genetic variance, heritability, gain with selection and genetic correlations of the main traits of sweetcorn. During the growing season 2012/2013, 150 families were evaluated at two locations. The following characteristics were evaluated: soluble solids; husked ear weight; dehusked ear weight; industrial ear weight; grain weight; ratio of husked ear weight; ratio of industrial ear weight on the total of dehusked ears weight; ratio of the grains weight on the total of industrial ears weight; industrial yield; prolificacy; ear length; diameter of ears; days to tasseling; days to silking; plant height and ear height. The ST2109B population has a wide genetic variability for all traits, where genetic parameter estimates indicated a great potential for improvement. The husked ear weight; dehusked ear weight; industrial ear weight; grain weight are strongly correlated. Increased production of ears and grains are genetically associated with the increase in the ears length and the selection of higher plants. Progress in increasing industrial productivity is strongly associated with the selection of plants with larger ears diameters.

Index terms: *Zea mays var. Saccharata*. Variety. Sweet corn. Soluble solids.

Introdução

O milho doce é um tipo especial de milho que difere do milho comum por conter um ou mais genes mutantes que alteram a concentração de açúcares no grão (TRACY, 2001). Estes mutantes podem ser divididos em dois grupos: o grupo 1 que é composto pelos mutantes *brittle1* (*bt1*), *brittle2* (*bt2*), e *shrunk2* (*sh2*) e o grupo 2 que abrange os mutantes, *amilose extender1* (*ae1*), *dull1* (*du1*), *sugary1* (*su1*) e *waxy1* (*wx1*) (BOYER E SHANNON, 1984). Devido aos elevados teores de açúcares, as cultivares dos genótipos *sh* e *bt* são chamados de superdoços, com teores de sacarose nos grãos podendo chegar à aproximadamente 25% da matéria seca (TRACY, 2001).

O Brasil, como um grande produtor de milho comum, apresenta grande potencial para a produção de milho doce. Entretanto, em virtude do pouco conhecimento por parte dos consumidores e da pequena disponibilidade de sementes, seu cultivo tem sido restrito (TEIXEIRA et al., 2001).

Até 2001, existiam cerca de 300 variedades de milho doce com polinização aberta no mundo, no qual apenas três variedades, denominadas Golden Bantan, Evergreens e Country Gentleman formaram a fonte inicial para o desenvolvimento dos programas de melhoramento de milho doce (TRACY, 2001). Esta evidente redução da base genética do milho doce pode ser contornada com a criação de populações de ampla base genética (ITO e BREWBALKER, 1981; BREWBAKER e BANAFUNZI, 1975). O número de variedades de milho doce disponíveis nas coleções elite e nos bancos de germoplasma é pequeno quando comparado ao milho comum (TEIXEIRA et al., 2013). No Brasil, estão registradas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares 45 cultivares de milho doce, porém apenas três estão sendo comercializadas para os agricultores em todo o país (BRASIL, 2014).

Sabe-se, no entanto, que uma das condições necessárias para alcançar sucesso com o melhoramento é a presença de variabilidade genética na população (PATERNIANI, 1967), no qual o estudo dos parâmetros genéticos, se fazem necessário, pois permite determinar a variabilidade genética da população, obter informações sobre a natureza da ação dos genes envolvidos na herança dos caracteres sob investigação, possibilita uma melhor escolha dos métodos de melhoramento aplicáveis à população e também de se estimar os ganhos genéticos possíveis de serem obtidos (HALLAUER, et al. 2010).

Uma das metodologias mais utilizadas na detecção dessa variabilidade é o que utiliza progênes de meio-irmãos, no qual é possível se estudar os parâmetros genéticos da

população, sendo empregado para a obtenção de cultivares mais produtivas, como também visando a obtenção de linhagens (PALOMINO et al., 2000).

Estimativas dos parâmetros genéticos em milho doce são apresentados por diversos autores internacionais (JHA et al., 2013; ALAN et al., 2013; SOLOMON, 2011; ÎLKER, 2011; ASGHAR e MEHDI, 2010; KASHIANI e SALEH, 2010; HAS e HAS, 2009; NIGUSSIE e SALEH, 2007; ELTAHIR e SALEH, 2003; ELTAHIR et al., 2003; SALEH et al., 2002 e SALEH et al., 1994. Entretanto, poucas pesquisas brasileiras têm sido relatadas (SANTOS et al., 2014; PINHO et al., 2008; CARDOSO, 2002; VOLTZ, 2002).

Sendo assim, neste trabalho objetivou-se determinar o potencial genético de uma população de milho superdoce ST2109B para o melhoramento, por meio do estudo dos seus parâmetros genéticos, tais como: estimativas de médias, componentes de variância fenotípica, herdabilidade e ganho de seleção; identificar correlações genotípicas entre os caracteres, que auxiliem no processo de seleção e melhoramento do milho doce, visando obter uma análise das possibilidades de progresso na seleção das características avaliadas.

Material e Métodos

Na safra 2011/2012 foram obtidas 150 progênies de meio-irmãos da população ST2109B, cultivada em um lote isolado. Estas 150 progênies foram subdivididas em 3 conjuntos de 50 progênies para avaliação, em 3 conjuntos de experimentos que foram avaliados na Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina, em Londrina-PR (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude) e na área experimental da TMG (Tropical Melhoramento e Genética Ltda.) localizado no município de Cambé-PR (23°16'33"S, 51°16'40"W e 680 m de altitude), durante a safra agrícola 2012/2013.

Cada experimento foi montado utilizando o delineamento em blocos casualizados com três repetições, utilizando como testemunha o híbrido simples BRS-Vivi, desenvolvido pela EMBRAPA. As parcelas experimentais foram constituídas por fileiras simples de 4,00 m de comprimento, com espaçamento de 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, totalizando 62.500 pl ha⁻¹.

Os experimentos foram semeados no dia 08 de Novembro de 2012 em Londrina-PR e 14 de Dezembro de 2012 em Cambé-PR, sendo empregados três sementes por cova e, aos 25 dias após a emergência, realizados o desbaste, deixando-se apenas uma planta por cova.

Os experimentos foram instalados isolados dos demais tipos de milho, com a finalidade de evitar possíveis contaminações. Foram aplicados 350 Kg ha⁻¹ do formulado 10-15-15 no plantio e 110 Kg ha⁻¹ de uréia em cobertura vinte dias após o plantio, em todos os experimentos. Os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações técnicas de cultivo do milho sem o uso de irrigação durante o período de cultivo ou controle de lagartas das espigas.

A colheita das espigas foi realizada quando os grãos apresentavam aproximadamente 75% de umidade, colhendo-se todas as espigas da parcela manualmente. A umidade foi determinada utilizando a metodologia por meio da secagem do grãos em estufa a 105 °C durante 24 horas (BRASIL, 2009).

As características avaliadas foram: teor de sólidos solúveis; peso de espiga com palha; peso de espiga sem palha; peso de espiga industrializáveis; peso de grãos; relação de espigas, dada pela razão do peso de espigas sem palha pelas espigas empalhadas; relação do peso de espigas industrializáveis pelo peso de espigas sem palha; relação do peso de grãos pelo peso de espigas industrializáveis; rendimento industrial; prolificidade; comprimento e diâmetro de espigas; dias para florescimento masculino e feminino e altura de plantas e espigas.

As produtividades foram corrigidas para uma umidade de 75% por meio da expressão $PF = PI (100 - U) / (100 - 75)$, no qual: PF = peso final de espigas ou grãos da parcela; PI = peso inicial de espigas ou grãos da parcela; U = umidade inicial e 75 = umidade padrão dos grãos. A partir da obtenção do PF, foi realizada a correção para estande ideal de 20 plantas por parcela, segundo a metodologia proposta por Miranda Filho (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992) para as características de peso de espigas com e sem palha, industrializáveis e peso de grãos, segundo a expressão: $PC = PF - b (ST - STi)$, no qual: PC = peso corrigido de espigas ou grãos da parcela; PF = peso de espigas ou grãos apenas corrigidos para umidade; ST = estande observado; STi = estande ideal e b = coeficiente de regressão linear que atua como fator de compensação, estimado a partir dos dados experimentais.

As análises de variância dos conjuntos de experimentos, por local, foram realizadas agrupando progênies dentro dos conjuntos de experimentos, segundo o modelo estatístico: $Y_{ijk} = \mu + (B/C)_{jk} + C_k + (P/C)_{ik} + e_{ijk}$, no qual: Y_{ijk} = o valor observado da i-ésima progênie, avaliada na j-ésima repetição, dentro do k-ésimo conjunto de experimentos; μ = a média geral das progênies; B/C_{jk} = o efeito aleatório do j-ésimo bloco dentro do k-ésimo conjunto de experimentos; C_k = o efeito aleatório do k-ésimo conjunto de experimentos;

$(P/C)_{ik}$ = é o efeito aleatório da i-ésima progênie dentro do k-ésimo conjunto de experimentos; e_{ijk} = o erro experimental.

As análises de variância conjunta dos experimentos foram realizadas, segundo o modelo estatístico: $Y_{ijkl} = \mu + (B/C/L)_{jkl} + (C/L)_{kl} + L_l + (P/C)_{ik} + (P/C)L_{ikl} + e_{ijk}$, no qual: Y_{ijkl} = o valor observado da i-ésima progênie, avaliada na j-ésima repetição, dentro do k-ésimo conjunto de experimentos, em cada l-ésimo local; μ = a média geral das progênies; $(B/C/L)_{jkl}$ = o efeito aleatório da interação entre o j-ésimo bloco dentro do k-ésimo conjunto de experimentos em cada l-ésimo local; $(C/L)_{kl}$ = o efeito aleatório do k-ésimo conjunto de experimentos dentro do l-ésimo local; A_l = o efeito fixo do l-ésimo local; $(P/C)_{ik}$ = o efeito aleatório da i-ésima progênie dentro do k-ésimo conjunto de experimentos; $(P/C)L_{ikl}$ = o efeito aleatório da interação entre a i-ésima progênie dentro do k-ésimo conjunto de experimentos e o l-ésimo local; e_{ijk} = o erro experimental.

A testemunha não foi inserida nas análises de variância, a qual foi utilizada apenas sua média e esta comparada com as progênies.

As estimativas dos parâmetros genéticos com base na análise de variância conjunta foram obtidas com base nas esperanças dos quadrados médios (Tabela 7).

Tabela 7 – Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças do quadrado médio.

FV	GL	QM	F	E(QM)
Bloco/Conjunto/Local	12	Q ₁	Q ₁ /Q ₆	$\sigma_e^2 + I\sigma_{B/C/L}^2$
Conjunto /Local	4	Q ₂	(Q ₂ +Q ₆)/(Q ₁ +Q ₅)	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)\times L}^2 + I\sigma_{B/C/L}^2 + IJ\sigma_{C/L}^2$
Local	1	Q ₃	Q ₃ /Q ₂	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)\times L}^2 + I\sigma_{B/C/L}^2 + IJ\sigma_{C/L}^2 + IJK\phi_L$
Progênie/Conjunto	147	Q ₄	Q ₄ /Q ₆	$\sigma_e^2 + JL\sigma_{P/C}^2$
(Progênie/Conjunto) x Local	147	Q ₅	Q ₅ /Q ₆	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)\times L}^2$
Erro	600	Q ₆		σ_e^2

$$\alpha = L/(L-1)$$

Por meio dos quadrados médios (QM) e da médias das progênies (μ) da análise de variância conjunta, foram obtidas as estimativas dos parâmetros genéticos utilizando as seguintes expressões:

$$\hat{\sigma}_e^2 = Q_6 \quad \hat{\sigma}_{(P/C)}^2 = \frac{(Q_4 - Q_6)}{JL} \quad \hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{(P/C)}^2 \quad \sigma_F^2 = \frac{(Q_4)}{JL}$$

$$h_r^2 = \frac{(Q_4 - Q_6)}{Q_4} \quad GS = k \frac{\sigma_{(P/C)}^2}{\sqrt{\sigma_F^2}} \quad Pop_{melhorada} = \mu + GS \quad CV_e \% = 100 \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu}$$

no qual:

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância ambiental; $\hat{\sigma}_{(P/C)}^2$ = variância de progênies de meio-irmãos dentro de conjunto de experimentos; $\hat{\sigma}_A^2$ = variância aditiva média; σ_F^2 = variância fenotípica média; h_r^2 = herdabilidade no sentido restrito; GS = estimativa do ganho de seleção entre progênies para os dois sexos; $Pop_{melhorada}$ = média da população melhorada; $CV_e \%$ = Coeficiente de variação ambiental; k = é o coeficiente tabelado em função da porcentagem de seleção ($k=1,7550$ para seleção de 10% das progênies).

As associações entre duas características X e Y foi estimada pelos coeficientes de correlação aditiva (r_A), de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), por meio das seguintes expressões:

$$CÔV(X,Y)_A = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(X+Y)_A}^2 + \hat{\sigma}_{(X)_A}^2 + \hat{\sigma}_{(Y)_A}^2] \quad r_A = \frac{CÔV(X,Y)_A}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{(X)_A}^2 \cdot \hat{\sigma}_{(Y)_A}^2)}}$$

no qual:

$CÔV(X,Y)_A$: estimativa da covariância genética aditiva entre o caráter X e Y; $\hat{\sigma}_{(X+Y)_A}^2$: estimativa da variância genética aditiva do caráter X+Y; $\hat{\sigma}_{(X)_A}^2$: estimativa da variância genética aditiva do caráter X; $\hat{\sigma}_{(Y)_A}^2$: estimativa da variância genética aditiva do caráter Y.

A significância das estimativas de correlações fenotípicas foi avaliada pela estatística t, dada pela expressão $t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{I-2}$, em que t está associado a I-2 graus de liberdade e em um nível de significância α (5%), sendo I o número de progênies avaliados (STEEL e TORRIE, 1980).

Resultados e Discussão

Os maiores coeficientes de variação ambiental encontrados foram observados para as características de produtividade (Tabela 8). Os resultados de $CV_e \%$ mostram que houve maior precisão experimental para peso de espigas com palha e peso de

espigas sem palha do que peso de espigas industrializáveis e peso de grãos. Isto deve ter ocorrido devido aos fatores não controlados relativos a caracterização das espigas industrializáveis em decorrência do ataque desuniforme de lagartas no campo e aos danos causados nas espigas.

Houve efeito significativo de conjunto de experimentos em Londrina para peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis, diâmetro de espigas, altura de plantas e altura de espiga e em Cambé apenas para teor de sólidos solúveis (Tabela 8). Isto indica que o conjunto de experimentos deve ter variado devido à desuniformidade do terreno dentro do local, uma vez que os grupos de progênies foram formados aleatoriamente e que estes efeitos não se repetem nos locais.

Efeitos significativos de Local ocorreram apenas para as características teor de sólidos solúveis, relação PG/PEI, rendimento industrial, prolificidade, comprimento e diâmetro de espigas (Tabela 9), no qual Londrina, mesmo com uma diferença mínima, apresentou maiores médias para estas características que em Cambé (dados não apresentados). A ocorrência de efeitos significativos de Conj/Local, observada na análise de variância conjunta, se deram principalmente pelos efeitos significativos de conjunto de experimentos observados em Londrina para as características peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis, diâmetro de espigas e altura de plantas e espigas (Tabela 8).

Houve efeitos significativos de progênies dentro de conjuntos de experimentos para todas as características tanto na análise agrupada (Tabela 8) quanto na análise conjunta (Tabela 9). Isto evidencia a existência de elevada variabilidade genética para as características estudadas, possibilitando progressos com a seleção.

A presença de efeito significativo para a interação Progênie dentro de Conjunto com Local ((Prog/Conj) x Local), para as características peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis, peso de grão, prolificidade, comprimento e diâmetro de espigas e florescimento masculino e feminino, evidenciam que as progênies apresentaram comportamento diferenciado para estas características em cada local, mostrando que devem ser selecionadas as progênies com melhor desempenho em ambos os locais, principalmente pela proximidade dos locais (Tabela 9).

A estimativa de variância genética aditiva para teor de sólidos solúveis vai ao encontro aos resultados apresentados na literatura (Tabela 10). Nigussie e Saleh (2007) estudando populações de milho doce obtiveram valores de estimativas de variância genética aditiva para teor de sólidos solúveis de $0,34\%^2$. Alan et al. (2013), Eltahir et al. (2003), Saleh

et al. (2002) e Kashiani e Saleh (2010) apresentam estimativas para esta característica variando de 0,53%² a 16,4%².

A população ST2109B apresentou elevadas estimativas de variância aditiva para as características de produtividade peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grão (Tabela 10), sendo observado para peso de espigas com palha, estimativas 45% superior à maior estimativa encontrada na literatura para milho doce (ALAN et al., 2013; KASHIANI e SALEH, 2010; SALEH et al., 1994) que obtiveram estimativas variando entre 623,3 a 1331,49 (g planta⁻¹)² para peso de espigas com palha. Estes mesmo autores, além de Eltahir et al. (2003), apresentam estimativas de peso de espigas sem palha variando de 321 a 1150 (g planta⁻¹)².

Para comprimento e diâmetro de espigas, a população ST2109B apresentou estimativas de variância genética mais elevados que os apresentados por vários autores (ALAN et al., 2013; ASGHAR e MEHDI, 2010; KASHIANI e SALEH, 2010; NIGUSSIE e SALEH, 2007; ELTAHIR et al., 2003; SALEH et al., 2002; SALEH et al., 1994) que obtiveram estimativas variando de 0,55 a 2,38 (cm)² para comprimento de espigas e 0,021 a 0,042 (cm)², mostrando o grande potencial de melhoramento desta população (Tabela 10).

Para as características de florescimento, assim como de altura de plantas e espigas, foram obtidas estimativas que estão dentro dos valores obtidos na literatura (KASHIANI e SALEH, 2010; NIGUSSIE e SALEH, 2007; ELTAHIR et al., 2003; SALEH et al., 2002; SALEH et al., 1994), no qual foram observados estimativas variando entre 1,9 a 47,22 (dias)² para os caracteres de florescimento. Estes mesmo autores, além de Alan et al. (2013), Asghar e Mehdi (2010), Cardoso et al. (2002) obtiveram estimativas de variância genética aditiva para altura de plantas e espigas variando de 0,67 a 1935 (cm)².

A estimativa de herdabilidade no sentido restrito (h_r^2) foi relativamente alta para os caracteres de produtividade, na ordem de 70%, levando a população à alcançar estimativas de ganho com a seleção de 2,31 t ha⁻¹ de espigas despalhadas e de 750 kg ha⁻¹ de produtividade de grãos no primeiro ciclo de seleção, empregando uma intensidade de seleção de 10% (Tabela 10).

Para as características comprimento e diâmetro de espigas, as progênies também apresentaram alta h_r^2 (Tabela 10). Valores superiores aos encontrados por Has e Has (2009), que obtiveram estimativas de 53% para CE e 33% para DE. Estas características, além de serem componentes de produtividade e muito buscada com a seleção, são características desejáveis para que se possa obter ganhos no rendimento industrial, nas futuras seleções.

As características dias para o florescimento masculino e feminino são uma das mais importantes em quaisquer cultura. Neste estudo foi obtido altas estimativas de herdabilidade, nas quais podem propiciar um ganho de seleção de pelo menos dois dias na precocidade das progênies. Estes resultados estão de acordo aos obtidos por Cardoso et al. (2002), que obteve estimativas de herdabilidade variando de 95% à 56% para florescimento feminino.

Extrapolando os dados de produtividade para hectares, nos dois ambientes avaliados, as progênies apresentaram produtividade variando de 27,8 t ha⁻¹ a 11,4 t ha⁻¹ para peso de espigas com palha; 19,4 t ha⁻¹ a 7,9 t ha⁻¹ para peso de espigas sem palha e 7,9 t ha⁻¹ a 2,2 t ha⁻¹ para peso de grãos, com rendimento industrial variando de 12% a 30%, nos dois ambientes avaliados (Tabela 10). Valores superiores aos encontrados por Saleh et al. (1994), que trabalhando com sintéticos obteve uma produtividade máxima de 8,21 t ha⁻¹ para peso de espigas com palha e 5,76 t ha⁻¹ para peso de espigas sem palha. Em média, esta população mesmo estando em estágios iniciais de melhoramento genético, apresentou características dentro dos padrões exigidos para uma cultivar de milho doce pelas indústrias de processamento apresentadas por Pereira Filho et al. (2003) e Paiva Júnior (1990).

O desempenho da população ST2109B para as características peso de espiga com palha, peso de espiga sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos foi superado pela testemunha (Tabela 10). Isto poderia ser esperado por se tratar de um híbrido com padrões comerciais disponível no mercado. Contudo, as médias desta população para prolificidade, comprimento e diâmetro de espigas, relação peso de espigas sem palha pelo peso de espigas com palha e a relação peso de grãos pelo peso de espigas industrializáveis foram bastante próximas as médias observadas para a testemunha, esta que apresentou menores teores de teor de sólidos solúveis, com plantas mais altas e mais tardias que a média da população. Os resultados médios da população original e das estimativas de variâncias, ganho com a seleção e média da população melhorada revelam elevado potencial desta população para o melhoramento de milho superdoce.

Para avaliar a magnitude das correlações obtidas optou-se pela classificação proposta por Shimakura e Ribeiro Junior (2006) com as seguintes classes: 0,0 a 0,19 - muito fraca; de 0,20 a 0,39 - fraca; de 0,40 a 0,69 - moderada; de 0,70 a 0,89 - forte; e de 0,90 a 1,00 - muito forte.

Do total de 91 correlações genéticas aditivas obtidas para cada local, 70 foram significativas pelo teste t em Londrina, no qual: 7% foram consideradas muito fortes; 11% fortes; 32% moderadas; 25% fracas e 25% muito fracas (Tabela 11). Na porcentagem

acumulada das correlações genéticas neste local, 49% enquadraram-se entre moderada e muito forte. Em Cambé, 68 foram significativas pelo teste t, no qual: 2% foram consideradas muito fortes; 11% foram consideradas fortes; 26% moderadas; 32% fracas e 29% muito fracas. Na porcentagem acumulada das correlações genéticas neste local, 40 % enquadraram-se entre moderada e muito forte.

Para a característica teor de sólidos solúveis, houve o predomínio de correlações fracas e muito fracas com as demais características, nos dois locais, sendo observada no máximo correlações moderadas e negativas de teor de sólidos solúveis com altura de plantas e altura de espigas em Londrina e com rendimento industrial em Cambé, não havendo consistência das correlações para os dois locais. Isto mostra que a característica teor de sólidos solúveis, que é fortemente influenciada por um gene, será pouco afetada quando da seleção para as outras características (Tabela 11).

As características de peso de espigas com palhas, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos se apresentaram muito fortemente correlacionadas entre si e consistentes para os dois locais de avaliação, podendo ser utilizadas quaisquer uma dessas quatro características visando a seleção para produtividade de grãos. Contudo, uma comparação das herdabilidade estimadas para estas características (Tabela 10), a precisão experimental (Tabela 8) e a magnitude das correlações entre estes caracteres e peso de grãos, as características peso de espigas sem palha e com palha apresentam uma ligeira vantagem em relação ao peso de espigas industrializáveis e de grãos para uso na seleção de genótipos com maiores produtividade de grãos. A vantagem da avaliação de peso de espigas sem palha em relação ao peso de espigas com palha, está no fato de permitir a avaliação das características dos grãos e das espigas, enquanto o peso de espigas com palha apresenta a vantagem de requerer menor trabalho nas avaliações. Estes resultados estão de acordo com os encontros por Alan et al. (2013) e Kashiani et al. (2010).

Os caracteres de produtividade também estiveram positivamente correlacionados com comprimento de espigas (nos dois locais), altura de plantas e de espigas em Londrina e florescimento feminino em Cambé. Estes resultados indicam que plantas com maiores altura de plantas e espigas e com espigas mais compridas tenderam a apresentar maiores produtividades de espigas e grãos, assim como a menor precocidade.

O número de espigas por plantas é uma característica muito buscada em milho comum, pelo fato de serem normalmente correlacionados com produtividade de grãos, no qual uma planta com mais de uma espiga é responsável por um genótipo mais produtivo (CARVALHO et al., 2001). Em milho verde assim como no cultivo de milho doce esta

característica não é buscada, em razão de cultivares com uma espiga apresentarem comprimento e diâmetro de espigas maiores que com duas espigas (KHAZAEI et al., 2010).

Tanto em Londrina como em Cambé, houve consistência de correlações positivas entre os caracteres de prolificidade com produtividade, comprimento de espigas e rendimento industrial. Isto indica que esforços no aumento destas características resultarão em genótipos mais produtivos. Contudo, neste experimento a média de espigas por planta foi aproximadamente 1,0, o que é favorável se tratando de milho doce, pois o aumento do número de espigas para 2,0 ou mais pode interferir negativamente na produtividade de espigas industriais.

Para a característica relação de espigas despalhadas (RE), as maiores estimativas de correlação obtidas foram com florescimento feminino e masculino, altura de plantas e espigas, em ambos os locais, sendo negativas e significativas. Isto revela que plantas mais tardias e com maiores alturas de plantas e de espigas produzem espigas com maiores quantidade de palha.

A característica rendimento industrial se mostrou fortemente correlacionada com diâmetro de espigas, indicando que espigas com maiores diâmetros podem promover menores perdas no processo de degrana. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por Khazaei et. al (2010), Oktem (2008), Eleweanya et al. (2005) e Eltahir e Saleh (2003), que encontraram correlações significativas e positivas entre diâmetro de espigas com maior produção de grãos e fileiras na espiga. Contudo, não houve consistência das correlações obtidas entre rendimento industrial e dias para florescimento masculino e feminino, sendo negativas para Londrina e positivas em Cambé.

Correlações positivas e de magnitudes semelhantes para os dois locais foram obtidas entre comprimento de espigas, prolificidade e florescimento masculino, revelando que plantas mais tardias e prolíficas tendem a apresentar espigas mais compridas. De igual modo o comprimento de espigas foi positivamente correlacionado com florescimento masculino e feminino e altura de plantas e de espigas. O mesmo ocorreu nas correlações obtidas entre altura de plantas e dias para florescimento feminino.

Conclusões

A população ST2109B apresenta ampla variabilidade genética para todas as características no qual as estimativas dos parâmetros genéticos indicaram potencial de melhoramento genético desta população.

As características peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos são fortemente correlacionadas. Aumento na produção de espigas e grãos esta associado geneticamente com o aumento no comprimento das espigas e nas escolhas de plantas mais altas. O progresso no aumento do rendimento industrial esta fortemente associado com a seleção de plantas com maiores diâmetros de espigas.

Agradecimentos

Ao Programa de Mestrado em Genética e Biologia Molecular da UEL, à CAPES e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq – Brasil, pelo apoio e financiamento deste trabalho.

Referências

- ALAN, O.; KINACI, G.; KINACI, E.; KUTLU, I.; BUDAK BASÇİFTÇİ, Z.; SONMEZ, K.; EVRENOSOĞLU, Y. Genetic Variability and Association Analysis of Some Quantitative Characters in Sweet Corn. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici**, v. 41, n. 2, p. 404-413, 2013.
- ASGHAR, M. J.; MEHDI, S. S. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. **Pakistan Journal of Botany**, v. 42, n. 2, p. 775-789, 2010.
- BALBINOT JR.; ALVADI A.; BACKES, R. L.; ALVES, A. C.; OGLIARI, J. B.; FONSECA, J. A. da. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.11, n. 2, p. 161-166, 2005.
- BRASIL - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Registro Nacional de Cultivares - RNC**/ Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>.
- BRASIL - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Regras para análise de sementes** / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília : Mapa/ACS, 399 p., 2009.
- BOYER, C. D.; SHANNON, J. C. The use of endosperm genes for sweet corn improvement. In: **Plant breeding reviews**. Springer US, 1983. p. 139-161.
- BREWBAKER, J. L.; BANAFUNZI, N. Hawaiian Supersweet #6 corn. **HortScience**, Alexandria, v. 10, p. 427, 1975.

CARDOSO, E.T.; SERENO, M. J. C. M.; BARBOSA NETO, J. F. Genetic progress for adaptative traits in sweet corn population. **Maydica** v. 47, p. 121-126, 2002a.

CARDOSO, E.T.; SERENO, M. J. C. M.; BARBOSA NETO, J. F. Heritability estimates for quality and ear traits in sweet corn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 2, n. 4, p. 493-498, 2002b.

ELEWEANYA, N. P.; UGURU, M. I.; ENE-OBONG, E. E.; OKOCHA, P. I. Correlation and path coefficient analysis of grain yield related characters in maize (*Zea mays L.*) under humid conditions of south eastern Nigeria. **Agro-Science**, v. 4, n. 1, 2005.

ELTAHIR, S. A.; SALEH, G. B.; WAHAB, Z. B.; RAHIM, A. A. Performance, heritability and correlation studies on varieties and population cross of sweet corn. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 2, n. 10, p. 756-760, 2003.

ELTAHIR, S. A.; SALEH, G. B. Response of Two Cycles of Phenotypic Mass Selection and Heritability on Two Tropical Sweet Corn (*Zea mays L. saccharata*) Populations. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 2, n. 1, p. 65-70, 2003.

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

HAS, V.; HAS, I. Genetic inheritance of some important characters of sweet corn, **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v. 37, n. 1, p. 244-248, 2009.

ILKER, E. Correlation and path coefficient analyses in sweet corn. **Turkish Journal of Field Crops**, v. 16, n. 2, p. 105-107, 2011.

ITO, G. M.; BREWBALKER, J. L. Genetic advance through mass selection for tenderness in sweet corn. **Journal of the America Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 106, p. 469, 1981.

JHA, S. K.; SINGH, N. K.; AGRAWAL, P. K. Studies on exploitable heterosis in sweet corn under assured rainfed situation of North-Western Himalayas. **Karnataka Journal of Agricultural Sciences**, v. 26, n. 2, 2013.

KASHIANI, P.; SALEH, G. B. Estimation of Genetic Correlations on Sweet Corn Inbred Lines Using SAS Mixed Model. **American Journal of Agricultural & Biological Science**, v. 5, n. 3, 2010.

KHAZAEI, F.; ALIKHANI, M. A.; YARI, L.; KHANDAN, A. Study the correlation, regression and path coefficient analysis in sweet corn (*Zea mays var. saccharata*) under different levels of plant density and nitrogen rate. **Journal of Agricultural and Biological Science**, v. 5, n. 6, p. 14-19, 2010.

NIGUSSIE, M.; SALEH, G. B. Genetic Variability and Responses to Two Methods of Recurrent Selection in Two Sweet Corn (*Zea mays L. Saccharata*) Populations. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 5, 2007.

OKTEM, A. Determination of selection criterions for sweet corn using path coefficient analyses. **Cereal Research Communications**, v. 36, n. 4, p. 561-570, 2008.

OLIVEIRA JUNIOR, L. F. G.; DELIZA, R.; BRESSAN-SMITH, R.; PEREIRA, M. G.; CHIQUIERE, T. B. Seleção de genótipos de milho mais promissores para o consumo in natura. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 26, n. 1, p. 159-165, 2006.

PAIVA JUNIOR, M. C. **Desempenho de diferentes cultivares para milho verde em diferentes épocas e densidade de semeadura**. 1990. 66 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, 1990.

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

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; GAMA, E. E. G. Cultivares de Milho para o Consumo Verde. In: PEREIRA FILHO, I. A. (Org.). **O cultivo do milho verde**, Brasília: Embrapa, 2003. p. 17-27.

PEREIRA, A. F.; MELO, P. G. S.; OLIVEIRA, J. P.; ASSUNÇÃO, A.; BUENO, L. G. Qualidade fisiológica de sementes e desempenho agrônômico de genótipos de milho doce. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 38, n. 4, p. 249-261, 2008.

SALEH, G. B.; ALAWI, S. A. S.; PANJAITAN, K. Performance, correlation and heritability studies on selected sweet corn synthetic populations. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v. 5, p. 251-254, 2002.

SALEH, G.; YUSOP, M. R.; YAP, T. C. Heritability and Response to Recurrent Selection in Two Sweet Corn Varieties. **Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science**, v. 17, n. 3, p. 185-190, 1994.

SANTOS, P. H. A. D.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. S.; CUNHA, K. S.; ENTRINGER, G. C.; VETTORAZZI, J. C. F. Agronomic performance of super-sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, p. 8-14, 2014.

SHIMAKURA, S. E.; RIBEIRO JUNIOR, P. J. **Estatística (2006)**, Disponível em: <<http://leg.ufpr.br/~paulojus/CE003/ce003/>>, Acesso em: 10 jan, 2014.

STEEL, R. G. D; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. McGraw-Hill Kogakusha, New York., 1980.

SYNGENTA BRASIL. **Alimentar nosso maior desafio: 2010-2050**. São Paulo, 2010. 80 p. Relatório de sustentabilidade.

TEIXEIRA, F. F.; MIRANDA, R.A; PAES, M. C. D.; SOUZA, S. M. de; GAMA, E. E. G. **Melhoramento do milho doce**. Documentos (INFOTECA-E). Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013.

TEIXEIRA, F. F.; SOUSA, I. R. P.; GAMA, E. E. G.; PACHECO, C. A. P.; PARENTONI, S. N.; SANTOS, M. D.; MEIRELLES, W. F. Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 25, n. 3, p. 483-488, 2001.

TRACY, W. F. Sweet corn. In: HALLAUER, A. R. **Specialty corn**. Boca Raton, p. 155-198., 2001.

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

VOLTZ, A. W. **Ganho genético para caracteres adaptativos em populações de milho doce**. 2002. Dissertação (Mestrado). UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL.

ANEXOS

Tabela 8 – Fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios e níveis de significância da análise de variância agrupada de 150 progênies (Prog.) da população **ST2109B** e seus respectivos coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$) para cada característica avaliada, em dois ambientes.

FV	Quadrados Médios			$CV_e\%$	Quadrados Médios			$CV_e\%$
	Conjunto	Prog/Conj	Erro		Conjunto	Prog./Conj	Erro	
GL	2	147	294		2	147	294	
Características	Londrina				Cambé			
TSS (%)	8,1578	1,3263*	0,9629	5,4	14,057*	0,8428**	0,5729	4,3
ECP (g planta ⁻¹)	105934**	5041,0**	1325,6	11,0	5186,5	2407,8**	1291,9	13,2
ESP (g planta ⁻¹)	43368**	2507,6**	726,70	11,9	2406,4	1203,9**	638,32	13,5
PEI (g planta ⁻¹)	60668*	2600,4**	881,60	16,0	4172,1	1389,3**	938,86	21,4
PG (g planta ⁻¹)	11990	632,28**	239,95	18,6	903,15	339,80**	203,50	22,9
RE [†]	2,4553	4,0565**	1,1130	4,9	8,5750	3,4827**	1,0190	4,7
PEI/ESP [†]	116,38	10,666*	7,9016	11,0	22,953	21,644**	14,675	15,9
PG/PEI [†]	5,5346	4,1356**	1,4763	8,6	3,5068	3,4126**	1,0552	7,5
RI [†]	9,1308	2,7426**	1,4167	15,3	7,7832	2,3409*	1,7081	18,4
PRO [†]	129,84	36,958**	15,028	11,4	14,446	18,576**	12,475	11,3
CE (cm)	3,0035	2,8543**	0,4300	3,7	9,3913	2,3668**	0,4717	4,0
DE (cm)	0,6812*	0,0794**	0,0164	2,6	0,1580	0,0921**	0,0187	2,9
FM (dias)	18,320	8,9968**	2,2737	2,7	6,2689	3,2949**	2,1874	2,6
FF (dias)	104,18	10,203**	2,9636	3,0	4,3489	2,8866**	2,0778	2,5
AP (cm)	17261**	229,87**	78,425	4,1	1632,1	318,61**	179,81	6,7
AE (cm)	8576,9**	236,58**	83,177	8,5	729,77	178,84**	124,12	10,7

* , **: significativo em nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; [†]: quadrados médios multiplicados por 10⁶; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; PEI/ESP: relação PEI/ESP; PG/PEI: relação PG/PEI; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

Tabela 9 – Quadrados médios e níveis de significância da análise de variância conjunta de 150 progênies da população **ST2109B** desdobradas em locais (Local); na interação de Conjunto e locais (Conj x Local); progênies dentro de Conjunto (Progênie/Conj); da interação entre progênie dentro de Conjunto e locais (Progênie/Conj)x Local e seus respectivos coeficiente de variação ($CV_e\%$) para cada característica avaliada em dois locais.

Fontes de Variação	Local	Conj./ Local	Progênie/ Conj	(Progênie/Conj) x Local	Erro	$CV_e\%$
Grau de Liberdade	1	2	147	147	588	
TSS (%)	30,655*	0,4182	1,3805**	0,7886	0,7679	4,9
ECP (g planta ⁻¹)	754270	75432**	4942,1**	2506,7**	1308,7	12,0
ESP (g planta ⁻¹)	357038	25382**	2437,2**	1274,3**	682,51	12,6
PEI (g planta ⁻¹)	397050	46693**	2642,2**	1347,6**	910,23	18,4
PG (g planta ⁻¹)	98659	8228,5*	633,36**	338,72**	221,72	20,5
RE [†]	0,0095	6,1173	6,2888**	1,2504	1,0660	4,8
PEI/ESP [†]	448,65	79,184	20,926**	11,384	11,288	13,5
PG/PEI [†]	43,048*	1,7629	6,1797**	1,3684	1,2658	8,1
RI [†]	107,41*	1,9690	3,2953**	1,7882	1,5624	16,8
PRO [†]	1877,4*	89,916	36,007**	19,527**	13,751	11,3
CE (cm)	148,03*	3,9102	3,7807**	1,4404**	0,4509	3,8
DE (cm)	2,0928*	0,0942	0,1169**	0,0545**	0,0175	2,8
FM (dias)	122,47	13,168	8,7439**	3,5478**	2,2305	2,7
FF (dias)	203,54	71,764*	9,0338**	4,0562**	2,5207	2,8
AP (cm)	44371	14718**	413,72**	134,76	129,12	5,4
AE (cm)	2978,7	7101,8**	292,03**	123,39	103,65	9,6

* , **: significativo em nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; [†]: quadrados médios multiplicados por 10⁶; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; PEI/ESP: relação PEI/ESP; PG/PEI: relação PG/PEI; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

Tabela 10 – Estimativas, com base na análise de variância conjunta, da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), ganho de seleção (GS), média, máximo (Máx.) e mínimo (Mín.) da população original (Pop. Original), média da população melhorada (Pop. Melhorada) de 150 progênies da população **ST2109B** e a média da testemunha (BRS Vivi).

Características	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	h_r^2	GS	Pop.Original			Pop. Melhorada	BRS Vivi
					Média	Máx	Mínimo		
TSS (%)	0,4084	0,2301	0,44	0,4	18,0	21,1	16,3	18,3	16,6
ECP (g planta ⁻¹)	2422,3	823,68	0,74	37	302	446	182	339	447
ESP (g planta ⁻¹)	1169,8	406,20	0,72	25	207	311	127	232	296
PEI (g planta ⁻¹)	1154,6	440,36	0,66	24	164	280	80	188	268
PG (g planta ⁻¹)	274,42	105,56	0,65	12	73	127	35	84	119
RE [†]	3,4818	1,0481	0,83	0,05	0,68	0,77	0,58	0,73	0,66
PEI/ESP [†]	6,4254	3,4877	0,46	0,05	0,79	0,95	0,51	0,83	0,91
PG/PEI [†]	3,2760	1,0300	0,80	0,04	0,44	0,60	0,34	0,48	0,44
RI [†]	1,1553	0,5492	0,53	0,02	0,24	0,36	0,14	0,26	0,27
PRO [†]	14,837	6,0011	0,62	0,08	1,03	1,35	0,60	1,12	1,01
CE (cm)	2,2199	0,6301	0,88	1,2	17,5	20,5	14,4	18,7	18,1
DE (cm)	0,0663	0,0195	0,85	0,2	4,8	5,3	4,1	5,0	5,1
FM (dias)	4,3422	1,4573	0,74	-2	56	61	51	54	63
FF (dias)	4,3421	1,5056	0,72	-2	57	62	51	55	63
AP (cm)	189,73	68,953	0,69	-10	209	246	168	198	225
AE (cm)	125,58	48,671	0,65	-8	106	138	83	98	128

[†]: variâncias multiplicadas por 10⁶; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; PEI/ESP: relação PEI/ESP; PG/PEI: relação PG/PEI; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

Tabela 11 – Correlações Genética Aditiva em Londrina (diagonal superior) e em Cambé (diagonal inferior) de caracteres de 150 progênies da população **ST2109B**.

	TSS	ECP	ESP	PEI	PG	RE	RI	PRO	CE	DE	FM	FF	AP	AE
TSS		-0,35*	-0,22*	-0,28*	-0,22*	0,37*	0,08	-0,38*	-0,35*	0,20*	-0,22*	-0,31*	-0,42*	-0,47*
ECP	0,16		0,92*	0,97*	0,82*	-0,13	0,16	0,76*	0,59*	-0,03	0,29*	0,20*	0,82*	0,63*
ESP	0,27*	0,86*		0,98*	0,91*	0,27*	0,42*	0,74*	0,53*	0,13	0,02	-0,10	0,60*	0,46*
PEI	0,27*	0,86*	0,73*		0,91*	0,10	0,34*	0,75*	0,65*	0,01	0,14	0,04	0,73*	0,55*
PG	0,31*	0,81*	0,81*	0,85*		0,26*	0,69*	0,60*	0,47*	0,38*	0,00	-0,09	0,50*	0,44*
RE	0,26*	-0,22*	0,31*	-0,19*	0,04		0,64*	-0,01	-0,12	0,40*	-0,69*	-0,77*	-0,48*	-0,38*
RI	0,45*	0,33*	0,48*	0,47*	0,82*	0,28*		0,06	0,09	0,70*	-0,40*	-0,45*	-0,18*	-0,01
PRO	0,24*	0,51*	0,55*	0,60*	0,50*	0,11	0,36*		0,50*	-0,16	0,45*	0,32*	0,71*	0,66*
CE	-0,19*	0,62*	0,55*	0,53*	0,32*	-0,11	-0,19*	0,41*		-0,18*	0,27*	0,25*	0,50*	0,39*
DE	0,08	0,24*	0,37*	0,22*	0,54*	0,31*	0,72*	-0,09	0,10		-0,28*	-0,25*	-0,16	-0,08
FM	-0,15	0,48*	0,22*	0,72*	0,54*	-0,46*	0,34*	0,40*	0,41*	-0,13		0,94*	0,57*	0,60*
FF	0,10	0,25*	-0,08	0,55*	0,39*	-0,62*	0,32*	0,13	0,28*	-0,07	0,61*		0,57*	0,58*
AP	0,03	0,39*	0,13	0,27*	0,06	-0,43*	-0,21*	0,06	0,36*	-0,01	0,42*	0,61*		0,80*
AE	0,08	0,31*	0,09	0,25*	0,08	-0,38*	-0,12	0,20*	0,53*	0,05	1,00*	1,00*	0,88*	

* : significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste t-Student; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

ARTIGO 2**PARÂMETROS GENÉTICOS QUANTITATIVOS EM MILHO SUPERDOCE**

Artigo a ser submetido à revista científica:

CBAB - Crop Breeding and Applied Biotechnology

PARÂMETROS GENÉTICOS QUANTITATIVOS EM MILHO SUPERDOCE

Resumo – O objetivo deste trabalho foi determinar o potencial genético da população de milho superdoce ST0509A para o melhoramento, e verificar associações entre as principais características agronômicas de milho doce por meio da avaliação de progênies de meio-irmãos. Foram testadas 150 progênies de meio-irmãos, em dois locais de cultivos, no qual foram avaliadas diversas características importantes para a cultura do milho doce. A população ST0509A apresenta ampla variabilidade genética para todas as características. Foram obtidas elevadas estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres de produtividade e comprimento e diâmetro de espigas, revelando grande potencial de melhoramento desta população. O aumento da produção esteve correlacionado geneticamente com aumento do comprimento e diâmetro das espigas assim como com o aumento na altura média das plantas e das espigas.

Termos para indexação: *Zea mays* var. *Saccharata*. Variedade. Milho doce. Sólidos solúveis.

QUANTITATIVE GENETIC PARAMETERS IN SUPERSWEET CORN

Abstract – The objective of this study was to verify the genetic potential of the ST0509A supersweet corn population for improvement, and investigate associations between main agronomic characteristics of sweet corn through the evaluation of different half-sib progenies. The 150 different half-sib progenies were tested in two locations, where several important characteristics to the sweet corn were evaluated. The ST0509A population has wide genetic variability for all traits. High estimates of genetic parameters for characteristics was found for productivity and length and diameter of ears, showing a great potential for improvement in this population. The increase in production has been genetically correlated with increased of diameter and length of the ears and with the increase in height of plant and height of ears.

Index terms: *Zea mays var. Saccharata*. Variety. Sweet corn. Soluble solids.

INTRODUÇÃO

O milho doce (*Zea mays var. saccharata*) é um dos vegetais mais populares dos EUA e Canadá, sendo consumido *in natura* pela população e também utilizado pela indústria de enlatados. Sua diferença em relação ao milho comum se dá por apresentar um ou mais genes mutantes que alteram a concentração de açúcares no grão (TRACY, 2001) nos quais são divididos em dois grupos, doce e superdoce, com base no teor de açúcares apresentado (BOYER e SHANNON, 1984). O grupo dos milhos superdoce são aqueles que possuem os alelos *brittle* (*bt*) ou *shrunk* (*sh*) em homozigose recessiva e apresentam até 25% de sacarose na matéria seca dos grãos (TRACY, 2001).

Na safra de 2008, a área mundial cultivada com este tipo de milho era de 1,04 milhões de hectares (USDA 2010), sendo os Estados Unidos o país com a maior área produtiva, cerca de 107 mil hectares (USDA 2013). No Brasil no ano de 2009, foram cultivados aproximadamente 43,2 mil hectares (ABRASEM, 2011), no qual praticamente 100% da produção foi destinada ao processamento industrial, com a cultivar híbrida Tropical Plus. Sua produção localiza-se principalmente no Centro-Oeste do País, e é processada por 10 indústrias de alimentos (SYNGENTA 2010).

O reduzido consumo de milho doce *in natura* no Brasil está relacionado à falta de conhecimento do mercado consumidor e produtor; número restrito de cultivares disponíveis no mercado de sementes; custo elevado das sementes e carência de informações técnicas de produção e de pesquisas científicas (TEIXEIRA et al., 2001).

Atualmente, estão registradas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares 45 cultivares de milho doce, porém apenas três estão sendo comercializadas para os agricultores em todo o país (BRASIL, 2014). Teixeira et al. (2013) relata que o número de variedades de milho doce disponíveis nas coleções elites e nos bancos de germoplasma é pequeno quando comparado ao milho comum.

Até o ano de 2001, existiam cerca de 300 variedades de milho doce com polinização aberta no mundo, no qual apenas três variedades, denominadas Golden Bantan, Evergreens e Country Gentleman formaram a fonte inicial para o desenvolvimento dos programas de melhoramento de milho doce (TRACY, 2001). Esta evidente redução da base genética do milho doce pode ser contornada com a criação de populações de ampla base genética (ITO e BREWBALKER, 1981; BREWBAKER e BANAFUNZI, 1975).

O estudo dos parâmetros genéticos quantitativos são muito importantes no desenvolvimento de novas populações de milho, pois permite determinar a variabilidade

genética existente, obter informações sobre a natureza da ação dos genes envolvidos na herança dos caracteres em estudo; possibilita uma melhor escolha dos métodos de melhoramento; permite estimar os ganhos com a seleção, de modo a aumentar a eficiência das ações de melhoramento genético.

Estimativas dos parâmetros genéticos em milho doce são apresentados por diversos autores internacionais (JHA et al., 2013; ALAN et al., 2013; SOLOMON, 2011; İLKER, 2011; ASGHAR e MEHDI, 2010; KASHIANI e SALEH, 2010; HAS e HAS, 2009; NIGUSSIE e SALEH, 2007; ELTAHIR e SALEH, 2003; ELTAHIR et al., 2003; SALEH et al., 2002 e SALEH et al., 1994. Entretanto, poucas pesquisas brasileiras têm sido relatados (SANTOS et al., 2014; PINHO et al., 2008; CARDOSO, 2002; VOLTZ, 2002).

Diante disto, neste trabalho objetivou-se determinar o potencial genético da população de milho superdoce ST0509A para o melhoramento, por meio do estudo dos seus parâmetros genéticos, tais como: estimativas de médias, componentes de variância fenotípica, herdabilidade e ganho de seleção assim como identificar correlações genéticas entre os caracteres que auxiliem no processo de seleção e melhoramento do milho doce.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas 150 progênies de meio-irmãos da população de milho superdoce ST0509A, homocigóticas para o gene *bt2*, desenvolvida pelo Programa de Melhoramento Genético de Milho do Departamento de Biologia Geral da UEL. As 150 progênies foram sub-divididas, aleatoriamente, em três conjuntos de 50 progênies. Cada conjunto de 50 progênies, mais o híbrido simples BRS-Vivi, desenvolvido pela EMBRAPA, utilizada como testemunha, foram avaliadas empregando-se o delineamento em blocos casualizados com três repetições, sendo as parcelas formadas por fileiras simples de 4,00 m de comprimento, no espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas.

Os três conjuntos de 50 progênies de meio-irmãos, alocados em três experimentos, foram avaliados em dois locais: em Londrina-PR, na área experimental da FAZESC (Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina) (23°19'35"S, 51°11'59"W e 591 m de altitude) e em Cambé-PR, na área da experimental da TMG (Tropical Melhoramento e Genética Ltda.) (23°16'33"S, 51°16'40"W e 680 m de altitude), durante a safra agrícola 2012/2013.

Os experimentos foram semeados no dia 26 de Novembro de 2012 em Londrina-PR e no dia 16 de Janeiro de 2013 em Cambé-PR. As semeaduras foram realizadas

manualmente, utilizando-se dez sementes por metro linear. O desbaste foi realizado quando as plantas apresentaram de quatro a cinco folhas expandidas, deixando-se a densidade de 62500 plantas ha⁻¹. Os conjuntos de três experimentos, de cada população, foram instalados isolados dos demais tipos de milho, com a finalidade de evitar possíveis contaminações.

Foram aplicados 350 Kg ha⁻¹ do formulado 10-15-15 na semeadura e 110 Kg ha⁻¹ de uréia em cobertura, vinte dias após o plantio, em todos os experimentos. Os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações técnicas de cultivo do milho comum, no qual nenhuma das áreas receberam qualquer tipo de irrigação ou pulverização contra lagarta-da-espiga.

A colheita foi realizada quando as plantas da parcela atingiram, aproximadamente, 25 dias após o florescimento e estiverem no ponto de colheita recomendado para a cultura, com grãos apresentando aproximadamente 75% de umidade. A umidade foi determinada utilizando a metodologia por meio da secagem do grãos em estufa a 105 °C durante 24 horas (BRASIL, 2009).

As características avaliadas foram: teor de sólidos solúveis; peso de espiga com palha; peso de espiga sem palha; peso de espigas industrializáveis; peso de grãos; relação de espigas, dado pela razão do peso de espigas sem palha pelas espigas empalhadas; relação do peso de espigas industrializáveis pelo peso de espigas sem palha; relação do peso de grãos pelo peso de espigas industrializáveis; rendimento industrial; prolificidade; comprimento e diâmetro de espigas; dias para florescimento masculino e feminino e altura de plantas e de espigas.

As produtividades foram corrigidas para uma umidade de 75% por meio da expressão $PF = PI (100 - U) / (100 - 75)$, no qual: PF = peso final de espigas ou grãos da parcela; PI = peso inicial de espigas ou grãos da parcela; U = umidade inicial e 75 = umidade padrão dos grãos. A partir da obtenção do PF, foi realizada a correção para estande ideal de 20 plantas por parcela segundo a metodologia proposta por Miranda Filho (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992), para as características de peso de espigas com e sem palha, industrializáveis e peso de grãos, segundo a expressão: $PC = PF - b (ST - STi)$, no qual: PC = peso corrigido de espigas ou grãos da parcela; PF = peso de espigas ou grãos apenas corrigidos para umidade; ST = estande observado; STi = estande ideal e b = coeficiente de regressão linear que atua como fator de compensação, estimado a partir dos dados experimentais.

As análises de variância dos conjuntos de experimentos, por local, foram realizadas agrupando progênies dentro dos conjuntos de experimentos, segundo o modelo

estatístico: $Y_{ijk} = \mu + (B/C)_{jk} + C_k + (P/C)_{ik} + e_{ijk}$, no qual: Y_{ijk} = o valor observado da i -ésima progênie, avaliada na j -ésima repetição, dentro do k -ésimo conjunto de experimentos; μ = a média geral das progênies; B/C_{jk} = o efeito aleatório do j -ésimo bloco dentro do k -ésimo conjunto de experimentos; C_k = o efeito aleatório do k -ésimo conjunto de experimentos; $(P/C)_{ik}$ = é o efeito aleatório da i -ésima progênie dentro do k -ésimo conjunto de experimentos; e_{ijk} = o erro experimental.

As análises de variância conjunta dos experimentos foram realizadas, segundo o modelo estatístico: $Y_{ijkl} = \mu + (B/C/L)_{jkl} + (C/L)_{kl} + L_l + (P/C)_{ik} + (P/C)L_{ikl} + e_{ijkl}$, no qual Y_{ijkl} = o valor observado da i -ésima progênie, avaliada na j -ésima repetição, dentro do k -ésimo conjunto de experimentos, em cada l -ésimo local; μ = a média geral das progênies; $(B/C/L)_{jkl}$ = o efeito aleatório da interação entre o j -ésimo bloco dentro do k -ésimo conjunto de experimentos em cada l -ésimo local; $(C/L)_{kl}$ = o efeito aleatório do k -ésimo conjunto de experimentos dentro do l -ésimo local; A_l = o efeito fixo do l -ésimo local; $(P/C)_{ik}$ = o efeito aleatório da i -ésima progênie dentro do k -ésimo conjunto de experimentos; $(P/C)L_{ikl}$ = o efeito aleatório da interação entre a i -ésima progênie dentro do k -ésimo conjunto de experimentos e o l -ésimo local; e_{ijkl} = o erro experimental.

A testemunha não foi inserida nas análises de variância, a qual foi utilizada apenas sua média e esta comparada com as progênies.

As estimativas dos parâmetros genéticos com base na análise de variância conjunta foram obtidas com base nas esperanças dos quadrados médios (Tabela 12).

Tabela 12 – Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças do quadrado médio.

FV	GL	QM	F	E(QM)
Bloco/Conjunto/Local	12	Q ₁	Q ₁ /Q ₆	$\sigma_e^2 + I\sigma_{B/C/L}^2$
Conjunto /Local	4	Q ₂	(Q ₂ +Q ₆)/(Q ₁ +Q ₅)	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)\times L}^2 + I\sigma_{B/C/L}^2 + IJ\sigma_{C/L}^2$
Local	1	Q ₃	Q ₃ /Q ₂	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)\times L}^2 + I\sigma_{B/C/L}^2 + IJ\sigma_{C/L}^2 + IJK\phi_L$
Progênie/Conjunto	147	Q ₄	Q ₄ /Q ₆	$\sigma_e^2 + JL\sigma_{P/C}^2$
(Progênie/Conjunto) x Local	147	Q ₅	Q ₅ /Q ₆	$\sigma_e^2 + J\alpha\sigma_{(P/C)\times L}^2$
Erro	600	Q ₆		σ_e^2

$$\alpha = L/(L-1)$$

Por meio dos quadrados médios (QM) e a médias das progênies (μ) da análise de variância conjunta, foram obtidas as estimativas dos parâmetros genéticos utilizando as seguintes expressões:

$$\hat{\sigma}_e^2 = Q_6 \quad \hat{\sigma}_{(P/C)}^2 = \frac{(Q_4 - Q_6)}{JL} \quad \hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{(P/C)}^2 \quad \sigma_F^2 = \frac{(Q_4)}{JL}$$

$$h_r^2 = \frac{(Q_4 - Q_6)}{Q_4} \quad GS = k \frac{\sigma_{(P/C)}^2}{\sqrt{\sigma_F^2}} \quad Pop_{melhorada} = \mu + GS \quad CV_e \% = 100 \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu}$$

no qual: $\hat{\sigma}_e^2$ = variância ambiental; $\hat{\sigma}_{(P/C)}^2$ = variância de progênies de meio-irmãos dentro de conjunto de experimentos; $\hat{\sigma}_A^2$ = variância aditiva média; σ_F^2 = variância fenotípica média; h_r^2 = herdabilidade no sentido restrito; GS = estimativa do ganho de seleção entre progênies para os dois sexos; $Pop_{melhorada}$ = média da população melhorada; $CV_e \%$ = Coeficiente de variação ambiental; k = é o coeficiente tabelado em função da porcentagem de seleção ($k=1,7550$ para seleção de 10% das progênies).

A associação entre duas características X e Y foi estimada pelos coeficientes de correlação aditiva (r_A), de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), por meio das seguintes expressões:

$$C\hat{O}V(X,Y)_A = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(X+Y)_A}^2 + \hat{\sigma}_{(X)_A}^2 + \hat{\sigma}_{(Y)_A}^2] \quad r_A = \frac{C\hat{O}V(X,Y)_A}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{(X)_A}^2 \cdot \hat{\sigma}_{(Y)_A}^2)}}$$

no qual: $C\hat{O}V(X,Y)_A$ = estimativa da covariância genética aditiva entre o caráter X e Y; $\hat{\sigma}_{(X+Y)_A}^2$ = estimativa da variância genética aditiva do caráter X+Y; $\hat{\sigma}_{(X)_A}^2$ = estimativa da variância genética aditiva do caráter X; $\hat{\sigma}_{(Y)_A}^2$ = estimativa da variância genética aditiva do caráter Y.

A significância das estimativas de correlações fenotípicas foi avaliada pela estatística t, dada pela expressão $t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{I-2}$, em que t está associado a I-2 graus de liberdade e em um nível de significância α (5%), sendo I o número de progênies avaliadas (STEEL e TORRIE, 1980).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação ambiental das análise de variância agrupada foram maiores para as características peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos, nos dois ambientes. Comparativamente, houve menor precisão experimental para peso de espigas industrializáveis e peso de grãos,

indicando que estas características são mais influenciadas pelos fatores não controlados durante o processo de avaliação (Tabela 13).

Houve efeito significativo de conjunto de experimentos em Londrina apenas para peso de grãos e em Cambé para peso de espigas com palha, peso de espigas industriais, peso de grãos e prolificidade. Isto indica que o conjunto de experimentos deve ter variado devido à desuniformidade do terreno dentro do local, uma vez que o grupo de progênes foram formados aleatoriamente e que estes efeitos não se repete nos locais (Tabela 13).

Houve efeito significativo de Local para as características teor de sólidos solúveis, peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industriais, relação PEI/ESP, comprimento de espigas, diâmetro de espigas e florescimento masculino e feminino (Tabela 14), no qual Cambé apresentou maiores média que Londrina apenas para teor de sólidos solúveis e maior relação PEI/ESP (Tabela 15). A ocorrência de efeitos significativos de Conj/Local para as características peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis, peso de grãos, prolificidade e altura de plantas, observada na análise de variância conjunta, se deu pelos efeitos significativos de conjunto de experimentos observados em Cambé.

A análise de variância agrupada por local revelou efeitos significativos de progênes dentro de conjuntos de experimentos para todas as características em Londrina, não sendo observados efeitos significativos em Cambé para as características de florescimento feminino e masculino (Tabela 13). Na análise conjunta, também houve significância para todas as características, evidenciando a elevada variabilidade genética para as características estudadas, o que possibilita progressos com a seleção (Tabela 14).

Foram observados efeito significativo para a interação Progênie dentro de Conjunto com Local ((Prog/Conj) x Local) para quase todas as características, exceto para prolificidade, evidenciando que as progênes apresentaram comportamento diferenciado para estas características em cada local, e que a seleção das progênes devem ser realizadas com base nas que apresentaram melhor desempenho em ambos os locais, principalmente pela proximidade dos locais (Tabela 14).

Em Londrina, as progênes apresentaram produtividades variando de 25,8 t ha⁻¹ a 13,9 t ha⁻¹ para peso de espigas com palha; 17,4 t ha⁻¹ a 8,9 t ha⁻¹ para peso de espigas sem palha e 6,6 t ha⁻¹ a 2,1 t ha⁻¹ para peso de grãos, com rendimento industrial variando de 30% a 12% (Tabela 15). Valores superiores aos encontrados por Saleh et al. (1994), que trabalhando com sintéticos obteve uma produtividade máxima de 8,21 t ha⁻¹ para espigas com palhas e 5,76 t ha⁻¹ para peso de espigas sem palhas. Em média, as progênes em Cambé

foram 30% menos produtivas que em Londrina e apresentaram uma redução de 17%, 34% e 48% para as características comprimento de espigas, altura de plantas e de espigas, respectivamente (Tabela 15). Os tratamentos, em geral, foram 20 dias mais tardio em Cambé, em decorrência principalmente da data de plantio, que foi muito mais próximo à um plantio de safrinha que de safra e também pela falta de chuvas em determinados períodos críticos da cultura, neste local.

O híbrido BRS-Vivi, em média, foi superior as médias das progênes em todos os caracteres de produtividade, nos dois ambientes avaliados. Em se tratando de um híbrido simples comercial, era de se esperar um maior destaque deste frente a uma população em etapas iniciais de melhoramento. Contudo, nos dois locais, as médias desta população para prolificidade, comprimento e diâmetro de espigas foram bastante próximas as médias observadas para a testemunha, que foi mais tardia e alta que as progênes (Tabela 15).

Os resultados médios da população original e das estimativas de variâncias, ganho com a seleção e média da população melhorada revelam em elevado potencial desta população para o melhoramento de milho superdoce (Tabela 16). Em média, esta população mesmo estando em estágios iniciais de melhoramento genético, e com a obtenção das estimativas das população melhorada (Tabela 15), apresenta e tem potencial das características agrônômicas dentro de padrões exigidos pelo mercado.

A estimativa de variância genética aditiva para teor de sólidos solúveis estão de acordo com os encontrados na literatura (Tabela 16). Nigussie e Saleh (2007) estudando populações de milho doce obtiveram valores de estimativas de variância genética aditiva de $0,34\%^2$ para esta característica. Porém, Alan et al. (2013), Eltahir et al. (2003), Saleh et al. (2002) e Kashiani e Saleh (2010) apresentam estimativas para esta característica variando de $0,53\%^2$ a $16,4\%^2$.

A população ST0509A apresentou elevadas estimativas de variância aditiva para as características de produtividade (Tabela 16), sendo observado para peso de espigas com palhas estimativas superiores aos encontrados por Alan et al. (2013), que estudando a variabilidade genética em sete variedades comerciais de milho doce na Turquia, encontrou estimativas máximas para peso de espigas com palha de $1331,49 \text{ (g planta}^{-1}\text{)}^2$.

Para a característica peso de espigas sem palha, os estimativas de variância genética são superiores aos obtidos por Eltahir et al. (2003), que estudando os parâmetros genéticos em populações locais de polinização aberta e algumas variedades comerciais, obtiveram estimativas máxima de $446 \text{ (g planta}^{-1}\text{)}^2$. Saleh et al. (2002), estudando a

performance e os parâmetros genéticos de 10 variedades de milho doce, obtiveram variância máxima de $1150 \text{ (g planta}^{-1}\text{)}^2$.

Estimativas de parâmetros genéticos são raros na literatura para as características peso de espigas industrializáveis e peso de grãos. Alan et al. (2013) assim como Asghar e Mehdi (2010), obtiveram estimativas de produtividade de grãos iguais a $0,38 \text{ (t ha}^{-1}\text{)}^2$ e $1,56 \text{ (t ha}^{-1}\text{)}^2$. Extrapolando as estimativas de variância para toneladas por hectare, a variância genética para peso de grãos obtidas foi igual a $0,89 \text{ (t ha}^{-1}\text{)}^2$ e estão dentro do intervalo de estimativas observados nos relatos existentes na literatura.

Para comprimento e diâmetro de espigas, a população ST0509A apresentou grande potencial para o melhoramento. As estimativas de variância genética para comprimento de espigas estão de acordo aos obtidos por Alan et al. (2013), Asghar e Mehdi (2010), Kashiani e Saleh (2010), Nigusie e Saleh (2007), Eltahir et al. (2003), Saleh et al. (2002) e Saleh et al. (1994), que obtiveram estimativas variando de $0,55$ a $2,38 \text{ (cm)}^2$. Para diâmetro de espigas, estes mesmos autores obtiveram estimativas variando de $0,021$ a $0,042 \text{ (cm)}^2$, bem inferior ao obtido neste trabalho, evidenciando o potencial para o melhoramento desta população (Tabela 16).

As estimativas de variância genética aditiva para altura de planta e altura de espiga obtidos neste trabalho vão ao encontro dos valores apresentados em vários trabalhos (ALAN et al., 2013; ASGHAR e MEHDI, 2010; KASHIANI e SALEH, 2010; NIGUSSIE e SALEH, 2007; SALEH et al., 2002; ELTAHIR et al., 2003; CARDOSO et al., 2002; SALEH et al., 1994), que apresentam estimativas entre $0,67$ a 1935 (cm)^2 para altura de plantas e de $19,6$ a 1102 (cm)^2 para altura de espigas. Evidenciando a elevada variabilidade genética existente para as características (Tabela 16).

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito mostram que para os caracteres de produtividade foram aproximadamente iguais a 65% (Tabela 16), relativamente alto para características complexas, que são controladas por muitos genes. Esta estimativa permite a população alcançar um ganho de $1,63 \text{ t ha}^{-1}$ para produtividade de espigas com palhas, que representa um acréscimo de 10% nesta característica no primeiro ciclo de seleção.

Para as características comprimento e diâmetro de espigas, as progênies também apresentaram alta h_r^2 (Tabela 16). Valores superiores aos encontrados por Has e Has (2009), que obtiveram estimativas de 53% para CE e 33% para DE. Porém inferiores aos obtidos por Santos et al. (2014), no qual verificaram a performance agrônômica de 16 genótipos de milho doce e comum, no qual estes apresentaram estimativas de herdabilidade de 93% para comprimento de espigas e 85% para diâmetro de espigas. Estas características,

além de serem componentes de produtividade e muito buscada com a seleção, são características desejáveis para que se possa obter ganhos no rendimento industrial, nas futuras seleções.

Como forma de avaliar a magnitude das correlações obtidas, optou-se pela classificação proposta por Shimakura e Ribeiro Junior (2006) com as seguintes classes: 0,0 a 0,19 - muito fraca; de 0,20 a 0,39 - fraca; de 0,40 a 0,69 - moderada; de 0,70 a 0,89 - forte; e de 0,90 a 1,00 - muito forte.

Do total de 91 correlações genéticas aditivas obtidas para Londrina, 67 foram significativas pelo teste t, no qual: 2% foram consideradas muito fortes; 10% fortes; 27% moderadas; 24% fracas e 36% muito fracas. Na porcentagem acumulada das correlações genéticas neste local, 40% enquadraram-se entre moderada e muito forte (Tabela 17). Em Cambé, do total de 70 correlações genéticas aditivas obtidas, 57 foram significativas pelo teste t, no qual: 9% foram consideradas muito fortes; 6% fortes; 43% moderadas; 19% fracas e 24% muito fracas. Na porcentagem acumulada das correlações genéticas em Cambé, 57% enquadraram-se entre moderada e muito forte.

As avaliações de teor de sólidos solúveis com as demais características não seguiram o mesmo padrão nos dois locais. Em Londrina, foram observadas correlações negativas e fracas e muito fracas para os caracteres de produtividade, sendo que para Cambé observadas correlações positivas moderadas a fracas. Os resultados contrariam os mostrados por Nigussie e Saleh (2007) que obtiveram correlações significativas e negativas entre teor de sólidos solúveis e peso de espigas sem palha.

As características de produtividade: peso de espigas com palhas, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos, apresentaram-se de forte a muito fortemente correlacionadas entre si e consistente para os dois locais de avaliação (Tabela 17). Isto demonstra que pode ser utilizado quaisquer uma dessas quatro características, visando a seleção para produtividade de grãos. Estes resultados estão de acordo com os encontrados por Alan et al., (2013) e Kashiani et al., (2010), indicando que somente a avaliação do peso de espigas com palha permitiria selecionar progênies indiretamente para maior produção de espigas industriais e de grãos, diminuindo o número de avaliações para o melhorista. Contudo, o peso de espigas sem palhas apresenta uma correlação maior com peso de grãos do que com peso de espigas com palhas.

As características de produtividade também foram positivamente correlacionado nos dois locais, com as características prolificidade, comprimento e diâmetro de espigas, dias para florescimento e altura de plantas e espigas. Estes resultados indicam que

o aumento da produtividade deve focar a seleção de progênies com pelo menos uma espiga por planta e com espigas de maiores comprimento e diâmetro, em plantas mais precoces (Tabela 17), devendo se atentar para que isto não promova o aumento acentuado da altura de plantas e espigas. Estes resultados se assemelham aos obtidos por Kashiani e Saleh (2010), que apresentam correlações positivas e significativas entre peso de espigas com e sem palha com as características comprimento e diâmetro de espigas assim como com altura de plantas e espigas.

A relação peso de espigas sem palha pelo peso de espigas com palha, que informa de forma indireta a quantidade de palha presente nas progênies, assim como a característica rendimento industrial se revelaram positivamente correlacionadas entre si em ambos os locais. Isto indica que o aumento do rendimento industrial passa pela redução do peso de palhas, devendo se cuidar para não reduzir o empalhamento ao ponto de aumentar os danos nas espigas por ataque de pragas. Em Londrina, a característica relação de espigas sem palhas foi correlacionada positivamente com diâmetro de espiga e negativamente com florescimento masculino e feminino, e a característica rendimento industrial correlacionada positivamente com diâmetro de espigas. Em Cambé, considerando este mesmo grupo de associação de característica, somente foi observada uma moderada correlação positiva entre rendimento industrial e diâmetro de espiga. Estes resultados indicam que plantas mais precoces e com maior diâmetro de espigas tendem a ter espigas com menor peso de palha. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por Khazaei et al. (2010), Oktem (2008), Eleweanya et al. (2005) e Eltahir e Saleh (2003), que encontraram correlações significativas e positivas entre diâmetro de espigas com maior produção de grãos e fileiras na espiga, proporcionando maior rendimento industrial.

CONCLUSÕES

A população ST0509A apresenta ampla variabilidade genética para todas as características e as estimativas de variância genética aditiva e herdabilidades no sentido restrito, para os caracteres de produtividade e comprimento e diâmetro de espigas, revelam grande potencial de melhoramento desta população.

As características de produtividade peso de espigas com palha, peso de espigas sem palha, peso de espigas industrializáveis e peso de grãos estão altamente correlacionadas entre si. O aumento da produção está correlacionado geneticamente com

aumento do comprimento e diâmetro das espigas e do aumento na altura média das plantas e das espigas.

AGRADECIMENTOS

Ao Programa de Mestrado em Genética e Biologia Molecular da UEL, à CAPES e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq – Brasil, pelo apoio e financiamento deste trabalho.

REFERÊNCIAS

- ABRASEM - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DO COMÉRCIO DE SEMENTES E MUDAS (2011) **Pesquisa de mercado de sementes de hortaliças 2011**. Campinas. Disponível em: <<http://www.abcsem.com.br/dadosdosegmento.php>>. Acesso em: 30 jan. 2014.
- Alan O, Kinaci G, Kinaci E, Kutlu I, Budak Basciftci Z, Sonmez K and Evrenosoglu Y (2013) Genetic Variability and Association Analysis of Some Quantitative Characters in Sweet Corn. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici** 41 (2):404-413.
- Asghar MJ and Mehdi SS (2010) Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. **Pakistan Journal of Botany** 42 (2): 775-789.
- Boyer CD and Shannon JC (1983) The use of endosperm genes for sweet corn improvement. In: Janick J (ed) **Plant breeding reviews**. Springer, 139-161.
- Brewbaker JL and Banafunzi N (1975) Hawaiian Supersweet #6 corn. **HortScience**, Alexandria, v. 10, p. 427
- Brasil - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (2009) **Regras para análise de sementes** / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília : Mapa/ACS, 399 p.
- Cardoso ET, Sereno MJCM and Neto JB (2002). Genetic progress for adaptative traits in sweet corn populations. **Maydica**, 47(2), 121-126.
- Cardoso ET, Sereno MJCM and Barbosa Neto JF (2002) Heritability estimates for quality and ear traits in sweet corn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 2 (4): 493-498.
- Carvalho CG, Borsato R, Cruz CD and Viana JM (2001). Path analysis under multicollinearity in S0 x S0 maize hybrids. **Crop Breeding Applied Biotechnology** 1: 263-270.
- Carvalho HWL, Guimarães PEO, Leal MLS, Carvalho PCL and Santos MX (2000a) Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 35(8): 1577-1584.

Carvalho HWL, Leal MLS, Guimarães PEO, Santos MX and Carvalho PCL (2000b) Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS-52. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 35(8): 1621-1628.

Eleweanya NP, Uguru MI, Ene-Obong EE and Okocha PI (2005) Correlation and path coefficient analysis of grain yield related characters in maize (*Zea mays L.*) under umudike conditions of south eastern Nigeria. **Agro-Science** 4(1): 24-28.

Eltahir SA, Saleh GB, Wahab ZB and Rahim AA (2003) Performance, heritability and correlation studies on varieties and population cross of sweet corn. **Asian Journal of Plant Sciences** 2(10): 756-760.

Eltahir SA and Saleh GB (2003) Response of Two Cycles of Phenotypic Mass Selection and Heritability on Two Tropical Sweet Corn (*Zea mays L. saccharata*) Populations. **Asian Journal of Plant Sciences** 2(1): 65-70.

Has V and Has I (2009) Genetic inheritance of some important characters of sweet corn, **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca** 37(1): 244-248.

Ilker E (2011) Correlation and path coefficient analyses in sweet corn. **Turkish Journal of Field Crops** 16(2): 105-107.

Ito GM and Brewbaker JL (1981) Genetic advance through mass selection for tenderness in sweet corn. **Journal of the American Society for Horticultural Science** 106: 469.

Jha SK, Singh NK and Agrawal PK (2013) Studies on exploitable heterosis in sweet corn under assured rainfed situation of North-Western Himalayas. **Karnataka Journal of Agricultural Sciences** 26(2): 308-310.

Kashiani P, Saleh GB, Abdullah NAP and Abdullah SN (2010) Variation and genetic studies on selected sweet corn inbred lines. **Asian Journal of Crop Science** 2(2): 78-84.

Kashiani P and Saleh GB (2010) Estimation of Genetic Correlations on Sweet Corn Inbred Lines Using SAS Mixed Model. **American Journal of Agricultural & Biological Science** 5(3): 309-314.

Khazaei F, Alikhani MA, Yari L and Khandan A (2010) Study the correlation, regression and path coefficient analysis in sweet corn (*Zea mays var. saccharata*) under different levels of plant density and nitrogen rate. **Journal of Agricultural and Biological Science** 5(6):14-19.

Nigussie M and Saleh GB (2007) Genetic Variability and Responses to Two Methods of Recurrent Selection in Two Sweet Corn (*Zea mays L. Saccharata*) Populations. **Asian Journal of Plant Sciences** 6(5): 859-863.

Oktem A (2008) Determination of selection criterions for sweet corn using path coefficient analyses. **Cereal Research Communications** 36(4): 561-570.

Saleh GB, Alawi SAS and Panjaitan K (2002) Performance, correlation and heritability studies on selected sweet corn synthetic populations. **Pakistan Journal of Biological Sciences** 5(3): 251-254.

Saleh GB, Yusop MR and Yap TC (1994) Heritability and Response to Recurrent Selection in Two Sweet Corn Varieties. **Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science** 17(3): 185-190.

Santos PHAD, Pereira MG, Trindade RS, Cunha KS, Entringer GC and Vettorazzi JCF (2014). Agronomic performance of super-sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 14: 8-14.

Shimakura SE and Ribeiro Junior PJ (2014) **Estatística (2006)**, Disponível em: <<http://leg.ufpr.br/~paulojus/CE003/ce003/>>, Acesso em: 10 jan, 2014.

Solomon KF, Martin I and Zeppa A (2012). Genetic effects and genetic relationships among shrunken (sh2) sweet corn lines and F1 hybrids. **Euphytica** 185(3): 385-394.

Steel RGD and Torrie JH (1980) **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. McGraw-Hill Kogakusha, New York, 633p.

Syngenta Brasil (2010) **Alimentar nosso maior desafio: 2010-2050**. São Paulo, 80 p. Relatório de sustentabilidade.

Teixeira FF, Miranda RA, Paes MCD, Souza SM and Gama EEG (2013) **Melhoramento do milho doce**. Documentos (INFOTECA-E). Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo.

Teixeira FF, Sousa IRP, Gama EEG, Pacheco CAP, Parentoni SN, Santos MD and Meirelles WF (2001) Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce. **Ciência e Agrotecnologia** 25(3): 483-488.

Tracy WF (2001) Sweet corn. In: Hallauer AR (ed) **Specialty corn**. Boca Raton, p. 155-198.

USDA (2013) **Sweet Corn for Fresh Market Area Planted and Harvested, Yield, Production, Price and Value – States and United States: 2010-2012**. Disponível em: <<http://usda01.library.cornell.edu/usda/current/VegeSumm/VegeSumm-01-29-2013.pdf>>. Acesso em: 10 janeiro de 2014.

USDA (2010) **Table 99 - World sweet corn (green maize): Area harvested (hectares), 1961-2008**. Disponível em: <<http://usda.mannlib.cornell.edu/usda/ers/SweetCorn/sweetcorn2010.pdf>>. Acesso em: 11 junho de 2012.

Vencovsky R and Barriga P (1992) Associação entre caracteres. In: _____. (ed). **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, p. 335-429.

ANEXOS

Tabela 13 – Fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios e níveis de significância da análise de variância agrupada de 150 progênies (Prog.) da população **ST0509A** e seus respectivos coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$) para cada característica avaliada, em dois ambientes.

FV	Quadrados Médios			CV _e %	Quadrados Médios			CV _e %
	Conjunto	Prog./Conj	Erro		Conjunto	Prog./Conj	Erro	
GL	2	147	294		2	147	294	
Características	Londrina				Cambé			
TSS (%)	2,1678	1,4277**	0,9957	5,7	1,0714	1,2732**	0,6601	4,6
ECP (g planta ⁻¹)	7544,0	3225,2**	1199,7	11,2	38570**	2089,8**	1289,0	17,2
ESP (g planta ⁻¹)	6803,3	1711,6**	547,73	11,7	13702	928,30**	602,58	18,0
PEI (g planta ⁻¹)	9991,6	2066,6**	849,31	19,5	13484*	965,00**	535,15	20,1
PG (g planta ⁻¹)	3306,5*	507,37**	198,34	21,1	4231,6*	266,89**	157,58	23,1
RE [†]	11,853	4,2723**	1,3134	5,7	3,6857	4,3787**	1,6938	6,4
PEI/ESP [†]	17,437	19,088**	10,961	13,7	11,273	10,667**	7,6878	10,4
PG/PEI [†]	7,4676	2,8338**	0,7139	6,0	3,3254	6,8766**	2,4253	11,4
RI [†]	6,9740	2,7761**	1,2677	16,4	3,3310	3,7398**	1,8836	18,4
PRO [†]	11,219	19,831*	15,136	12,1	1063,3**	45,960*	34,706	18,5
CE (cm)	0,8561	2,3944**	0,4621	3,8	27,606	2,4236**	0,6497	5,5
DE (cm)	0,3633	0,0969**	0,0183	2,8	0,5579	0,0886**	0,0261	3,6
FM (dias)	9,4956	3,0100**	1,1090	1,9	0,0200	0,1381	0,1337	0,5
FF (dias)	18,916	4,0152**	1,7310	2,4	0,2467	0,1020	0,0987	0,4
AP (cm)	1308,4	187,64**	73,400	3,3	3153,2	308,76**	132,40	6,7
AE (cm)	553,16	235,44**	84,163	6,3	690,30	180,29**	80,513	11,7

* , **: significativo em nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; [†]: quadrados médios multiplicados por 10⁶; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; PEI/ESP: relação PEI/ESP; PG/PEI: relação PG/PEI; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

Tabela 14 – Quadrados médios e níveis de significância da análise de variância conjunta de 150 progênies da população **ST0509A** desdobradas em locais (Local); na interação de Conjunto e locais (Conj x Local); progênies dentro de Conjunto (Progênie/Conj); da interação entre progênie dentro de Conjunto e locais (Progênie/Conj)x Local e seus respectivos coeficiente de variação ($CV_e\%$) para cada característica avaliada em dois locais.

Fonte de Variação	Local	Conj./ Local	Prog./ Local	(Progênie/Conj) x Local	Erro	$CV_e\%$
Grau de Liberdade	1	2	147	147	588	
TSS (%)	30,692**	0,2176	1,6679**	1,0330*	0,8279	5,2
ECP (g planta ⁻¹)	2288445*	26254*	3323,4**	1991,6**	1244,4	13,6
ESP (g planta ⁻¹)	891312*	9445,8*	1727,0**	912,96**	575,15	14,3
PEI (g planta ⁻¹)	270399*	13220*	1985,0**	1046,6**	692,23	19,9
PG (g planta ⁻¹)	34360	3813,8**	511,44**	262,82**	177,96	22,0
RE [†]	1,0795	4,1435	6,1484**	2,5025**	1,5036	6,1
PEI/ESP [†]	1348,2**	3,0256	16,852**	12,903**	9,3244	12,0
PG/PEI [†]	28,858	9,3064	5,6172**	4,0932**	1,5696	9,0
RI [†]	75,606	4,9846	4,1623**	2,3535**	1,5756	17,5
PRO [†]	28,104	629,32**	37,520**	28,272	24,921	15,6
CE (cm)	2516,0**	18,478	2,7778**	2,0401**	0,5559	4,6
DE (cm)	26,763*	0,8443	0,1233**	0,0621**	0,0222	3,2
FM (dias)	56011**	5,1911	1,6526**	1,4955**	0,6213	1,2
FF (dias)	60877**	8,5144	2,0925**	2,0247**	0,9149	1,5
AP (cm)	1579099**	2985,4*	363,11**	133,29*	102,90	4,7
AE (cm)	1043553**	317,63	310,60**	105,14*	82,338	8,2

* , **: significativo em nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; [†]: quadrados médios multiplicados por 10⁶; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; PEI/ESP: relação PEI/ESP; PG/PEI: relação PG/PEI; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

Tabela 15 – Média, máximo (Máx.) e mínimo (Mín.) da população original (Pop. Original), média da população melhorada (Pop. Melh.) de 150 progênies da população **ST0509A** e a média da testemunha (BRS Vivi), avaliadas em dois Locais.

Características	Pop. Original			Pop. Melh.	BRS Vivi	Pop. Original			Pop. Melh.	BRS Vivi
	Média	Máx	Mín			Média	Máx	Mín		
	LONDRINA					CAMBÉ				
TSS (%)	17,5	19,4	14,9	17,8	16,8	17,8	19,5	15,0	18,4	16,7
ECP (g planta ⁻¹)	310	413	223	346	405	209	308	147	226	370
ESP (g planta ⁻¹)	199	279	142	228	257	136	203	91	147	246
PEI (g planta ⁻¹)	150	242	83	177	223	115	184	73	129	225
PG (g planta ⁻¹)	67	105	34	81	105	54	89	32	61	120
RE	0,64	0,74	0,52	0,68	0,63	0,64	0,72	0,43	0,68	0,66
PEI/ESP	0,76	0,91	0,54	0,82	0,88	0,84	0,94	0,61	0,87	0,91
PG/PEI	0,44	0,55	0,36	0,49	0,47	0,43	0,51	0,03	0,49	0,53
RI	0,22	0,30	0,12	0,25	0,26	0,24	0,31	0,01	0,27	0,32
PRO	1,02	1,28	0,85	1,05	0,98	1,01	1,49	0,65	1,06	1,01
CE (cm)	18,0	20,8	14,4	19,2	18,3	14,6	17,2	12,2	15,8	16,3
DE (cm)	4,8	5,4	4,3	5,1	5,1	4,5	4,8	4,0	4,7	5,1
FM (dias)	55	58	53	54	60	71	72	70	71	73
FF (dias)	56	58	53	54	60	72	73	71	72	74
AP (cm)	256	278	232	248	265	172	200	149	162	176
AE (cm)	145	167	122	135	159	77	101	58	69	86

TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; PEI/ESP: relação PEI/ESP; PG/PEI: relação PG/PEI; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

Tabela 16 – Estimativas, com base na análise de variância conjunta, da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), ganho de seleção (GS), média da população original (Pop. Original) e média da população melhorada (Pop. Melhorada) de 150 progênies da população **ST0509A**.

Características	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	h_r^2	GS	Pop. Original	Pop. Melhorada
TSS (%)	0,5600	0,2780	0,50	0,5	17,6	18,1
ECP (g planta ⁻¹)	1386,0	553,90	0,63	26	259	285
ESP (g planta ⁻¹)	767,86	287,83	0,67	20	168	188
PEI (g planta ⁻¹)	861,82	330,83	0,65	21	132	153
PG (g planta ⁻¹)	222,32	85,241	0,65	11	61	71
RE [†]	3,0965	1,0247	0,76	0,04	0,64	0,68
PEI/ESP [†]	5,0184	2,8087	0,45	0,04	0,80	0,84
PG/PEI [†]	2,6984	0,9362	0,72	0,04	0,44	0,48
RI [†]	1,7245	0,6937	0,62	0,03	0,23	0,25
PRO [†]	8,3994	6,2534	0,34	0,05	1,01	1,06
CE (cm)	1,4813	0,4630	0,80	1,0	16,3	17,2
DE (cm)	0,0674	0,0206	0,82	0,2	4,6	4,8
FM (dias)	0,6875	0,2754	0,62	-1	63	62
FF (dias)	0,7851	0,3487	0,56	-1	64	63
AP (cm)	173,47	60,519	0,72	-10	214	205
AE (cm)	152,17	51,766	0,73	-9	111	102

[†]: variâncias multiplicadas por 10⁶; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; PEI/ESP: relação PEI/ESP; PG/PEI: relação PG/PEI; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

Tabela 17 – Correlações Genética Aditiva em Londrina (diagonal superior) e em Cambé (diagonal inferior) de caracteres de 150 progênies da população **ST0509A**.

	TSS	ECP	ESP	PEI	PG	RE	RI	PRO	CE	DE	FM	FF	AP	AE
TSS		-0,05	-0,17*	-0,14	-0,24*	-0,25*	-0,32*	-0,13	0,19*	-0,09	0,11	0,15	0,51*	0,17*
ECP	0,48*		0,91*	0,86*	0,81*	0,21*	0,31*	0,71*	0,18*	0,21*	-0,18*	-0,24*	0,56*	0,57*
ESP	0,43*	0,92*		0,87*	0,87*	0,59*	0,52*	0,73*	0,19*	0,35*	-0,36*	-0,46*	0,50*	0,54*
PEI	0,47*	0,95*	0,98*		0,94*	0,39*	0,65*	0,57*	0,22*	0,27*	-0,12	-0,06	0,62*	0,60*
PG	0,42*	0,93*	0,95*	0,99*		0,49*	0,80*	0,48*	0,16	0,51*	-0,14	-0,09	0,53*	0,55*
RE	-0,07	-0,16	0,19*	0,05	0,01		0,59*	0,29*	0,12	0,41*	-0,52*	-0,64*	0,14	0,18*
RI	0,18*	0,31*	0,47*	0,44*	0,43*	0,69*		0,02	0,10	0,68*	-0,07	0,07	0,24*	0,30*
PRO	0,27*	0,74*	0,64*	0,65*	0,56*	-0,30*	-0,24*		-0,34*	-0,19*	-0,35*	-0,64*	0,49*	0,68*
CE	0,22*	0,66*	0,70*	0,63*	0,60*	0,09	0,22*	0,51*		0,23*	0,08	0,07	0,31*	0,29*
DE	0,20*	0,40*	0,41*	0,33*	0,46*	0,05	0,45*	0,00	0,32*		-0,08	-0,18*	0,06	0,10
FM	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---		0,89*	0,21*	0,28*
FF	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---		0,15	0,13
AP	0,32*	0,74*	0,61*	0,62*	0,57*	-0,19*	0,22*	0,42*	0,57*	0,17*	---	---		0,81*
AE	0,28*	0,61*	0,45*	0,50*	0,47*	-0,27*	0,14	0,53*	0,45*	0,06	---	---	0,81*	

* : significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste t-Student; TSS: teor de sólidos solúveis; ECP: peso de espigas com palha; ESP: peso de espigas sem palha; PEI: peso de espigas industrializáveis; PG: peso de grãos; RE: relação ESP por ECP; RI: rendimento industrial; PRO: prolificidade; CE: comprimento de espigas; DE: diâmetro de espigas; FM: dias para o florescimento masculino; FF: dias para o florescimento feminino; AP: altura de plantas; AE: altura da espiga.

REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DO COMÉRCIO DE SEMENTES E MUDAS. **Pesquisa de mercado de sementes de hortaliças 2011**. Campinas, 2011. Disponível em: <<http://www.abcsem.com.br/dadosdosegmento.php>>. Acesso em: 30 jan. 2014.
- ALAN, O. et al. Genetic Variability and Association Analysis of Some Quantitative Characters in Sweet Corn. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici**, v. 41, n. 2, p. 404-413, 2013.
- AMARAL JÚNIOR, A.T. et al. Correlações simples e canônicas entre caracteres morfológicos, agronômicos e de qualidade em frutos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, v. 15, p. 49-52, 1997.
- ASGHAR, M. J.; MEHDI, S. S. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. **Pakistan Journal of Botany**, v. 42, n. 2, p. 775-789, 2010.
- ASSUNÇÃO A, et al. Heterosis performance in industrial and yield components of sweet corn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 3, p. 183-190, 2010.
- BORDALLO, P. N. et al. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, Mar. 2005.
- BORDALLO, P.N. **Melhoramento genético do milho doce (*Zea mays* L.): Análise dialélica e molecular em caracteres morfoagronômicos e bioquímicos**. 2001, 83f, Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2001.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2001.
- BOYER, C. D.; SHANNON, J.C. The use of endosperm genes for sweet corn improvement. **Plant Breeding Review**, v.1, p.139, 1984.
- BRASIL - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Registro Nacional de Cultivares - RNC/ Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>.
- BRASIL - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Regras para análise de sementes** / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília : Mapa/ACS, 399 p., 2009.
- BREWBAKER, J. L.; BANAFUNZI, N. Hawaiian Supersweet #6 corn. **HortScience**, Alexandria, v. 10, p. 427, 1975.
- CARDOSO, E.T.; CRUZ DE MELO SERENO, M. J.; BARBOSA NETO, J. F. Genetic progress for adaptative traits. In sweet corn population. **Maydica** v. 47, p. 121-126, 2002.
- CARVALHO, C. G. P. et al. Path analysis under multicollinearity in S0 x S0 maize hybrids. **Crop Breeding and applied Biotechnology**, v. 1, p. 263-270, 2001.

- CARVALHO, H. W. L. et al. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho cms-453 no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1577-1584, ago. 2000a.
- CARVALHO H. W. L. et al. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS-52. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, 2000b.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2001.
- ELEWEANYA, N. P. et al. Correlation and path coefficient analysis of grain yield related characters in maize (*Zea mays* L.) under umudike conditions of south eastern Nigeria. **Agro-Science**, v. 4, n. 1, 2005.
- ELTAHIR, S. et al. Performance, heritability and correlation studies on varieties and population cross of sweet corn. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 2, n. 10, p. 756-760, 2003.
- ELTAHIR, S.; SALEH, Ghizan B. Response of Two Cycles of Phenotypic Mass Selection and Heritability on Two Tropical Sweet Corn (*Zea mays* L. *saccharata*) Populations. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 2, n. 1, p. 65-70, 2003.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman Scientific and Technical, 464p. 1996.
- FEHR, Walter R. et al. **Principles of cultivar development**. v.2. Crop species. Macmillan publishing company, 1987.
- FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura**. Viçosa: UFV, v. 200, 2000.
- GÓMEZ, A. B. et al. Agronomic performance of sweetcorn populations derived from crosses between sweetcorn and field corn. **Spanish Journal of Agricultural Research**, n. 3, p. 378-384, 2008.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Springer, 2010.
- HARTLEY, H. O. et al. The use of range in analysis of variance. **Biometrika**, v. 37, p. 271-80, 1950.
- HAS, V.; HAS, I. Genetic inheritance of some important characters of sweet corn, **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v, 37, n, 1, p, 244-248, 2009.
- HEINZ, R. et al. Seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 43, n. 4, Dec. 2012.
- ILKER, E. Correlation and path coefficient analyses in sweet corn. **Turkish Journal of Field Crops**, v. 16, n. 2, p. 105-107, 2011.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ - IAPAR. **Agomereologia**: Dados diários de Londrina. 2013. Disponível em:
<<http://www.iapar.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=1828>>. Acessado em: 04 Jun, 2013.

ITO, G. M.; BREWBALKER, J. L. Genetic advance through mass selection for tenderness in sweet corn. **Journal of the America Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 106, p. 469, 1981.

JAWAHARLAL, J. et al. Genetic variability and character association studies in maize. **Agricultural Science Digest**, v. 31, n. 3, p. 173-177, 2011.

JHA, S. K.; SINGH, N. K.; AGRAWAL, P. K. Studies on exploitable heterosis in sweet corn under assured rainfed situation of North-Western Himalayas. **Karnataka Journal of Agricultural Sciences**, v. 26, n. 2, 2013.

KASHIANI, P. et al. Variation and genetic studies on selected sweet corn inbred lines. **Asian Journal of Crop Science**, v. 2, n. 2, p. 78-84, 2010.

KASHIANI, P.; SALEH, G.. Estimation of Genetic Correlations on Sweet Corn Inbred Lines Using SAS Mixed Model. **American Journal of Agricultural & Biological Science**, v. 5, n. 3, 2010.

KHAZAEI, F. et al. Study the correlation, regression and path coefficient analysis in sweet corn (*Zea mays var. saccharata*) under different levels of plant density and nitrogen rate. **Journal of Agricultural and Biological Science**, v. 5, n. 6, p. 14-19, 2010.

KUMARI, J. et al. Combining ability for field emergence, kernel quality traits, and certain yield components in sweet corn (*Zea mays L.*). **Journal of Crop Improvement**, v. 22, n. 1, p. 66-81, 2008.

MASSMAN, J. M.; JUNG, H. J. G.; BERNARDO, R. Genomewide selection versus marker-assisted recurrent selection to improve grain yield and stover-quality traits for cellulosic ethanol in maize. **Crop Science**, v. 53, n. 1, p. 58-66, 2013.

MIRANDA, G. V. et al. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 6, p. 681-688, 2003.

NIGUSSIE, M.; SALEH, G.. Genetic Variability and Responses to Two Methods of Recurrent Selection in Two Sweet Corn (*Zea mays L. Saccharata*) Populations. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 5, 2007.

OKTEM, A. Determination of selection criterions for sweet corn using path coefficient analyses. **Cereal Research Communications**, v. 36, n. 4, p. 561-570, 2008.

OLIVEIRA JUNIOR, L. F. G. et al. Seleção de genótipos de milho mais promissores para o consumo in natura. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 26, n. 1, p. 159-165, 2006.

PAIVA JUNIOR, M. C. **Desempenho de diferentes cultivares para milho verde em diferentes épocas e densidade de semeadura**. 1990. 66 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, 1990.

- PALOMINO, E. C.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meio-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 07, p. 1433-1439, 2000.
- PARENTONI, S. N. et al. Milho doce. **Informe Agropecuário**, v. 14, p. 17-22, 1990.
- PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.)**. 1968. 92 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1968.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 7, n. 3, p. 212-216, 1967.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do milho. In: BOREM, A. (Org.). Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. p. 429-485.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; COSTA, R. V.; **Milho Doce**. EMBRAPA. 2009. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONT000fy779fnk02wx5ok0pvo4k3wpdjd8h.html>> . Acesso em: 11 fev. 2014.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; GAMA, E. E. G. Cultivares de Milho para o Consumo Verde. In: PEREIRA FILHO, I. A. (Org.). **O cultivo do milho verde**, Brasília: Embrapa, 2003. p. 17-27.
- PEREIRA, A. F. et al. Qualidade fisiológica de sementes e desempenho agrônomico de genótipos de milho doce. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 38, n. 4, p. 249-261, 2008.
- PINHO, L. et al. Qualidade de milho verde cultivado em sistemas de produção orgânico e convencional. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 7, n. 03, 2010.
- REVILLA, P. et al. Genotypic effects on field performance of maize plants carrying the allele sugary 1. **Plant Breeding** v. 192, p. 92-95, 2010.
- RUMBAUGH, M. D.; ASSAY, K. H.; JOHNSON, D. A. Influence of drought stress on genetic variances of alfafa and wheatgrass seedlings, **Crop Science**, v. 24, n. 02, p. 297-303, 1984.
- RUSSEL, W. A. **Melhoramento de populações de milho como fontes de linhagens**, Campinas: Fundação Cargill, 1975.
- SALEH, G. B.; ALAWI, S. A. S.; PANJAITAN, K. Performance, correlation and heritability studies on selected sweet corn synthetic populations. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v. 5, p. 251-254, 2002.
- SALEH, G.; YUSOP, M. R.; YAP, T. C. Heritability and Response to Recurrent Selection in Two Sweet Corn Varieties. **Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science**, v. 17, n. 3, p. 185-190, 1994.
- SANTOS, P. H. A. D. et al. Agronomic performance of super-sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, p. 8-14, 2014.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. **An analysis of variance test for normality (complete samples)**. 1964. Tese de Doutorado. Rutgers, The State University.

SHIMAKURA, S. E.; RIBEIRO JUNIOR, P. J. **Estatística (2006)**, Disponível em: <<http://leg.ufpr.br/~paulojus/CE003/ce003/>>, Acesso em: 10 jan, 2014.

SILVA, R. G. et al. Adaptabilidade de famílias de meio-irmãos de milho submetidas ao déficit hídrico e baixa disponibilidade de nitrogênio. **Revista Ceres**, v. 55, n. 4, p. 344-351, 2008.

SOLOMON, K. F.; ZEPPA, A.; MULUGETA, S. D. Combining ability, genetic diversity and heterosis in relation to F1 performance of tropically adapted *shrunk* (*sh2*) sweet corn lines. **Plant Breeding**, v. 131, n. 3, p. 430-436, 2012.

SOUZA, I.R.P.; MAIA, A.H.N.; ANDRADE, C.L.T. **Introdução e avaliação de milho doce na região do baixo Parnaíba**. Parnaíba: EMBRAPA-CNPAP, 1990.

STEEL, R. G. D; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. McGraw-Hill Kogakusha, Ltd., 1980.

SYNGENTA BRASIL. **Alimentar nosso maior desafio: 2010-2050**. São Paulo, 2010. 80 p. Relatório de sustentabilidade.

TEIXEIRA, F. F. et al. Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 25, n. 3, p. 483-488, 2001.

TEIXEIRA, F. F. et al. **Melhoramento do milho doce**. Documentos (INFOTECA-E). Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013.

TEIXEIRA, F. F. et al. **Aspectos agronômicos e de qualidade de espiga em famílias endogâmicas de milho doce**. Embrapa Milho e Sorgo, 2009.

TRACY, W. F. Sweet corn. In: HALLAUER, A. R. **Specialty corn**. Boca Raton, p. 155-198., 2001.

USDA. **Sweet Corn for Fresh Market Area Planted and Harvested, Yield, Production, Price and Value – States and United States: 2010-2012**. 2013. Disponível em:<<http://usda01.library.cornell.edu/usda/current/VegeSumm/VegeSumm-01-29-2013.pdf>>. Acesso em: 10 janeiro de 2014.

USDA. **Table 99 - World sweet corn (green maize): Area harvested (hectares), 1961-2008**. 2010. Disponível em:<<http://usda.mannlib.cornell.edu/usda/ers/SweetCorn/sweetcorn2010.pdf>>. Acesso em: 11 junho de 2012.

VASSILEVSKA-IVANOVA, R. et al. Genotypic correlation and path-coefficient analysis of some productivity elements in sweet corn (*Zea mays* L.). **Bulgarska ta Akademiya na Naukite**, v. 60, n. 9, p. 1011-1014, 2007.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Org.) **Melhoramento do milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1978, p. 122-201.

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

VOLTZ, A. W. **Ganho genético para caracteres adaptativos em populações de milho doce**. 2002. Tese de Doutorado. UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL.

WEBEL, O. D.; LONNQUIST, J. H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 651-655, 1967.