

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
CÂMPUS DE CHAPADÃO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

ELBER VINICIUS MARTINS SILVA

**DESEMPENHO AGRONÔMICO E INDUSTRIAL DE LINHAGENS
ENDOGÂMICAS DE MILHO (*Zea mays* L.) EM DUAS SAFRAS NA
REGIÃO DE CHAPADÕES**

CHAPADÃO DO SUL – MS

2024

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
CÂMPUS DE CHAPADÃO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

ELBER VINICIUS MARTINS SILVA

**DESEMPENHO AGRONÔMICO E INDUSTRIAL DE LINHAGENS
ENDOGÂMICAS DE MILHO (*Zea mays* L.) EM DUAS SAFRAS NA
REGIÃO DE CHAPADÕES**

Orientador(a): Prof, Dr, Paulo Eduardo Teodoro

Co-Orientador: Dra, Dthenifer Cordeiro Santana

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, como requisito para obtenção do título de Mestre em Agronomia, área de concentração: Produção Vegetal.

CHAPADÃO DO SUL – MS

2024



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

DISCENTE: Elber Vinicius Martins Silva

ORIENTADOR: Dr. Paulo Eduardo Teodoro

TÍTULO: Desempenho agrônômico e industrial de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) em duas safras na região dos Chapadões.

AVALIADORES:

Prof. Dr. Paulo Eduardo Teodoro

Prof. Dra. Larissa Pereira Ribeiro Teodoro

Prof. Dr. Jorge Gonzalez Aguilera

Chapadão do Sul, 04 de outubro de 2024.

NOTA
MÁXIMA
NO MEC

UFMS
É 10!!!



Documento assinado eletronicamente por **Paulo Eduardo Teodoro, Professor do Magisterio Superior**, em 04/10/2024, às 10:43, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).

Documento assinado eletronicamente por **Jorge González Aguilera, Usuário Externo**, em 04/10/2024, às 11:04, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).

Documento assinado eletronicamente por **Larissa Pereira Ribeiro, Professora do Magistério Superior**, em 04/10/2024, às 16:16, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufms.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o códigoverificador **5163560** e o código CRC **C6A305EF**.

**COLEGIADO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
AGRONOMIA**

Rod MS 306, Km 105, Caixa Postal 112

Fone: (67)3562-6351

CEP 79560-000 - Chapadão do Sul - MS

Referência: Processo nº 23455.000522/2024-44
nº 5163560

SEI

DEDICATÓRIA

A Deus e as duas pessoas mais importantes da minha vida, meu avô José Enes da Costa e minha avó Vera Lucia Silva, nunca deixaram de me apoiar em qualquer decisão e principalmente nos estudos, me incentivando a sempre querer mais.

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador Prof. Dr. Paulo Eduardo Teodoro, por me acolher, orientar e pela paciência durante todo esse processo, pelo esforço em conseguir uma bolsa de estudos o que garantiu meu sustento, permanência e tranquilidade para focar nas pesquisas do mestrado.

À minha co-orientadora Dra. Dthenifer Cordeiro Santana por toda ajuda e companheirismo desde o primeiro dia na pós-graduação e por não me deixar desistir logo os seis meses de curso. A ESALQ por disponibilizar as linhagens endogâmicas de milho para realizar a pesquisa.

Um agradecimento especial a Prof. Dra Larissa Pereira Ribeiro Teodoro, por ser a “comandante” do grupo de pesquisa que faço parte e tenho tanto orgulho e gratidão. Agradecer também a ESALQ por disponibilizar as linhagens endogâmicas de milho para realizar a pesquisa.

Aos meus amigos do Grupo de Pesquisa em Melhoramento de Plantas (GEMP), especialmente Felipe Carrijo de Araújo, Guilherme Alves Bertasso, Gustavo Casalinio Amorim da Silva, Luis Gustavo Martins Santos, Murilo Fortes de Melo, Paulo Ademir Dutra Rodrigues Júnior, João Lucas Gouveia de Oliveira e Yann Victor Muniz de Araújo Portugal, por se tornarem especiais na minha também pela ajuda na condução do experimento, sem as pessoas desse grupo seria impossível conduzir o experimento.

Aos meus amigos Paulo Henrique Menezes das Chagas e Regimar Garcia dos Santos, pelo apoio em um momento crucial durante esse processo de pós-graduação, sendo de extrema importância no final dessa jornada.

E por último e não menos importante a Deus, por me dar a honra de poder trabalhar com pessoas de tão alto nível, referências no presente e no futuro da pesquisa nas áreas das ciências agrárias do Brasil, pessoas que hoje são meus espelhos de profissionalismo e dedicação a ciência.

EPÍGRAFRE

“Não tenho mais tempo pra perder tempo com quem tá cheio de tempo pra perder tempo. Eu tava com tempo quando eu tinha tempo, agora eu tô sem tempo e tô correndo contra o tempo. Apressado pelo tempo do outro, desrespeitado pelo tempo do outro, pressionado pelo tempo do outro, desequilibrado na linha do tempo, eu caí feito um garoto. Amadurecimento pra saber que tempo é tudo que se tem pra oferecer. Por isso cabe a mim valorizar meu próprio tempo.”

(Raphael Ghanen)

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Gráfico de pluviosidade e temperatura média durante a segunda safra de 2023 (A) e primeira safra de 2024 (B) na área experimental da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. campus de Chapadão do Sul.	4
Figura 2. Croqui da área experimental.....	6
Figura 3. Correlação de Pearson entre as variáveis agronômicas de milho cultivadas durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024 (ambiente 2) em Chapadão do Sul/MS.....	13
Figura 4. Figura 4. Análise de componentes principais para as variáveis agronômicas de milho cultivadas durante segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024 (ambiente 2) em Chapadão do Sul/MS.....	14
Figura 5. Análise de componentes principais para as linhagens e variáveis agronômicas de milho cultivadas durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) em Chapadão do Sul/MS.....	15
Figura 6. Análise de componentes principais para as linhagens e variáveis agronômicas de milho cultivadas durante a primeira safra de 2024 (ambiente 1) em Chapadão do Sul/MS.....	16
Figura 7. Hibridação das linhagens promissoras.....	17

LITA DE TABELAS

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta para as variáveis agronômicas altura de plantas (ALT, m); diâmetro do colmo (DC, mm); diâmetro de espiga (DE, mm); número de fileiras de espiga (NFE); AMI (g 100g ⁻¹); CARB (g 100g ⁻¹); comprimento de espiga (CE, cm); número de grãos por espiga e produtividade (PROD kg ha ⁻¹) de linhagens endogâmicas de milho cultivadas durante duas safras em Chapadão do Sul/MS.....	8
Tabela 2. Agrupamento de médias para as variáveis amido (g 100g ⁻¹) e carboidrato (CARBO g 100g ⁻¹) significativas para linhagens durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024 (ambiente 2) Chapadão do Sul/MS.....	9
Tabela 3. Agrupamento de médias para a interação significativa entre linhagem e ambiente para a variável produtividade das linhagens de milho durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024 (ambiente 2) em Chapadão do Sul/MS.....	11

RESUMO

O melhoramento genético do milho (*Zea mays* L.) evoluiu significativamente ao passar dos anos, o que permitiu ao longo desse período segurança alimentar e movimentar parte da economia mundial, com aumento de produtividade. Grande parte do aumento da produção e melhorias nutricionais na cultura do milho é devido ao melhoramento genético, em que a obtenção de híbridos superiores está diretamente envolvida com a identificação de linhagens mais promissoras, para formação de híbridos simples que, em geral, são mais produtivos. Diante de poucos estudos para desenvolver híbridos específicos para região o objetivo do trabalho foi avaliar linhagens endogâmicas de milho e identificar linhagens produtivas e com boas qualidades industriais de amido e carboidrato, com potencial para formação de híbridos simples para a região de Chapadões. Os experimentos foram realizados durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e na primeira safra de 2024 (ambiente 2). O delineamento utilizado foi de blocos aumentados contendo 60 linhagens endogâmicas de milho. As variáveis agronômicas avaliadas em três plantas por parcela foram: altura de planta (ALT); diâmetro de colmo (DC); diâmetro de espiga (DE); número de fileiras por espiga (NFE) e produtividade (PROD). As linhagens 5,6,10,16,17,20,23,31,34 e 60 se mostraram promissoras para cruzamentos futuros, por apresentar as maiores médias em características agronômicas e industriais nos dois ambientes.

Palavras-chave: Linhagem. Carboidrato. Produtividade. Amido.

ABSTRACT

The genetic improvement of corn (*Zea mays* L) has evolved significantly over the years, which has allowed food security throughout this period and boosted part of the world economy, with increased productivity. Much of the increase in production and nutritional improvements in corn is due to genetic improvement, in which obtaining superior hybrids is directly involved with the identification of more promising lines, for the formation of simple hybrids that, in general, are more productive. Faced with few studies to develop specific hybrids for the region, the objective of the work was to evaluate inbred corn lines and identify productive lines with good industrial starch and carbohydrate qualities, with potential for the formation of simple hybrids for the Chapadões region. The experiments were carried out during the second harvest of 2023 (environment 1) and the first harvest of 2024 (environment 2). The design used was augmented blocks containing 60 inbred lines of corn. The agronomic variables evaluated in three plants per plot were: plant height (ALT); culm diameter (DC); tang diameter (DE); number of rows per ear (NFE) and productivity (PROD). Lines 5,6,10,16,17,20,23,31,34 and 60 showed promise for future crossings, as they presented the highest averages in agronomic and industrial characteristics in both environments.

Keywords: Lineage. Carbohydrate. Productivity. Starch.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	2
2 MATERIAL E METODOS	3
2 RESULTADOS	7
3 DISCUSSÃO	17
4 CONCLUSÃO.....	20
REFERÊNCIAS	20

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do milho (*Zea mays* L.) evoluiu significativamente ao passar dos anos, o que permitiu ao longo desse período, segurança alimentar e movimentar parte da economia mundial, com aumento de produtividade. Os principais países produtores são os Estados Unidos, China e Brasil, a estimativa da produção brasileira na safra 2023/2024 foi de aproximadamente 114,14 milhões de toneladas em 45,5 milhões de hectares (CONNAB, 2024), com uma média próxima a 2,5 toneladas por hectare no Brasil, sendo menor que a média do ano anterior.

Altas produtividades de milho englobam uma série de fatores como tipo de solo, fertilidade do solo, disponibilidade hídrica e também a escolha adequada do material para a região. As características climáticas da região Centro-Oeste do Brasil são marcadas por uma significativa variabilidade na temperatura e precipitação, influenciando as práticas agrícolas e as condições ecológicas (DOS SANTOS et al., 2023). Compreender essas interações é crucial, pois essa variabilidade pode moldar a eficiência em programas de reprodução, principalmente em regiões tropicais.

Mesmo com adversidades climáticas é possível selecionar linhagens adaptadas a essas condições e que tenham bom desempenho agrônomo e qualidades industriais, melhorando o produto final. Os teores de amido e carboidratos são algumas das características importantes que precisam ser melhoradas buscando aumentar o valor nutricional dos grãos de milho, onde o principal destino é para a fabricação de ração animal (PATERNIANI; FACHINI; RODRIGUES, 2020). O milho também é bastante utilizado na fabricação de bioetanol, onde o amido é enzimaticamente convertido em glicose e então fermentado por leveduras, servindo como fonte primária de energia na fabricação de bioetanol (TSE; WIENS; REANEY, 2021).

Grande parte do aumento da produção e melhorias nutricionais na cultura do milho é devido ao melhoramento genético, que utiliza várias técnicas para seleção de plantas, dentre elas, a técnica de seleção massal que seleciona as melhores plantas com base em características fenotípicas (AMZERI; ULUM, 2023). No Brasil, os primeiros estudos sobre a hibridação de milho tiveram início no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), conduzido por KRUG e colaboradores, mas o primeiro híbrido comercial produzido foi em 1938 por GLADSTONE e ANTONIO SECUNDINO, na Universidade Federal de Viçosa, oriundo de um cruzamento entre as variedades Cateto e Amarelão.

A obtenção de híbridos superiores está diretamente envolvida com a identificação de populações mais promissoras, das quais são extraídas linhagens, que através de sucessivas gerações de cultivo realizando autofecundação, atingem alta porcentagem de endogamia, possibilitando a formação de híbridos simples, que em geral são mais produtivos do que outros tipos de híbridos, pois é proveniente do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas, que visa aproveitar os efeitos da heterose, expressando um alto vigor na geração F1 (PATTHAWARO et al., 2023). A heterose desempenha um papel crucial no melhoramento do milho, permitindo que os híbridos superem suas linhagens parentais, aumentando o rendimento, melhorando características como comprimento da espiga e peso de 100 grãos, surgindo híbridos com maior potencial genético e altas produtividades (AKINYOSOYE; BALOGUN; OLAKOJO, 2023). Outro aspecto importante na escolha das linhagens a serem utilizadas nos cruzamentos é considerar as possíveis compensações entre rendimento, qualidade e estabilidade da planta de milho.

Avanços recentes nas tecnologias genômicas, principalmente no sistema enzimático quimérico CRISPR/Cas, revolucionaram o melhoramento do milho, permitindo modificações precisas nos locais genômicos direcionado (KAUSCH et al., 2021). Contudo nem todos os programas de melhoramento tem acesso essas tecnologias, assim métodos convencionais podem ser usados para selecionar características complexas, como resistência a pragas e rendimento. Para o desenvolvimento futuro de novas variedades de milho é importante a pesquisa contínua sobre análises de qualidade e traços fenotípicos (YADAVA et al., 2017). As demandas de grãos de milho tendem a crescer ao decorrer dos anos, devido ao interesse em alternativas sustentáveis.

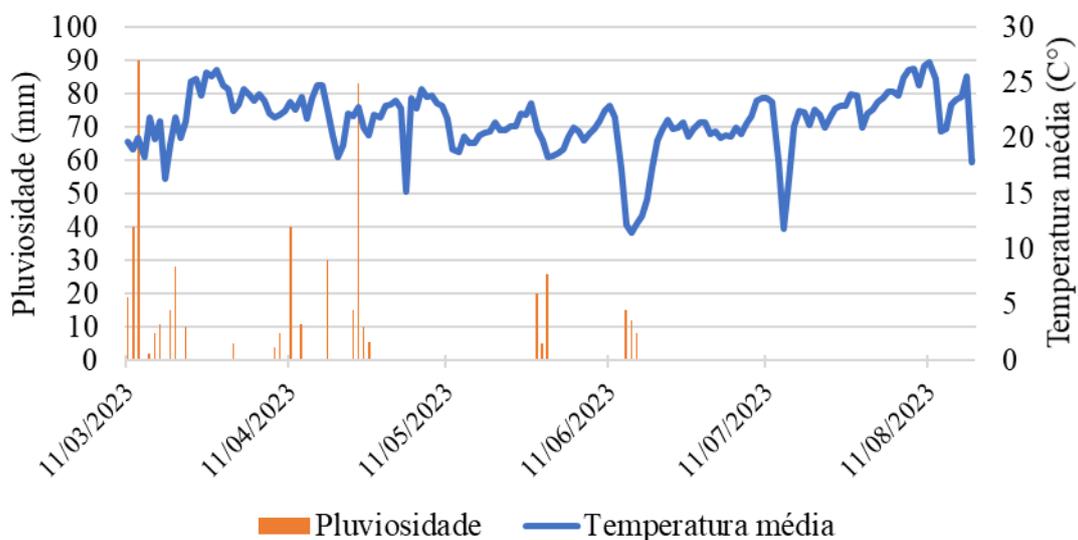
Diante da importância da cultura do milho e da demanda de híbridos mais produtivos, adaptáveis e com melhores teores industriais na região de Chapadões, o objetivo do trabalho foi avaliar linhagens endogâmicas de milho e identificar linhagens produtivas e com boas qualidades industriais de amido e carboidrato, com potencial para formação de híbridos simples para região de Chapadões.

2 MATERIAL E MÉTODOS

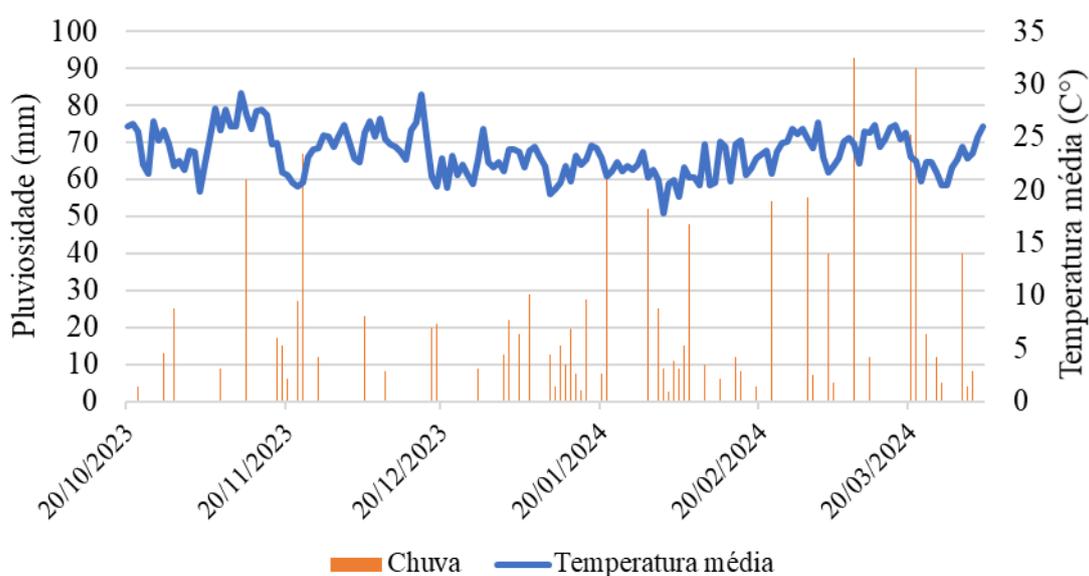
Os experimentos foram realizados durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e na primeira safra de 2024 (ambiente 2), conduzidos na área experimental da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campus Chapadão do Sul – MS. A

localização da unidade se encontra em 18°41'33''S e 52°40'45''W, com 810 m de altitude.

O solo é classificado como Latossolo Vermelho Distrófico Argiloso, com as características na camada de 0-0,2m: pH (H₂O) = 6,2; Al trocável, Ca+Mg, K, Soma de Bases e CTC com valores de 0,0, 4,31, 0,2, 2,3 e 5,1 cmolc dm⁻³ respectivamente, P = 41,3 mg dm⁻³, Matéria orgânica = 19,74 g dm⁻³, e V e m = 45 e 0,0%, segundo análise de solo. O clima da região é classificado como Tropical de Savana (AW), segundo classificação climática de Köppen-Geiger. A precipitação e temperatura média durante as duas safras são apresentadas na Figura 1.



A



B

Figura 1 - Gráfico de pluviosidade e temperatura média durante a segunda safra de 2023 (A) e primeira safra de 2023/24 (B) na área experimental da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, campus de Chapadão do Sul.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

A semeadura foi realizada manualmente na primeira safra dia 11/03/2023 (ambiente 1) e segunda safra dia 20/10/2024 (ambiente 2) contendo 60 linhagens endogâmicas de milho, oriundas do programa de melhoramento de milho da ESALQ (Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz) em ambas as safras, utilizando o delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1956). As sementes foram tratadas com fungicida (Piraclostrobina + Metil Tiofanato), inseticida (Fipronil) na dosagem de 200 ml dos produtos para cada 100 kg de sementes. Antes da semeadura em ambas as safras, o solo foi preparado de maneira convencional, utilizando aração e gradagem niveladora, onde a abertura e adubação das linhas foram realizadas de forma mecanizada com uma semeadora de quatro linhas no espaçamento de 0,45 m entre linhas, com parcelas constituídas de 3 linhas e 2 metros de comprimento, distribuindo 6 sementes em cada linha e adubação de base do formulado 00-25-15 utilizando 300 kg ha⁻¹. As adubações de cobertura foram realizadas com cloreto de potássio na dose de 60 kg ha⁻¹ e 120 kg ha⁻¹ no estágio V4 em ambas as safras. Demais tratamentos culturais para controle de pragas, patógenos e plantas daninhas foram realizados conforme necessidade da cultura.

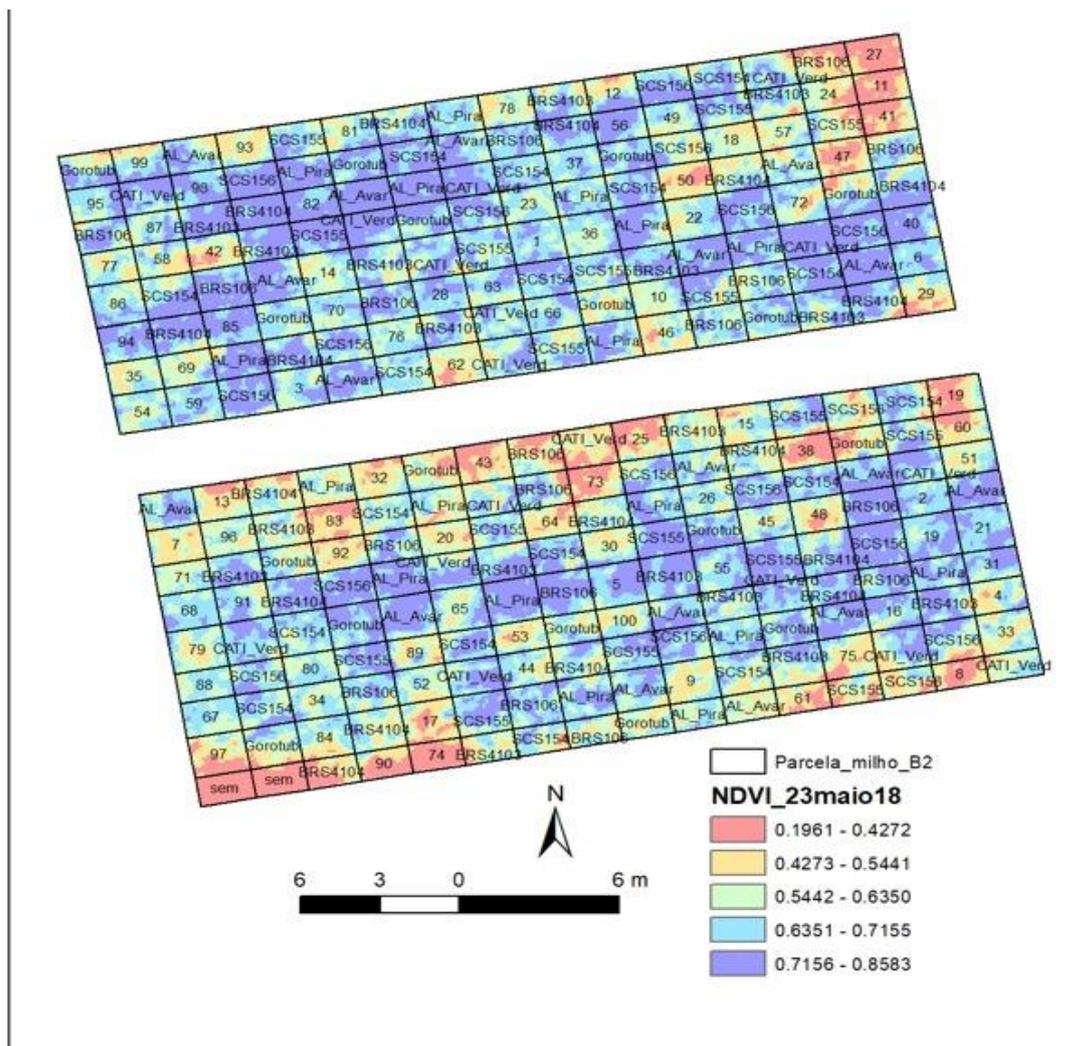


Figura 2. Croqui da área experimental.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

As variáveis agrônômicas avaliadas em três plantas por parcela foram: altura de planta (ALT), medindo-se a distância vertical entre o colo da planta até a última folha; diâmetro de colmo (DC), mensurada com o auxílio de um paquímetro; diâmetro de espiga (DE), mensurada com o auxílio de um paquímetro; número de fileiras por espiga (NFE), através da contagem dos grãos que circundavam a e produtividade (PROD) foi obtida através da colheita manual de cada parcela, totalizando 1,5 m² e os dados foram expressos em kg ha⁻¹, após a correção de umidade para 13%.

As determinações das concentrações de amido e carboidratos solúveis totais nos grãos de milho foi realizada pelo método de DuBois et al. (1956). Para as análises de carbono, 50 mg de sementes secas e moídas foram colocadas em tubos de ensaios de 15 mL, onde foi adicionado 5 mL de água destilada e colocados em banho-maria por 30 minutos a 100° C. Posteriormente, os tubos foram levados a centrifugação (3000 rpm)

durante 10 minutos. Em seguida, 100 µL do sobrenadante foi transferido para tubos de ensaio contendo 400 µL de água destilada, sendo submetidos a agitação através de vórtex. Depois foram adicionados 0,5 mL de fenol 5% e 2,5 mL de ácido sulfúrico concentrado. Os tubos de ensaio foram deixados em repouso por 20 minutos e sua leitura foi realizada no espectrofotômetro a 490 nm, tendo como branco 0,5 mL de água destilada, 0,5 mL de fenol e 2,5 mL de ácido sulfúrico.

Foi realizada uma extração etanólica para determinar amido, utilizando 50 mg (matéria seca dos grãos) com 5 ml de etanol 80%, levado ao banho maria por 30 minutos a 25°C e depois uma segunda extração, com 5,0 ml de HClO₄ 30% levado ao banho maria por 30 minutos a 25°C. As duas extrações foram levadas para centrifugar (200 rpm por 10 minutos) e coletado os sobrenadantes. Os sobrenadantes de cada extração serão unidos e aferidos ao volume para 10 mL com água destilada para obtenção do extrato total. Nos tubos de ensaio foram colocados 100 µL do sobrenadante + 400 µL de H₂O destilada e agitando-se em vortex, adicionando-se 0,5 mL de fenol 5% e agitando no vortex, logo após foi adicionado uniformemente e de uma única vez no centro do tubo (com pipeta graduada) 2,5 mL de H₂SO₄ concentrado e novamente agitando-se em vortex, levando após 20 min de repouso ao espectrofotômetro a 490 nm. Para cálculo das concentrações de carboidratos e amidos totais utilizou-se uma curva-padrão de glicose e os resultados foram expressos em g de carboidratos / g MS.

Os dados foram submetidos à análise de variância utilizando o software Genes (CRUZ, 2013). Os casos em que houve interação significativa entre linhagens e ambiente, foi realizado o desdobramento das variáveis dentro de cada fator, caso contrário, considerou-se o efeito independente dos fatores para as variáveis estudadas, Para comparação entre as linhagens foi realizado o teste de agrupamento de médias Scott-Knott (SCOTT; KNOTT, 1974) a 5% de probabilidade. Foi feita a análise de Correlação de Pearson para avaliar a associação entre as variáveis, variando de -1 (correlação negativa perfeita) a +1 (correlação positiva perfeita), posteriormente foi realizada a análise de componentes principais (PCA) a fim de avaliar a inter-relação entre as variáveis agrônomicas, industriais e as safras cultivadas. Na análise de Correlação de Pearson foi utilizado o pacote “GGally” e para PCA o pacote “ggfortify”, utilizando o software livre R (R CORE TEAM, 2013).

2 RESULTADOS

Os efeitos isolados das linhagens foram significativos para as variáveis diâmetro de DC. O efeito do ambiente foi significativo para todas as variáveis, exceto para NFE. Houve interação entre linhagem x ambiente para as variáveis AMIDO, CARBO e PROD. A interação entre os fatores demonstra que o ambiente influenciou na produtividade das linhagens endogâmicas de milho. Os coeficientes de variação (CV) ficaram entre 26,23% e 39,57%, sendo 20,44% para DC, AMIDO 24,98%, CARBO 34,00 % e PROD 39,57%.

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta para as variáveis agrônômicas altura de plantas (ALT, m); diâmetro do colmo (DC, mm); diâmetro de espiga (DE, mm); número de fileiras de espiga (NFE); AMIDO (g 100g⁻¹); CARB (g 100g⁻¹); comprimento de espiga (CE, cm); número de grãos por espiga e produtividade (PROD kg ha⁻¹) de linhagens endogâmicas de milho cultivadas durante.

FV	GL	ALT	DC	DE	NFE
Linhagem (L)	59	0,12 ^{ns}	12,46*	57,43 ^{ns}	5,52 ^{ns}
Ambiente (A)	1	5,52*	1106,85*	3128,28*	9,47 ^{ns}
L x A	59	0,10 ^{ns}	9,42 ^{ns}	28,84 ^{ns}	4,70 ^{ns}
Resíduo	270	0,22	8,13	48,68	21,96
Média		1,53	13,94	40,25	13,28
CV (%)		30,37	20,44	17,33	35,26
FV	GL	CE	AMIDO	CARBO	PROD
Linhagem (L)	59	26,10 ^{ns}	60,47*	15,42*	1312782,45*
Ambiente (A)	1	380,30*	96,26*	112,13*	149541561,88*
L x A	59	18,08 ^{ns}	33,80*	8,75*	1200426,01*
Resíduo	59	20,37	3,54	2,64	475335,09
Média	270	17,21	7,53	4,77	1742,10
CV (%)		26,23	24,98	34,00	39,57

* significativo e ^{ns} não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F à 5% de probabilidade, FV: Fontes de variação; GL: graus de liberdade; CV: coeficiente de variação.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Na tabela de agrupamento de médias (Tabela 2) o teor de amido da linhagem 31 foi superior as demais no ambiente 1, seguido da linhagem 10, já no ambiente 2 a linhagem 30 teve maior teor de amido, seguido das linhagens 10, 16 e 60. No agrupamento de médias da variável carbo, no ambiente 1 as linhagens 3, 4, 16, 17, 23 e 25 apresentaram maiores médias, seguidas das linhagens 6, 14, 20, 26, 34, 40 e 60, já no ambiente 2 a

linhagem 1 apresentou maior teor de carboidrato, seguida da linhagem 22 com o segundo maior valor.

Tabela 2. Agrupamento de médias para as variáveis, amido ($\text{g } 100\text{g}^{-1}$) e carboidrato (CARBO $\text{g } 100\text{g}^{-1}$) significativas para linhagens endogâmicas de milho cultivadas durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024 (ambiente 2) em Chapadão do Sul/MS.

Linhagem	AMIDO		CARBO	
	Amb.1	Amb.2	Amb.1	Amb.2
1	1,66k	1,72l	9,32c	13,71a
2	15,31c	15,37d	6,22e	4,88f
3	13,12d	13,18e	11,97a	4,70f
4	1,66k	9,45h	12,46a	1,28i
5	9,60f	13,83e	7,78d	7,02e
6	0,73l	2,38k	11,15b	10,39c
7	1,69k	3,34k	9,49c	3,79g
8	6,01h	9,13i	3,43 g	2,673h
9	0,30l	13,44e	2,40g	1,64i
10	22,80b	21,73b	5,42e	5,39f
11	6,21h	15,95d	7,12d	7,10e
12	15,52c	15,17d	1,33h	1,31i
13	11,25e	16,29d	7,65d	7,63 e
14	2,70j	8,98i	11,17b	2,51h
15	10,49e	10,14h	1,96h	1,93i
16	2,80j	21,61b	12,04a	3,74g
17	3,10j	16,02d	12,36 a	1,57i
18	9,14f	12,01f	6,00e	4,72f
19	4,20i	12,34f	4,21f	0,40j
20	4,60i	17,43c	10,66b	9,33d
21	11,70e	5,51j	0,51i	0,01 j
22	9,55f	7,96i	7,79d	12,49b
23	8,30f	10,54g	12,83a	2,95h
24	7,00g	0,88m	3,21g	2,45h
25	7,75g	2,76k	12,89a	10,98c
26	4,44i	0,46m	11,25b	1,72i
27	1,15k	18,18c	2,35g	3,88g
28	1,61k	0,02m	4,85f	1,77i
29	0,39l	5,89j	2,74g	5,30f
30	5,20i	38,94a	5,63e	4,75f
31	37,91a	13,71e	4,02f	5,54f
32	12,68d	13,46e	4,81f	4,80f
33	7,61g	2,44k	2,86g	1,47i
34	2,09k	12,14f	10,09b	2,83h
35	11,79e	8,73i	2,24g	1,69i
36	8,38f	8,87i	1,10i	1 2,36h
37	7,63g	8,19i	4,67f	1,89i

38	7,58g	2,58k	1,49h	2,62h
39	1,97k	7,28j	2,22g	2,72h
40	9,37f	13,01e	10,94b	1,52i
41	2,27j	2,02l	3,35g	1,51i
42	6,45h	5,87j	12,40a	1,25i
43	4,99i	1,78l	0,28i	8,20d
44	3,10 j	6,79j	7,79 d	1,21i
45	3,25j	2,25l	1,11i	1,69i
46	2,46j	0,72m	1,59h	2,52h
47	0,66m	3,90k	2,66g	1,61i
48	2,94j	2,77k	0,90i	3,63g
49	1,49k	0,51m	3,55g	2,25h
50	7,57g	6,49j	1,92h	6,20e
51	7,72g	1,15l	5,96e	3,30g
52	8,79f	2,75k	8,30d	3,80g
53	6,60h	9,92h	4,87f	3,30g
54	11,15e	0,14m	0,85i	3,25g
55	1,04 l	3,44k	3,01g	3,08g
56	6,65h	1,37l	2,96g	2,30h
57	5,92h	2,84k	2,83g	2,28h
58	6,29h	1,98l	5,31e	1,89i
59	2,92n	0,81m	1,87h	1,96i
60	7,18g	22,87b	10,17b	3,61g

Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

O agrupamento de médias da interação linhagem x ambiente apresentada na tabela 3, mostra as linhagens 6, 7, 10, 11, 13, 18, 45 e 56 com as maiores médias de produtividade de grãos de milho no ambiente 1. Já no ambiente 2, pode se observar que as linhagens 5 e 31 apresentaram as maiores médias de PROD.

Tabela 3. Agrupamento de médias para a interação significativa entre linhagem e ambiente para a varável produtividade das linhagens de milho durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024 (ambiente 2) em Chapadão do Sul/MS.

Linhagem	PROD (kg ha ⁻¹)	
	Amb.1	Amb.2
1	104,54d	994,59h
2	537,86c	3770,94d
3	548,35 c	661,26i
4	204,80d	1468,67h
5	112,35d	7013,93a

6	1405,53a	4964,89c
7	1196,07a	4482,13c
8	865,30b	2291,84g
9	161,53d	3406,78e
10	1189,45a	2199,79g
11	1524,10a	3574,55d
12	1368,80a	2657,29f
13	1199,97a	2818,98e
14	578,91c	3702,42d
15	714,99 c	4663,42c
16	698,65c	5055,86c
17	670,40c	4641,43c
18	1162,44a	2283,15g
19	448,56c	1251,98h
20	575,80c	3065,33e
21	717,67 c	3651,99d
22	236,45d	3078,96e
23	55,99d	4651,24c
24	848,22b	3755,20d
25	200,62d	4063,50d
26	187,34d	1300,54h
27	708,07c	565,88i
28	613,24c	4510,52c
29	798,53b	3153,62e
30	447,93 c	3053,39e
31	839,29b	6394,20b
32	1513,96a	2407,57f
33	291,95d	4144,11d
34	612,74c	770,68i
35	647,21c	4551,36c
36	236,01d	1437,34h
37	50,47d	413,69i
38	451,49c	2701,01f

39	550,77c	3250,76e
40	768,16c	1010,87h
41	751,58c	421,98i
42	867,59b	121,98i
43	830,42b	2033,09g
44	456,30c	3842,72d
45	1538,89a	3475,09e
46	398,76d	775,29i
47	1068,59b	1780,42g
48	499,41c	3880,43d
49	253,99d	1573,01h
50	371,17g	2682,38f
51	457,84c	2562,41f
52	222,19d	1398,60h
53	523,91c	3365,75e
54	328,96d	1213,41h
55	317,17d	2220,88g
56	1163,55a	3220,88e
57	39,41d	3597,65d
58	722,75c	4390,24c
59	582,31c	4042,09d
60	332,20d	1071,72h

médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

O gráfico de correlação de Pearson (Figura 3) mostra que houve correlação moderada positiva entre NFE e DE no ambiente 1. Houve correlação positiva moderada entre DE e CE no ambiente 1 e ambiente 2. NFE apresentou correlação moderada positiva com CE no ambiente 1. PROD apresentou correlação moderada positiva com CE no ambiente 1 e ambiente 2.



Figura 3. Correlação de Pearson entre as variáveis agrônômicas de milho cultivadas durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024 (ambiente 2) em Chapadão do Sul/MS.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Na análise de componentes principais (Figura 4), os eixos PC1(38,5%) e PC2 (17%) explicando 55,5 % do conjunto de dados avaliados. As variáveis CE e CARBO apresentaram maior relação com o ambiente 1. Já as demais variáveis NFE, amido, DE, ALT, DC e PROD apresentou maior relação entre si no ambiente 2.

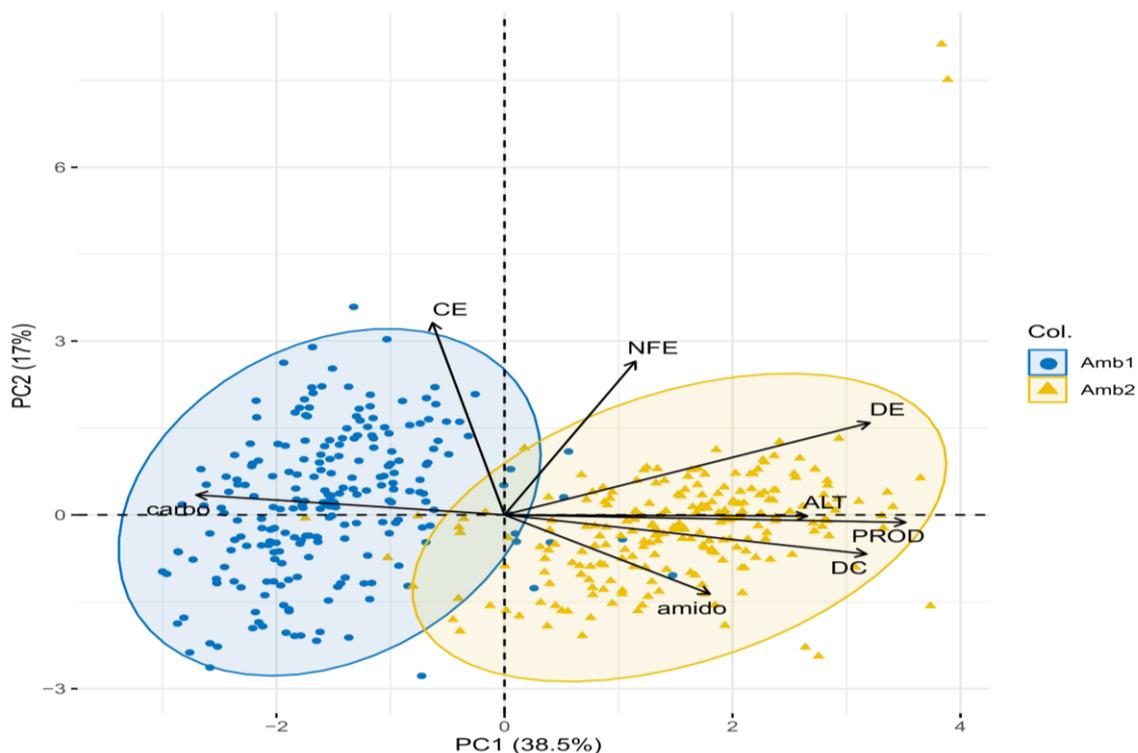


Figura 4. Análise de componentes principais para as variáveis agronômicas de milho cultivadas durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) e primeira safra de 2024(ambiente 2) em Chapadão do Sul/MS.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Na análise de componentes principais para as linhagens e variáveis agronômicas de milho cultivadas durante a segunda safra (Figura 5), os eixos PC1(39,4%) e PC2 (14,4%) explicam 53,8 % do conjunto de dados avaliados no ambiente 1. Na análise de PCA correspondente segunda safra, mostra a relação das variáveis PROD, CE, NFE com as linhagens 15,21,23,35,38, 50 e 57.O gráfico também a relação das linhagens 9, 14, 17, 18,14 e 25 com as variáveis DC e DE. Amido e carbo mostraram forte relação entre si, com a linhagem 13 e 19.

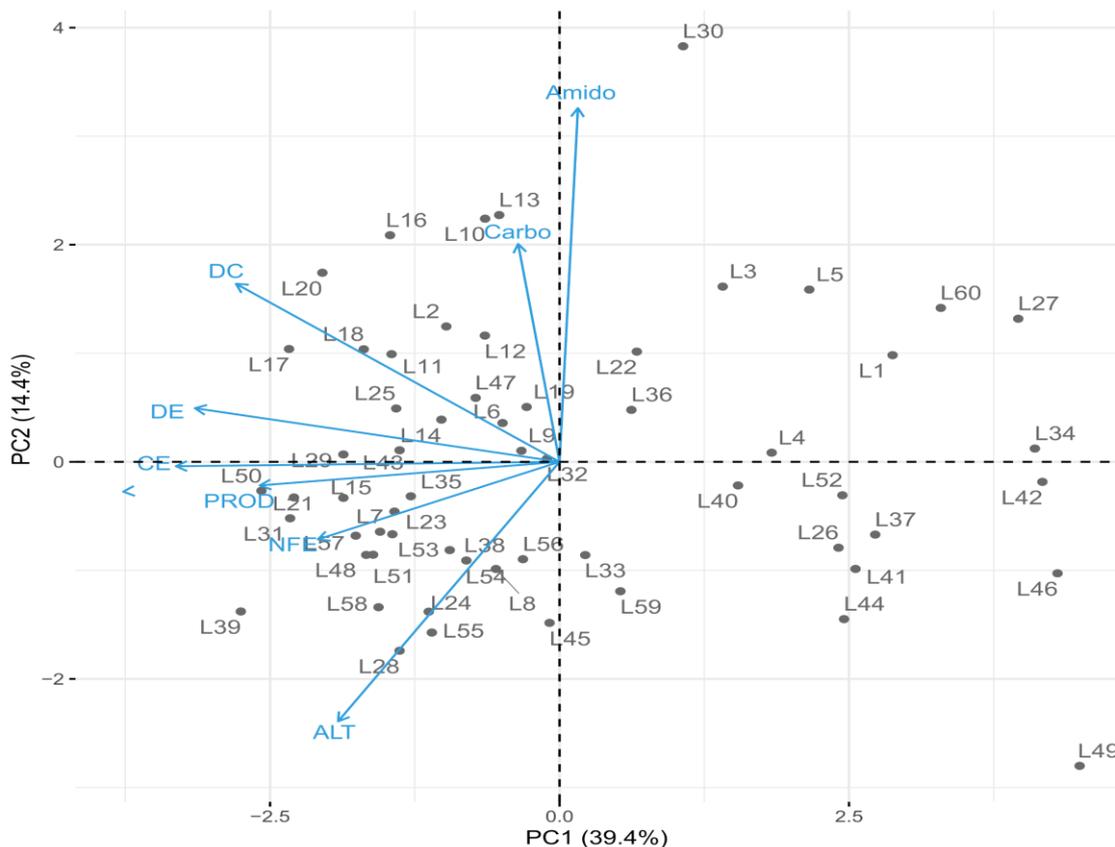


Figura 5. Análise de componentes principais para as linhagens e variáveis agronômicas de milho cultivadas durante a segunda safra de 2023 (ambiente 1) em Chapadão do Sul/MS.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Na análise de componentes principais para as linhagens e variáveis agronômicas de milho cultivadas durante a primeira safra (Figura 6) os eixos PC1(34,8%) e PC2 (13,4%) explicam 48,2 % do conjunto de dados avaliados no ambiente 2. Na análise de PCA correspondente a primeira safra, mostra a relação das variáveis carbo, DC, amido e ALT entre si e com as linhagens 29,33 e 4. O gráfico também mostra a relação das linhagens 13,28 e 57 com as variáveis PROD e DE.

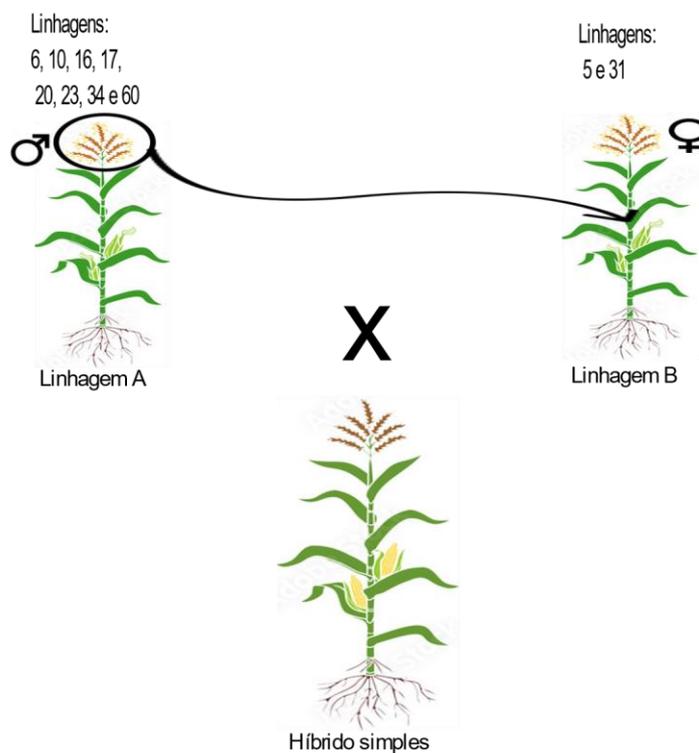


Figura 7. Hibridação das linhagens promissoras.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Os caracteres agrônômicos avaliados, tiveram melhores resultados no ambiente 2 cultivado na primeira safra 2023/24 devido a melhores condições ambientais durante o período. No melhoramento genético de milho também se busca ampliar e manter variabilidade e diversidade genética dos materiais, conduzindo e selecionando materiais para eventuais cruzamentos, com isso, as linhagens 5,6,10,16,17,20,23,31,34 e 60 se mostraram promissoras para cruzamentos futuros, por apresentar boas médias em mais de uma variável avaliadas em distintos ambientes.

3 DISCUSSÃO

A análise de variância mostrou diferença entre as linhagens avaliadas, indicando a presença de variabilidade para os caracteres avaliados. Os coeficientes de variação (CV) ficaram entre 26,23% e 39,57 %, sendo considerados valores intermediários de acordo com (FRITSCHÉ-NETO et al., 2012). Contudo, é um resultado esperado, visto que em experimentos com linhagens de milho geram valores altos de CV, devido a quantidade e

à diferença de desempenho das linhagens no ambiente 1 (primeira safra de 2023) e ambiente 2 (primeira safra de 2024).

O grão de milho é composto por lipídeos, proteínas, minerais, carboidratos e fibras, mas amido é o principal componente do grão, que responde por cerca de 70% do peso do grão e é a principal fonte de energia para fornecer alimentos aos seres humanos e alimentar animais e também uma fonte de demanda na produção de bioetanol e outras aplicações industriais (MARTINEZ; FERNANDEZ, 2019). Pesquisas identificaram vários loci de características quantitativas associados ao conteúdo de amido e carboidrato revelando uma arquitetura genética complexa que pode ser explorada para reprodução (HU et al., 2021), por exemplo, seis loci foram identificados em uma população recombinante de linhagens endogâmicas, e quatro genes foram considerados genes que atuam como reguladores diretos da biossíntese de amido (WANG et al., 2020).

As condições ambientais influenciam significativamente no melhoramento genético de milho, pelos seus efeitos diretos e indiretos sobre as linhagens. Compreender essa interação é de extrema importância no rendimento da cultura, em que a pluviosidade neste período afeta diretamente o desenvolvimento, produtividade do milho (YADAV et al., 2022). A interação Linhagem x Ambiente é crucial para entender a estabilidade produção de sementes e grãos, para o melhoramento de plantas, híbridos que tenham bom desempenho mesmo sob condições adversas é de extrema importância, conseguindo posicionar futuros híbridos em locais estratégicos, ou seja, materiais com maiores teores nutricionais no grão, tolerantes a condições adversas e alta produtividade.

O Centro-Oeste brasileiro, no período de segunda safra sofre com as irregularidades da chuva, altas temperaturas e até mesmo geadas, causando prejuízos e impacto na produção agrícola, seus padrões de variabilidade e concentração podem representar desafios significativos (PILAU et al., 2023), ainda assim pode ser afetada por períodos de El Niño e La Niña, fatores geográficos como topografia, latitude e longitude (DOS SANTOS e NÓBREGA, 2023).

Embora esses fatores moldem predominantemente a distribuição das chuvas, é essencial considerar o impacto das mudanças climáticas, que podem alterar esses padrões estabelecidos e introduzir nova variabilidade na precipitação. No ambiente 2 é possível notar que a um maior acúmulo de chuva registrado (Figura 1) que o ambiente 1, já que nesse período de segunda safra não possui regularidade de chuvas proporcionando menores valores das variáveis avaliadas, já que linhagens tendem a sofrer mais com limitações de água durante o cultivo, devido a sua base genética estreita, enquanto

materiais com uma base genética mais ampla tendem a apresentar melhor tolerância à seca (ACUÑA; TAPIA; INOSTROZA, 2012).

A análise de correlação de Pearson das variáveis agronômicas nas linhagens de milho na segunda safra e primeira safra revela correlações positivas entre as variáveis CE e DE, DE e PROD nas duas safras, o que auxilia o melhorista na seleção de linhagens com características ligadas ao aumento o rendimento de grão, pois avaliar somente produtividade podem não capturar totalmente as complexas interações de fatores ambientais e potencial genético. Com isso, características com altos efeitos diretos no rendimento podem ser priorizadas em programas de melhoramento para melhorar a produtividade do milho (CREVELARI et al., 2018).

O gráfico da Análise de Componentes Principais (PCA) elucidada as relações entre várias variáveis agronômicas no milho, destacando os principais fatores que influenciam o rendimento de grãos das linhagens. A variável CE e PROD apresenta correlação com o ambiente 2 e 1 e entre si, permitindo a seleção indireta das variáveis de melhores resultados (CARNIMEO et al., 2020), Embora o PCA identifique efetivamente as principais características para a seleção, é essencial considerar que os resultados podem variar com base no tamanho da amostra e na correlação entre as variáveis (FILHO; TOEBE, 2022).

A adoção de tecnologias e hibridação permitem aumentar a produtividade em milhos já comerciais, embora a sejam menores produtividade em linhagens de milho, elas podem alcançar padrões semelhantes à de híbridos, sob condições de cultivo adequadas (NDOLI et al, 2019). Devido a produtividade ser um fator controlado por diversos genes, sua seleção é dificultada pela baixa herdabilidade, assim, selecionar linhagens com boas características morfológicas, industriais e alto teto produtivo se torna uma dificuldade no melhoramento genético do milho. Porém, no presente estudo pode ser destacar algumas linhagens para futura hibridação. As linhagens 5 e 31 serão receptoras de pólen, devido as suas maiores médias de produtividades e no caso da linhagem 31 também se destaca por maior média para amido, sendo importante essas serem as plantas fêmeas para maior produção de sementes de híbridos simples. Como doadora de pólen, pode se destacar as linhagens 6, 10, 16, 17,20, 23, 34, 60 que apresentaram maiores médias em diferentes variáveis e ambiente. Sendo essas, linhagens endogamicas em alto nível de homozigose, seus cruzamentos poderão resultar em híbridos simples com ampla adaptabilidade e boa

qualidades (LENG et al., 2019) para serem cultivados durante a primeira safra e segunda safra.

A diversidade genética apresentada pelas linhagens, auxilia o melhorista a compreender linhagens endogâmicas com potencial para futuros cruzamentos, onde a próxima geração será superior as linhagens parentais.

4 CONCLUSÃO

As linhagens 5 e 31 podem ser inclusas no programa de melhoramento como receptoras de pólen, devido as suas maiores médias de produtividades de grãos.

Como doadora de pólen, pode se destacar as linhagens 6, 10, 16, 17,20, 23, 34, 60 que apresentaram maiores médias em diferentes variáveis e ambiente.

Através deste estudo é possível explorar a heterose através de cruzamentos controlados entre as linhagens e assim obter híbridos simples com ampla adaptabilidade e boa qualidades industriais para serem cultivados durante a primeira safra e segunda safra para região de Chapadões.

REFERÊNCIAS

AKINYOSOYE, S. T.; BALOGUN, M. O.; OLAKOJO, S. A. Heterosis of quality protein maize inbred lines for agronomic traits and association with genetic distances based on SSR and phenotypic markers. **Plant Gene**, v. 36, 1 dez. 2023.

AMZERI, A.; ULUM, R. Genetic improvement through mass selection in madura local maize (*Zea mays* L.), Indonesia. **Journal of Global Innovations in Agricultural Sciences**, v. 11, n. 3, p. 311–318, 2023.

CARNIMEO, E. S. G. et al. Principal component analysis for selection of superior maize genotypes. **Cientifica**, v. 48, n. 4, p. 357–362, 2020.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Último levantamento da safra 2023/2024 estima produção de grãos em 298,41 milhões de toneladas. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/5728-ultimo-levantamento-da-safra-2023-2024-estima-producao-de-graos-em-298-41-milhoes-de-toneladas>>. Acesso em: 24 Set. 2024

CREVELARI, J. A. et al. Correlations between agronomic traits and path analysis for silage production in maize hybrids. **Bragantia**, v. 77, n. 2, p. 243–252, 1 abr. 2018.

- CRUZ, C. D. GENES - Software para análise de dados em estatística experimental e em genética quantitativa. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013.
- DOS SANTOS, L. O. F. et al. Trends in Precipitation and Air Temperature Extremes and Their Relationship with Sea Surface Temperature in the Brazilian Midwest. **Atmosphere**, v. 14, n. 3, 1 mar. 2023.
- DUBOIS, M. et al. Colorimetric Method for Determination of Sugars and Related Substances. **Analytical chemistry**, v. 28, n. 3, p. 350-356, 1956.
- FEDERER, W. F. Experimental design. **LWW**, v. 81, n. 4, p. 334, 1956
- FILHO, A. C.; TOEBE, M. Precision of Principal Component Analysis in a Larger Phenotypic Data Sets of Maize. 2022.
- FRITSCHÉ-NETO, R. et al. Atualização da proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 34, n. 1, p. 99–101, 2012.
- HACUÑA, H. ; GERARDO TAPIA, . ; LUIS INOSTROZA, . Strategies for Selecting Drought Tolerant Germplasm in Forage Legume Species. **Water Stress, In Tech, Croatia**, p. 277-300, 2012.
- HU, S. et al. Genetic basis of kernel starch content decoded in a maize multi-parent population. **Plant Biotechnology Journal**, v. 19, n. 11, p. 2192–2205, 1 nov. 2021.
- KAUSCH, A. P. et al. Maize transformation: history, progress, and perspectives. Molecular Breeding. **Springer Science and Business Media B.V.**, 1 jun. 2021.
- LENG, Y. et al. Heterotic grouping based on genetic variation and population structure of maize inbred lines from current breeding program in Sichuan province, Southwest China using genotyping by sequencing (GBS). **Molecular Breeding**, v. 39, n. 3, 1 mar. 2019.
- MARTINEZ, E. L.; FERNANDEZ, F. J. B. Economics of Production, Marketing and Utilization. **Corn: Chemistry and Technology, 3rd Edition**, p. 87–107, 1 jan. 2019.
- NDOLI, A. et al. Do open-pollinated maize varieties perform better than hybrids in agroforestry systems? **Experimental Agriculture**, v. 55, n. 4, p. 649–661, 1 ago. 2019.
- PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; FACHINI, C.; RODRIGUES, C. S. Innovation and specialty maize breeding for market niches in the state of são paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 19, p. 19, 22 dez. 2020.
- PATTHAWARO, P. et al. Inbred-hybrid relationship and heterosis on agronomic traits in bi-color sweet and waxy corn. **Biodiversitas**, v. 24, n. 11, p. 6351–6359, 2023.
- PILAU, F. G. et al. Why may consider rainfall space-time variability in Precision Agriculture? 2023.
- R CORE TEAM, R. R: A language and environment for statistical computing. 2013.

SANTOS, T. P.; NÓBREGA, M. A. DA. The influence of El Niño and La Niña phenomena in Brazil: The case of the rainfall distribution of the municipality of Vitória da Conquista in the state of Bahia. **Seven Editora**, 2023.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, p. 507–512, 1974.

TSE, T. J.; WIENS, D. J.; REANEY, M. J. Production of Bioethanol-A Review of Factors Affecting Ethanol Yield. v. 7, p. 268, 2021.

WANG, Y. Z. et al. QTL detection for grain oil and starch content and their associations in two connected F 2: 3 populations in high-oil maize. **Euphytica**, v. 174, p. 239-252, 2010.

YADAVA, P. et al. Advances in maize transformation technologies and development of transgenic maize. **Frontiers in Plant Science Frontiers Media S.A.**, 6 jan. 2017.

YADAV, P. K. et al. Morpho-physiological Characterization of Maize (*Zea mays* L.) Genotypes against Drought. **Biological Forum-An International Journal**, v. 14, n. 2, p. 573, 2022.