

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**VARIABILIDADE DE CARACTERES NUTRICIONAIS  
E DE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM  
CULTIVARES DE MILHO**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO**

**Bruna Mendonça Alves**

**Santa Maria, RS, Brasil.**

**2013**

**VARIABILIDADE DE CARACTERES NUTRICIONAIS  
E DE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM  
CULTIVARES DE MILHO**

**Bruna Mendonça Alves**

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Agronomia.**

**Orientador: Prof. Dr. Alberto Cargnelutti Filho**

**Santa Maria, RS, Brasil.**

**2013**

Ficha catalográfica elaborada através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Central da UFSM, com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Alves, Bruna Mendonça  
Variabilidade de caracteres nutricionais e de  
produtividade de grãos em cultivares de milho / Bruna  
Mendonça Alves.-2013.  
76 p.; 30cm

Orientador: Alberto Cargnelutti Filho  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa  
Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós-  
Graduação em Agronomia, RS, 2013

1. Zea mays L. 2. Divergência genética 3. Distância  
generalizada de Mahalanobis 4. Análise de agrupamento I.  
Cargnelutti Filho, Alberto II. Título.

**Universidade Federal de Santa Maria  
Centro de Ciências Rurais  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia**

**A Comissão Examinadora, abaixo assinada,  
aprova a Dissertação de Mestrado**

**VARIABILIDADE DE CARACTERES NUTRICIONAIS E DE  
PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM CULTIVARES DE MILHO**

elaborada por  
**Bruna Mendonça Alves**

como requisito parcial para obtenção do grau de  
**Mestre em Agronomia**

**COMISSÃO EXAMINADORA:**

---

**Alberto Cargnelutti Filho, Dr. (UFSM)  
(Presidente/Orientador)**

---

**Alessandro Dal'Col Lúcio, Dr. (UFSM)**

---

**Leandro Homrich Lorentz, Dr. (UNIPAMPA)**

Santa Maria, 19 de fevereiro de 2013.

## **DEDICATÓRIA**

Aos meus pais, **Luiz Augusto e Marilene**

E a minha irmã, **Darlene**

**Dedico este trabalho!**

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus pela vida e pela sabedoria.

Aos meus pais, Luiz Augusto Franco Alves e Marilene Mendonça Alves e a minha irmã Darlene Mendonça Alves, pelo exemplo de caráter, dedicação e amor incondicional; agradeço o incentivo, por estarem sempre ao meu lado apesar da distância, acreditando em mim e apoiando na realização de mais essa conquista. Amo vocês!

Ao meu amor Luis Henrique Ereno, pela amizade, paciência, compreensão, e por estar sempre ao meu lado.

Aos meus avós e tios, que mesmo longe sempre torceram pelo meu sucesso.

Ao meu orientador, professor Dr. Alberto Cargnelutti Filho, pelo exemplo, pela amizade, pelos ensinamentos, pela orientação, pela oportunidade de fazer parte do seu grupo de pesquisa, pela paciência e incentivo pela busca do conhecimento.

A professora Leila Picolli da Silva, pela dedicação, amizade, por estar presente desde o início dessa jornada na pesquisa, me incentivando e mostrando os melhores caminhos.

A Universidade Federal de Santa Maria e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia.

A empresa Adisseo Brasil pela realização das análises laboratoriais.

A coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus amigos e colegas do setor de experimentação: Cláudia Burin, Gabriele Casarotto, Marcos Toebe, Giovani Facco, Gustavo Oliveira dos Santos, André Luis Fick, Reges Belle Stefanello, Ismael Neu e Anelise Alves Mariano Varela e todos os demais componentes do grupo.

Aos funcionários do departamento de fitotecnia, em especial ao João Colpo.

A todos, o meu muito obrigada!

## RESUMO

Dissertação de Mestrado  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia  
Universidade Federal de Santa Maria

### **VARIABILIDADE DE CARACTERES NUTRICIONAIS E DE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM CULTIVARES DE MILHO**

AUTORA: BRUNA MENDONÇA ALVES

ORIENTADOR: ALBERTO CARGNELUTTI FILHO

Data e Local da Defesa: Santa Maria, 19 de fevereiro de 2013

O presente trabalho teve como objetivos, verificar se há variabilidade genética, em relação aos caracteres nutricionais e à produtividade de grãos, entre as cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e transgênicas de milho, e, existindo variabilidade, avaliar a divergência genética entre as cultivares com a finalidade de selecionar cultivares para cruzamentos. Foram utilizados os dados de três experimentos conduzidos na safra agrícola 2009/2010, na área experimental do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Santa Maria. Nesses experimentos, foram avaliadas 76 cultivares de milho, sendo 36 de ciclo precoce, 22 de ciclo superprecoce e 18 cultivares transgênicas. Em cada experimento, após a colheita, em cada uma das três repetições de cada cultivar, foram mensuradas as seguintes variáveis: produtividade de grãos, proteína bruta, lisina, metionina, cisteína, treonina, triptofano, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina, arginina, extrato etéreo, amido e amilose em porcentagem da matéria bruta (%MB). Para cada experimento, foi realizada a análise de variância de cada variável, conforme o modelo matemático de blocos ao acaso. As médias das cultivares foram comparadas por meio do teste de Scott-Knott. Para cada experimento foi realizada a análise de agrupamento. Para isso, inicialmente foi feito o descarte de variáveis em três etapas: 1) retirada de variáveis sem efeito significativo para cultivar (teste F da ANOVA); 2) retirada de variáveis causadoras de multicolinearidade na matriz de correlação entre as variáveis e; 3) descarte de variáveis por meio da análise de componentes principais. Após, com as variáveis que permaneceram. Com as variáveis que permaneceram foi determinada a matriz de distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) e o agrupamento das cultivares foi realizado por meio do método UPGMA. Posteriormente, foi construído um dendrograma e calculado o coeficiente de correlação cofenética (CCC). Para testar a hipótese da diferença entre os perfis de médias de cada grupo, para cada experimento, foi realizada a análise de variância multivariada. Há variabilidade entre as cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas em relação à produtividade de grãos e aos caracteres nutricionais de grãos de milho. O amido não apresentou variabilidade em cultivares de ciclo precoce e cultivares transgênicas e a variável metionina para cultivares transgênicas. Com base nas variáveis produtividade de grãos, proteína bruta e amilose, foram formados três grupos para as cultivares de ciclo precoce, três grupos para as cultivares de ciclo superprecoce e dois grupos para as cultivares transgênicas.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L. Divergência genética. Distância generalizada de Mahalanobis. Análise de agrupamento.

## ABSTRACT

Master Dissertation  
Programa de Pós-graduação em Agronomia  
Universidade Federal de Santa Maria

### VARIABILITY OF NUTRITIONAL AND PRODUCTIVITY CHARACTERS OF GRAINS IN MAIZE CULTIVARS

AUTHOR: BRUNA MENDONÇA ALVES

ADVISOR: ALBERTO CARGNELUTTI FILHO

Local and Date: Santa Maria/RS, February 19<sup>th</sup>, 2013

This study aimed to verify whether there is genetic variability regarding nutritional and productivity characters of grains among cultivars of early cycle, very early cycle and transgenic maize and whether variability exists, discuss the differences among the cultivars, in order to select cultivars for crossing. It was used data of three experiments conducted during the harvest 2009/2010, at the experimental area of the Plant Science Department of the Federal University of Santa Maria. During these experiments were analyzed 76 maize cultivars, being 36 of early cycle, 22 of very early cycle and 18 of transgenic cultivar. In each experiment, after the harvest, in each of the three replicates of each cultivar, it was measured the following variables: grain productivity, crude protein, lysine, methionine, cysteine, threonine, tryptophan, valine, isoleucine, leucine, phenylalanine, histidine, arginine, ether extract, starch and amylose in percentage of crude material. For each experiment, it was made an analysis of variance of each variable, according to a randomized block design. The averages of cultivars were compared by using Scott-Knott test. For each experiment was used the cluster analysis. Initially, discarding of variables was done in three steps: 1) Removal of variables without significant importance for the cultivar (F test of ANOVA), 2) Removal of variables that increase multicollinearity in the correlation matrix among the variables and 3) Removal of variables by main components analysis. With the remaining variables was determined the Mahalanobis distance matrix (D<sup>2</sup>) and the cultivar clustering was done by using UPGMA method. Posteriorly, it was built a dendrogram and calculated the cophenetic correlation coefficient. In order to test the hypothesis of differences among the average profile, for each experiment, it was calculated the evaluation of multivariate analysis of variance. There is variability among the early cycle, very early cycle and transgenic cultivars regarding grain productivity and nutritional characters in maize. Except starch which showed no variability in early cycle cultivar and transgenic cultivar, and methionine variables for transgenic cultivars. Based on variables grain productivity, crude protein and amylose, three groups were formed for early maturity cultivars, three groups for very early cycle cultivars and two groups for transgenic cultivars.

**Keywords:** *Zea mays* L.. Genetic divergence. Mahalanobis generalized distance. Cluster analysis.



## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 – Número, nome, base genética, procedência e textura do grão de cultivares de milho de ciclo precoce avaliadas no ano agrícola de 2009/2010. ....28
- Tabela 2 – Número, nome, base genética, procedência e textura do grão de cultivares de ciclo superprecoce de milho avaliadas no ano agrícola de 2009/2010. ....29
- Tabela 3 – Número, nome, base genética, procedência e textura do grão de cultivares transgênicas de milho avaliadas no ano agrícola de 2009/2010. ....29
- Tabela 4 – Resultados dos testes de normalidade dos erros pelo teste de Kolmogorov-Smirnov e homogeneidade de variâncias residuais pelo teste de Levene para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 36 cultivares de ciclo precoce, 22 cultivares de ciclo superprecoce e 18 cultivares transgênicas. ....34
- Tabela 5 – Resumo da análise de variância (número de graus de liberdade (GL) e quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro), média, coeficiente de variação experimental (CV%), acurácia seletiva (AS) e precisão experimental, para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 36 cultivares precoce de milho obtidas na safra 2009/2010. ....38
- Tabela 6 – Resumo da análise de variância (número de graus de liberdade (GL) e quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro), média, coeficiente de variação experimental (CV%), acurácia seletiva (AS) e precisão experimental, para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose

	(AML) em %MB de 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho obtidas na safra 2009/2010.....	41
Tabela 7 –	Resumo da análise de variância número de graus de liberdade (GL) e quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro), média, coeficiente de variação experimental (CV%), acurácia seletiva (AS) e precisão experimental, para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 18 cultivares transgênicas de milho obtidas na safra 2009/2010. ....	43
Tabela 8 –	Médias de produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB , metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB de 36 cultivares precoces de milho obtidas na safra 2009/2010.....	45
Tabela 9 –	Médias isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 36 cultivares precoces de milho obtidas na safra 2009/2010.....	46
Tabela 10 –	Médias de produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB , metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB de 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho obtidas na safra 2009/2010. ....	47
Tabela 11 –	Médias de isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho obtidas na safra 2009/2010.....	48
Tabela 12 –	Médias de produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB , metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB de 18 cultivares transgênicas de milho obtidas na safra 2009/2010. ....	49
Tabela 13 –	Médias de isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 18 cultivares transgênicas de milho obtidas na safra 2009/2010. ....	50

Tabela 14 – Número de grupos formados pelo teste de Scott-Knott em nível de 5% de probabilidade de erro, para os experimentos em que foram avaliadas cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB. ....	51
Tabela 15 – Diagnóstico de multicolinearidade para os experimentos em que foram avaliadas cultivares de ciclo precoce, ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, no ano agrícola 2009/2010. ....	52
Tabela 16 – Percentual da variação total explicada pelas componentes principais (CP) e o conjunto de autovetores associados para as 36 cultivares de ciclo precoce avaliadas no ano agrícola 2009/2010.....	53
Tabela 17 – Percentual da variação total explicada pelas componentes principais (CP) e o conjunto de autovetores associados para as 22 cultivares superprecoce avaliadas no ano agrícola 2009/2010.....	54
Tabela 18 – Percentual da variação total explicada pelas componentes principais (CP) e o conjunto de autovetores associados para as 18 cultivares transgênicas avaliadas no ano agrícola 2009/2010. ....	54
Tabela 19 – Comparação de médias entre grupos para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 36 cultivares de ciclo precoce de milho classificadas dentro de cada grupo formado pelo método UPGMA. ....	59
Tabela 20 – Comparação de médias entre grupos para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho classificadas dentro de cada grupo formado pelo método UPGMA. ....	59
Tabela 21 – Comparação de médias entre grupos para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha-1, proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 18 cultivares transgênicas de milho classificadas dentro de cada grupo formado pelo método UPGMA. ....	59

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis entre 36 cultivares de ciclo precoce de milho agrupados a partir da produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB. (Coeficiente de correlação cofenética = 0,63 e significativo a 5% de probabilidade de erro).....56
- Figura 2 – Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis entre 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho agrupados a partir da produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB. (Coeficiente de correlação cofenética = 0,68 e significativo a 5% de probabilidade de erro). .....57
- Figura 3 – Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis entre 18 cultivares transgênicas de milho agrupados a partir da produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB. (Coeficiente de correlação cofenética = 0,73 e significativo a 5% de probabilidade de erro).....58
- Figura 4 – Perfil de média das variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB de cultivares de ciclo precoce de milho em cada grupo. ....60
- Figura 5 – Perfil de média das variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB de cultivares de ciclo superprecoce de milho em cada grupo. ....61
- Figura 6 – Perfil de média das variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB de cultivares transgênicas de milho em cada grupo.....62

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>13</b>
<b>2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....</b>	<b>15</b>
2.1 Cultura de milho ( <i>Zea mays L.</i> ) .....	15
2.2 Determinação e composição nutricional de grãos de milho .....	16
2.3 Divergência genética .....	19
2.3.1 Diagnóstico de multicolinearidade .....	20
2.3.2 Análise de componentes principais .....	21
2.3.3 Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) .....	22
2.3.4 Análise de agrupamento.....	23
2.3.5 Método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA) .....	24
2.3.6 Validação dos agrupamentos .....	25
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>27</b>
3.1 Instalação e condução dos experimentos .....	27
3.2 Caracterização nutricional dos grãos .....	30
3.3 Análise estatística .....	31
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>33</b>
<b>5 CONSIDERAÇÕES FINAIS .....</b>	<b>63</b>
<b>6 CONCLUSÕES .....</b>	<b>66</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>67</b>

# 1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma planta da família Poaceae, originária da América Central, sendo cultivada em praticamente todas as regiões do mundo, nos hemisférios norte e sul, em climas úmidos e regiões secas. No Brasil, a cultura é destaque na produção, sendo responsável por colocar o país como terceiro no ranking mundial de área semeada e de produção de milho, atrás apenas dos Estados Unidos da América (primeiro) e da China (segundo) (FAOSTAT, 2010).

É um dos cereais mais cultivados e consumidos mundialmente, e sua importância está associada à versatilidade em sua utilização, pois é considerado um alimento energético para dietas humanas e animais, com potencial para ser aproveitado também como fonte protéica (PAES, 2006). Devido seu potencial produtivo, assume importante papel socioeconômico, considerado indispensável como matéria-prima, para diversos complexos agroindustriais dentre eles a alimentação humana e animal (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2000).

O melhoramento genético na cultura do milho está voltado, principalmente, para o aumento na produtividade de grãos e de outras características agrônômicas desejáveis como por exemplo estatura de planta e altura da inserção da espiga. Isso fez com que o milho perdesse valor nutricional, ocorrendo, especialmente, diminuição nos teores de proteína e de óleo nos grãos. Para Lima e Bellaver (1999), isso está relacionado à correlação negativa entre a produtividade de grãos e a percentagem dos teores de proteína e de óleo nos grãos

O valor nutricional dos grãos de milho, pode ser afetado por diversos fatores, entre eles as características genéticas da cultivar e o manejo do sistema de produção, principalmente, em relação ao nitrogênio aplicado, devido a esse nutriente estar altamente relacionado ao teor de proteína nos grãos (LEA; AZEVEDO, 2006). Com isso, é importante e necessário desenvolver estudos para solucionar os vários problemas que envolvem esses fatores, buscando obter altas produtividades de grãos, com elevada qualidade nutricional dos mesmos. Estudos tem sido realizados visando a melhoria da qualidade nutricional em grãos de milho (OLIVEIRA et al., 2004; RODRIGUES; CHAVES; PACHECO, 2006; HOUMARD et al., 2007; JESUS et al., 2008; MITTELMANN et al., 2011).

O cruzamento entre genótipos superiores, deve ser realizado entre os genótipos que apresentam as melhores características entre os grupos para resultar em maior ganho de heterose e de variabilidade genética. Para o estudo da divergência genética, técnicas multivariadas podem ser empregadas para a seleção de genótipos divergentes, de acordo com as características fisiológicas, morfológicas, produtivas e nutricionais. Para isso, métodos de agrupamento podem ser utilizados para facilitar a interpretação desta dissimilaridade, com a finalidade de separar um grupo original em subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos (HAIR et al., 2009). Conforme descrito por Cruz e Carneiro (2003), a diversidade genética entre genótipos com base nas características mensuradas, pode ser verificada a partir da distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). Essa distância  $D^2$ , pode ser estimada quando o experimento encontra-se sob delineamento experimental.

Diante do grande número de genótipos de milho existentes, provenientes de diferentes programas de melhoramento genético, e a falta de conhecimentos sobre a variabilidade genética das cultivares em relação aos caracteres nutricionais, o presente trabalho teve por objetivos verificar se há variabilidade genética em relação aos caracteres nutricionais e à produtividade de grãos, entre as cultivares de milho de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, e, existindo variabilidade, avaliar a divergência genética entre as cultivares com finalidade de selecionar cultivares para cruzamentos.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Cultura de milho (*Zea mays L.*)

O milho é uma gramínea pertencente a família das Poaceas, da tribo Maydeae, do gênero *Zea* e da espécie *Zea mays L.*. Pesquisadores têm demonstrado grande interesse pela origem da cultura, resultando em várias pesquisas, tornando assim o milho uma espécie altamente domesticada, que necessita de intervenção humana (BORÉM; MIRANDA, 2007).

É uma planta C4, que possui mecanismo fotossintético que utiliza o dióxido de carbono com mais eficiência. Apresenta uma estreita relação entre a produtividade de grãos e a sua capacidade de aproveitamento de energia solar, não apresentando saturação à radiação solar (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2004). Seu ciclo vegetativo varia entre 110 e 180 dias, de acordo com a caracterização dos genótipos em ciclos precoce, superprecoce ou normal. Período este que é compreendido desde a semeadura até a colheita (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2000).

É considerada uma das principais culturas agrícolas do Brasil em termos de volume produzido. Sua produção é destinada, principalmente, para a alimentação animal (aves e suínos). Superado apenas pelos Estados Unidos e pela China, o Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho. A área semeada no Brasil na safra 2011/2012 foi de 15,18 milhões de hectares, com uma produção de 72,98 milhões de toneladas, conferindo uma produtividade média de 4,81 t ha<sup>-1</sup>. Os maiores estados produtores são: Paraná, Mato Grosso, Goiás, Minas Gerais e Rio Grande do Sul, nessa ordem. O Rio Grande do Sul na safra 2011/2012, obteve uma produção de 3,34 milhões de toneladas, em uma área semeada de 1,1 milhões de hectares e uma produtividade média de 3,00 t ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2012).

A cultura de milho alcança elevados níveis de produtividade de grãos, quando cultivada em ambiente favorável e com técnicas de cultivo adequadas. Essa evolução se deve às crescentes pesquisas realizadas em diversas áreas, principalmente no melhoramento genético (GORGULHO; MIRANDA, 2001).



Há diversos híbridos de milho, e segundo Miranda Filho e Viégas (1987) são classificados e definidos como: 1) Híbrido simples: é o resultado do cruzamento de duas linhagens endogâmicas (A x B). Geralmente é mais produtivo do que outros tipos de híbrido, com uniformidade de plantas e espigas; 2) Híbrido duplo: é o cruzamento de dois híbridos simples [(A x B) x (C x D)], ou seja, quatro linhagens. Apresenta maior variabilidade genética quando comparado a outros híbridos, menor uniformidade de plantas e de espigas e menor produtividade de grãos; 3) Híbrido triplo: é o cruzamento de um híbrido simples (A x B) com uma terceira linhagem (C) que seja abundante em pólen, dando origem ao híbrido triplo [(A x B) x C]; e 4) Híbrido simples modificado: é parecido com o híbrido triplo formado pelo cruzamento de duas linhagens aparentadas (A x A') e como parental masculino uma linhagem B, originando o híbrido simples modificado [(A x A') x B], diminuindo principalmente o custo com a produção de sementes.

Além do tipo de híbrido, os grãos de milho também são classificados conforme a textura do grão, em que o endosperma é dividido em farináceo e vítreo, cada qual com suas características químico-físicas específicas. Os grãos de milho classificados como duro, apresentam uma maior proporção de endosperma vítreo, enquanto que os grãos de milho dentado ou mole apresentam maior proporção de endosperma farináceo (HOSENEY, 1994).

A grande demanda por alimentos faz com que, principalmente, os pesquisadores do melhoramento genético em milho, desenvolvam cultivares adaptadas às condições climáticas de cada ambiente, aliada a elevada produtividade de grãos e à qualidade nutricional dos mesmos, com isso é possível se reduzir custos, principalmente, na nutrição animal, onde o milho é muito utilizado.

## **2.2 Determinação e composição nutricional de grãos de milho**

A composição nutricional pode ser determinada com Espectroscopia de reflectância de infravermelho próximo (NIRS), que segundo Silva (2011) é a ferramenta ideal para a identificação de componentes tais como gordura, proteína bruta, umidade, fibras, açúcares e amido. Essa técnica não destrutiva permite que as análises nutricionais dos grãos sejam realizadas simultaneamente, com grande

reprodutibilidade e precisão, em menos de um minuto, proporcionando um melhor controle de qualidade e considerável redução de custos (SILVA, 2011). Vários trabalhos mostram que a técnica NIR já está bem estabelecida na análise de cereais e alimentos (MURRAY; GARRIDO, 1990; GIVENS et al., 1991; DARDENNE et al., 1993; KRISHNAN et al., 1994).

O milho, dentre os cereais, é o mais empregado na nutrição animal, e para uma adequada formulação das rações é necessário conhecer o seu valor nutricional. A sua composição varia de acordo com o tipo de semente, de solo, da adubação e com as condições climáticas (MCKEVITH, 2004). O grão de milho pode ser dividido em três partes: pericarpo, endosperma e embrião. Cada fração, pode ter sua composição química alterada. Seja na organização do material genético, sua qualidade e por fatores ambientais aos quais os grãos são expostos incluindo a colheita, o manuseio e o armazenamento. Os nutrientes encontram-se distribuídos de forma variada entre as estruturas morfológicas do grão. O endosperma caracteriza-se por ser a maior fração do grão (83%) e concentra 75% das proteínas e 98% dos carboidratos que são constituídos principalmente por amido (PAES, 2006).

Nos grãos de milho o amido apresenta-se como carboidrato de reserva. É o principal responsável pelas propriedades tecnológicas que caracterizam grande parte dos produtos processados. O amido, contribui para diversas propriedades de textura em alimentos, possuindo aplicações industriais como espessante, estabilizador de colóides, agente gelificante e de volume, adesivo, na retenção de água, dentre outros (SINGH et al., 2003). A forma estrutural do amido é um homopolissacarídeo, composto por cadeias de amilose e amilopectina. Sendo que a amilose é constituída por unidades de glicose unidas por ligações glicosídicas  $\alpha$ - 1,4, formando uma cadeia linear. Já a amilopectina é constituída por unidades de glicose unidas em  $\alpha$ - 1,4 e  $\alpha$ - 1,6, formando uma estrutura ramificada (ELIASSON, 2004; TESTER; KARKALAS; QI, 2004).

Em grãos de milho os teores de amido encontrados foram 75,70% (FREITAS et al., 2005), 65% a 66% (GURIA, 2006), 66,25% e 73,45% (RODRIGUES et al., 2001). Já o teor de amilose encontrado por Van Soest (1994) em milho foi de 28%.

Depois do amido, o componente mais expressivo é a proteína. As proteínas são polímeros de alto peso molecular, cujas unidades básicas são os aminoácidos ligados entre si por ligações peptídicas formando longas cadeias, em várias

estruturas geométricas e combinações químicas para formar as proteínas específicas, cada qual com sua própria especificidade fisiológica. São macromoléculas presentes em todas as células dos organismos vivos, como construtoras da estrutura corpórea e catalisadoras de reações metabólicas (LENHINGER; NELSON; COX, 1995).

As proteínas do milho são divididas em: albuminas, globulinas (proteínas solúveis), prolaminas e glutelinas, distribuídas em todas as partes dos grãos, porém a maior quantidade está no endosperma (75%), mas a maior concentração está no germe (SGARBIERI, 1996).

No grão de milho, a proteína representa, aproximadamente, 10% do peso do grão, e, é constituída por albuminas, globulinas, glutelinas e prolaminas. As albuminas e globulinas são proteínas estruturais, enquanto as glutelinas e prolaminas são proteínas de reserva. As prolaminas, conhecidas em milho como zeínas, juntamente com as glutelinas representam 90% do total de proteína no grão em plena maturação fisiológica. A zeína é considerada rica em leucina, metionina, alanina, prolina, glutamina e pobre em lisina e triptofano e as glutelinas são ricas em lisina e triptofano. As prolaminas e zeínas, iniciam seu acúmulo no endosperma, desde o início de enchimento de grãos até à maturação fisiológica, formando uma matriz protéica as glutelinas e em corpos protéicos as zeínas. Já as albuminas, que são as responsáveis pelo acúmulo de amido, estão presentes, desde a fecundação do ovário (SATORRE, et al., 2010).

Em trabalhos realizados com grãos de milho, os teores de proteína bruta encontrados foram de 7,33% a 8,27% (FURLAN et al., 1998; D'AGOSTINI et al., 2004; FREITAS et al., 2005; SANTOS et al., 2005; CASTRO et al., 2009). Em grãos de milho semi dentado o valor encontrado foi de 7,69% (CANTARELLI et al., 2007). Já em grãos de milho alto óleo e milho alta lisina os valores de proteína bruta foram de 8,27% e 8,26%, respectivamente (ROSTAGNO et al. 2011).

A qualidade da proteína depende do seu perfil aminoacídico. Os aminoácidos são formados por carbono, hidrogênio, oxigênio, nitrogênio e, ocasionalmente, por enxofre e são as unidades estruturais básicas de todas as proteínas (LENHINGER, 1995). Os cereais em geral são pobres em aminoácidos essenciais como lisina, triptofano e treonina, sendo a lisina o aminoácido mais limitante na dieta dos animais ruminantes.

O uso de fertilizantes nitrogenados na cultura do milho, proporciona aumento na produtividade de grãos, no conteúdo relativo de proteínas (PIERRE et al., 1977), e no conteúdo de aminoácido lisina nos grãos (KNIEP; MASON, 1999). O que seria interessante, visto que o milho possui um valor nutricional bastante limitado para humanos e animais por ser deficiente em aminoácidos essenciais, especialmente lisina (NELSON, 1969).

Em estudo desenvolvido por Rostagno et al. (2011), avaliando a presença de aminoácidos em grãos de milho, encontraram em percentagem de matéria bruta 0,24% lisina, 0,17% metionina, 0,19% cisteína, 0,32% treonina, 0,07% triptofano, 0,40% valina, 0,29% isoleucina, 1,02% leucina, 0,41% fenilalanina, 0,26% histidina, 0,39% arginina.

Outro componente importante, presente no grão de milho, são os lipídeos (extrato etéreo), que são compostos pouco solúveis ou até mesmo insolúveis em água e solúveis em compostos orgânicos como éter etílico, éter de petróleo e clorofórmio (RODRIGUES, 2010). O aumento na concentração de lipídios nos grãos de milho, pode representar uma redução dos custos de produção, dos quais a alimentação animal e humana representam uma parte importante da destinação dos grãos de milho (NORDSTRON; BEHREND; MEADE, 1972).

Os valores de lipídeos (extrato etéreo) oscilaram entre 2,55% e 5,69% em trabalhos realizados por Garcia-Lagombra e Harbers (1991), Lima et al. (2003) e Castro et al. (2009). Em estudo realizado por Cantarelli et al. (2007), com cultivar de milho alto óleo o valor de extrato etéreo foi 5,75%.

### **2.3 Divergência genética**

O estudo da divergência genética é base de qualquer programa de melhoramento genético. Nesse estudo, dificuldades são encontradas, em que uma delas consiste em definir os progenitores a serem cruzados. É necessário conhecer os problemas da cultura, na região em que se deseja cultivar os progenitores, possibilitando uma escolha inicial de progenitores, que possuam características de interesse superiores e que sejam adaptadas a região (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRI, 2011).

A análise da divergência genética visa identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, o que possibilita a formação de genótipos superiores. Dentre os métodos biométricos que se destinam a avaliação da divergência genética citam-se as análises dialélicas, que avaliam a heterose manifestada nos híbridos. Porém, nessas análises é necessário avaliar todas as combinações híbridas, o que pode inviabilizar o estudo, em caso de elevado número de genitores (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A divergência genética também pode ser avaliada por meio de métodos preditivos, que dispensam a obtenção dos híbridos, o que facilita a análise da divergência genética. Para a predição da divergência genética, podem ser usados métodos multivariados, dentre eles os componentes principais, métodos aglomerativos e a análise de variáveis canônicas. A escolha do método depende da precisão desejada pelo pesquisador e da forma com que os dados são obtidos (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

O sucesso dos programas de melhoramento, direcionados a melhorias na qualidade nutricional de grãos de milho associada à produtividade de grãos, depende, essencialmente, da existência de variabilidade genética a ser explorada pela seleção. No estudo da divergência genética, a análise multivariada tem sido uma ferramenta intensivamente utilizada em várias culturas, como o milho (DOTTO et al., 2010; OLIBONI et al., 2012; PAIXÃO, 2008; ROTILI et al., 2012; SIMON; KAMADA; MOITEIRO, 2012;), mandioca (CAMPOS, et al. 2010), linhagens de melão pele de sapo (NUNES, et al., 2011) e soja (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRI, 2011).

### 2.3.1 Diagnóstico de multicolinearidade

A multicolinearidade, denota que duas ou mais variáveis independentes estão altamente correlacionadas, de modo que uma variável pode ser altamente explicada pela(s) outra(s) variável(eis), acrescentando pouco na explicação do conjunto de variáveis como um todo (HAIR et al., 2009).

Em análise de agrupamento, o diagnóstico de multicolinearidade é um pressuposto básico a ser atendido, visto que as variáveis multicolineares são implicitamente ponderadas com maior peso (BARROSO; ARTES, 2003; HAIR, et al.,

2009).

O grau de multicolinearidade da matriz de correlação pode ser estabelecido com base no seu número de condição (NC), que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação. Assim, quando o número de condição é menor que 100, a multicolinearidade é fraca e não ocasiona problema para análise; quando situa-se entre 100 e 1000, a multicolinearidade é de moderada a forte; e quando é maior que 1000 a multicolinearidade é severa (MONTGOMERY; PECK, 1982).

O diagnóstico de multicolinearidade, em análise de agrupamento foi utilizado em milho por Cargnelutti Filho e Guadagnin, (2011) que apresentou multicolinearidade fraca, não sendo necessário o descarte de variáveis e um estudo realizado por Cargnelutti Filho, Storck e Ribeiro (2009), avaliando a análise de agrupamento de cultivares de feijão em presença e em ausência de multicolinearidade, concluíram que o efeito da multicolinearidade deve ser contornado para proporcionar padrões de agrupamentos adequados.

### 2.3.2 Análise de componentes principais

A técnica dos componentes principais é uma análise multivariada importante no melhoramento genético, que consiste em transformar um conjunto original de variáveis em outro conjunto de dimensão equivalente, que possuem propriedades de reter o máximo da variação inicialmente disponível e ser independentes entre si com mínima perda de informação (CRUZ; REGAZZI, 1997). Essa técnica também permite simplificar um conjunto de  $n$  variáveis em poucos componentes, proporcionando uma considerável simplificação dos cálculos e interpretação dos resultados, principalmente quando se tem um grande número de variáveis (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Além disso, a técnica de componentes principais possibilita a avaliação da importância de cada variável em estudo sobre a variação total entre os genótipos. Geralmente é utilizada em estudos de diversidade genética, mas também pode ser utilizada com a finalidade de auxiliar na identificação de caracteres que menos contribuem na discriminação de genótipos e eliminar variáveis que mais contribuem nos últimos componentes principais (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Em trabalho realizado por Dovale, Fritsche-Neto e Silva (2011) em milho, a técnica de componentes principais foi empregada com a finalidade de eliminar variáveis que menos contribuíram para a divergência genética entre os híbridos.

### 2.3.3 Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ )

A Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) é uma medida que explica as correlações entre variáveis de uma maneira que pondera igualmente cada uma delas (HAIR et al., 2009). Leva em consideração à correlação residual entre os caracteres, podendo seu valor ser estimado a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (matriz de dispersão) ou a partir de dados transformados. Quando se dispõe de informações provenientes de ensaios experimentais é possível se obter a matriz de dispersão residual e as médias das características (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Em estudo realizado por Dotto et al. (2010), avaliando a divergência genética entre 24 cultivares comerciais de milho, a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), foi utilizada como base para a análise de agrupamento das cultivares, formando oito grupos. Essa grande divergência genética encontrada entre as cultivares é, principalmente, devida a sua origem e a composição genética entre elas (cultivares de polinização aberta, híbridos simples, duplos e triplos). Já em estudo desenvolvido por Miranda et al. (2003) avaliando o potencial de melhoramento e a divergência genética de cultivares de milho-pipoca, observaram que as estimativas das distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D^2$ ) indicaram com clareza os pares de cultivares mais distantes e os mais similares geneticamente.

Segundo Paixão et al. (2008), em pesquisa realizada em divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes, utilizaram a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) para a identificação dos grupos na análise de agrupamento, e concluíram que, existe baixa divergência genética entre as populações de milho avaliadas, não havendo diferença estatística significativa entre os genótipos avaliados quanto à produtividade de grãos.

Em estudo realizado por Oliboni et al. (2012), avaliando a divergência genética e as correlações com heterose e capacidade de combinação de 12 híbridos

de milho e 66 cruzamentos obtidos entre eles, em que distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada como base para a formação dos grupos na análise de agrupamento, afirmaram que a divergência genética é necessária para heterose, no entanto, não é suficiente para assegurar heterose em alto nível.

#### 2.3.4 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir por critério de classificação, os genitores em vários grupos, de tal forma que exista elevada homogeneidade dentro do grupo e elevada heterogeneidade entre os grupos, minimizando a variação dentro e maximizando a variância entre os grupos (CRUZ; REGAZZI, 1997; BERTAN et al., 2006).

A análise de agrupamento, permite classificar  $n$  híbridos avaliados em um conjunto de  $p$  variáveis, com o objetivo de separar os híbridos em grupos, de forma a permanecer no mesmo grupo os híbridos mais semelhantes. É uma técnica bastante utilizada no início de programas de melhoramento genético, pois facilita a escolha de parentais mais dissimilares, associados a alta variabilidade dos caracteres de interesse do pesquisador, levando a geração de uma população segregante, com alta probabilidade de apresentar as características de interesse do pesquisador, bem como reduzir o tempo e os custos em um programa de melhoramento (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A identificação visual de grupos homogêneos a partir das estimativas de dissimilaridades entre genótipos é difícil. Para isso métodos de agrupamentos podem ser utilizados para realizar estas interpretações, tornando o exame visual das medidas mais simplificadas.

Dentre os métodos mais usados citam-se os métodos hierárquicos e os de otimização, sendo os primeiros os mais utilizados (CRUZ; REGAZZI, 1997). Nos métodos hierárquicos, os genitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma, no qual é realizado um corte, definido pelo pesquisador, com a finalidade de separar as cultivares conforme a divergência genética existente. O dendrograma é útil na visualização das semelhanças entre os genitores, sendo quanto menor a distância entre os mesmos



maior a semelhança (CRUZ; REGAZZI, 1997). Cruz (1990) recomenda que o corte seja feito onde possa ser observada mudança brusca de nível.

Existem alguns estudos com métodos objetivos para a formação dos grupos, dentre os poucos existentes, o de Mojena (1977), é um procedimento baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma. O outro método objetivo é o RMSSTD (*Root Mean Square Standard Deviation*), que realiza por meio da análise gráfica dos valores da raiz quadrada do desvio padrão médio. Em trabalho realizado por Faria et al. (2012), avaliando os métodos de agrupamento em estudo da divergência genética entre 49 acessos de pimentas, concluíram que o método RMSSTD apresentou maior poder de discriminação dos grupos, quando comparado ao método Mojena e o método de Tocher.

A análise de agrupamento foi empregada em diversos trabalhos realizados em milho (MIRANDA et al., 2003; COIMBRA et al., 2010; CARGNELUTTI FILHO e GUADAGNIN, 2011; ROTILI et al., 2012; SIMON; KAMADA; MOITEIRO, 2012).

### 2.3.5 Método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA)

Dentre os métodos hierárquicos, o da ligação média entre grupo (UPGMA) (“Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages”), é o mais comumente utilizado (MOHAMMADI et al., 2003), empregados nos estudos de divergência genética, não havendo preocupação com o número de grupos formados (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ; CARNEIRO, 2003). Esse método proporciona pesos iguais a cada genótipo do grupo calculando a similaridade média de um genótipo que pretende se juntar ao grupo existente Também não considera a estrutura de subdivisão do grupo, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os genótipos (MEYER, 2002).

Em trabalho desenvolvido por Cargnelutti Filho e Guadagnin (2011), com base em resultados obtidos em 69 experimentos de competição de cultivares de milho, concluíram que o método da ligação média entre grupo (UPGMA), foi o mais eficiente na consistência do padrão de agrupamento de cultivares de milho.

Em estudo realizado por Silva et al. (2009), com milho pipoca, observaram que o método UPGMA foi considerado superior aos métodos de Tocher e ao

métodos hierárquico do vizinho mais próximo e do vizinho mais distante. Em trabalho desenvolvido por Cargnelutti Filho et al. (2008), comparando métodos de agrupamento em feijão, verificaram que o método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA), forma grupos concordantes e coerentes com a origem genética do germoplasma avaliado. Para os autores Dias (1998) e Arriel et al. (2006) o método UPGMA é relatado como superior para o agrupamento no estudo de divergência genética.

### 2.3.6 Validação dos agrupamentos

A validação dos agrupamento tem por objetivo estabelecer qual partição possui uma melhor estrutura de agrupamento em um conjunto de dados. A validação é realizada para verificar a capacidade do dendrograma em reproduzir as matrizes de dissimilaridade (HAIR et al., 2009).

O coeficiente de correlação cofenética é utilizado para avaliar a consistência do padrão de agrupamento em métodos de agrupamentos hierárquicos. O coeficiente de correlação cofenética, é obtido comparando-se as matrizes de dissimilaridade geradas com a representação gráfica dos agrupamentos, assim quanto mais próximo de 1, menor será a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos com os métodos (BARROSO; ARTES, 2003; CRUZ; CARNEIRO, 2003). Em trabalho realizado por Cargnelutti Filho e Guadagnin (2011), o coeficiente de correlação cofenética foi utilizado para verificar a consistência do padrão de agrupamento.

Os métodos multivariados da análise de variância, denominados de MANOVA (multivariate analysis of variance), são aqueles em que se procura identificar diferenças significativas entre vetores de médias desses grupos (PONTES, 2005). A validação dos agrupamentos pode ser realizada pela MANOVA, devido a análise ser utilizada quando há mais de uma variável dependente avaliada, e o objetivo é analisar simultaneamente múltiplas medidas de cada variável. Assim, o foco primário da MANOVA é testar as diferenças de um conjunto de variáveis ou o perfil de médias destas devido às relações sobre uma ou mais variáveis controladas (HAIR et al., 2009).

Esta metodologia foi utilizada em trabalho realizado por Cargnelutti Filho et al. (2008), na cultura do feijão e revelou que o perfil de médias dos grupos foram diferentes. Em estimativas de tamanho de parcela, essa técnica foi empregada e, no referido estudo mostrou que os vetores de médias foram diferentes (CARGNELUTTI FILHO et al., 2011).

## 3 MATERIAL E MÉTODOS

### 3.1 Instalação e condução dos experimentos

Os dados utilizados foram provenientes de três experimentos de milho (*Zea mays* L.), conduzidos na safra agrícola 2009/2010, na área experimental do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), município de Santa Maria (latitude 29°42'S, longitude 53°49'W e 95m de altitude). A área está incluída na região fisiográfica da Depressão Central do Estado do Rio Grande do Sul. O clima da região é do tipo fundamental Cfa subtropical úmido, conforme classificação de Köppen. A precipitação pluviométrica durante período experimental foi de 1.374 mm. A temperatura do ar média diária do período de experimento foi de 23,9 °C. A precipitação pluviométrica e as temperaturas mínima e máxima diária do ar durante o período experimental foram medidas em uma estação meteorológica convencional pertencente ao 8° Distrito de Meteorologia do Instituto Nacional de Meteorologia (DISME/INMET). A temperatura média (Tmed) diária foi calculada pela média aritmética das temperaturas mínima e máxima. O solo é classificado como Argissolo Vermelho distrófico arênico (EMBRAPA, 1999) e de textura superficial franco arenosa.

Foram avaliadas 76 cultivares de milho, sendo 36 de ciclo precoce, 22 de ciclo superprecoce e 18 transgênicas. Estas cultivares pertenciam à rede de ensaios de competição de cultivares de milho, do Estado do Rio Grande do Sul. A relação das cultivares que compuseram cada um dos experimentos (precoce, superprecoce e transgênico) foi determinada pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO) que é a instituição que coordena a rede de ensaios de competição de cultivares de milho do Rio Grande do Sul.

Nas tabelas 1, 2 e 3, apresenta-se a relação das cultivares, com o número, nome da cultivar, base genética, procedência e textura do grão, das 36 cultivares de ciclo precoce, das 22 de ciclo superprecoce e das 18 cultivares transgênicas, respectivamente.

Tabela 1 – Número, nome, base genética, procedência e textura do grão de cultivares de milho de ciclo precoce avaliadas no ano agrícola de 2009/2010.

Número	Nome	Base genética	Procedência	Textura do grão
1	20A55	Híbrido triplo	Agromen	Semi Duro
2	30A91	Híbrido simples	Agromen	Semi Duro
3	ATL 200	Híbrido triplo	Atlantica	Semi Dentado
4	BM 207	Híbrido duplo	Biomatrix	Semi Duro
5	BM 822	Híbrido simples	Biomatrix	Semi Dentado
6	CD 321	Híbrido simples	Coodetec	Semi Dentado
7	CO 327	Híbrido simples modificado	Coodetec	Duro
8	CO 388	Híbrido duplo	Coodetec	Semi Dentado
9	DKB 245	Híbrido simples	Dekalb	Duro
10	Dx 510	Híbrido triplo	Delta	Semi Duro
11	2B655	Híbrido triplo	Dow	Semi Duro
12	2B688	Híbrido triplo	Dow	Semi Duro
13	PMS 0219A54	Híbrido triplo	Embrapa	Semi Duro
14	FTH 404	Híbrido duplo	FT Sementes	Semi Duro
15	FTH 900	Híbrido triplo	FT Sementes	Semi Duro
16	CEP M 128	Híbrido simples	Fundacep	Semi Duro
17	CEP M 130	Híbrido simples	Fundacep	Semi Duro
18	CEP M 143	Híbrido simples	Fundacep	Duro
19	GNZ 2005	Híbrido triplo	Geneze Sementes	Semi Duro
20	GNZ 2728	Híbrido duplo	Geneze Sementes	Semi Duro
21	GNZX 0744	Híbrido duplo	Geneze Sementes	Semi Duro
22	KSP 1356	Híbrido simples	KSP Sementes	Semi Duro
23	KSP 3246	Híbrido triplo	KSP Sementes	Semi Duro
24	BX 945	Híbrido simples	Nidera	Semi Dentado
25	BG 7060	Híbrido triplo	Pioneer	Semi Duro
26	P 30B39	Híbrido simples modificado	Pioneer	Semi Duro
27	SHX 5121	Híbrido triplo	Santa Helena	Duro
28	SHX 7222	Híbrido simples	Santa Helena	Duro
29	SHX 7323	Híbrido simples	Santa Helena	Duro
30	XB 6012	Híbrido simples	Semeali	Semi Dentado
31	XBX 70202	Híbrido simples	Semeali	Semi Dentado
32	AG 8025	Híbrido simples	Agrocerec	Semi Duro
33	AG 9040	Híbrido simples	Agrocerec	Semi Duro
34	P 30R50	Híbrido simples	Pioneer	Semi Duro
35	AG 5011	Híbrido triplo	Agrocerec	Semi Dentado
36	AG 2020	Híbrido duplo	Agrocerec	Semi Duro

Fonte: Informações fornecidas pela FEPAGRO para realização do experimento da rede de competição de cultivares de milho do Rio Grande do Sul, no ano agrícola 2009/2010.

Tabela 2 – Número, nome, base genética, procedência e textura do grão de cultivares de ciclo superprecoce de milho avaliadas no ano agrícola de 2009/2010.

Número	Nome	Base genética	Procedência	Textura do grão
1	BM 911	Híbrido simples	Biomatrix	Semi Dentado
2	Dx 915	Híbrido simples modificado	Delta	Semi Duro
3	2B433	Híbrido triplo	Dow	Semi Dentado
4	PMS 3919	Híbrido simples	Embrapa	Semi Duro
5	PMS 1635A08	Híbrido triplo	Embrapa	Semi Duro
6	FTH 960	Híbrido triplo	FT Sementes	Duro
7	GNZ 0729	Híbrido simples	Geneze Sementes	Semi Duro
8	GNZ 9505	Híbrido simples	Geneze Sementes	Semi Duro
9	Bx 898	Híbrido simples	Nidera	Semi Dentado
10	HS 79707	Híbrido simples	Nidera	Semi Dentado
11	PRE 12S12	Híbrido simples	Prezzotto	Semi Duro
12	PRE 22D11	Híbrido duplo	Prezzotto	Semi Duro
13	PRE 22S11	Híbrido simples	Prezzotto	Semi Duro
14	PRE 22T10	Híbrido triplo	Prezzotto	Semi Duro
15	RBX 79	Híbrido simples	Riber	Semi Dentado
16	SHS 7090	Híbrido simples	Santa Helena	Semi Duro
17	SHX 7111	Híbrido simples	Santa Helena	Semi Duro
18	AG 9045	Híbrido simples	Agrocerec	Semi Duro
19	BALU 7690	Híbrido simples	Sementes Balu	Duro
20	SG 6302	Híbrido triplo	Sementes Guerra	Semi Duro
21	AG 9020	Híbrido simples	Agrocerec	Semi Dentado
22	BG 7060	Híbrido triplo	Pioneer	Semi Duro

Fonte: Informações fornecidas pela FEPAGRO para realização do experimento da rede de competição de cultivares de milho do Rio Grande do Sul, no ano agrícola 2009/2010.

Tabela 3 – Número, nome, base genética, procedência e textura do grão de cultivares transgênicas de milho avaliadas no ano agrícola de 2009/2010.

Número	Nome	Base genética	Procedência	Textura do grão
1	AS 1551 YG	Híbrido simples	AGROESTE	Semi Duro
2	AS 1555 YG	Híbrido simples	AGROESTE	Duro
3	AS 1572 YG	Híbrido triplo	AGROESTE	Duro
4	AS 1573 YG	Híbrido simples	AGROESTE	Semi Duro
5	AS 1578 YG	Híbrido simples	AGROESTE	Duro
6	DKB 240 YG	Híbrido simples	DEKALB	Semi Duro
7	DKB 566 YG	Híbrido triplo	DEKALB	Semi Dentado
8	2B604 HX	Híbrido simples	DOW	Semi Duro
9	P30B39 Y	Híbrido simples modificado	PIONEER	Semi Duro
10	P30F36 Y	Híbrido simples	PIONEER	Semi Duro
11	P30F53 Y	Híbrido simples	PIONEER	Semi Duro
12	P30F53 H	Híbrido simples	PIONEER	Semi Duro
13	P32R48 Y	Híbrido simples	PIONEER	Semi Duro
14	BG 7060 Y	Híbrido triplo	PIONEER	Semi Duro
15	AG 8011 YG	Híbrido simples modificado	AGROCERES	Semi Dentado
16	AG 9020 YG	Híbrido simples	AGROCERES	Semi Dentado
17	BG 8124 YG	Híbrido simples	AGROCERES	Semi Duro
18	BG8418 YG	Híbrido simples	AGROCERES	Semi Duro

Fonte: Informações fornecidas pela FEPAGRO para realização do experimento da rede de competição de cultivares de milho do Rio Grande do Sul, no ano agrícola 2009/2010.

Em todos os experimentos, as cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, foram avaliadas adotando o delineamento blocos ao acaso com três repetições. A semeadura foi realizada no dia 26 de outubro de 2009, com adubação de base de 37,5 kg ha<sup>-1</sup> de nitrogênio (N), 150 kg ha<sup>-1</sup> de fósforo (P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>) e 150 kg ha<sup>-1</sup> de potássio (K<sub>2</sub>O). As unidades experimentais foram constituídas de duas fileiras com cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,8 m. No momento da semeadura em cada linha foram colocadas duas sementes a cada 0,20 m e após a emergência das plantas depois foi realizado o desbaste para ajustar a população para 62.500 plantas ha<sup>-1</sup>. A emergência das plantas ocorreu entre os dias 01 e 03 de novembro do mesmo ano e a colheita foi realizada no dia 15 de março de 2010. Foram realizadas três aplicações de adubação nitrogenada em cobertura, quando as plantas apresentavam com três, cinco e dez folhas, totalizando 450 kg ha<sup>-1</sup> de uréia (FANCELLI; DOURADO NETO, 2004). E os demais tratamentos culturais (controle de pragas e plantas daninhas) foram realizados de modo a não comprometer o desenvolvimento da cultura de milho (RODRIGUES; GUADAGNIN; PORTO, 2009)

### **3.2 Caracterização nutricional dos grãos**

Inicialmente, após a colheita das espigas, em cada repetição de cada tratamento foi estimada a produtividade de grãos (PROD) a 13 % de umidade, em t ha<sup>-1</sup> e coletada uma amostra de 500 gramas de grãos de milho. Cada amostra foi acondicionada em um saco de papel e levada a estufa de circulação forçada de ar até atingir umidade média de 10%. Após a secagem, os grãos foram moídos em micromoinho (MA-630, Marconi), a fim de obter tamanho entre 0,5 a 0,3 mm de granulometria e acondicionadas em embalagens hermeticamente fechadas até o momento das análises nutricionais dos grãos. As variáveis mensuradas foram: proteína bruta (PB); aminoácidos: lisina (LIS), metionina (MET), cisteína (CIS), treonina (THR), triptofano (TRP), valina (VAL), isoleucina (ILE), leucina (LEU), fenilalanina (FEN), histidina (HIS) e arginina (ARG); extrato etéreo (EE); amido (AMD) e amilose (AML) todos em porcentagem da matéria bruta (%MB). As determinações de proteína bruta, aminoácidos, extrato etéreo e amido foram

realizadas através do espectrofotômetro NIR (“Near Infrared Reflectance”), usando ajuste de calibração pelo procedimento analítico CEAN 010 da Adisseo Brasil AS. O teor de amilose (AML) (em porcentagem) foi determinado conforme técnica iodométrica descrita por Martinez e Cuevas-Perez (1989), seguindo as etapas de dissolução, gelatinização, acidificação e adição de solução de iodo para complexação com o amido e leitura em espectrofotômetro a 620 nm.

### 3.3 Análise estatística

A análise estatística dos dados foi iniciada com a verificação das pressuposições de normalidade e homogeneidade do modelo matemático da análise de variância. Para verificar se as pressuposições do modelo matemático foram satisfeitas, utilizaram-se os seguintes testes: (a) teste de Kolmogorov-Smirnov: verifica a normalidade da distribuição dos erros (CAMPOS, 1983) e, (b) teste de Levene: verifica a homogeneidade das variâncias residuais entre os tratamentos (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997).

Para cada uma das variáveis mensuradas nos experimentos, foi realizada a análise de variância (ANOVA) conforme o modelo do delineamento blocos ao acaso  $Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$  em que:  $Y_{ij}$  é o valor observado referente à variável  $Y$ , na unidade experimental que recebeu a cultivar  $i$  localizada no bloco  $j$ ;  $m$  é uma constante;  $t_i$  é o efeito fixo da cultivar  $i$ ,  $b_j$  é o efeito aleatório do bloco  $j$  e  $e_{ij}$  é o valor correspondente ao erro experimental, conjuntamente independentes, com distribuição normal de média zero e variância comum  $\sigma^2$  (STORCK et al., 2006).

As médias das cultivares foram comparadas por meio do teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Esse teste é indicado quando há interesse numa separação real de grupos de médias, sem a ambiguidade nos resultados (FERREIRA et al., 1999).

As variáveis que não apresentaram diferenças significativas, em nível de 5% de probabilidade, pelo teste F da análise de variância, não foram incluídas na análise de agrupamento, por não apresentarem variabilidade genética entre as cultivares. Devido as diferentes escalas de medidas utilizadas na mensuração das



variáveis, foi realizada a padronização das variáveis e determinada a matriz de coeficientes de correlação fenotípica para cada um dos experimentos.

Posteriormente, foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade, com a finalidade de eliminar variáveis altamente correlacionadas (CRUZ, 2006), conforme critério de Montgomery e Peck (1982). Esses autores estabeleceram que quando o número de condição é menor que 100, a multicolinearidade é considerada fraca e não ocasiona problemas na análise de agrupamento.

Com a finalidade de descarte de variáveis, foi realizada o análise de componentes principais. Foram eliminadas as variáveis que mais contribuem nos últimos componentes principais. Após a eliminação das variáveis sem efeito significativo de cultivares, das causadoras de multicolinearidade e as que mais contribuem nos últimos componentes principais, com as três variáveis que permaneceram (produtividade de grãos, proteína bruta e amilose) foi determinada a matriz de distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre as cultivares. Essa matriz de distâncias, em escala relativa, foi utilizada como medida de dissimilaridade para a análise de agrupamento das cultivares por meio do método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA), também definido como *unweighted pair-group average* (CRUZ, 2006; CRUZ, 2003). Após foi construído um dendrograma e calculado o coeficiente de correlação cofenética (CCC). O CCC permite verificar a capacidade do dendrograma em reproduzir a matriz de dissimilaridade. Quanto mais próximo de 1 for o CCC maior a consistência do agrupamento.

Após a construção do dendrograma, foram identificadas as cultivares pertencentes a cada grupo e foram estimadas as médias de cada variável dentro de cada grupo. Essas médias foram transformadas em vetores, onde a maior média equivale a um. Realizou-se a análise de variância multivariada (MANOVA) a 5% de probabilidade para testar a hipótese da diferença entre vetores de média de cada grupo pelos critérios de Wilk's e verificar se os perfis diferem. Para cada experimento, as médias dos grupos foram representadas em um gráfico de perfis de médias (BARROSO; ARTES, 2003).

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio dos softwares Genes (CRUZ, 2006) e BioEstat 5.0 (AYRES et al., 2007) e do aplicativo Office Excel.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após a aplicação do teste Kolmogorov-Smirnov, verificou-se que no experimento onde foram avaliadas as cultivares de ciclo precoce, os erros das variáveis lisina (LIS), metionina (MET), cisteína (CIS) e triptofano (TRP), não ajustaram-se à distribuição normal, essas variáveis correspondem a 18,75% do total de variáveis. A variável TRP, dentre as variáveis nutricionais, foi a que apresentou o maior coeficiente de variação (CV) e por consequência o pressuposto de normalidade não foi atendido para os três experimentos. Já nos experimentos onde foram avaliadas as cultivares de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas apenas a variável triptofano (TRP), não se ajustou à distribuição normal (Tabela 4). Quando ocorre a violação do atendimento de alguma pressuposição, como por exemplo, a ausência de normalidade dos erros, isso pode elevar o verdadeiro nível de significância do teste de hipótese, resultando em maior probabilidade de erro tipo I (MARTIN; STORCK, 2008). Para a pressuposição de homogeneidade das variâncias residuais, verificada pelo teste de Levene, em relação às cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, todas as variáveis foram consideradas homogêneas, ou seja, a pressuposição de homogeneidade foi atendida em todos dos casos.

De maneira geral, verificou-se uma proporção menor de atendimento ao pressuposto da normalidade dos erros em relação ao observado para a homogeneidade das variâncias residuais, em um mesmo experimento (Tabela 4). Diante disso, não foi necessário a transformação de dados nos casos em que ocorreu violação dos pressupostos do modelo matemático. Conferindo assim, qualidade experimental para a realização da análise de variância (MARTIN; STORCK, 2008). Em trabalho realizado por Marques, et al. (2000), avaliando a qualidade de 307 ensaios da rede estadual de competição de cultivares de milho no Estado do Rio Grande do Sul, verificaram que a falta de homogeneidade das variâncias residuais e a falta de normalidade da distribuição dos erros entre os cultivares aumentou a diferença mínima significativa (DMS), ou seja, o não atendimento de certas pressuposições influenciou expressivamente sobre a DMS ou qualidade experimental.

Tabela 4 – Resultados dos testes de normalidade dos erros pelo teste de Kolmogorov-Smirnov e homogeneidade de variâncias residuais pelo teste de Levene para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 36 cultivares de ciclo precoce, 22 cultivares de ciclo superprecoce e 18 cultivares transgênicas.

VARIÁVEL	-----Precoce-----		-----Superprecoce-----		-----Transgênico-----	
	normalidade	homogeneidade	normalidade	homogeneidade	normalidade	homogeneidade
<b>PROD</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>PB</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>LIS</b>	não-normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>MET</b>	não-normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>CIS</b>	não-normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>THR</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>TRP</b>	não-normal	homogêneas	não-normal	homogêneas	não-normal	homogêneas
<b>VAL</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>ILE</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>LEU</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>FEN</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>HIS</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>ARG</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>EE</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>AMD</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas
<b>AML</b>	normal	homogêneas	normal	homogêneas	normal	homogêneas

\*Os testes foram aplicados em nível de 5% de probabilidade de erro.

Com base na análise de variância, para as cultivares de ciclo precoce de milho, foram verificados efeitos significativos de cultivar a 5% de probabilidade pelo teste F, para 15 das 16 variáveis mensuradas, indicando existir variabilidade genética entre as cultivares, com exceção da variável amido (AMD) que não apresentou diferença significativa entre as cultivares (Tabela 5), evidenciando a existência de variabilidade genética entre as cultivares. Para o sucesso de um programa de melhoramento genético a variabilidade genética é essencial (VILELA, 2008), e quanto maior a divergência genética entre os genótipos, maior é a heterose (COORS, 1999).

A variável amido (AMD) apresentou menor escore de acurácia seletiva ( $AS < 0,50$ ), o que confere baixa precisão experimental, e não foi incluída na análise de agrupamento. Na Tabela 5 observa-se que 87,5% dos experimentos têm acurácia seletiva superior a 0,90 e apenas 12,5% dos experimentos apresentaram acurácia inferior a 0,90 não desqualificando o experimento. Resende e Duarte (2007) destacam a importância de se atingir acurácia seletiva superior a 0,90 para uma inferência estatística segura.

A variável PROD, apresentou média  $5,0 \text{ t ha}^{-1}$ , e coeficiente de variação (CV) de 13,32%, sendo a variável que apresentou o maior CV entre as variáveis mensuradas. Apesar desse maior CV, a acurácia seletiva (AS) foi de 0,94 indicando precisão experimental muito alta, conforme a classificação proposta por Resende e Duarte (2007) (Tabela 5). Nesse estudo, inferências sobre a precisão experimental foram feitas com base na acurácia seletiva (AS), pois conforme mencionado por Cargnelutti Filho e Storck (2009) a AS é mais adequada em relação ao coeficiente de variação (CV).

As cultivares de ciclo precoce que apresentaram as maiores produtividades de grãos foram: BM822 ( $6,56 \text{ t ha}^{-1}$ ), DKB245 ( $6,05 \text{ t ha}^{-1}$ ), KPS3246 ( $6,72 \text{ t ha}^{-1}$ ), AG8025 ( $7,19 \text{ t ha}^{-1}$ ), AG9040 ( $6,41 \text{ t ha}^{-1}$ ) e P30R50 ( $6,58 \text{ t ha}^{-1}$ ) (Tabela 8). Essas produtividades formam superiores a produtividade média no Brasil na safra 2009/2010 quem foi de  $3,89 \text{ t ha}^{-1}$  (CONAB, 2010), o que demonstra um satisfatório potencial produtivo destas cultivares, quando comparado a produtividade média brasileira. Sendo que as cultivares menos produtivas foram CD321 ( $3,19 \text{ t ha}^{-1}$ ), CO388 ( $3,46 \text{ t ha}^{-1}$ ), Dx510 ( $3,49 \text{ t ha}^{-1}$ ), GNZ2728 ( $3,36 \text{ t ha}^{-1}$ ), GNZ0744 ( $2,75 \text{ t ha}^{-1}$ ) e P30B39 ( $3,41 \text{ t ha}^{-1}$ ), onde todas apresentam valores inferiores a média brasileira.

Em estudo realizado por Simon et al. (2012), utilizando 19 híbridos simples de milho em safra e safrinha, observaram existir variabilidade genética entre os híbridos que apresentaram médias de produtividade de grãos superiores as encontradas no presente trabalho. Em trabalho desenvolvido com híbridos de milho de diferentes bases genéticas (híbridos simples, duplo e triplo) realizado por Von Pinho et al. (2009), verificaram que os híbridos simples são considerados mais produtivos e responsivos a melhorias de manejo. Já em estudo realizado por Emygdio, Ignaczak e Cargnelutti Filho (2007), avaliando o potencial de produtividade de grãos de milho, com diferentes bases genéticas, concluíram que híbridos simples apresentaram

superioridade média de produtividade de grãos sobre os híbridos triplos e duplos. Concluíram também que não é possível inferir acerca do potencial produtivo de diferentes híbridos de milho com base no tipo de cruzamento. Em outro estudo realizado por Oliveira, Oliveira Junior e Arnhold (2012), também avaliando potencial de rendimento em cultivares com diferentes bases genéticas, evidenciaram que na média, híbridos simples são superiores a todas as outras cultivares analisadas.

A variável proteína bruta (PB) é um nutriente comumente avaliado nas análises para avaliação do valor nutritivo de milho, devido sua importância na elaboração de dietas principalmente para nutrição animal. A média de PB para cultivares de ciclo precoce foi de 7,54%, apresentando AS de 0,78 e CV igual a 4,24%, indicando uma precisão experimental alta, inferida com base na AS, conforme Cargnelutti Filho e Storck (2009) (Tabela 5). Os valores de PB oscilaram entre 7,04% a 8,56% (Tabela 8). Valores semelhantes foram encontrados em trabalhos que avaliaram a composição nutricional de grãos de milho, como por exemplo, os realizados por Furlan et al. (1998), D'Agostini et al. (2004), Freitas et al. (2005) e Santos et al. (2005) que foram de 7,45%, 7,33%, 8,22% e 8,20%, respectivamente.

Dentre os aminoácidos mensurados, para cada aminoácido a média foi de 0,21% (LIS), 0,14% (MET), 0,15% (CIS), 0,21% (THR), 0,05% (TRP), 0,30% (VAL), 0,18% (ILE), 0,79% (LEU), 0,27% (FEN), 0,19% (HIS) e 0,33% (ARG). O coeficiente de variação oscilou de 2,37% para a variável MET a 6,49% para a variável TRP. A AS que infere sobre a precisão experimental, oscilou de 0,90 para as variáveis LIS e THR a 0,96 para a variável FEN, mostrando que para essas variáveis a precisão experimental foi muito alta, conforme critérios estabelecidos por Resende e Duarte (2007) (Tabela 5). Em trabalho realizado por Piovesan; Oliveira e Araujo (2010), avaliando o conteúdo de aminoácidos essenciais em grãos de milho, encontraram valores de 0,21% (LIS), 0,17% (MET), 0,17% (CIS), 0,27% (THR), 0,37% (VAL), 0,26% (ILE), 0,94% (LEU), 0,37% (FEN), 0,23% (HIS) e 0,38% (ARG), valores estes superiores aos encontrados no presente estudo. O teor de PB encontrado pelos autores, também foi superior (8,66%) a encontrada no presente estudo para cultivares de ciclo precoce.

A média da variável EE foi de 3,76% (Tabela 5), com uma variação de 3,41% a 4,12% (Tabela 8). O CV foi de 2,58% e apresentou AS de 0,93, conferindo a essa variável precisão experimental muito alta (Resende; Duarte, 2007). Os valores de EE encontrados no presente trabalho foram inferiores ao encontrado por Nunes et al.

(2008) que foi de 4,42%. Rodrigues et al. (2001) obtiveram valores de 1,88% e 2,46%, sendo estes inferiores ao encontrado no presente trabalho. Já Nagata et al. (2004), encontraram valores semelhantes (3,78% a 4,77%).

Os valores de AMD nos grãos de milho, oscilaram entre 67,05% a 70,47% (Tabela 8). Em trabalho realizado por Freitas et al. (2005) com grãos de milho, encontraram valor superior (75,70%). Já Rodrigues et al. (2001), observaram valores inferiores (66,25%) e superiores (73,45%) ao encontrados no presente estudo.

A média para a variável amilose (AML) foi de 28,95%, apresentando uma precisão experimental muito alta com AS de 0,90 e CV de 1,93%, sendo o menor CV entre as variáveis mensuradas no experimento de ciclo precoce (Tabela 5). Os valores para AML oscilaram de 27,51% a 30,61%. Segundo Van Soest (1994), o valor de amilose em grãos de milho é de 28%.

Em geral, no experimento em que foram avaliadas cultivares de ciclo precoce de milho, verificou-se que para 93,75% das variáveis mensuradas, os valores de acurácia seletiva foram maiores ou iguais 0,78, conferindo precisão experimental de alta a muito alta. Com exceção da variável AMD que apresentou AS de 0,46 conferindo baixa precisão experimental, considerando a classificação proposta por Resende e Duarte (2007) (Tabela 5). Elevada precisão experimental, aliada ao atendimento dos pressupostos, garante uma alta confiabilidade na utilização destas variáveis no processo de agrupamento das cultivares de ciclo precoce de milho.

Tabela 5 – Resumo da análise de variância (número de graus de liberdade (GL) e quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro), média, coeficiente de variação experimental (CV%), acurácia seletiva (AS) e precisão experimental, para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 36 cultivares precoce de milho obtidas na safra 2009/2010.

FV	GL	PROD	PB	LIS	MET	CIS	THR	TRP	VAL
Bloco	2	14,2003	0,115833	0,000036	0,00004	0,000011	0,000118	0,000004	0,000169
Cultivar	35	3,614059*	0,264911*	0,000136*	0,000067*	0,000104*	0,000551*	0,000071*	0,000965*
Erro	70	0,443559	0,101864	0,000026	0,000011	0,00002	0,000107	0,00001	0,000087
Média		5,0	7,54	0,21	0,14	0,16	0,21	0,05	0,3
CV(%)		13,32	4,24	2,4	2,37	2,81	4,89	6,49	3,12
AS		0,94	0,78	0,90	0,91	0,91	0,90	0,93	0,95
Precisão <sup>+</sup>		MA	A	MA	MA	MA	MA	MA	MA

FV	GL	ILE	LEU	FEN	HIS	ARG	EE	AMD	AML
Bloco	2	0,000181	0,000381	0,000311	0,000045	0,000073	0,006873	3,151944	0,188044
Cultivar	35	0,000543*	0,007932*	0,001372*	0,000351*	0,000611*	0,067348*	2,52158 <sup>ns</sup>	1,673669*
Erro	70	0,000063	0,000901	0,00012	0,000033	0,000063	0,009394	1,985881	0,313781
Média		0,18	0,79	0,27	0,19	0,33	3,76	68,64	28,96
CV(%)		4,4	3,78	4,02	3,02	2,4	2,58	2,05	1,93
AS		0,94	0,94	0,96	0,95	0,95	0,93	0,46	0,90
Precisão <sup>+</sup>		MA	MA	MA	MA	MA	MA	B	MA

\* Efeito significativo pelo teste F em nível de 5% de probabilidade de erro; <sup>ns</sup> não significativo pelo teste de F;

<sup>+</sup> critérios estabelecidos em Resende e Duarte (2007) MA = muito alta (AS = 0,90), A = alta (0,70 = AS < 0,90), M = moderada (0,50 = AS < 0,70) e B = baixa (AS < 0,50)

Na Tabela 6, consta o resumo da análise de variância das 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho. Mediante análise dos quadrados médios para a fonte de variação cultivar, é possível constatar diferenças significativas para todas as variáveis avaliadas. A significância do efeito de cultivar é um indicativo de que as constituições genéticas são divergentes para todos os caracteres avaliados, fator essencial para a realização de estudo da divergência genética. Paixão (2008), estudando caracteres morfológicos associados à análise estatística multivariada, também mostrou existir variabilidade genética entre as cultivares de milho estudadas.

A média para a variável PROD foi de 5,92 t ha<sup>-1</sup> (Tabela 6), valor este superior à média do Rio Grande do Sul para a safra 2009/2010 que foi de 4,46 t ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2010). A PROD oscilou de 3,83 t ha<sup>-1</sup> para a cultivar PRE 12S12 a 7,85 t ha<sup>-1</sup> para a cultivar AG 9045 (Tabela 9).

A variável PB obteve média igual a 7,31% (Tabela 6), oscilando de 6,76% a 7,99% (Tabela 9), valor semelhante foi encontrado por Cantarelli et al. (2007), que foi de 7,69%, em grãos de milho semi dentado. Valor superior foi encontrado por Rostagno et al. (2011) em milho (8,26%). Os autores também encontraram valores de proteína bruta para milho de alto óleo de 8,27% e milho de alta lisina de 8,26%. Em estudo realizado por Castro et al. (2009) com grãos inteiros de milho, o valor de PB foi de 8,05%, valor também superior ao encontrado no presente estudo.

O perfil de aminoácidos nas cultivares de ciclo superprecoce, apresentaram médias de 0,22% (LIS), 0,15% (MET), 0,16% (CIS), 0,22 (THR), 0,05% (TRP), 0,31% (VAL), 0,19% (ILE), 0,84% (LEU), 0,29% (FEN), 0,19% (HIS) e 0,33% (ARG). Valores inferiores aos encontrados por Rostagno et al. (2011) que foi de 0,24% (LIS), 0,17% (MET), 0,19% (CIS), 0,32 (THR), 0,07% (TRP), 0,40% (VAL), 0,29% (ILE), 1,02% (LEU), 0,41% (FEN), 0,26% (HIS) e 0,39% (ARG). Esses valores superiores de aminoácidos estão relacionados aos elevados teores de proteína bruta encontrados por Rostagno et al. (2011).

A média para a variável EE foi de 3,72% (Tabela 6), oscilando de 3,28 % a 4,01% (Tabela 9). Os valores aqui encontrados são inferiores aos encontrados por Castro et al. (2009) que foi de 5,69% e coerentes aos valores obtidos em trabalho desenvolvido por Lima et al. (2003) ao analisarem 84 híbridos, que foi de 2,55% a 5,14%. Valor superior também foi encontrado por Garcia-Lagombra e Harbers (1991) (4,57%). Em trabalho realizado por Cantarelli et al. (2007), com milho de alto óleo, milho QPM, um milho dentado, um milho semi dentado e dois milhos duros, observou-se que os teores de EE foram superiores aos valores encontrados para as cultivares de ciclo superprecoce, em que apenas o milho semi dentado apresentou valor semelhante (3,57%). Já o valor de EE foi superior para o milho alto óleo (5,75%), e os demais milhos avaliados, obtiveram valores semelhantes aos encontrados no presente estudo. No grupo de cultivares superprecoce, milhos dos diferentes texturas de grão foram encontrados, dentre ele os milhos duro, semi duro e semi dentado.



A característica energética conferida ao grão de milho deve-se ao alto conteúdo de carboidratos, principalmente na forma de amido. A variável AMD, oscilou de 66,40% a 70,30% (Tabela 9), com média de 68,92% (Tabela 6), valor considerado inferior quando comparado com estudo de Freitas et al. (2005) (75,70%). O teor médio de AML nos grãos foi de 28,61% (Tabela 6), variando de 27,73% a 32,57% (Tabela 9), valor inferior de AML em grãos de milho foi encontrado por Butolo (2002), que foi de 27% de amilose.

Também é possível observar uma elevada precisão experimental (Tabela 6). Com base nos critérios estabelecidos em Resende e Duarte (2007), foi de alta a muito alta para todas as variáveis estudadas. Conferido assim, credibilidade experimental para cultivares superprecoce de milho avaliadas. Diante da variabilidade genética existente, para as variáveis nutricionais e para a produtividade de grãos em cultivares de ciclo superprecoce de milho, estas podem ser selecionadas no melhoramento genético de milho.

Tabela 6 – Resumo da análise de variância (número de graus de liberdade (GL) e quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro), média, coeficiente de variação experimental (CV%), acurácia seletiva (AS) e precisão experimental, para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho obtidas na safra 2009/2010.

FV	GL	PROD	PB	LIS	MET	CIS	THR	TRP	VAL
Bloco	2	0,703974	0,18138	0,000006	0,000041	0,000002	0,000024	0,000011	0,000156
Cultivar	21	3,557506*	0,217603*	0,000217*	0,000089*	0,000158*	0,000866*	0,000097*	0,001091*
Erro	42	0,39626	0,051776	0,000043	0,000024	0,000021	0,000162	0,000019	0,000143
Média		5,92	7,31	0,22	0,15	0,16	0,22	0,05	0,31
CV(%)		10,64	3,11	3,02	3,34	2,92	5,77	8,4	3,81
AS		0,94	0,87	0,9	0,86	0,93	0,9	0,9	0,93
Precisão <sup>+</sup>		MA	A	MA	A	MA	MA	MA	MA

FV	GL	ILE	LEU	FEN	HIS	ARG	EE	AMD	AML
Bloco	2	0,000056	0,001156	0,000505	0,000018	0,000029	0,013095	4,831655	0,161202
Cultivar	21	0,000657*	0,006512*	0,00138*	0,000505*	0,000945*	0,127504*	3,305481*	2,60246*
Erro	42	0,000069	0,000902	0,000152	0,000033	0,000079	0,010038	1,261667	0,377186
Média		0,19	0,84	0,29	0,19	0,33	3,72	68,92	28,61
CV(%)		4,37	3,56	4,33	3,11	2,67	2,69	1,63	2,15
AS		0,95	0,93	0,94	0,97	0,96	0,96	0,79	0,92
Precisão <sup>+</sup>		MA	MA	MA	MA	MA	MA	A	MA

\* Efeito significativo pelo teste F em nível de 5% de probabilidade de erro; <sup>ns</sup> não significativo pelo teste de F;

<sup>+</sup> critérios estabelecidos em Resende e Duarte (2007): MA = muito alta (AS = 0,90), A = alta (0,70 = AS < 0,90), M = moderada (0,50 = AS < 0,70) e B = baixa (AS < 0,50)

Houve diferença significativa para a maior parte das variáveis avaliadas, com exceção da metionina (MET) e amido (AMD), que não diferiram entre as 18 cultivares transgênicas (Tabela 7). Isto mostra existir variabilidade genética entre as cultivares transgênicas, associada à maioria das variáveis analisadas. As variáveis não significativas apresentaram precisão experimental moderada. A precisão experimental das demais variáveis foi de alta a muito alta indicando elevada precisão experimental, segundo critérios estabelecidos por Resende e Duarte (2007).

A média para a variável PROD foi de 6,69 t ha<sup>-1</sup> (Tabela 7), valor considerado superior à média das cultivares de ciclo precoce e cultivares de ciclo superprecoce do presente estudo. Considerando as 18 cultivares transgênicas avaliadas, 50% delas (AS1573YG, AS1578YG, DKB240YG, DKB566YG, P30F53Y, P30F53H, BG7060Y, BG8124YG E BG8418YG) apresentaram as maiores produtividades, com uma produtividade média de 7,22 t ha<sup>-1</sup>. Também superando a produtividade média brasileira (3,89 t ha<sup>-1</sup>) (CONAB, 2010). As cultivares transgênicas apresentam uma menor variabilidade na produtividade de grãos em comparação com as cultivares precoce e superprecoce, o que pode ser visualizado na tabela 11, em que se formou apenas dois grupos pelo teste de Scott-Knott. Para as cultivares precoces e superprecoces houve a formação de quatro grupos.

A determinação da composição química do alimento, principalmente da proteína bruta (PB), é importante para o balanceamento de rações animais (VIEIRA, et al., 2007). Os valores obtidos para os teores de PB foram compreendidos entre 6,97 e 8,11% (Tabela 10). Valores semelhantes foram encontrados por Vieira et al. (2007) compreendidos entre 6,73 e 10,04% com média superior (8,25%) a encontrada no presente estudo que foi de 7,63%. Em estudo realizado por Leão, Oliveira e Brunini (2012) avaliando cultivares transgênicas e normais de milho observaram valores de 7,44 a 8,25% e 7,94 a 8,37%, respectivamente. No presente estudo a média do teor de proteína foi de 7,63% e os valores médios de cada aminoácido foram de 0,21% (LIS), 0,14% (MET), 0,17% (CIS), 0,21% (THR), 0,05% (TRP), 0,29% (VAL), 0,18% (ILE), 0,79% (LEU), 0,29% (FEN), 0,18% (HIS) e 0,33% (ARG). Valores estes semelhantes ao encontrado por Rostagno et al. (2011) com um teor de proteína de 7,29%. Essa variabilidade também foi observada em relação aos aminoácidos, em que se aumentando o teor protéico dos grãos ocorre um aumento em todos os aminoácidos. Esta variação no teor de proteína e aminoácidos nos grãos das diferentes cultivares pode estar relacionada às características genéticas de cada cultivar, pois todas cultivares transgênicas foram cultivadas em mesmo solo e com mesma adubação.

A média para a variável EE foi de 3,72% oscilando entre 3,49 a 3,96%. Valores inferiores foram encontrados por Vieira et al. (2007) oscilando entre 2,67 a 3,34%, com valor médio de 3,05% de EE na matéria bruta. O teor de AMD nos grãos, oscilou de 67,05 a 70,47% (Tabela 10), valores superiores (65 a 66%) aos encontrado por Guria, 2006. Essa variação se deve as diferentes cultivares

avaliadas. A média para AML foi de 26,69% (Tabela 7), variando de 27,73% a 32,57% para as cultivares BG 8124 YG e P30F53H, respectivamente (Tabela 10).

A precisão experimental, segundo critérios estabelecidos por Resende e Duarte (2007), foi de alta a muito alta para 87,5% das variáveis, conferindo credibilidade. Em apenas duas variáveis (MET e AMD) a precisão experimental foi moderada (Tabela 7).

Tabela 7 – Resumo da análise de variância número de graus de liberdade (GL) e quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro), média, coeficiente de variação experimental (CV%), acurácia seletiva (AS) e precisão experimental, para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 18 cultivares transgênicas de milho obtidas na safra 2009/2010.

FV	GL	PROD	PB	LIS	MET	CIS	THR	TRP	VAL
Bloco	2	0,185962	0,052689	0,000057	0,000146	0,000039	0,000517	0,000003	0,000524
Cultivar	17	1,212095*	0,303255*	0,000156*	0,000049 <sup>ns</sup>	0,000153*	0,000664*	0,000058*	0,000662*
Erro	34	0,441951	0,097841	0,000026	0,000026	0,000024	0,0001	0,000012	0,00015
Média		6,69	7,63	0,21	0,14	0,17	0,21	0,05	0,29
CV(%)		9,94	4,1	2,4	3,61	2,93	4,8	7,5	4,26
AS		0,8	0,82	0,91	0,68	0,92	0,92	0,89	0,88
Precisão <sup>+</sup>		A	A	MA	M	MA	MA	A	A

FV	GL	ILE	LEU	FEN	HIS	ARG	EE	AMD	AML
Bloco	2	0,00045	0,007724	0,001257	0,000057	0,000467	0,000005	2,512439	1,809252
Cultivar	17	0,000468*	0,005584*	0,001021*	0,000563*	0,000675*	0,061851*	2,94592 <sup>ns</sup>	5,904131*
Erro	34	0,000097	0,001594	0,000215	0,000005	0,000076	0,007071	1,768297	0,376494
Média		0,18	0,79	0,26	0,18	0,33	3,72	69,43	29,69
CV(%)		5,63	5,07	5,57	3,85	2,65	2,26	1,92	2,07
AS		0,89	0,85	0,89	0,95	0,94	0,94	0,63	0,97
Precisão <sup>+</sup>		A	A	A	MA	MA	MA	M	MA

\* Efeito significativo pelo teste F em nível de 5% de probabilidade de erro; <sup>ns</sup> não significativo pelo teste de F;

<sup>+</sup> critérios estabelecidos em Resende e Duarte (2007) MA = muito alta (AS = 0,90), A = alta (0,70 = AS < 0,90), M = moderada (0,50 = AS < 0,70) e B = baixa (AS < 0,50)

Nas tabelas 8, 9 e 10, são apresentadas as médias das 36 cultivares de ciclo precoce, das 22 cultivares de ciclo superprecoce e das 18 cultivares transgênicas, que foram comparadas por meio do teste de Scott-Knott.

Tabela 8 – Médias de produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB de 36 cultivares precoces de milho obtidas na safra 2009/2010.

Cultivar	PROD	PB	LIS	MET	CIS	TRH	TRP	VAL
1 20A55	5,2847b	7,2767b	0,2100c	0,1400b	0,1600b	0,2133b	0,0500c	0,3100b
2 30A91	4,8165b	8,0000a	0,2133b	0,1400b	0,1600b	0,2167b	0,0500c	0,3067b
3 ATL200	4,3258c	7,6167b	0,2133b	0,1467a	0,1633b	0,2133b	0,0533b	0,3200a
4 BM207	5,0614b	7,3833b	0,2100c	0,1467a	0,1567c	0,2133b	0,0500c	0,2933c
5 BM822	6,5684a	7,3333b	0,2067c	0,1433b	0,1533c	0,1967c	0,0400d	0,2800d
6 CD321	3,1912d	7,4467b	0,2000d	0,1400b	0,1500c	0,2000c	0,0433d	0,2800d
7 CO327	3,8575c	7,5333b	0,2133b	0,1400b	0,1600b	0,2200b	0,0500c	0,3033b
8 CO388	3,4642d	7,4333b	0,2133b	0,1433b	0,1567c	0,2267a	0,0500c	0,3000c
9 DKB245	6,0506a	7,0467b	0,2033d	0,1400b	0,1500c	0,1933c	0,0400d	0,2667d
10 Dx510	3,4902d	7,4733b	0,2300a	0,1533a	0,1733a	0,2400a	0,0600a	0,3400a
11 2B655	5,1640b	7,1667b	0,2133b	0,1400b	0,1600b	0,2100b	0,0500c	0,2967c
12 2B688	5,8645b	7,3767b	0,2100c	0,1400b	0,1533c	0,2100b	0,0500c	0,2900c
13 PMS0219A54	4,5828c	7,5567b	0,2133b	0,1400b	0,1533c	0,2133b	0,0467c	0,2833d
14 FTH404	4,5645c	7,3033b	0,2100c	0,1400b	0,1567c	0,2067c	0,0500c	0,2867c
15 FTH900	4,5317c	7,5367b	0,2167b	0,1433b	0,1600b	0,2200b	0,0500c	0,2967c
16 CEPM128	5,2400b	7,5100b	0,2133b	0,1500a	0,1600b	0,2333a	0,0533b	0,3233a
17 CEPM130	5,1388b	7,5733b	0,2100c	0,1467a	0,1600b	0,2167b	0,0500c	0,3067b
18 CEPM143	3,8565c	7,4100b	0,2100c	0,1367b	0,1567c	0,2133b	0,0500c	0,2933c
19 GNZ2005	5,2137b	7,4367b	0,2200a	0,1500a	0,1633b	0,2267a	0,0500c	0,3200a
20 GNZ2728	3,3693d	7,6467b	0,2233a	0,1500a	0,1667a	0,2233a	0,0533b	0,3267a
21 GNZX0744	2,7581d	7,5133b	0,2200a	0,1533a	0,1700a	0,2367a	0,0567a	0,3300a
22 KSP1356	5,3924b	7,1033b	0,2000d	0,1367b	0,1500c	0,1900c	0,0400d	0,2700d
23 KSP3246	6,7217a	7,5400b	0,2067c	0,1400b	0,1500c	0,2000c	0,0433d	0,2833d
24 BX945	5,7612b	7,3767b	0,2033d	0,1400b	0,1600b	0,1933c	0,0433d	0,2833d
25 BG7060	5,1401b	8,0933a	0,2167b	0,1400b	0,1633b	0,2067c	0,0500c	0,3067b
26 P30B39	3,4087d	7,5800b	0,2167b	0,1433b	0,1633b	0,2233a	0,0500c	0,3100b
27 SHX5121	5,1536b	7,8400a	0,2067c	0,1400b	0,1600b	0,2000c	0,0500c	0,2933c
28 SHX7222	5,6476b	7,6000b	0,2033d	0,1367b	0,1533c	0,1833c	0,0400d	0,2733d
29 SHX7323	4,1077c	8,5667a	0,2200a	0,1400b	0,1700a	0,2267a	0,0533b	0,3167b
30 XB6012	5,9336b	8,0867a	0,2067c	0,1400b	0,1633b	0,2167b	0,0500c	0,3133b
31 XB70202	5,7330b	7,6933b	0,2200a	0,1500a	0,1600b	0,2167b	0,0500c	0,2933c
32 AG8025	7,1936a	7,5867b	0,2000d	0,1400b	0,1567c	0,1933c	0,0400d	0,2867c
33 AG9040	6,4125a	7,6200b	0,2100c	0,1400b	0,1500c	0,2000c	0,0433d	0,2800d
34 P30R50	6,5827a	7,5300b	0,2133b	0,1433b	0,1633b	0,2067c	0,0500c	0,2900c
35 AG5011	5,1031b	7,3233b	0,2133b	0,1500a	0,1600b	0,2233a	0,0533b	0,3200a
36 AG2020	5,3447b	7,1467b	0,2100c	0,1400b	0,1633b	0,2033c	0,0500c	0,2967c

\*Médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott-Knott, com 5% de probabilidade de erro.

Tabela 9 – Médias isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 36 cultivares precoces de milho obtidas na safra 2009/2010.

Cultivar	ILE	LEU	FEN	HIS	ARG	EE	AMD	AML
1 20A55	0,1867b	0,8500b	0,2833c	0,1933b	0,3267c	3,7900b	67,0567a	28,4200b
2 30A91	0,1833b	0,8367b	0,2867c	0,1867c	0,3267c	3,6900c	70,4767a	28,7400b
3 ATL200	0,1900b	0,8367b	0,2900c	0,2000b	0,3400b	4,1233a	68,4533a	28,6133b
4 BM207	0,1733c	0,7733c	0,2733c	0,1867c	0,3267c	3,7033c	70,1333a	29,3267a
5 BM822	0,1700c	0,7667c	0,2633d	0,1700d	0,3133d	3,4133d	69,8733a	28,9367b
6 CD321	0,1733c	0,7700c	0,2533d	0,1800d	0,3133d	3,5067d	69,8033a	29,8033a
7 CO327	0,1867b	0,8000c	0,2767c	0,1933b	0,3300c	3,8500b	68,2233a	27,9600c
8 CO388	0,1867b	0,8033c	0,2767c	0,1867c	0,3367b	3,5300d	69,9133a	29,8267a
9 DKB245	0,1533d	0,7167d	0,2367e	0,1733d	0,3100d	3,5667d	70,0067a	30,2333a
10 Dx510	0,2100a	0,8933a	0,3200a	0,2133a	0,3567a	3,8100b	69,6067a	28,5333b
11 2B655	0,1800c	0,7833c	0,2700d	0,1867c	0,3200c	3,7333c	68,8833a	27,5700c
12 2B688	0,1733c	0,7900c	0,2667d	0,1833c	0,3133d	3,5333d	67,1500a	28,7400b
13 PMS0219A54	0,1700c	0,7200d	0,2533d	0,1800d	0,3267c	3,7567c	69,7167a	29,3433a
14 FTH404	0,1700c	0,7800c	0,2633d	0,1867c	0,3267c	3,7400c	68,1467a	29,0333b
15 FTH900	0,1833b	0,7633c	0,2767c	0,1933b	0,3367b	3,8900b	68,3300a	29,3533a
16 CEPM128	0,2033a	0,8500b	0,3033b	0,2000b	0,3467a	3,7800b	68,5833a	28,6700b
17 CEPM130	0,1867b	0,8067c	0,2833c	0,1967b	0,3367b	3,7200c	68,9867a	28,7967b
18 CEPM143	0,1767c	0,7933c	0,2633d	0,1867c	0,3267c	3,6367c	68,1833a	29,1567a
19 GNZ2005	0,1900b	0,8567b	0,3000b	0,2000b	0,3500a	3,9267b	68,3567a	29,5333a
20 GNZ2728	0,1933b	0,8700a	0,3067b	0,2033b	0,3533a	3,8500b	68,0067a	27,5133c
21 GNZX0744	0,2100a	0,8933a	0,3167a	0,2100a	0,3567a	3,8733b	67,8900a	28,3067b
22 KSP1356	0,1600d	0,7000d	0,2367e	0,1733d	0,3100d	3,5967d	68,8000a	30,6067a
23 KSP3246	0,1700c	0,7833c	0,2533d	0,1800d	0,3233c	3,7200c	68,2800a	29,5767a
24 BX945	0,1733c	0,7600c	0,2567d	0,1800d	0,3100d	3,7200c	67,3833a	29,0467b
25 BG7060	0,1800c	0,8167b	0,2767c	0,2033b	0,3467a	3,7767b	68,3733a	28,8100b
26 P30B39	0,1867b	0,7800c	0,2767c	0,2000b	0,3433b	3,9000b	68,5133a	27,3867c
27 SHX5121	0,1700c	0,8100c	0,2667d	0,1900c	0,3267c	3,8733b	67,9000a	29,3800a
28 SHX7222	0,1600d	0,7567c	0,2400e	0,1800d	0,3100d	3,6833c	68,7267a	28,7533b
29 SHX7323	0,1867b	0,8967a	0,2967b	0,2100a	0,3567a	3,8000b	69,6533a	28,8367b
30 XB6012	0,1900b	0,8000c	0,2767c	0,2000b	0,3400b	3,8133b	68,0733a	29,5767a
31 XBX70202	0,1800c	0,7433d	0,2633d	0,1867c	0,3367b	4,0433a	67,1167a	28,2933b
32 AG8025	0,1667c	0,7300d	0,2500e	0,1867c	0,3200c	3,6700c	68,1700a	28,3100b
33 AG9040	0,1600d	0,7133d	0,2400e	0,1767d	0,3167d	3,7000c	67,8767a	28,8800b
34 P30R50	0,1733c	0,7633c	0,2633d	0,1867c	0,3300c	3,9200b	69,5600a	28,8100b
35 AG5011	0,2000a	0,8233b	0,2933b	0,1833c	0,3333b	3,7533c	67,7300a	30,2733a
36 AG2020	0,1800c	0,7733c	0,2667d	0,1900c	0,3267c	3,9433b	68,9933a	29,7000a

\*Médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott-Knott, com 5% de probabilidade de erro.

Tabela 10 – Médias de produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB de 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho obtidas na safra 2009/2010.

Cultivar	PROD	PB	LIS	MET	CIS	THR	TRP	VAL
1 BM 911	7,2870a	7,7833a	0,2167b	0,1433b	0,1600b	0,2200a	0,0500b	0,3067b
2 Dx 915	5,3894c	7,4633b	0,2267a	0,1500a	0,1667a	0,2400a	0,0567a	0,3300a
3 2B433	6,6780b	7,4233b	0,2233a	0,1433b	0,1567c	0,2300a	0,0533a	0,3100b
4 PMS 3919	6,9009a	7,2167c	0,2167b	0,1500a	0,1500c	0,2067b	0,0467b	0,3067b
5 PMS 1635A08	5,7010c	7,2733c	0,2033c	0,1433b	0,1500c	0,2067b	0,0467b	0,3033b
6 FTH 960	6,1784b	7,1033c	0,2100c	0,1433b	0,1567c	0,2167b	0,0533a	0,3033b
7 GNZ 0729	4,4088d	7,9933a	0,2300a	0,1567a	0,1733a	0,2467a	0,0600a	0,3467a
8 GNZ 9505	5,1994c	7,4800b	0,2333a	0,1500a	0,1633b	0,2433a	0,0600a	0,3400a
9 Bx 898	7,0347a	7,2600c	0,2000c	0,1333b	0,1500c	0,1833b	0,0400c	0,2767c
10 HS 79707	6,3075b	7,2633c	0,2100c	0,1367b	0,1533c	0,2033b	0,0500b	0,3000b
11 PRE 12S12	3,8391d	7,0567c	0,2200a	0,1467a	0,1633b	0,2300a	0,0567a	0,3300a
12 PRE 22D11	4,3221d	7,4433b	0,2233a	0,1500a	0,1667a	0,2400a	0,0567a	0,3367a
13 PRE 22S11	5,9081b	7,3967b	0,2167b	0,1433b	0,1600b	0,2267a	0,0500b	0,3067b
14 PRE 22T10	5,1617c	7,4400b	0,2233a	0,1467a	0,1633b	0,2267a	0,0567a	0,3267a
15 RBX 79	7,3071a	6,7600d	0,2067c	0,1433b	0,1467c	0,2000b	0,0400c	0,2867c
16 SHS 7090	5,1798c	7,3833b	0,2167b	0,1500a	0,1600b	0,2300a	0,0567a	0,3167b
17 SHX 7111	6,1691b	7,1933c	0,2133b	0,1400b	0,1533c	0,2000b	0,0500b	0,2967b
18 AG 9045	7,8526a	7,3567b	0,2100c	0,1433b	0,1567c	0,2100b	0,0500b	0,3033b
19 BALU 7690	5,7573c	7,1533c	0,2133b	0,1433b	0,1533c	0,2100b	0,0467b	0,2967b
20 SG 6302	4,4419d	7,3900b	0,2267a	0,1533a	0,1700a	0,2433a	0,0567a	0,3467a
21 AG 9020	6,3993b	6,8167d	0,2167b	0,1500a	0,1500c	0,2133b	0,0500b	0,3100b
22 BG 7060	6,7783a	7,2367c	0,2200a	0,1500a	0,1633b	0,2267a	0,0567a	0,3260a

\*Médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott-Knott, com 5% de probabilidade de erro.



Tabela 11 – Médias de isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho obtidas na safra 2009/2010.

Cultivar	ILE	LEU	FEN	HIS	ARG	EE	AMD	AML
1 BM 911	0,1867c	0,7967d	0,2767c	0,1900b	0,3367b	3,7300b	68,9967a	28,8800b
2 Dx 915	0,2000b	0,8700b	0,3000b	0,1967a	0,3533a	3,9533a	70,0333a	28,0700c
3 2B433	0,1867c	0,8167c	0,2800c	0,1833c	0,3300c	3,6800b	68,4367b	28,1133c
4 PMS 3919	0,1800c	0,8367c	0,2733c	0,1833c	0,3267c	3,8367a	69,3433a	30,1900a
5 PMS 1635A08	0,1867c	0,8300c	0,2733c	0,1733d	0,3133d	3,4767c	67,8967b	29,0033b
6 FTH 960	0,1833c	0,8200c	0,2733c	0,1867b	0,3300c	3,8300a	69,7167a	30,1200a
7 GNZ 0729	0,2200a	0,9267a	0,3233a	0,2067a	0,3600a	3,8633a	70,3000a	28,1067c
8 GNZ 9505	0,2067b	0,9100a	0,3133a	0,1933b	0,3533a	3,6800b	70,6200a	27,9500c
9 Bx 898	0,1567d	0,7800d	0,2467d	0,1667d	0,3000d	3,2833d	68,2833b	27,7600c
10 HS 79707	0,1833c	0,8367c	0,2733c	0,1700d	0,3067d	3,2700d	69,1100a	26,6267d
11 PRE 12S12	0,2000b	0,8667b	0,2967b	0,1967a	0,3433b	3,8733a	68,0900b	29,5300a
12 PRE 22D11	0,2067b	0,9100a	0,3133a	0,2000a	0,3500a	3,7967b	69,8767a	29,7433a
13 PRE 22S11	0,1900c	0,8433c	0,2833c	0,1867b	0,3300c	3,6533b	68,7600a	28,7433b
14 PRE 22T10	0,1967b	0,8767b	0,2967b	0,1967a	0,3400b	3,9033a	69,5767a	28,8400b
15 RBX 79	0,1700d	0,7667d	0,2500d	0,1667d	0,3067d	3,6500b	68,0833b	28,8267b
16 SHS 7090	0,1933b	0,8500c	0,2967b	0,1900b	0,3433b	3,8833a	68,1967b	29,5600a
17 SHX 7111	0,1767c	0,8233c	0,2700c	0,1733d	0,3167d	3,5433c	68,9067a	28,0367c
18 AG 9045	0,1833c	0,8233c	0,2767c	0,1833c	0,3233c	3,7233b	69,8667a	29,0033b
19 BALU 7690	0,1767c	0,7667d	0,2567d	0,1700d	0,3133d	3,7867b	66,4033b	29,0733b
20 SG 6302	0,2167a	0,9233a	0,3200a	0,2067a	0,3567a	3,9267a	66,9967b	28,4333c
21 AG 9020	0,1900c	0,8267c	0,2767c	0,1700d	0,3233c	3,4467c	69,4333a	28,0167c
22 BG 7060	0,1967b	0,8633b	0,3000b	0,2000a	0,3467b	4,0100a	69,2133a	26,8500d

\*Médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott-Knott, com 5% de probabilidade de erro.

Tabela 12 – Médias de produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB de 18 cultivares transgênicas de milho obtidas na safra 2009/2010.

Cultivar	PROD	PB	LIS	MET	CIS	THR	TRP	VAL
1 AS 1551 YG	6,2363b	7,9267a	0,2233a	0,1433a	0,1733a	0,2300a	0,0500a	0,2967b
2 AS 1555 YG	6,1232b	7,7333a	0,2200a	0,1433a	0,1633b	0,2200a	0,0500a	0,2933b
3 AS 1572 YG	6,2571b	7,5867b	0,2200a	0,1500a	0,1533c	0,2167b	0,0500a	0,2833b
4 AS 1573 YG	7,3846a	6,9733b	0,1967c	0,1367b	0,1533c	0,1767c	0,0367b	0,2600c
5 AS 1578 YG	6,7538a	7,6100b	0,2200a	0,1467a	0,1667b	0,2133b	0,0500a	0,2900b
6 DKB 240 YG	7,6320a	7,4033b	0,2067b	0,1367b	0,1667b	0,1867c	0,0400b	0,2700c
7 DKB 566 YG	7,6427a	7,2633b	0,2167a	0,1400b	0,1633b	0,2100b	0,0433b	0,2867b
8 2B604HX	5,7498b	8,0900a	0,2200a	0,1467a	0,1700b	0,2300a	0,0500a	0,3167a
9 P30B39Y	5,9686b	7,5567b	0,2133a	0,1400b	0,1667b	0,2100b	0,0500a	0,2867b
10 P30F36Y	5,5790b	7,8967a	0,2167a	0,1433a	0,1667b	0,2033c	0,0467a	0,2867b
11 P30F53Y	7,4081a	8,0233a	0,2100b	0,1367b	0,1700b	0,2067b	0,0467a	0,2867b
12 P30F53H	6,7991a	7,5367b	0,2133a	0,1400b	0,1667b	0,2100b	0,0467a	0,2933b
13 P32R48Y	6,5242b	7,8067a	0,2200a	0,1467a	0,1700b	0,2267a	0,0500a	0,3067a
14 BG 7060Y	7,1303a	7,7167a	0,2167a	0,1467a	0,1767a	0,2200a	0,0467a	0,3067a
15 AG 8011 YG	6,4823b	7,2833b	0,2167a	0,1433a	0,1600c	0,1967c	0,0400b	0,2700c
16 AG 9020 YG	6,4950b	7,2400b	0,2100b	0,1467a	0,1633b	0,2067b	0,0433b	0,2867b
17 BG 8124 YG	7,2405a	7,5967b	0,2000c	0,1400b	0,1533c	0,1900c	0,0400b	0,2633c
18 BG8418YG	7,0074a	8,1167a	0,2167a	0,1400b	0,1767a	0,1967c	0,0433b	0,2933b

\*Médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott-Knott, com 5% de probabilidade de erro.

Tabela 13 – Médias de isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB de 18 cultivares transgênicas de milho obtidas na safra 2009/2010.

Cultivar	ILE	LEU	FEN	HIS	ARG	EE	AMD	AML
1 AS 1551 YG	0,1867a	0,8100a	0,2767a	0,1900b	0,3467a	3,6733b	69,5400a	30,0867b
2 AS 1555 YG	0,1833a	0,7700b	0,2667b	0,1800c	0,3300b	3,4967b	68,7300a	29,5033c
3 AS 1572 YG	0,1733a	0,7900a	0,2600b	0,1667d	0,3267b	3,6367b	68,8767a	28,3967d
4 AS 1573 YG	0,1533b	0,6800c	0,2200c	0,1600d	0,2967d	3,6400b	67,6333a	31,1167b
5 AS 1578 YG	0,1733a	0,7700b	0,2633b	0,1867b	0,3367b	3,8133a	69,4000a	28,6133c
6 DKB 240 YG	0,1600b	0,8000a	0,2500b	0,1767c	0,3167c	3,5867b	70,1500a	27,8467d
7 DKB 566 YG	0,1767a	0,7933a	0,2600b	0,1833b	0,3300b	3,5667b	69,6733a	31,3400b
8 2B604HX	0,1933a	0,8467a	0,2967a	0,1967a	0,3467a	3,6500b	68,6800a	28,6733c
9 P30B39Y	0,1733a	0,7567b	0,2567b	0,1900b	0,3300b	3,9233a	69,4500a	30,4733b
10 P30F36Y	0,1667b	0,7867a	0,2633b	0,1867b	0,3300b	3,8667a	70,2067a	30,5333b
11 P30F53Y	0,1800a	0,7900a	0,2600b	0,1900b	0,3300b	3,6700b	70,3033a	30,9533b
12 P30F53H	0,1767a	0,7867a	0,2667b	0,1900b	0,3367b	3,8067a	70,6533a	32,5733a
13 P32R48Y	0,1900a	0,8367a	0,2867a	0,2000a	0,3500a	3,8400a	70,3267a	31,2400b
14 BG 7060Y	0,1933a	0,8400a	0,2900a	0,2033a	0,3500a	3,9233a	71,3333a	29,0300c
15 AG 8011 YG	0,1567b	0,7533b	0,2467b	0,1667d	0,3167c	3,7333b	68,3733a	28,8100c
16 AG 9020 YG	0,1833a	0,8300a	0,2733a	0,1700d	0,3167c	3,5433b	67,6900a	29,3733c
17 BG 8124 YG	0,1567b	0,7133c	0,2367c	0,1633d	0,3067d	3,6233b	69,1500a	27,7300d
18 BG8418 YG	0,1733a	0,8133a	0,2633b	0,2033a	0,3433a	3,9667a	69,4967a	28,1233d

\*Médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott-Knott, com 5% de probabilidade de erro.

O teste de comparação de médias de Scott-Knott (Tabela 11), separou as cultivares em grupos, em que o número de grupos para cada variável em cada um dos experimentos (ciclo precoce, ciclo superprecoce e cultivares transgênicas) foi diferente. As variáveis que apresentaram apenas um grupo, foram as variáveis que não apresentaram diferenças significativas, portando não houve variabilidade genética entre as cultivares avaliadas.

Tabela 14 – Número de grupos formados pelo teste de Scott-Knott em nível de 5% de probabilidade de erro, para os experimentos em que foram avaliadas cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS) em %MB, metionina (MET) em %MB, cisteína (CIS) em %MB, treonina (THR) em %MB, triptofano (TRP) em %MB, valina (VAL) em %MB, isoleucina (ILE) em %MB, leucina (LEU) em %MB, fenilalanina (FEN) em %MB, histidina (HIS) em %MB, arginina (ARG) em %MB, extrato etéreo (EE) em %MB, amido (AMD) em %MB e amilose (AML) em %MB.

<b>Variável</b>	<b>Precoce</b>	<b>Superprecoce</b>	<b>Transgênico</b>
PROD	4	4	2
PB	2	4	2
LIS	4	3	3
MET	2	2	2
CIS	3	3	3
THR	3	2	3
TRP	4	3	2
VAL	4	2	3
ILE	4	4	2
LEU	4	4	3
FEN	5	4	3
HIS	4	4	4
ARG	4	4	4
EE	4	4	2
AMD	1	2	1
AML	3	4	4

O descarte de variáveis foi realizado com base na análise de variância (ANOVA). A variável AMD, foi não significativa para as cultivares precoces e transgênicas e a variável MET apenas para as cultivares transgênicas. As variáveis, em que não foram evidenciadas diferenças significativas na ANOVA entre as cultivares (AMD e MET), em pelo menos um dos três experimentos, foram eliminadas do estudo. Somente com as variáveis de efeito significativo (PROD, PB, LIS, CIS, THR, TRP, VAL, ILE, LEU, FEN, HIS, ARG, EE, AML), foi determinada a matriz de correlação fenotípica que tem causas genéticas e ambientais, e pode ser utilizada para orientar programas de melhoramento porém, devido somente as causas genéticas envolverem uma associação de natureza herdável (CRUZ et al., 1997).

e realizado o diagnóstico de multicolinearidade entre as variáveis (Tabela 12) para cada experimento, em que as variáveis altamente correlacionadas foram retiradas.

O diagnóstico de multicolinearidade, englobando as 14 variáveis que apresentaram efeito significativo para cultivar na análise de variância. Para as cultivares precoces o número de condição (NC) foi igual a 930, classificando a matriz de correlação com colinearidade moderada a forte, conforme critério de Montgomery e Peck (1982). As cultivares superprecoces e transgênicas, apresentaram número de condição (NC) igual a 4.835 e 10.955, respectivamente, o que classifica as matrizes de correlação, com colinearidade severa conforme Montgomery e Peck, (1982). A análise de agrupamento, com a presença de multicolinearidade não é recomendada, pois as variáveis multicolineares contribuem com maior peso no processo de agrupamento (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Com a eliminação das variáveis VAL, FEN, HIS, THR e TRP, para as cultivares de ciclo precoce, as variáveis FEN, VAL, HIS, THR, ILE, CIS, TRP e ARG, para as cultivares de ciclo superprecoce e as variáveis VAL, ILE, CIS, FEN, HIS, THR e ARG, para cultivares transgênicas de milho, o número de condição reduziu para 82, 53 e 39 (Tabela 12), respectivamente, para os experimentos de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, indicando colinearidade fraca, possibilitando o agrupamento de forma adequada.

Tabela 15 – Diagnóstico de multicolinearidade para os experimentos em que foram avaliadas cultivares de ciclo precoce, ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, no ano agrícola 2009/2010.

Experimento	NC* inicial <sup>+</sup>	Variáveis retiradas	NC* final	Classificação final
Precoce	930	VAL, FEN HIS, THR, TRP	82	Fraca
Superprecoce	4.835	FEN, VAL, HIS, THR, ILE, CIS, TRP, ARG	53	Fraca
Transgênico	10.955	VAL, ILE, CIS, FEN, HIS, THR, ARG	39	Fraca

\*NC: número de condição. Classificação de Montgomery e Peck (1982): NC < 100 Fraca; 1000 > NC > 100 Moderada a forte; > 1000 Severa. +Inicial: com todas as variáveis que apresentaram diferença significativa na análise de variância.

Com as variáveis que permaneceram após a realização do diagnóstico de multicolinearidade, ou seja, com as variáveis do experimento de ciclo precoce (PROD, PB, LIS, CIS, ILE, LEU, ARG, EE e AML), de ciclo superprecoce (PROD, PB, LIS, LEU, EE e AML) e das cultivares transgênicas (PROD, PB, LIS, TRP, LEU, EE e AML), foi realizada a análise de componentes principais.

Para a eliminação de variáveis, conforme apresentado as tabelas 16, 17 e 18, descartou-se as variáveis que menos contribuíram nos últimos componentes para a divergência genética entre as cultivares. Para as cultivares de ciclo precoce foram descartadas as variáveis LIS, CIS, ILE, LEU, ARG e EE, para cultivares de ciclo superprecoce as variáveis LIS, LEU e EE e para cultivares transgênicas foram eliminadas as variáveis LIS e LEU. Assim, as variáveis que permaneceram para a análise de agrupamento foram: produtividade de grãos (PROD), proteína bruta (PB) e amilose (AML) para os três experimentos. A variável PROD foi mantida devida a sua grande importância e por ser o principal caractere mensurado.

O critério utilizado no descarte de variáveis foi de se manter as mesmas variáveis nos três experimentos (ciclo precoce, ciclo superprecoce e cultivares transgênicas)

Tabela 16 – Percentual da variação total explicada pelas componentes principais (CP) e o conjunto de autovetores associados para as 36 cultivares de ciclo precoce avaliadas no ano agrícola 2009/2010.

CP	Autovalor	% explicada	% explicada									
			acumulada	PROD	PB	LIS	CIS	ILE	LEU	ARG	EE	AML
1	5,254	58,374	58,374	-0,265	0,202	0,382	0,403	0,384	0,374	0,411	0,275	-0,220
2	1,059	11,771	70,144	0,551	0,519	-0,022	0,090	-0,273	-0,201	-0,002	0,424	-0,353
3	0,847	9,414	79,558	0,021	0,695	-0,149	-0,021	-0,017	0,227	0,151	-0,309	0,569
4	0,713	7,918	87,477	0,278	-0,293	0,052	0,120	0,111	-0,106	0,139	0,562	0,680
5	0,477	5,299	92,775	0,713	-0,226	-0,041	0,156	0,325	0,412	-0,032	-0,360	-0,097
6	0,302	3,351	96,127	-0,189	0,016	-0,801	0,184	0,173	0,291	-0,253	0,322	-0,085
7	0,147	1,635	97,761	0,068	0,104	-0,123	-0,735	0,558	-0,123	0,263	0,136	-0,120
8	0,130	1,441	99,202	0,002	-0,054	0,229	-0,464	-0,374	0,692	-0,184	0,275	0,019
9	0,072	0,798	100,000	0,033	-0,237	-0,344	-0,024	-0,423	0,093	0,788	-0,075	-0,101

PROD=produtividade de grãos em t ha<sup>-1</sup>, PB= proteína bruta em %MB, LIS= lisina em %MB, CIS= cisteína em %MB, ILE= isoleucina em %MB, LEU= leucina em %MB, ARG= arginina em %MB, EE= extrato etéreo em %MB e AML= amilose em %MB.

Tabela 17 – Percentual da variação total explicada pelas componentes principais (CP) e o conjunto de autovetores associados para as 22 cultivares superprecoce avaliadas no ano agrícola 2009/2010.

CP	Autovalor	% explicada	% explicada acumulada	PROD	PB	LIS	LEU	EE	AML
1	3,119	51,978	51,978	-0,441	0,352	0,510	0,512	0,395	0,054
2	1,270	21,173	73,151	-0,102	-0,297	-0,134	-0,159	0,417	0,827
3	0,724	12,060	85,211	0,598	0,686	0,033	-0,243	0,311	0,122
4	0,547	9,124	94,335	0,347	-0,531	0,340	-0,072	0,568	-0,394
5	0,186	3,098	97,433	0,483	-0,179	0,508	0,349	-0,462	0,377
6	0,154	2,567	100,000	0,291	-0,051	-0,589	0,726	0,194	-0,036

PROD= produtividade de grãos em t ha<sup>-1</sup>; PB= proteína bruta em %MB; LIS= lisina em %MB; LEU= leucina em %MB; EE= extrato etéreo em %MB e AML= amilose em %MB.

Tabela 18 – Percentual da variação total explicada pelas componentes principais (CP) e o conjunto de autovetores associados para as 18 cultivares transgênicas avaliadas no ano agrícola 2009/2010.

CP	Autovalor	% explicada	% explicada acumulada	PROD	PB	LIS	TRP	LEU	EE	AML
1	3,337	47,676	47,676	-0,374	0,425	0,485	0,487	0,396	0,226	0,003
2	1,098	15,682	63,358	-0,087	-0,185	-0,022	0,140	-0,206	0,295	0,900
3	0,936	13,371	76,729	0,321	0,307	-0,192	-0,228	0,014	0,833	-0,145
4	0,768	10,976	87,705	0,666	0,038	0,101	-0,042	0,638	-0,218	0,298
5	0,428	6,110	93,815	0,124	0,769	-0,362	0,180	-0,300	-0,331	0,173
6	0,284	4,054	97,869	0,537	-0,115	0,464	0,444	-0,508	0,044	-0,160
7	0,149	2,131	100,000	0,050	-0,290	-0,609	0,679	0,215	0,101	-0,160

PROD= produtividade de grãos em t ha<sup>-1</sup>, PB= proteína bruta em %MB, LIS= lisina em %MB, TRP= triptofano em %MB, LEU= leucina (LEU) em %MB, EE= extrato etéreo (EE) em %MB e AML= amilose em %MB.

A partir das estimativas da distância generalizada de Mahalanobis, foi realizada a análise de agrupamento pelo método UPGMA. Este método tem sido utilizado com sucesso em vários trabalhos e com várias culturas, como milho (SUBRAMANIAN; SUBBARAMAN, 2010; CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2011; SIMON et al., 2012;), feijão comum (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008; CABRAL et al., 2011) e soja (SANTOS et al., 2011).

Em cultivares de ciclo precoce de milho, a distância generalizada de Mahalanobis permitiu a separação em três grupos, utilizando-se 50% de dissimilaridade como critério para definição dos grupos, pelo método hierárquico da

ligação média entre grupo (UPGMA) (Figura 1). Foram obtidos três grupos, sendo o grupo 1 é formado pelas cultivares PMS0219A54, FTH900, BM207, GNZ2005, FTH404, SHX5121, 30A91, BGA91, BG7060, ATL200, CO327, KSP3246, AG5011, DKB388, XB6012, BM822, P30R50, AG9040, CEP1128, CEP1130, XB6012, 2B655, XB70202, 20A55, SHX7222, 2B688, BX945, o grupo 2 pelas cultivares CD321, CO388, GNZ2728, P30B39, SHX7323, DX510, CEP1143, GNZX0744 e o grupo 3 pela cultivar AG8025.

A cultivar AG8025, mostrou-se bastante divergente das demais, quando a base da divergência são as variáveis PROD, PB e AML, visto que formou um grupo exclusivo e permaneceu isolada das demais cultivares no dendrograma. A cultivar de ciclo precoce AG8025 é de procedência Agrocere, híbrido simples, com textura de grão semiduro. Dentre as cultivares de ciclo precoce avaliadas foi a que apresentou a maior produtividade de grãos ( $7,19 \text{ t ha}^{-1}$ ). Em trabalho realizado por Guadagnin et al. (2011), avaliando cultivares precoces para indicação no Rio Grande do Sul, verificaram que a cultivar AG8025 apresentou elevada produtividade na média geral entre as cidades ( $10,70 \text{ t ha}^{-1}$ ) e uma produtividade semelhante a encontrada no presente estudo para a cidade de Santa Maria ( $5,89 \text{ t ha}^{-1}$ ). Sua divergência genética pode ser explorada em programas de melhoramento com base em descritores quantitativos para obtenção de novas cultivares.



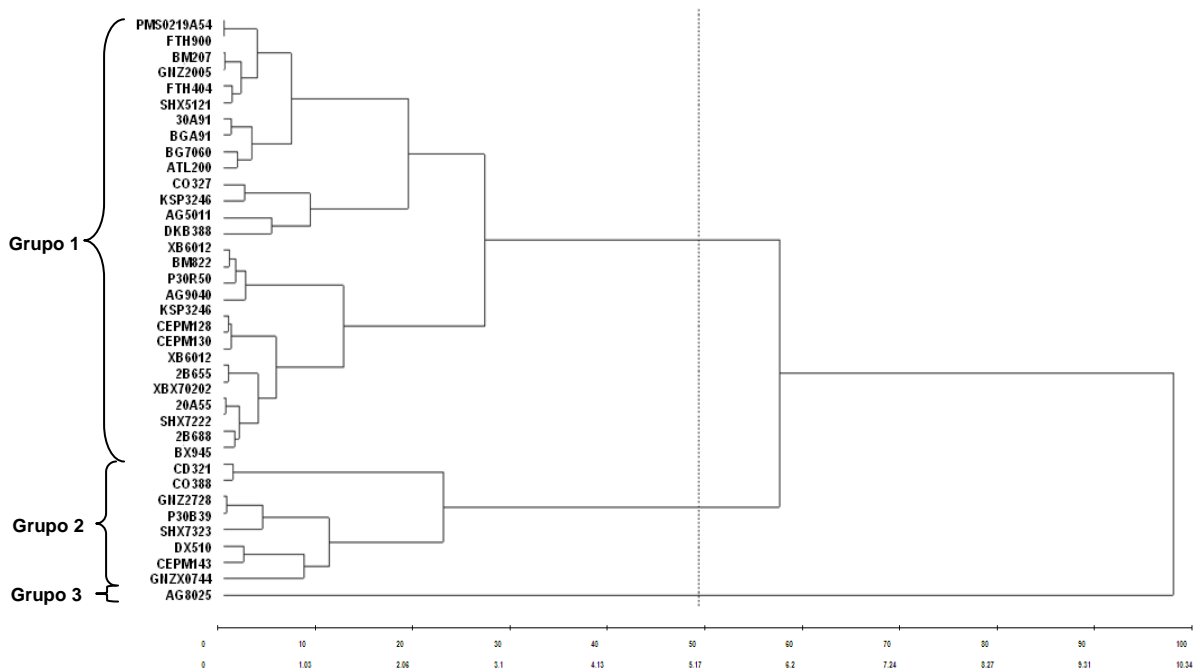


Figura 1 – Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis entre 36 cultivares de ciclo precoce de milho agrupados a partir da produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB. (Coeficiente de correlação cofenética = 0,63 e significativo a 5% de probabilidade de erro).

Com base nos caracteres PROD, PB e AML para cultivares de ciclo superprecoce, em que a distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada como medida de dissimilaridade (como critério para formação dos grupos, houve a formação de três grupos (Figura 2). O grupo 1 é formado pelas cultivares de ciclo superprecoce DX915, GNZ9505, GNZ0729, BM911, AG9020, 2B433, SHX7111, BX898, RBX79, AG9045, PMS1635A08, BALU7690, PRE22T10, SG9020, PRE22S11, o grupo 2 pelas cultivares PMS3919, FTH960, PRE12S12, PRE22D11, SHS7090 e o grupo 3 apenas pelas cultivares HS79707 e BG7060.

A técnica de agrupamento utilizada, revelou ajuste adequado entre a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e a matriz de distância cofenética (C), com coeficientes de correlação cofenética (CCC) foi de 0,63, 0,68 e 0,73 para cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, respectivamente. Esses valores de CCC foram significativos para os três experimentos, evidenciando

assim, credibilidade e consistência aos agrupamentos obtidos pelo método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis. Conforme critérios estabelecidos por Sokal e Rohlf (1962), seriam considerados baixos, pois 0,80, é o valor mínimo para que seja indicado como um bom ajuste entre as distâncias. Para Vieira et al. (2005), isso não pode ser encarado como um descrédito em relação a metodologia utilizada. Para o autor é necessário ter em mente que a eficiência do método de agrupamento (capacidade de apresentar graficamente os contrastes entre genótipos), depende da distribuição da variabilidade genética entre as cultivares avaliadas.

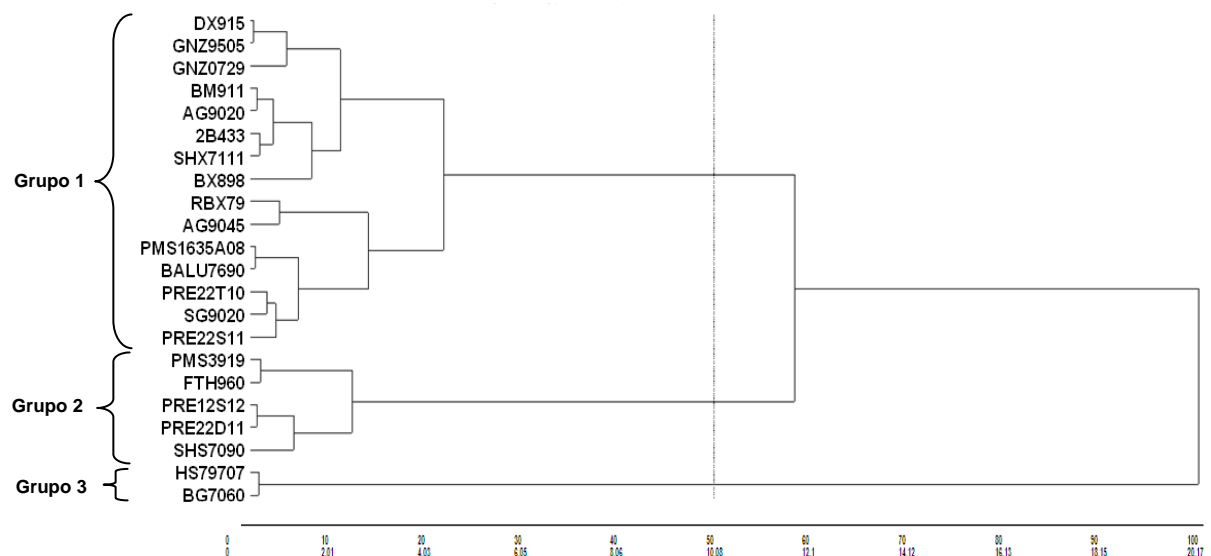


Figura 2 – Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis entre 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho agrupados a partir da produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB. (Coeficiente de correlação cofenética = 0,68 e significativo a 5% de probabilidade de erro).

No dendrograma (Figura 3), gerado pelo método de agrupamento UPGMA (ligação média entre grupos) com base nos caracteres PROD, PB e AML para cultivares transgênicas, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, houve formação de dois grupos, em que o grupo 1 é formado pelas cultivares AS1573YG, DKB566YG e P30F53H, estas pertencem a diferentes procedências Agroeste, Dekalb e Pioneer, respectivamente. Mesmo de

diferentes procedências as cultivares AS1573YG e DKB566YG, apresentam maior similaridade dentro do grupo 1 em relação a cultivar P30F53H. Verifica-se, portanto, a dificuldade em analisar a divergência entre as cultivares, visto que a maioria deles encontra-se em apenas um grupo.

Já o grupo 2, é constituído pelas demais cultivares transgênicas AS1551YG, AS1555YG, AS1572YG, AS1578YG, DKB240YG, 2B604HX, BG8418YG, P30B39Y, P30F36Y, P30F53Y, P32R48Y, BG7060Y, AG8011YG, AG9020YG e BG8124YG.

Na figura 3, apresenta-se a dissimilaridade existente entre as cultivares transgênicas, e a partir desses dois grupos, as cultivares podem ser avaliadas pela sua capacidade de combinação e podem ser utilizadas como pais em programas de melhoramento genético de milho.

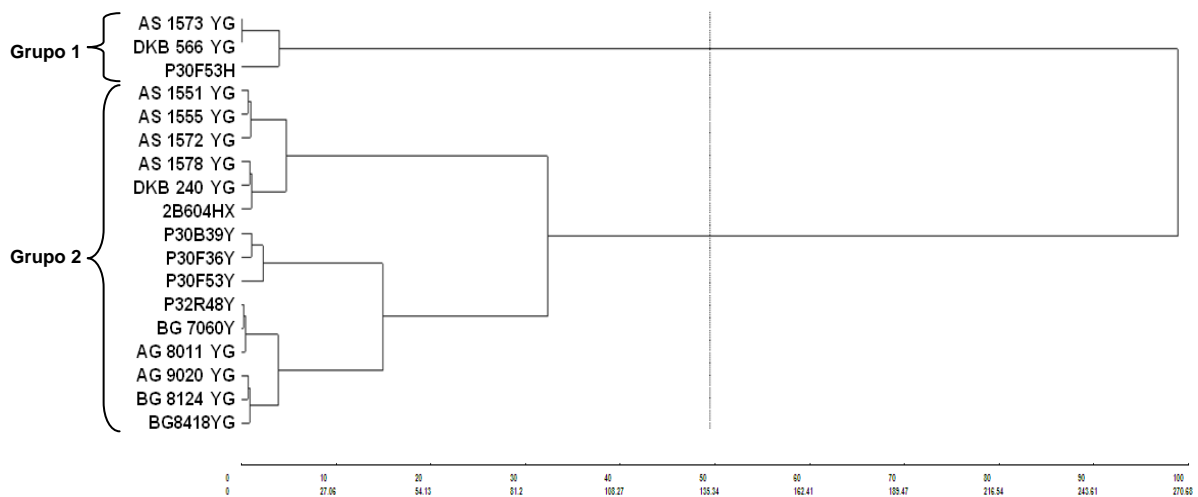


Figura 3 – Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis entre 18 cultivares transgênicas de milho agrupados a partir da produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB. (Coeficiente de correlação cofenética = 0,73 e significativo a 5% de probabilidade de erro).

Diante disso, é preciso que as cultivares associem elevada média de produtividade de grãos, e que apresentem variabilidade genética para os caracteres que se deseja melhorar. Nas tabelas 16, 17 e 18, apresenta-se comparação de médias entre grupos para cada variável para as variáveis produtividade de grãos, proteína bruta e amilose para os experimentos com cultivares de ciclo precoce, de

ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, respectivamente. As cultivares que estão reunidas em grupos heterogêneos, podem ser consideradas como promissoras em hibridações para formação de novas populações segregantes (BENIN et al., 2002).

Tabela 19 – Comparação de médias entre grupos para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 36 cultivares de ciclo precoce de milho classificadas dentro de cada grupo formado pelo método UPGMA.

Variável	M1	M2	M3
PROD	5,3774b	3,4557c	7,1936a
PB	7,5038a	7,6338a	7,5867a
AML	29,0732a	28,6704b	28,3100b

M1= média do grupo 1; M2= média do grupo 2; M3= média do grupo 3

\* médias não seguidas na linha de mesma letra diferem pelo teste t.

Tabela 20 – Comparação de médias entre grupos para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho classificadas dentro de cada grupo formado pelo método UPGMA.

Variável	M1	M2	M3
PROD	6,0463b	5,2841c	6,5429a
PB	7,3456a	7,2407a	7,2500a
AML	28,4571b	29,8287a	26,7383c

M1= média do grupo 1; M2= média do grupo 2; M3= média do grupo 3

\* médias não seguidas na linha de mesma letra diferem pelo teste t.

Tabela 21 – Comparação de médias entre grupos para as variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB para as 18 cultivares transgênicas de milho classificadas dentro de cada grupo formado pelo método UPGMA.

Variável	M1	M2
PROD	7,2755a	6,5730b
PB	7,2578b	7,7057a
AML	31,6767a	29,2924b

M1= média do grupo 1; M2= média do grupo 2

\* médias não seguidas na linha de mesma letra diferem pelo teste t.

Em cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, para as variáveis produtividade de grãos, proteína bruta e amilose, após a realização da análise de variância multivariada (MANOVA), por meio do critério de Wilk's, verificou-se que os vetores de médias dos grupos formados por meio do método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA), com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), diferem. Diante disso, pode-se inferir também que esses grupos são divergentes (Figura 4, 5 e 6). Essa técnica de validação foi utilizada em trabalho realizado por Cargnelutti Filho et al. (2008).

Em cultivares de milho de ciclo precoce, o dendrograma definido pela análise de agrupamento, por meio do método hierárquico da ligação média entre grupos identificou a formação de 3 grupos. Um perfil de médias foi utilizado para representar as médias de cada variável em cada grupo (Figura 4), sendo o grupo 1 é formado por cultivares de intermediária produtividade de grãos, menor teor de proteína bruta e maior teor de amilose. O grupo 2 é constituído por cultivares de menor produtividade de grãos, maior teor de proteína bruta e intermediário teor de amilose. Já o grupo 3 é composto por cultivares de maior produtividade de grãos, menor teor de proteína bruta e menor teor de amilose.

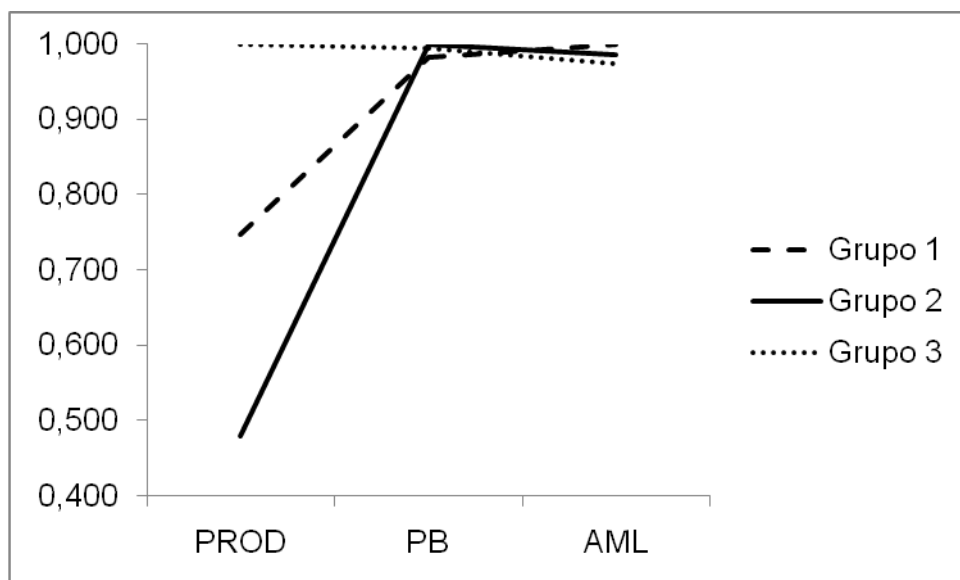


Figura 4 – Perfil de média das variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB de cultivares de ciclo precoce de milho em cada grupo.

O dendrograma definido pela análise de agrupamento das cultivares de ciclo superprecoce de milho, evidenciou a formação de 3 grupos. As médias de cada variável em cada grupo, estão representadas em um perfil de médias (Figura 5). Verificou-se que o grupo 1, abrange as cultivares de milho com uma intermediária produtividade de grãos, maior teor de proteína bruta e intermediário teor de amilose. O grupo 2 e o 3 são formados por cultivares de igual teor de proteína bruta. A diferenciação entre esses dois grupos está em que o grupo 2 apresenta uma menor produtividade de grãos e um maior teor de amilose nos grãos e o grupo 3 é o composto por cultivares de maior produtividade de grãos e menor teor de amilose em relação aos demais grupos formados.

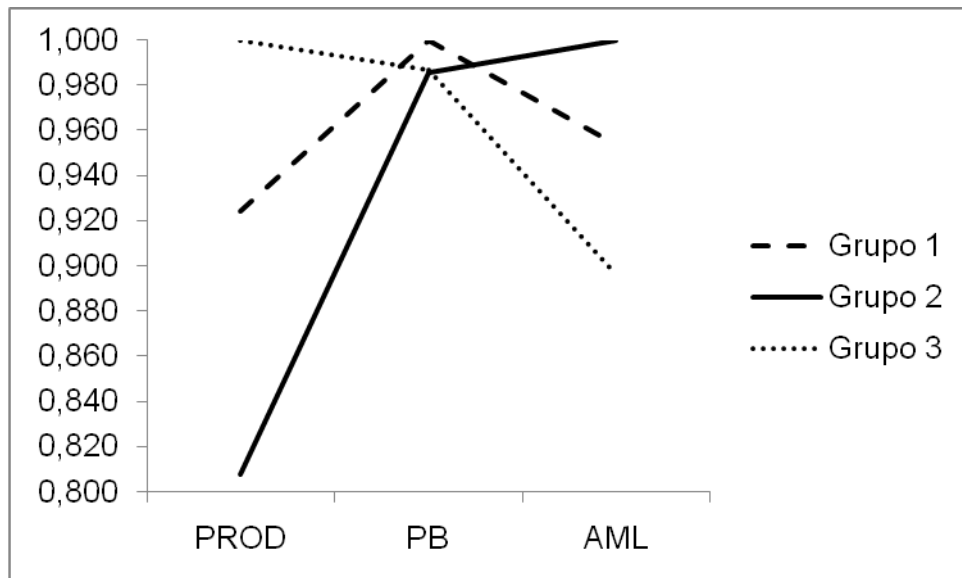


Figura 5 – Perfil de média das variáveis produtividade de grãos (PROD em t ha<sup>-1</sup>, proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB de cultivares de ciclo superprecoce de milho em cada grupo.

Para cultivares transgênicas de milho, o dendrograma definido pela análise de agrupamento formou 2 grupos, que diferem no perfil de médias pelos critérios de Wilk's (Figura 6), em que o grupo 1 é o formado por cultivares transgênicas de maior produtividade de grãos, menor teor de proteína bruta e maior teor de amilose. Já o grupo 2, é composto pelas cultivares transgênicas de menor produtividade de grãos, maior teor de proteína bruta e menor teor de amilose.

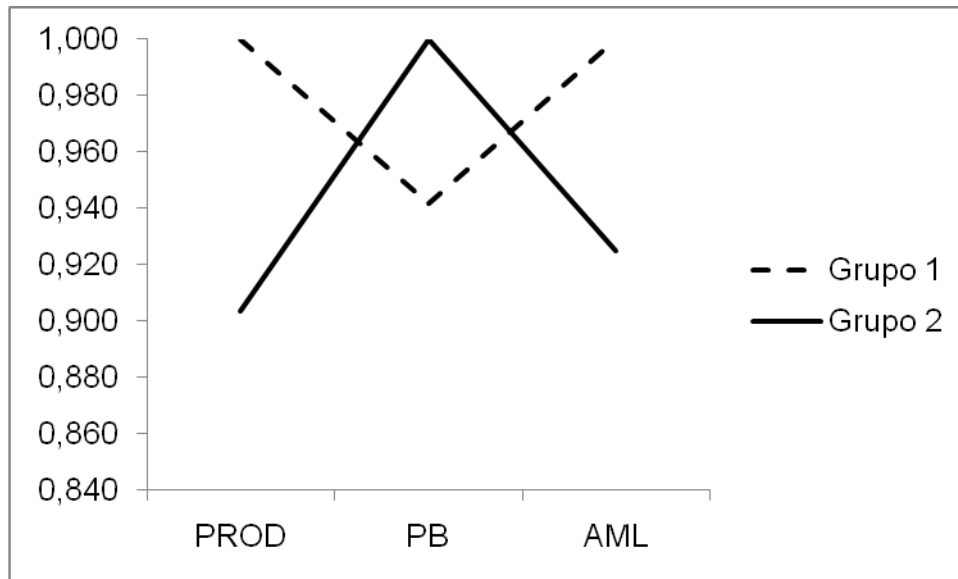


Figura 6 – Perfil de média das variáveis produtividade de grãos (PROD) em  $t\ ha^{-1}$ , proteína bruta (PB) em %MB e amilose (AML) em %MB de cultivares transgênicas de milho em cada grupo.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com base nos três experimentos, em que foram avaliadas cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, verificou-se um elevado percentual de atendimento aos pressupostos da normalidade dos erros (81,25%) e da homogeneidade das variâncias residuais (100% dos casos). Diante desse elevado percentual de atendimento aos pressupostos de normalidade e homogeneidade, as análises foram realizadas sem a transformação de dados (Tabela 4), conferindo credibilidade a análise de variância.

Na análise de variância, para as cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas, verificou-se que em 93,75%, 100% e 87,50%, das 16 variáveis mensuradas, respectivamente, houve variabilidade genética entre as cultivares. A precisão experimental, segundo critérios estabelecidos por Duarte e Resende (2007), foi de alta a muito alta para as variáveis com efeito significativo de cultivar, conferindo credibilidade aos experimentos e aos resultados obtidos. Já para as variáveis que não apresentaram efeito significativo a precisão experimental foi considerada baixa e moderada. As médias de cada variável, em cada experimento foram comparadas pelo teste de Scott-Knott, e o número de grupos formados em cada variável para cada experimento foi diferente. O teste, confirmou a variabilidade genética evidenciada na análise de variância.

Constatada variabilidade entre as cultivares, iniciou-se o estudo da divergência genética, por meio da análise de agrupamento. Inicialmente, para a eliminação de variáveis que pouco contribuem para divergência genética entre as cultivares, foi realizado o descarte de variáveis em três etapas: 1) retirada de variáveis sem efeito significativo para cultivar (teste F da ANOVA); 2) retirada de variáveis causadoras de multicolinearidade na matriz de correlação entre as variáveis e; 3) descarte de variáveis por meio da análise de componentes principais. Assim, as variáveis que permaneceram para análise de agrupamento foram: produtividade de grãos (PROD), proteína bruta (PB) e amilose (AML), para os três experimentos.

A partir dos dados dessas três variáveis (PROD, PB e AML), em cada experimento, foi estimada a matriz de distância generalizada de Mahalanobis, e



realizada a análise de agrupamento das cultivares, com 50% de dissimilaridade como critério para definição dos grupos, pelo método UPGMA. As cultivares foram reunidas de forma a serem homogêneas dentro do grupo e heterogêneas entre os grupos.

Foram formados três, três e dois grupos, respectivamente para as cultivares de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas de milho. O coeficiente de correlação cofenética oscilou entre 0,63 e 0,73. Embora estes valores sejam considerados baixos por Sokal e Rohlf (1962). Vieira et al. (2005) consideram que a credibilidade dos agrupamentos depende da distribuição da variabilidade genética entre as cultivares, não sendo um descrédito da metodologia, coeficientes inferiores a 0,80. Adicionalmente os CCC ( $r = 0,63$ ;  $r = 0,68$  e  $r = 0,73$ ) foram significativos, pelo teste t, a 5% de probabilidade, evidenciando credibilidade e consistência aos agrupamentos obtidos.

Assim, os agrupamentos formados informam sobre a variabilidade genética existente entre as cultivares de milho de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e cultivares transgênicas de milho. Visando melhorias nas características nutricionais, associada a elevada produtividade de grãos, os agrupamentos formados podem contribuir para indicação de cruzamentos promissores, em programas de melhoramento genético com a cultura do milho.

Por fim, diante da variabilidade genética existente entre as cultivares de milho avaliadas, para quase todas as variáveis mensuradas, no presente estudo os agrupamentos foram realizados com base apenas nas variáveis PROD, PB e AML. Os pesquisadores podem utilizar esse banco de dados formado com 76 cultivares, avaliadas em três experimentos, com 15 variáveis nutricionais e a produtividade de grãos, para possíveis agrupamentos com base em outras variáveis mensuradas, possibilitando a indicação de possíveis cruzamentos entre cultivares para uma variável de interesse como por exemplo lisina ou extrato etéreo.

Os produtores podem se beneficiar com as cultivares que surgirem dos cruzamentos entre cultivares divergentes identificados no presente estudo. O conhecimento da qualidade nutricional das diferentes cultivares comerciais de milho disponíveis no mercado, permite auxiliar os produtores na escolha da cultivar a ser semeada, de acordo com o destino que será dado a esses grãos.

Como perspectivas, este estudo abre a oportunidade de cruzamentos promissores para o melhoramento genético de plantas de milho, visando melhorias

nos caracteres nutricionais de grãos de milho produzidos, tendo em vista a satisfação de pesquisadores, indústrias e produtores.

## **6 CONCLUSÕES**

1 - Há variabilidade entre as cultivares de ciclo precoce, entre as cultivares de ciclo superprecoce e entre as cultivares transgênicas em relação à produtividade de grãos e aos caracteres nutricionais de grãos de milho. O amido não apresentou variabilidade em cultivares de ciclo precoce e cultivares transgênicas e a variável metionina para cultivares transgênicas.

2 – Com base nas variáveis produtividade de grãos, proteína bruta e amilose , foram formados três grupos para as cultivares de ciclo precoce, três grupos para as cultivares de ciclo superprecoce e dois grupos para as cultivares transgênicas.

## REFERÊNCIAS

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

ARRIEL, N.H.C. et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 5, p. 801-9, 2006.

AYRES, M. et al. **BioEstat 5.0: aplicações estatísticas nas áreas das ciências biológicas e médicas**. Belém: Sociedade Civil Mamirauá, 2007. 364p.

BARROSO, L. P.; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 151p.

BENIN, G. et al. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 8, n. 3, p. 179-184, 2002.

BERTAN, I. et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2007. 525p.

CABRAL, P. D. S. et al. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 4, p. 898-905, 2011.

CAMPOS, A. L. de et al. Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasma da UNEMAT Cáceres – Mato Grosso. **Revista Trópica – Ciências Agrárias e Biológicas**, v. 4, n. 2, p. 44-54, 2010.

CAMPOS, H. **Estatística experimental não-paramétrica**. 4 ed. Piracicaba : Departamento de Matemática e Estatística - ESALQ, 1983. 349p.

CANTARELLI, V. S. de. et al. Composição química, vitreosidade e digestibilidade de diferentes híbridos de milho para suínos. **Revista Ciência Agrotecnologia**, Lavras: v. 31, n. 3, p. 860-864, 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, 2008.

\_\_\_\_\_.; et al. Tamanho ótimo de parcela em milho com comparação de dois métodos. **Ciência Rural**, v. 41, n. 11, p. 1890-1898, 2011.

\_\_\_\_\_.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 111-117, 2009.

\_\_\_\_\_.; STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Agrupamento de cultivares de feijão em presença e em ausência de multicolinearidade. **Ciência Rural**, v. 39, n. 9, p. 2409-2418, 2009.

\_\_\_\_\_.; GUADAGNIN, J. P. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de milho. **Ciência Rural**, v. 41, n. 9, p. 1503-1508, 2011.

CASTRO, M. V. L. de et al. Rendimento industrial e composição química de milho de alta qualidade protéica em relação a híbridos comerciais. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 3, p. 233-242, 2009.

CIAT - CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Evaluación de la calidad culinaria y molinera del arroz: guía de estudio para ser usada como complemento de la unidad audiotutorial sobre el mismo tema. **Contenido científico**: César Martínez, Federico Cuevas. Producción: Luz María Medina. Cali, Colômbia. 1989. 73p.

COIMBRA, R.R. et al. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 1, p. 159-166, 2010.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2009/2010 – Sexto Levantamento, Março/2010** / Companhia Nacional de Abastecimento. Brasília - DF: CONAB, 2010.

\_\_\_\_\_. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, segundo levantamento, Novembro/2012** / Companhia Nacional de Abastecimento. Brasília - DF: CONAB, 2012.

COORS, J. G. Selection methodologies and heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524p.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 p. Tese de doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba,. 1990.

\_\_\_\_\_. **Programa Genes: Análise Multivariada e Simulação**. Viçosa: UFV, 175p. 2006.

\_\_\_\_\_.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 585p. 2003.

\_\_\_\_\_.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 390p. 1997.

D'AGOSTINI, P. e al. Valores de composição química e energética de alguns alimentos para aves. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 1, p. 128-134, 2004.

DARDENNE, P. et al. Composition and nutritive value of whole maize plants fed fresh to sheep. 2. Prediction of the in vivo organic matter digestibility. **Annales de Zootechnie** 43(3), p. 251-270. 1993.

DIAS, L.A.S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, L.C. (Ed.). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa: Editora UFV, 1998. p. 405-75.

DOTTO, M. A. et al. Divergência genética entre cultivares comerciais de milho em baixas altitudes no Tocantins, safra 2007/2008. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 4, p. 630-637, 2010.

DOVALE, J. C.; FRITSCHÉ-NETO, R.; SILVA, P. S. L. Índice de seleção para cultivares de milho com dupla aptidão: minimilho e milho verde. **Bragantia**, v. 70, n. 4, p. 781-787, 2011.

ELIASSON, A. C. Starch in food – Structure, function and applications. New York: **Boca raton**, CRC, 2004. 605p. 2004.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Brasília: Embrapa produção de informação, Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 412p.,1999.

EMYGDIO, B. M. ; IGNACZAK, J. C.; CARGNELUTTI FILHO, A. Potencial de rendimento de grãos de híbridos comerciais simples, triplos e duplos de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 6, n. 1, p. 95-103, 2007.

FANCELLI, A. L.; DOURADO-NETO, D. **Produção de Milho**. Guaíba: 2º Ed. Agropecuária. 2004. 360p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO-NETO, D. Ecofisiologia e fenologia. In: FANCELLI, A. L.; DOURADO-NETO, D. **Produção de milho**. Guaiba: Agropecuária, p. 21-54. 2000.

FAOSTAT. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. 2010. Disponível em:<<http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>>. Acesso em 22 de novembro de 2012.

FARIA, P. N. et al. **Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas**. Horticultura Brasileira, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012.

FERREIRA, D. F. et al. Comparações múltiplas em experimentos com grande número de tratamentos - utilização do teste de Scott-Knott. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v. 23, n. 3, p. 745-752, 1999.

FREITAS, E. R. et al. Valor nutricional do milho termicamente processado, usado na ração pré-inicial para frangos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 57, n. 4, p. 510-517, 2005.

FURLAN, A. C.; et al. Valores energéticos de alguns alimentos determinados com codornas japonesas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 27, n. 6, p. 1147-1150, 1998.

GARCIA-LAGOMBRA, G.; HARBERS, L. H. Predicting nutritional composition of corn grain using near infrared reflectance spectroscopy. **Agricultural Experiment Station and Cooperative Extension Service**. Kansas State University p.108-109. 1991.

GIVENS, D. I. et al. A comparison of near infrared reflectance spectroscopy with three in vitro techniques to predict the digestibility in vivo of untreated and ammoniated cereal straws. **Animal Feed Sci. Technol.** 35, p. 83-94, 1991.

GORGULHO, E. P.; MIRANDA FILHO, J. B. Estudo da capacidade combinatória de variedades de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 1, p. 01-08, 2001.

GUADAGNIN, J. P. et al. Avaliação de cultivares de milho de ciclo precoce para indicação no estado do Rio Grande do Sul - safra 2010/2011. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 17, n. 1, p. 67-72, 2011.

GURIA, P. **Physico-chemical properties, nutritional quality and value addition to quality protein maize (*Zea mays* L.)**. A Thesis for Master of Home Science Submitted to the Department of Food Science and Nutrition, University of Agricultural Sciences, Dharwad. Dissertation. 2006.

HAIR, J. F. et al. **Análise multivariada de dados**. 6 ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688p.

HOSENEY, R. C. **Principles of cereal science and technology**. 2.ed. St Paul: American Association of Cereal Chemists, 1994. 378p.

HOUARD, N. M. et al. High-lysine corn generated by endosperm-specific suppression of lysine catabolism using RNAi. **Plant Biotechnology Journal**, p. 605–614, 2007.

JESUS, W. C. de et al. Heterose para teor de proteína no grão em cruzamentos entre populações milho derivadas híbridos comerciais. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 38, p. 32-38, 2008.

KNIEP K. R; MASON, S. C. Lysine and protein content of normal and opaque-2 maize grain as influenced by irrigation and nitrogen. **Crop Science**, v. 31, p. 177-181, 1991.

KRISHNAN, P. G. et al. Measurement of protein and oil contents of oats, cultivars using near-infrared reflectance spectroscopy. **Cereal-Foods-Word**. 39(2), p.105-108, 1994.



LEA, P. J.; AZEVEDO, R. A. Nitrogen use efficiency. 1. Uptake of from the soil. **Annals of Applied Biology**, v. 149, p. 243-247, 2006.

LEÃO, P. C. L. da; OLIVEIRA, A. L. de; BRUNINI, M. A. Qualidade de grãos de milho na região norte do estado de São Paulo. **Anais... XXIX CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO - Águas de Lindóia - 26 a 30 de Agosto de 2012**, p. 3200-3204. Disponível em: <[http://www.abms.org.br/29cn\\_milho/15708.pdf](http://www.abms.org.br/29cn_milho/15708.pdf)>. Acesso em: 26 de novembro de 2012.

LEHNINGER, A. L.; NELSON, D. L.; COX, M. M. Carboidratos In: LEHNINGER, A. L.; NELSON, D. L.; COX, M. M. (Eds.) **Princípios de bioquímica**. 2.ed. São Paulo: Sarvier, p. 222-241, 1995.

LIMA, G. J. M. de et al. **Avaliação do teor de óleo e proteína bruta de genótipos de milho produzidos na Coopervale-Pelotina, PR**. Concórdia, SC: EMBRAPA, 2003.4p. (Comunicado técnico, 346).

\_\_\_\_\_.; BELLAVER, C. Grãos de valor agregado na produção rações para aves. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL ACAV-EMBRAPA SOBRE NUTRIÇÃO AVES, 1., 1999, Concórdia. **Anais**. Concórdia: Embrapa-CNPISA, 1999. p. 36-46.

MARQUES, D. G. et al. Qualidade dos ensaios de competição de cultivares de milho no Estado do Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, v. 30, n. 3, p. 381-385, 2000.

MARTIN, T. N.; STORCK, L. Análise das pressuposições do modelo matemático em experimentos agrícolas no delineamento blocos ao acaso. In: MARTIN, T. N. & ZIECH, M. F. (org). **Sistemas de Produção Agropecuária**. Curitiba: UTFPR. p. 177-196. 2008.

MCKEVITH, B. Nutritional aspects of cereals. **Nutrition Bulletin**, v. 29, p. 111-142, 2004.

MEYER, A.S. Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamentos com dados de marcadores moleculares dominantes. 2002. 106f. Dissertação. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2002.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PARTENIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, p. 275-340, 1987.

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

MITTELMANN, A. et al. Quantitative variation for grain quality in Brazilian maize populations. **Scientia Agricola**. v. 68, n. 1 p. 50-56. 2011.

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M. Analysis of genetic diversity in crop plants - Salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-48, 2003.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**. v. 20, p. 359-363, 1977.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 504p. 1982.

MORENO, J. A. Clima do Rio Grande do Sul. Secretaria da Agricultura. **Divisão de Terras e Colonização**. Porto Alegre, 1961.

MURRAY, I.; GARRIDO, A. NIR spectral characteristics of ammonia treated and untreated cereal straws. Proc. 3rd Int. **Conference on Near Infrared Spectroscopy Brussels**, Belgium, p. 610-615, 1990.

NAGATA, A. K. et al. Energia metabolizável de alguns alimentos energéticos para frangos de corte, determinada por ensaios metabólicos e por equações de predição. **Ciências Agrotecnológicas**, v. 28, n. 3, p. 668-677, 2004.

NELSON, O. E. **Genetic modification of protein quality in plants**. Advances in Agronomy, p. 171-194, 1969.

NORDSTROM, J. W.; BEHRENS, B. R.; MEADE, R. J. et al. Effects of feeding high oil corns to grow-finishing swine. **Journal of American Science**, Lansing, v. 35, n. 2, p. 357, 1972.

NUNES, G. H. S. de et al. Divergência genética entre linhagens de melão pele de Sapo. **Revista Ciência Agrônômica**. 2011, v. 42, n. 3, p. 765-773, 2011.

NUNES, R. V. et al. Composição química e valores energéticos do milho e da silagem de grãos úmidos de milho para aves. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 9, n. 1, p. 82-90, 2008.

OLIBONI, R. et al. Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 34, n. 1, p. 37-44, 2012.

OLIVEIRA, G. H. F. de; OLIVEIRA JUNIOR, E. A. DE; ARNHOLD, E. Comparação de tipos de cultivares de milho quanto ao rendimento de grãos. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 25, n. 2, p. 29-34, 2012.

OLIVEIRA, J. P. de et al. Teor proteína no grão em populações milho alta qualidade protéica e seus cruzamentos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 34, p. 45-51, 2004.

PAES, M. C. D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**. Sete Lagoas: EMBRAPA, 2006, (Circular técnica, 75). Disponível em: <[http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/publica/2006/circular/Circ\\_75.pdf](http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/publica/2006/circular/Circ_75.pdf)>. Acesso em: 01 maio 2011.

PAIXÃO, S. L. et al. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de alagoas. **Revista Caatinga**, v. 21, n. 4, p. 191-195, 2008.

PIERRE, W. H. et al. Relationship between corn yield expressed as a percentage of maximum, and the N percentage in the grain. Various N-rate experiments. **Agronomy journal**, v. 69, p. 215-226. 1977.

PIOVESAN, V.; OLIVEIRA, V. de; ARAUJO, J. S. dos. Predição do conteúdo de aminoácidos essenciais do grão de milho. **Ciência Agrotecnologia**, v. 34, n. 3, p. 758-764, 2010.

PONTES. A. C. F. **Análise de variância multivariada com utilização de testes não paramétricos e componentes principais baseados em matrizes de postos**. 2005. 106p. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo - USP. Piracicaba - SP: 2005.

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

RODRIGUES, M. C.; CHAVES, L. J.; PACHECO, C. A. P. Heterosis in crosses among white grain maize populations with high quality protein. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 59-66, 2006.

RODRIGUES, L.R.; GUADAGNIN, J.P.; PORTO, M.P. Indicações técnicas para o cultivo de milho e de sorgo no Rio Grande do Sul: safras 2009/2010 e 2010/2011. Veranópolis: FEPAGRO-Serra, 2009. 179p.

RODRIGUES, P. B. et al. Valores energéticos do milho, do milho e subprodutos do milho, determinados com frangos de corte e galos adultos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 6, p. 1767-1778, 2001.

RODRIGUES, R. C. **Métodos de Análises Bromatológicas de Alimentos: Métodos Físicos, Químicos e Bromatológicos**. Embrapa Clima Temperado. Documentos, 306. 177p. 2010.

ROSTAGNO, et al. **Tabelas Brasileiras para aves e suínos**. Composição de alimentos e exigências nutricionais. Viçosa: 252p. 2011.

ROTILI, E. A. et al. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**. v. 43, n. 3, p. 516-521. 2012.

SANTOS, E. R. dos et al. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, v. 58, n. 6, p. 755-764, 2011.

SANTOS, Z. A. S. et al. Valor nutricional de alimentos para suínos determinado na Universidade Federal de Lavras. **Ciências Agrotecnológicas**, v. 29, n. 1, p. 232-237, 2005.

SATORRE, E. H. et al. **Producción de Granos. Bases funcionales para su manejo**. (3ra edición) Editorial Facultad de Agronomía, Buenos Aires, Argentina. 783 p. (1ra Edición impresa en 2003; 2da en el 2004). 2010.

SGARBIERI, V. C. **Proteínas em alimentos protéicos**. São Paulo: Livraria Varela, 50 p. 1996.

SILVA, P. R. V. 2011. Histórico da espectroscopia de infravermelho próximo. Disponível em: <<http://www.angelfire.com/ab/prvs>> Acesso em 24 de novembro de 2012.

SILVA, T. A. da; et al. Genetic divergence in popcorn genotypes using microsatellites in bulk genomic DNA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, n. 1, p. 31-36, 2009.

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 2, p. 449-548. 2012.

SINGH, N. et al. Morphological, thermal and rheological properties of starches from different botanical sources. **Food Chemistry**, v. 81, p. 219-231, 2003.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, Berlin, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics. A biometrical approach**. 3.ed. New York: McGraw Hill Co., 1997. 666p.

STORCK, L. et al. **Experimentação vegetal**. Santa Maria: UFSM, 2006. 198p.  
SUBRAMANIAN, A.; SUBBARAMAN, N. Hierarchical cluster analysis of genetic diversity in Maize germplasm. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 1 n. 4, p. 431-436, 2010.

TESTER, R. F.; KARKALAS, J.; QI, X. Starch – composition, fine structure and architecture. **Journal Cereal Science**, v. 39, n. 2, p. 151-165, 2004.

VAN SOEST, P. J. Nutritional Ecology of the Ruminant. 2. ed. Ithaca: Comstock Publ. Association, 476 p. 1994.

VIEIRA, E. A. et al. Emprego de modelos gráficos na seleção de genitores de milho para hibridização e mapeamento genético. **Ciência Rural**, v. 35, n. 5, p. 986-994. 2005.

VIEIRA, R. O. de et al. Composição química e energia metabolizável de híbridos de milho para frangos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 4, p. 832-838, 2007.

VILELA, F. O. et al. Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 1, p. 25-30, 2008.

VON PINHO, R. G. et al. Avaliação agrônômica do cultivo de milho em diferentes níveis de investimento. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, n. 1, p. 39-46, 2009.