

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

Daniela Lixinski Silveira

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RELAÇÕES LINEARES ENTRE
PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E CARÁCTERES DE PENDÃO DE
MILHO**

Santa Maria, RS
2019

Daniela Lixinski Silveira

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RELAÇÕES LINEARES ENTRE PRODUTIVIDADE
DE GRÃOS E CARACTERES DE PENDÃO DE MILHO**

Dissertação apresentada ao Curso 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 título de **Mestre em Agronomia**.

Orientador: Prof. Dr. Alberto Cargnelutti Filho

Santa Maria, RS
2019

Silveira, Daniela Lixinski
Divergência genética e relações lineares entre
produtividade de grãos e caracteres de pendão de milho /
Daniela Lixinski Silveira.- 2019.
65 p.; 30 cm

Orientador: Alberto Cargnelutti Filho
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós
Graduação em Agronomia, RS, 2019

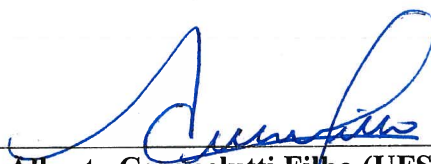
1. Zea mays L. 2. Variabilidade genética 3. Seleção
indireta I. Cargnelutti Filho, Alberto II. Título.

Daniela Lixinski Silveira

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RELAÇÕES LINEARES ENTRE PRODUTIVIDADE
DE GRÃOS E CARACTERES DE PENDÃO DE MILHO**

Dissertação apresentada ao Curso 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 título de **Mestre em Agronomia**.

Aprovado em 16 de julho de 2019:



Prof. Dr. Alberto Cargnelutti Filho (UFSM)
(Presidente/Orientador)



Prof. Dr. Lindolfo Storck



Prof. Dr. Marcos Toebe (UFSM)

Santa Maria, RS
2019

DEDICATÓRIA

À minha mãe, **Maria de Lourdes**

Dedico este trabalho!

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida e por guiar minha caminhada.

Aos meus pais, Manoel e Maria, pelo exemplo de dignidade, força de vontade, carinho e incentivo.

A minha irmã, Cátia, pelo carinho, amizade, companheirismo e apoio incondicional.

Ao meu irmão, Daniel, pelo apoio e cumplicidade.

Aos meus padrinhos, Ronalti e Rejane, pelo apoio e incentivo.

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

Ao meu orientador, Alberto Cargnelutti Filho, pela orientação e ensinamentos transmitidos.

Aos amigos e colegas do setor de experimentação agrícola, que me auxiliaram na condução e avaliação dos experimentos, pois sem a ajuda, amizade e empenho deles não conseguiria chegar até aqui.

Aos professores e funcionários do Departamento de Fitotecnia pelo auxílio e convívio.

E a todos que de alguma maneira contribuíram para realização deste trabalho.

Muito obrigada!

RESUMO

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RELAÇÕES LINEARES ENTRE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E CARACTERES DE PENDÃO DE MILHO

AUTORA: Daniela Lixinski Silveira
ORIENTADOR: Prof. Dr. Alberto Cargnelutti Filho

Os objetivos deste estudo foram verificar se há variabilidade genética entre as cultivares de milho em relação à produtividade de grãos e os caracteres de pendão, para indicação de cultivares com características divergentes, bem como estudar as relações lineares entre a produtividade de grãos e os caracteres de pendão e identificar quais caracteres possuem elevada correlação e efeitos diretos com a produtividade de grãos. Foram conduzidos três experimentos com 20 cultivares de milho, no delineamento experimental blocos ao acaso, com três repetições, nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018. Foram avaliados 11 caracteres de pendão e a produtividade de grãos. Foram realizadas as análises de variância individual e conjunta. As médias das cultivares foram comparadas por meio do teste de Scott-Knott. Efetuou-se a análise de componentes principais, e com os caracteres que explicaram a maior variação total, foi determinada a matriz de distância generalizada de Mahalanobis entre as cultivares e realizada a análise de divergência genética, por meio do método de agrupamento da ligação média entre grupo (UPGMA). Para validação do agrupamento calculou-se o coeficiente de correlação cofenética. Para o estudo das relações lineares foram estimadas as matrizes de correlação fenotípica e genotípica (por experimento e conjuntamente) e realizados os diagnósticos de multicolinearidade, com base no número de condição e no fator de inflação da variância. Após, foram realizadas as análises de trilha da produtividade de grãos (caractere principal) em função dos caracteres do pendão (caracteres explicativos). Existe divergência genética entre as cultivares de milho e foram formados seis grupos. O comprimento do pendão, o número total de ramificações, a massa de matéria seca da espiga central e a produtividade de grãos foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética entre as cultivares de milho. O número de ramificações secundárias apresenta relação linear positiva sobre a produtividade de grãos e pode ser utilizado para seleção indireta de plantas de milho, em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Variabilidade genética. Seleção indireta.

ABSTRACT

GENETIC DIVERGENCE AND LINEAR RELATIONS BETWEEN GRAIN PRODUCTIVITY AND CORN TASSEL CHARACTERS

AUTHOR: Daniela Lixinski Silveira
ADIVISOR: Alberto Cargnelutti Filho

The objectives of this study were to verify genetic variability among maize cultivars in relation to grain yield and tassel traits, to indicate cultivars with divergent characteristics, as well as to study the linear relationships between grain yield and tassel traits and identify which traits have high correlation and direct effects on grain yield. Three experiments were carried out with 20 maize cultivars, in a randomized complete block design, with three replications, in the agricultural years 2015/2016, 2016/2017, and 2017/2018. Were evaluated the 11 traits of tassel and grain yield. The analyzes individual and joint variance were performed. The mean values of the cultivars were compared using the Scott-Knott test. The principal components were analyzed, and with the traits that explained the greatest total variation were determined the Mahalanobis generalized distance matrix between the cultivars and fulfilled the analysis of genetic divergence was carried out, using the UPGMA grouping method. To validate the cluster the cophenetic correlation coefficient was calculated. For the study of linear relations, were estimated the matrices of phenotypic and genotypic correlation (by experiment and joint) and the multicollinearity diagnoses were performed, based on the condition number and on the variance inflation factor. After that, the grain yield (main trait) path analysis was performed according to the traits tassel (explanatory traits). There is genetic divergence among maize cultivars and six groups cultivars were formed. Tassel length, total number of branches, dry matter of the central spike and grain yield were the main contributors to genetic divergence among maize cultivars. The number of secondary branches presents a positive linear relation on grain yield and can be used for indirect selection of maize plants in breeding programs.

Key words: *Zea mays* L. Genetic variability. Indirect selection.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Representação dos caracteres avaliados no pendão do milho, CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g. Adaptado de Wharta et al. (2016).....42
- Figura 2 - Dendrograma obtido pelo método de agrupamento de cultivares, por meio do método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), entre 20 cultivares de milho, agrupadas com base no comprimento do pendão, número total de ramificações, massa de matéria seca da espiga central e produtividade de grãos. Coeficiente de correlação cofenética= 0,6017 e significativo a 5% de probabilidade de erro.....43
- Figura 3 - Representação dos caracteres avaliados no pendão do milho, CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g. Adaptado de Wharta et al. (2016).....58

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1- Tecnologia, empresa, tipo, ciclo, uso, grão, cor e investimento das 20 cultivares de milho.....35
- Tabela 2 - Significância do teste F, média e coeficiente de variação (CV) da análise variância individual e conjunta de 12 caracteres avaliados em 20 cultivares de milho nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018.36
- Tabela 3 - Médias de 12 caracteres avaliados em 20 cultivares de milho nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018.37
- Tabela 4 - Percentual da variação total explicada pelos componentes principais (CP) e o conjunto de autovalores (λ) associados para 20 cultivares de milho, avaliadas em três anos agrícolas.....39
- Tabela 5 - Dissimilaridade entre cultivares de milho para comprimento do pendão, número total de ramificações, massa de matéria seca da espiga central e produtividade de grãos, em relação aos três anos agrícolas, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2).....40
- Tabela 6 - Médias dos caracteres comprimento do pendão (CP, em cm); número total de ramificações (NR); massa de matéria seca da espiga central (MSEC, em g); e produtividade de grãos (PROD, em Mg ha⁻¹) para 20 cultivares de milho, alocadas em seis grupos formados, por meio do método UPGMA, representado no dendrograma (Figura 2).41
- Tabela 7 - Tecnologia, empresa, tipo, ciclo, uso, grão, cor e investimento das 20 cultivares de milho.....53
- Tabela 8 - Resumo da análise de variância com o número de graus de liberdade (GL) e o quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro, média, coeficiente de variação (CV%), valor do teste F para cultivar (Fc) e acurácia seletiva (AS), para 12 caracteres em 20 cultivares de milho, nos anos agrícolas

2015-2016 (experimento 1), 2016-2017 (experimento 2) e 2017-2018 (experimento 3)..... 54

Tabela 9 - Resumo da análise de variância conjunta com o número de graus de liberdade (GL) e o quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar, ano agrícola, interação cultivar × ano agrícola e resíduo, média, coeficiente de variação (CV%), valor do F calculado para cultivar (Fc) e acurácia seletiva (AS) para 12 caracteres em 20 cultivares de milho. 55

Tabela 10 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre 12 caracteres mensurados de 20 cultivares de milho, avaliados em três anos agrícolas.56

Tabela 11 - Efeitos diretos e indiretos na análise de trilha, a partir das matrizes de correlação fenotípica e genotípica, dos caracteres explicativos sobre a produtividade de grãos (PROD) de 20 cultivares de milho, avaliadas em três anos agrícolas..... 57

SUMÁRIO

1 CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	12
1.1 INTRODUÇÃO.....	12
1.2 JUSTIFICATIVA.....	13
1.3 HIPÓTESES.....	13
1.4 OBJETIVOS.....	14
1.4.1 Objetivo geral.....	14
1.4.2 Objetivos específicos.....	14
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	15
2.1 CULTURA DO MILHO.....	15
2.2 DIVERSIDADE GENÉTICA.....	16
2.2.1 Análise dos componentes principais.....	17
2.2.2 Distância generalizada de Mahalanobis.....	18
2.2.3 Método de agrupamento.....	19
2.2.4 Validação do agrupamento.....	21
2.3 RELAÇÕES ENTRE CARACTERES.....	21
2.3.1 Multicolinearidade.....	22
2.3.2 Análise de trilha.....	23
3 CAPÍTULO I - DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE MILHO EM RELAÇÃO À PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E CARACTERES DE PENDÃO.....	25
3.1 INTRODUÇÃO.....	26
3.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	27
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
3.4 CONCLUSÃO.....	32
3.5 REFERÊNCIAS.....	32
4 CAPÍTULO II - RELAÇÕES LINEARES ENTRE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E CARACTERES DE PENDÃO DE MILHO.....	44
4.1 INTRODUÇÃO.....	45
4.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	46
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	48
4.4 CONCLUSÕES.....	51
4.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	51
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	59
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	60

1 CONSIDERAÇÕES GERAIS

1.1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é o cereal mais cultivado no mundo, com produção de 1,135 bilhão de toneladas, na safra 2017/2018, e produtividade média de 5,755 Mg ha⁻¹, sendo o Brasil o terceiro maior produtor mundial, ficando atrás dos Estados Unidos e China (FAO 2019). É um cereal utilizado nos mais diversos setores da cadeia produtiva, possuindo várias finalidades, sendo fundamental na produção de aves e suínos, onde são consumidos 70 a 80% do milho produzido no Brasil (VENEGAS; SCUDELER, 2012). O milho pode ser empregado também na produção de alimentos básicos, como farinhas, canjica e óleos, podendo ser utilizado na formulação de xarope de glucose, maltodextrinas e corantes.

O milho é uma planta monoica, ou seja, apresenta ambos os sexos na mesma planta. O pendão e a espiga representam as inflorescências masculina e feminina, respectivamente. O pendão se localiza na porção superior da planta e é constituído pela haste principal (pedúnculo) e pelas ramificações. Botanicamente, o pendão é formado por espiguetas, uma sésil e outra pedicelada. Em cada espiguetas encontram-se duas flores com três anteras por flor, que posteriormente irão liberar os grãos de pólen (BORÉM, 2015).

Os programas de melhoramento genético de milho buscam desenvolver linhagens e híbridos com menor tamanho da inflorescência masculina, mas que sejam capazes de produzirem quantidades de grãos de pólen suficientes para promover a polinização (DUVICK, 2005; FISCHER; EDMEADES, 2010).

O estudo da divergência genética entre as cultivares de milho tem grande importância, pois possibilita a obtenção de informações para identificação de genótipos com características de interesse agrônomo para indicação em futuros cruzamentos. Desta forma, medidas de dissimilaridade têm sido utilizadas para quantificação das distâncias entre os genótipos. Nesse sentido, a distância generalizada de Mahalanobis é a mais empregada, para dados obtidos de experimentos com repetições (SIMON; KAMADA; MOITEIRO, 2012). Segundo Cruz, Carneiro e Regazzi (2014), essa técnica se diferencia das demais por considerar as correlações entre os caracteres. Dentre os métodos de agrupamentos, a ligação média entre grupo (UPGMA), tem sido utilizado em estudos da divergência genética na cultura do milho (SIMON; KAMADA; MOITEIRO, 2012). Segundo Cargnelutti Filho e Guadagnin (2011), o método foi considerado o mais eficiente no agrupamento de cultivares de milho.

O estudo das relações lineares entre caracteres é importante no melhoramento genético para obtenção de materiais superiores. Também, é fundamental para seleção de caracteres de interesse agrônomo que apresentam baixa herdabilidade e são de difícil mensuração. Segundo Cruz, Carneiro e Regazzi (2014), o estudo de associações lineares entre caracteres, com base na análise de coeficientes de correlação, é a ferramenta mais utilizada na quantificação da magnitude e na direção das influências, porém não possibilita avaliar os efeitos diretos e indiretos. Os mesmos autores salientam que esta análise pode resultar em equívocos na estratégia de seleção, uma vez que a correlação elevada pode ser resultado do efeito de um terceiro caractere ou de um grupo de caracteres.

Alternativamente, para compreender melhor a associação linear entre os caracteres, é possível utilizar a análise de trilha ou “*path analysis*” (WRIGHT, 1921). Essa análise serve como artifício para o melhorista entender as causas envolvidas e decompor o coeficiente de correlação em efeitos diretos e indiretos, por meio de um caractere principal e dos caracteres explicativas (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

1.2 JUSTIFICATIVA

Os programas de melhoramento genético de milho são essenciais para atender a crescente demanda da produção. Assim, o desenvolvimento de linhagens e híbridos com menor pendão e menor número de ramificações é desejado. No entanto, a produção de pólen deve ser mantida em nível suficiente para fecundação (DUVICK, 2005a; FISCHER; EDMEADES, 2010). Também há relatos que o tamanho (comprimento) do pendão pode estar relacionado com a produtividade de grãos, visto que pendões maiores podem atuar como dreno de fotoassimilados (EDWARDS, 2011).

Devido a isso, avaliar a divergência genética entre cultivares de milho é importante, pois, possibilitará estudar o comportamento das cultivares, a fim de indicar os genótipos que apresentarem comportamento superior das características de interesse, em função da produtividade de grãos e dos caracteres de pendão. Já, o estudo das relações lineares possibilitará a indicação dos caracteres de pendão que possuam elevada correlação, efeitos diretos e indiretos sobre a produtividade de grãos.

1.3 HIPÓTESES

Há variabilidade genética entre as cultivares de milho em relação à produtividade de grãos e aos caracteres de pendão. Dessa forma, é possível formar grupos de cultivares divergentes e com características de interesse agrônomo.

Há relação linear entre a produtividade de grãos e os caracteres de pendão, sendo possível indicar caracteres de pendão que apresentem maior efeito direto e indireto sobre a produtividade de grãos.

1.4 OBJETIVOS

1.4.1 Objetivo geral

Verificar se há variabilidade genética entre as cultivares de milho com relação à produtividade de grãos e aos caracteres de pendão, bem como, se há relação linear entre a produtividade de grãos e os caracteres de pendão.

1.4.2 Objetivos específicos

Verificar se há variabilidade genética em relação à produtividade de grãos e os caracteres de pendão entre as cultivares de milho, em três anos agrícolas, com a finalidade de indicar grupos de cultivares com características divergentes e de interesse agrônomo.

Verificar se há relação linear entre a produtividade de grãos e os caracteres de pendão para seleção, via efeito direto e indireto, em cultivares de milho, em três anos agrícolas.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 CULTURA DO MILHO

O milho (*Zea mays* L.) pertence à família Poaceae e apresenta grande importância no cenário mundial. Os maiores produtores de milho são os Estados Unidos, China e Brasil, ocupando primeiro, segundo e terceiro lugar, respectivamente (FAO, 2019). Devido à importância econômica do milho, os programas de melhoramento genético da cultura têm buscado o aumento da produtividade de grãos. Desta forma, a ação conjunta entre práticas agronômicas e ganho genético mediante programas de melhoramento de milho atribuem no aumento da produtividade de grãos (LAUER et al., 2012).

O milho é uma espécie monoica, isto é, produz inflorescência feminina e masculina na mesma planta. A inflorescência feminina é a espiga, a qual produz os óvulos que se transformam em grãos, após a fecundação. Já o pendão é o órgão reprodutor masculino e produz pólen. Os programas de melhoramento genético de milho buscam o desenvolvimento de linhagens e híbridos produtivos que apresentem pendão com tamanho reduzido e menor número de ramificações, mas que mantenha produção de pólen suficiente, para favorecer a fecundação (DUVICK, 2005a; FISCHER; EDMEADES, 2010). Para Brewbaker (2015), os pendões grandes afetam a atividade fotossintética da planta, pois atuam no sombreamento e, com isso, podem reduzir a produtividade de grãos.

Os autores Postlethwait e Nelson (1964) relatam que o maior número de ramificações e o maior tamanho do pendão estão relacionados com a produção de pólen e com a redução do potencial produtivo das plantas de milho. Mock e Pearce (1975) descrevem que o ideótipo de milho desejado é aquele que apresenta menor pendão, pois há redução do sombreamento nas folhas das camadas superiores. Duvick et al. (2004) indicam que o menor tamanho do pendão pode contribuir para o aumento da eficiência do processo de desenvolvimento do grão de milho. Geraldi (1977) descreve que pendões maiores provocam maior sombreamento nas folhas superiores das plantas, reduzindo a taxa fotossintética e, conseqüentemente, diminuindo o acúmulo de fotoassimilados pela planta. O mesmo autor também relata que o peso do pendão seria o maior responsável pela influência negativa que o pendão exerce, pois atua como dreno, direcionando menos nutrientes para espiga e produção de grãos. Este fato também é descrito por Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010).

Segundo Edwards (2011), os pendões que apresentam maiores tamanhos (comprimento e número de ramificações) impedem a passagem da radiação solar para o

dossel da planta e atuam como dreno de fotoassimilados, sendo que, poderiam destinar-se a produção de grãos. Já Sangoi et al. (2006) relatam que pendões menores exercem menor dominância apical sobre as espigas, quando submetidos a condições de estresse. Para Parvez (2007), um pendão menor é ideal quando se refere à eficiência produtiva e ao efeito do sombreamento, porém, em ambientes de estresse, onde a produção de pólen é drasticamente reduzida, são desejados pendões maiores, para que a produção de pólen seja suficiente. Anderson (1971) descreve que o tipo ideal de planta de milho para ser cultivada em altas densidades de plantio deveria possuir: altura de aproximadamente 150 cm, folhas eretas, um pendão pequeno e sem ramificações e espigas localizadas na parte superior da planta. Edwards (2011) relata que, em 17 ciclos de seleção, o número de ramificações primárias do pendão diminuiu de 21 para oito, e ressalta a redução considerável do número de ramificações, nas etapas de seleção dos programas de melhoramento genético.

2.2 DIVERSIDADE GENÉTICA

A base de qualquer programa de melhoramento genético é a variabilidade. Porém, existem muitas dificuldades, uma delas é escolher os genitores a serem cruzados. Portanto, conhecer a cultura é fundamental para a escolha de genitores, de acordo com as características de interesse (ALMEIDA et al., 2011).

A divergência genética entre as cultivares, quando aplicadas técnicas biométricas multivariadas, possibilita a obtenção de informações para identificação de cruzamentos e tem sido avaliada por meio da quantificação da heterose ou por processos preditivos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Existem alguns métodos em modelos biométricos, dentre eles as análises dialélicas, que possibilitam avaliar a heterose manifestada nos híbridos. Nas análises dialélicas é necessário avaliar todas as combinações híbridas, inviabilizando o estudo caso o número de genitores seja elevado, exceto nos métodos de análise denominados circulantes e parciais, nestes métodos são utilizadas amostras das combinações. Alternativamente, é possível avaliar a divergência genética por meio de métodos preditivos, os quais têm como base as diferenças morfológicas, fisiológicas, entre outras diferenças que são apresentadas pelos genitores e que muitas vezes são quantificadas por uma medida de dissimilaridade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Na predição da divergência genética podem ser utilizados métodos multivariados, tais como a análise de componentes principais, variáveis canônicas e análise de agrupamento. O

método adequado é escolhido pelo pesquisador, considerando a precisão experimental desejada, a facilidade das análises e a forma de obtenção dos dados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Nos métodos dos componentes principais e nas variáveis canônicas o objetivo é avaliar a similaridade dos progenitores por meio de uma dispersão gráfica, em que são considerados dois eixos cartesianos. Já, a análise de agrupamento depende, fundamentalmente, de medidas de dissimilaridade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Os mesmos autores afirmam que os métodos de agrupamento reúnem os genitores em grupos onde há homogeneidade entre os componentes do grupo e heterogeneidade entre os grupos, seguindo o critério de dissimilaridade para o agrupamento.

A medida de dissimilaridade é uma medida de distância entre os objetos (exemplo: cultivares). O agrupamento dos objetos é realizado com base em sua proximidade. Diversas medidas de distância entre os objetos estão disponíveis, como a Distância Euclidiana, Distância Euclidiana Quadrada (ou Absoluta), Distância de Manhattan, Distância de Chebychev e Distância de Mahalanobis (HAIR et al., 2009). O agrupamento é realizado por métodos hierárquicos e de otimização (HAIR et al., 2009). Nos métodos hierárquicos os genitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento do dendrograma (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Na cultura de milho, a divergência genética já foi estudada em populações (COIMBRA et al., 2010), em genótipos no Estado do Tocantins (ROTILI et al., 2012), em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional (ALVES et al., 2015), em número de ramificações de pendão (BREWBAKER, 2015), em caracterização agromorfológica em germoplasma de milho (IQBAL; SHINWARI; RABBANI, 2015), em genótipos para baixo nível tecnológico (SANTOS et al., 2017), em genótipos de milho em ambientes distintos (NARDIDO et al., 2017) e em genótipos de milho na Turquia (ÖNER, 2018).

2.2.1 Análise dos componentes principais

A análise de componentes principais é uma técnica de análise multivariada utilizada para transformar um conjunto original de caracteres em outro conjunto com dimensão equivalente, porém com propriedades importantes para alguns estudos do melhoramento (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). O objetivo da técnica é encontrar um meio de

comprimir a informação contida em diversos caracteres originais em um conjunto reduzido de características com perda mínima de informação (HAIR et al., 2009).

Desta forma, a principal utilidade da análise de componentes principais é a dimensionalidade do conjunto de dados, retendo o máximo de informações em um menor número de componentes. Assim, o primeiro componente principal é a combinação dos caracteres que explica a maior variação dos dados, já, o segundo componente principal é aquele que explica a maior variação seguinte e assim sucessivamente. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), os primeiros componentes, em estudos de divergência genética, são utilizados quando envolvem no mínimo 80% da variação total.

Diversos pesquisadores utilizam a técnica dos componentes principais para resolver problemas com multicolinearidade em regressão linear, estimação de fatores, modelagem da matriz de covariâncias, modelagem da interação entre fatores em experimentos sem repetição, estudos de divergência e agrupamento entre genótipos em estudo de genética e melhoramento de plantas e animais (FERREIRA, 2018). Além de possibilitar o estudo da divergência genética, a técnica dos componentes principais possibilita avaliar a importância de cada caractere sobre a variação total entre os genótipos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.2.2 Distância generalizada de Mahalanobis

A distância generalizada de Mahalanobis (D^2) é uma medida generalizada que explica as correlações entre os caracteres de forma que pondera igualmente cada um deles. Esta medida também depende de caracteres padronizados, sendo que esta medida não executa apenas o processo de padronização sobre os dados escalonados em termos de desvios-padrão, considera também a soma da variância-covariância interna entre grupos, que faz o ajuste das correlações entre os caracteres (HAIR et al., 2009).

A vantagem da distância generalizada de Mahalanobis comparada à medida euclidiana é de considerar a correlação entre caracteres. Quando se têm vários caracteres, o valor de D^2 pode ser estimado a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariância residual (matriz de dispersão), ou então, dos dados transformados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Em estudos da divergência genética com a finalidade de identificar os progenitores para hibridação, as distâncias mais utilizadas são euclidiana ou a generalizada de Mahalanobis, sendo a última a preferida por levar em consideração ensaios com repetições

(CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Oliboni et al. (2012) estudando a divergência genética entre híbridos de milho e correlações com heterose e capacidade de combinação, também usaram a distância generalizada de Mahalanobis como base para o agrupamento de cultivares, resultando na formação de cinco grupos. Estudando a divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional, Alves et al. (2015) utilizaram a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade para a análise de agrupamento, resultando em quatro grupos de cultivares. Maruthi e Jhansi-Rani (2015) ao estudarem a divergência genética em 43 cultivares de milho, usaram a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade para o agrupamento, resultando na formação de seis grupos de cultivares. Silva et al. (2016) avaliando a dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho-verde, utilizaram a distância generalizada de Mahalanobis como base para a análise de agrupamento, formando 11 grupos de cultivares. Nardino et al. (2017), ao estudarem cultivares de milho em ambientes distintos, utilizaram a distância generalizada de Mahalanobis, para análise de agrupamento, com a formação de oito grupos distintos.

A distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada como medida de dissimilaridade para agrupamentos realizados com outras culturas, como em arroz (PARANTHAMAN et al., 2018), soja (JENCY; KALAIMAGAL, 2015; DUBEY; AVINASHE; SHRIVASTAVA, 2018), trigo (ALI et al., 2017; SHYAM et al., 2018) e tomate (ROY; RASHED; MITU, 2017).

2.2.3 Método de agrupamento

A análise de agrupamento tem como finalidade dividir um conjunto de objetos (cultivares) em dois ou mais grupos com base na similaridade dos objetos, em relação a um grupo de características específicas (HAIR et al., 2009). Os grupos devem ser formados de forma que haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos, reduzindo a variância dentro do grupo e aumentando a variância entre os grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A semelhança entre os objetos (cultivares) é quantificada por meio de uma medida de proximidade, que envolve tanto as medidas de similaridade quanto as de dissimilaridade. Nas medidas de similaridade, quanto mais elevado for o valor mensurado maior será a semelhança entre os objetos avaliados. Já para as medidas de dissimilaridade é ao contrário, ou seja,

quanto maior o valor mensurado menor será a semelhança entre os objetos, ou então, quanto menor mais semelhantes eles são (FERREIRA, 2018).

A análise de agrupamento é uma técnica amplamente utilizada em programas de melhoramento genético, pois facilita a escolha de parentais dissimilares, relacionados à alta variabilidade das características de interesse do pesquisador e também por diminuir os custos e o tempo utilizado pelos programas de melhoramento. Existem vários métodos de agrupamento disponíveis, cabe ao pesquisador decidir qual o mais adequado para o seu estudo, sendo que as diversas técnicas podem levar a diferentes padrões de agrupamento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os métodos de agrupamento mais utilizados no melhoramento de plantas são os hierárquicos e os de otimização. Nos métodos hierárquicos os progenitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. Um exame visual no dendrograma avalia os pontos de alta mudança de nível, o qual é definido pelo pesquisador, com a finalidade de agrupar as cultivares conforme a divergência genética existente (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O dendrograma mostra graficamente como os agrupamentos são combinados em cada etapa do procedimento até que todos estejam contidos em um mesmo agrupamento (HAIR et al., 2009).

Os métodos de agrupamento são divididos em aglomerativos e divisivos. Entre os métodos aglomerativos citam-se o do vizinho mais próximo, o do vizinho mais distante, o da ligação média, ponderado ou não, centroide e Ward. Já, nos métodos divisivos o mais conhecido é o de Edwards e Cavalli-Sforza (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dentre os métodos aglomerativos, o da ligação média entre grupo (UPGMA) é o mais eficiente na consistência do padrão de agrupamento de cultivares de milho (CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2011). Esse método consiste na representação da similaridade como a distância média entre todos os objetos (cultivares) em um agrupamento e todos os objetos de outro. Essa técnica tende a combinar agrupamentos com variâncias pequenas (HAIR et al., 2009).

Estudos foram realizados com o método da ligação média entre grupo (UPGMA) com a cultura do milho, os quais foram descritos por Cargnelutti Filho e Guadagnin (2011), Alves et al. (2015), Nyombayire et al. (2016), Silva et al. (2016), Nardino et al. (2017) e Adu et al. (2019). Esse método também foi utilizado em estudos com outras culturas, como por exemplo, arroz (STRECK et al., 2017; JANG, et al., 2018), feijão (TAVARES et al., 2018), maracujazeiro (CHAGAS et al., 2016) e soja (JAIN; JOSHI; JAIN, 2017; RODRIGUES et al., 2017).

2.2.4 Validação do agrupamento

A validação do agrupamento é a certificação de que os grupos realmente diferem uns dos outros (FERREIRA, 2018), e também para verificar a capacidade do dendrograma em reproduzir as matrizes de dissimilaridade (HAIR et al., 2009).

Para avaliar a consistência do padrão de agrupamento, o coeficiente de correlação cofenética (CCC) é bastante utilizado para agrupamentos hierárquicos. O CCC mede o grau de preservação das distâncias emparelhadas pelo dendrograma resultante do agrupamento, em relação as distâncias originais (FERREIRA, 2018). Valores de CCC próximos à unidade indicam melhor representação do dendrograma (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Em estudos realizados por Alves et al. (2015), Silva et al. (2016) e Nardino et al. (2017), o CCC foi utilizado para verificar a consistência no padrão do agrupamento, em cultivares de milho.

A análise de variância multivariada (MANOVA) serve para verificação se os grupos apresentam diferença significativa em relação aos seus centroides (FERREIRA, 2018). O principal objetivo da MANOVA é testar as diferenças de um conjunto de caracteres ou o perfil de médias dos caracteres devido às relações sobre um ou mais caracteres controlados (HAIR et al., 2009).

2.3 RELAÇÕES ENTRE CARACTERES

O estudo das associações lineares entre caracteres é de extrema importância para os programas de melhoramento genético, ainda mais se a seleção de um deles apresenta baixa herdabilidade e dificuldades na sua mensuração. A correlação fenotípica pode ser medida por meio de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população. Esta correlação apresenta causas genéticas e ambientais, no entanto, as genéticas envolvem associação de natureza herdável. Com isso, em estudos genéticos, é indispensável diferenciar e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres. Os coeficientes de correlação fenotípicas são iguais aos coeficientes de correlação linear de Pearson, estimadas com as médias dos tratamentos. A correlação genotípica quantifica as características herdáveis, ou seja, características que podem ser transmitidas à progênie. Já, a correlação ambiental mostra como o meio influencia dois caracteres (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

A análise dos coeficientes de correlação é utilizada na quantificação da magnitude e na direção das influências dos fatores na determinação de caracteres, sendo que o coeficiente de

correlação de Pearson oscila entre -1 (correlação negativa perfeita) e 1 (correlação positiva perfeita). No entanto, esse coeficiente, não possui a capacidade de identificar efeitos diretos e indiretos. Com isso, a análise de trilha vem sendo usada para o desdobramento dos coeficientes de correlação (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

As relações lineares foram estudadas na cultura do milho, como na análise genética e de QTL na arquitetura de pendão e espiga de milho (UPADYAYULA et al., 2006), na análise genética de caracteres de pendão e espiga (PARVEZ, 2007), nas tendências de rendimento de grãos e características da plantas em cultivares de milho chinesas (CI et al., 2012), nos componentes de produção de milho superdoce (ENTRINGERET et al., 2014), na comparação entre componentes de rendimento e características morfológicas (SOUZA et al., 2014), na relação entre componentes de rendimento e características morfológicas (CARVALHO et al., 2016) e nas associação de caracteres secundários com rendimento em milho (NARDINO et al., 2016).

2.3.1 Multicolinearidade

A multicolinearidade é definida como o grau em que um caractere pode ser explicado pelos outros caracteres da análise. Assim, quanto mais a multicolinearidade aumenta, mais difícil fica a interpretação da variável estatística, uma vez que se torna mais complicado de verificar o efeito de qualquer caractere, devido as suas inter-relações (HAIR et al., 2009). A multicolinearidade pode ser medida com base no número de condição (NC), fator de inflação da variância (FIV) e no determinante da matriz de correlação (DET).

O diagnóstico de multicolinearidade pode ser realizado com base no número de condição, segundo o critério estabelecido por Montgomery, Peck e Vinning (2012), matriz de correlação com número de condição inferior a 100 possui multicolinearidade fraca, entre 100 e 1000 moderada a forte, quando superior a 1000 apresenta multicolinearidade severa. Outra medida é o fator de inflação da variância, quando o FIV está acima de 10 indica que a multicolinearidade pode estar influenciando as estimativas de mínimos quadrados.

A presença da multicolinearidade, moderada a forte e severa, pode resultar em estimativas duvidosas e causar efeitos nocivos para a análise, desta forma, medidas podem ser adotadas para reduzir esses efeitos. A primeira delas é a eliminação dos caracteres causadores de multicolinearidade. Porém, quando a eliminação não é desejada pelo pesquisador é possível utilizar a análise de trilha em crista (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Segundo Toebe e

Cargnelutti Filho (2013), a análise de trilha tradicional com eliminação de caracteres é mais adequada que a análise de trilha em crista, para cultura do milho.

Estudos com eliminação de caracteres, para reduzir a multicolinearidade, foram realizados na cultura do milho. Toebe e Cargnelutti Filho (2013) constataram que a eliminação dos caracteres altura da inserção da espiga e número de espigas, resultou na redução do grau de multicolinearidade (menores valores de FIV e NC). Alves et al. (2015), descreveram que com a eliminação dos caracteres treonina, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina, o NC reduziu para 74, indicando colinearidade fraca. Alves et al. (2016), relataram que para os caracteres morfológicos a multicolinearidade foi severa e precisou-se realizar a eliminação do caractere posição relativa da espiga, para os caracteres produtivos, foram eliminados o índice de espiga e peso de espiga, para os nutricionais proteicos, foram eliminados os caracteres treonina, valina, isoleucina, fenilalanina e histidina, resultando em multicolinearidade fraca. Alves, Cargnelutti Filho e Burin (2017) relatam que a eliminação dos caracteres altamente correlacionados em todos os grupos (agronômico, nutricional proteico e nutricional energético) resultou em redução dos valores de CN ($CN \leq 100$), indicando multicolinearidade fraca entre os caracteres. Já, Toebe et al. (2017a; 2017b) ao estudarem os efeitos diretos de caracteres explicativos sobre a produtividade de grãos de milho, nos casos de multicolinearidade moderada a severa ou severa ($CN \geq 100$), excluíram os caracteres para redução da multicolinearidade.

2.3.2 Análise de trilha

A análise de trilha ou *path analysis* consiste no estudo do desdobramento dos efeitos diretos e indiretos de caracteres explicativos sobre um caractere principal, onde as estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que ocorre a padronização dos caracteres. A decomposição da correlação depende do conjunto de caracteres estudados, que normalmente são analisados pelo pesquisador (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Na análise de trilha, quando se considera apenas um modelo causal, simplesmente é uma análise de regressão parcial padronizada, sendo utilizada no desdobramento dos coeficientes de correlação em efeito direto e indireto. No entanto, a análise constitui-se na expansão da regressão múltipla, quando envolvem inter-relações complexas, e/ou diversos diagramas causais, como geralmente são observados em estudos de melhoramento

envolvendo a produção de grãos ou frutos, os componentes primários da produção e também os caracteres secundários (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Para fins de melhoramento, é importante identificar, entre os caracteres de alta correlação com o caractere principal, aqueles de maior efeito direto no sentido favorável a seleção, para que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente. Os caracteres que apresentam alta correlação favorável com o caractere principal, porém com efeito direto em sentido desfavorável indicam a ausência de causa e efeito, ou seja, o caractere secundário não é o principal determinante das modificações no caractere principal, existindo outros que poderão causar maior impacto no ganho de seleção. No caso dos caracteres com alta correlação favorável, mas com baixo efeito direto, indicam seleção truncada no caractere secundário, podendo não proporcionar ganhos satisfatórios no caractere principal. Assim, a melhor estratégia deverá ser a seleção simultânea de caracteres, com ênfase também nos caracteres cujos efeitos indiretos são significativos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Desta forma, estudos utilizando a análise de trilha foram realizados na cultura da aveia preta (CARGNELUTTI FILHO et al., 2015), linho (CARGNELUTTI FILHO et al., 2016), milho (KUMAR et al., 2015; BEGUM et al., 2016; RAM REDDY; JABEEN, 2016; ALHUSSEIN; NARDINO et al., 2016; IDRIS, 2017; MATIN et al., 2017) e soja (FOLLMANN et al., 2017).

3 CAPÍTULO I - DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE MILHO EM RELAÇÃO À PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E CARACTERES DE PENDÃO

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi verificar se há divergência genética, em relação à produtividade de grãos e os caracteres de pendão entre as cultivares de milho, em três anos agrícolas. Foram avaliadas 20 cultivares de milho e mensurados 11 caracteres de pendão e a produtividade de grãos. Para cada caractere, foram realizadas as análises de variância individual e conjunta. Foi realizada a análise de componentes principais. Foi determinada a matriz da distância generalizada de Mahalanobis entre as cultivares e realizada a análise de divergência genética, por meio do método de agrupamento da ligação média entre grupo (UPGMA) e, a partir disso, foi construído o dendrograma. Para validação do agrupamento calculou-se o coeficiente de correlação copenética. Existe divergência genética entre as cultivares de milho e foram formados seis grupos de cultivares. O comprimento do pendão, o número total de ramificações, a massa de matéria seca da espiga central e a produtividade de grãos são os caracteres que mais contribuem para a divergência genética entre as cultivares de milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Componentes principais. Distância de Mahalanobis. UPGMA.

GENETIC DIVERGENCE OF MAIZE IN RELATION TO GRAIN YIELD AND TASSEL CHARACTERS

ABSTRACT

The objective of this work was among to verify if there is genetic divergence, in relation to the grain yield and the traits tassel the maize cultivars, in three agricultural years. Were evaluated 20 maize cultivars and traits tassel and grain yield. For each traits, the analysis of individual and joint variance was performed. Principal components analysis was performed. Based on the main components, the Mahalanobis generalized distance matrix was determined between the cultivars and the genetic divergence analysis was performed using the clustering method UPGMA (Unweighted Pair Group Methodwith Arithmetic Mean), and from this the dendrogram was constructed. To validate the cluster, copenetic correlation coefficient was calculated. There is genetic divergence among maize cultivars, six cultivars groups were formed. Tassel length, total number of branches, dry matter mass of the central spike and grain yield were the main contributors to genetic divergence among maize cultivars.

Key words: *Zea mays* L. Main components. Distance from Mahalanobis. UPGMA.

3.1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie monoica, ou seja, apresenta inflorescência feminina e masculina na mesma planta. A inflorescência feminina é representada pela espiga, que produz os óvulos que se transformam em grãos, após a fecundação. Já, o pendão é o órgão reprodutor masculino e produz os grãos de pólen (BORÉM, 2015). Nos programas de melhoramento genético de milho é importante o desenvolvimento de linhagens e híbridos produtivos. Desta forma, os programas de melhoramento buscam desenvolver plantas com pendões de menor tamanho (comprimento) e menor número de ramificações, porém, a produção de pólen deve-se manter suficiente para fecundação (DUVICK, 2005; FISCHER; EDMEADES, 2010). Segundo Edwards (2011), pendões que apresentam tamanho maior acabam impedindo a passagem da radiação solar para o dossel da planta e atuam como dreno de fotoassimilados, que poderiam ser destinados a produção de grãos.

Assim, o estudo da divergência genética é uma estratégia para obtenção de ganhos de seleção nos cruzamentos de grupos divergentes, que possuam características de interesse. A divergência genética pode ser estimada por diversas técnicas de análise multivariada, destacando-se, entre elas, as análises de componentes principais e as medidas de dissimilaridade. A análise dos componentes principais possibilita descartar os caracteres que pouco contribuem para discriminação do material avaliado, reduzindo, desta maneira, tempo, custo e mão-de-obra. Já as diferentes medidas de dissimilaridade têm sido apresentadas para a quantificação das distâncias entre os genótipos, sendo a distância generalizada de Mahalanobis, a mais utilizada para dados obtidos com repetições e, também, por levar em consideração as correlações entre caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Existem muitos métodos de agrupamento no melhoramento de plantas, sendo os mais utilizados os hierárquicos e os de otimização. Nos métodos hierárquicos os genitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento do dendrograma (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Dentre os métodos hierárquicos para a análise de agrupamento, o UPGMA tem sido utilizado em estudos da divergência genética em milho (SIMON; KAMADA; MOITEIRO, 2012) e foi considerado o método mais eficiente no agrupamento de cultivares de milho (CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2011). Estudos sobre a divergência genética, por meio da estatística multivariada foram realizados com a cultura do milho por Cargnelutti Filho e Guadagnin (2011), Oliboni et al. (2012), Simon, Kamada e Moiteiro (2012), Alves et al. (2015), Brewbaker (2015), Iqbal, Shinwari e Rabbani (2015), Nardido et al. (2016, 2017), Silva et al. (2016), Öner (2018), e também, com

outras culturas como arroz (BENITEZ et al., 2011), feijão (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008; TAVARES et al., 2018), soja (RODRIGUES et al., 2016) e trigo (CONDÉ et al., 2010).

Desta forma, o objetivo deste trabalho foi verificar se há divergência genética, em relação à produtividade de grãos e caracteres de pendão entre as cultivares de milho, em três anos agrícolas.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Vinte cultivares de milho (20A55, 30F53, AG8780, BM3066, DKB290, MS2010, MS2013, MS3022, StatusVIP, SX7331, 30A68, AG9025, AM9724, AS1666, AS1677, Celeron, DKB230, P1630, P2530 e SHS7915) (Tabela 1) foram avaliadas em três experimentos conduzidos na área experimental do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Santa Maria, Rio Grande do Sul, nos anos agrícolas 2015/2016 (experimento 1), 2016/2017 (experimento 2) e 2017/2018 (experimento 3). Conforme classificação de Köppen, o clima da região é do tipo Cfa, subtropical úmido, com verões quentes e sem estação seca definida (ALVARES et al., 2013) e o solo é classificado como Argissolo Vermelho distrófico arênico (SANTOS et al., 2018).

Os experimentos foram conduzidos no delineamento experimental blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas de duas fileiras de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,80 m entre fileiras e 0,20 m na fileira. A densidade de plantas foi ajustada, por meio do desbaste manual, para cinco plantas por metro linear, totalizando 62.500 plantas ha⁻¹. Os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações para a cultura de milho mantendo o experimento livre de plantas daninhas, pragas e doenças (FANCELLI; DOURADO NETO, 2009).

Os caracteres de pendão foram avaliados a partir de pendões coletados, aleatoriamente, na parcela. No final do estágio reprodutivo foram coletados 20, 11 e 20, pendões por parcela nos experimentos 1, 2 e 3, respectivamente. Após a coleta dos pendões a campo, eles foram identificados e armazenados em embalagens de papel, e levados para a estufa de ar forçado (60°C) até atingirem massa constante.

Em cada pendão foram mensurados os seguintes caracteres: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação (CBR), em centímetros (cm); comprimento da zona de ramificação (CZR), em cm; comprimento da espiga central (CEC), em cm; comprimento do pendão (CP=CBR+CZR+CEC), em cm; número de ramificações primárias (NRP); número de ramificações secundárias (NRS); número total de ramificações

(NR=NRP+NRS); massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação (MSBR), em gramas (g); massa de matéria seca da zona de ramificação (MSZR), em g; massa de matéria seca da espiga central (MSEC), em g; e massa de matéria seca do pendão (MSP=MSBR+MSZR+MSEC, em g) (Figura 1). A partir de todas as plantas da parcela foi avaliada a produtividade de grãos (PROD), em megagramas por hectare ($Mg\ ha^{-1}$), a 13% de umidade.

Os dados dos 12 caracteres foram submetidos às análises de variância individual e conjunta. Na análise conjunta o efeito de cultivar foi considerado fixo e ano agrícola como aleatório. Com base nas médias, da análise de variância individual, foi realizado o teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de significância, para cada experimento.

Após, com a média geral, obtida na análise de variância conjunta, foi realizada a análise de componentes principais, técnica estatística de análise multivariada, que transforma um conjunto de caracteres correlacionados entre si, em um conjunto menor, de tal maneira que suas semelhanças e diferenças sejam destacadas.

Posteriormente, foi realizada a padronização dos caracteres e determinada a matriz da distância generalizada de Mahalanobis. A partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), foi realizada a análise de agrupamento das cultivares, por meio do método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA) e, a partir disso, construído o dendrograma (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), considerando ponto de corte de 50%.

Foi calculado o coeficiente de correlação cofenética (CCC) para avaliar a consistência do agrupamento (FERREIRA, 2018). Por meio do CCC foi possível verificar a capacidade de ajuste do dendrograma em reproduzir a matriz de dissimilaridade. Valores de CCC próximos à unidade indicam melhor representação do dendrograma (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). A validação do agrupamento foi complementada com a análise de variância, para comparar os grupos de cultivares, e realizado o teste de Scott-Knott para comparação das médias dos grupos. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software Genes (CRUZ, 2016) e do aplicativo Office Excel®.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância individuais apresentaram diferenças significativas de cultivar para os 12 caracteres avaliados nos três anos agrícolas. Na análise de variância conjunta, foi possível observar, efeitos significativos de cultivar para todos os caracteres, já, para ano agrícola, apenas o CZR não apresentou diferença significativa. Esses resultados evidenciam a

presença de variabilidade genética, possibilitando a identificação de cultivares superiores. Além disso, a interação cultivar \times ano agrícola foi significativa, para dez dos 12 caracteres, revelando a importância de estudos de variabilidade genética em diferentes anos de cultivo, pois há respostas diferenciadas das cultivares com a mudança do ambiente (Tabela 2). Segundo Cargnelutti Filho et al. (2008), agrupamentos de cultivares, com base em apenas uma época de cultivo, podem fornecer informações equivocadas, por não considerarem a variabilidade ambiental entre anos e épocas de cultivo dentro de um mesmo local. Desta forma, pode-se inferir que há variabilidade genética entre as cultivares de milho, em três anos agrícolas, o que possibilita o estudo da divergência genética por meio de técnicas multivariadas.

Na análise de variância conjunta, a média do comprimento do pendão foi de 46,874 cm, o número de ramificações primárias foi 10,161, o número total de ramificações foi 12,545, a massa de matéria seca do pendão foi de 2,701 g e a produtividade de grãos foi 9,184 Mg ha⁻¹ (Tabela 2). Resultados semelhantes foram obtidos, respectivamente, por Yi et al. (2018), Nardino et al. (2016), Brewbaker (2015), Upadyayula et al. (2006) e Simon, Kamada e Moiteiro (2012), demonstrando desenvolvimento adequado das plantas de milho, nos três experimentos.

Os coeficientes de variação (CV) oscilaram de 2,560% para o comprimento do pendão (experimento 1) até 21,730% para o número de ramificações secundárias (experimento 1) (Tabela 2). Conforme as classes estabelecidas por Pimentel-Gomes (2009), o coeficiente de variação é classificado como baixo, quando inferior a 10%; médio, quando de 10% a 20%; alto, quando de 20% a 30%, e muito alto, quando superior a 30%. Assim, o coeficiente de variação foi classificado como baixo para 18 casos, médio para 17 casos e alto apenas para um caso. De maneira geral, a elevada precisão experimental confere credibilidade ao estudo da divergência genética.

Com base no teste de Scott-Knott, as cultivares foram separadas em grupos, sendo que o número de grupos formados, para cada caractere, em cada experimento, foi diferente. O caractere que apresentou o menor número de grupos foi a produtividade de grãos, com dois grupos no experimento 1 e três grupos nos experimentos 2 e 3 (Tabela 3). Ao estudarem 19 híbridos simples de milho, avaliados na safra 2007/2008 e na safrinha 2008/2008, Simon, Kamada e Moiteiro (2012) verificaram a formação de dois e quatro grupos, respectivamente, para a produtividade de grãos. Já Alves et al. (2015), avaliando a qualidade nutricional e a produtividade de grãos em 18 cultivares de milho, observaram a formação de dois grupos para

a produtividade de grãos. Observa-se que o número de grupos formados para a PROD foi similar ao obtido neste estudo.

Na análise de componentes principais, considerando a análise conjunta dos três anos agrícolas, o primeiro componente principal respondeu por 55,169% da variação total, o segundo componente principal por 19,472%, enquanto, os quatro primeiros componentes acumularam 94,418% da variância total (Tabela 4). Para a eliminação dos caracteres foram descartados os caracteres que mais contribuíram para divergência genética nos últimos componentes principais. Desta forma, os caracteres CBR, CZR, CEC, NRP, NRS, MSBR, MSZR e MSP foram descartados. Assim, os caracteres que permaneceram para a análise de agrupamento das cultivares foram CP, NR, MSEC e a PROD. O caractere produtividade de grãos (PROD) foi mantido por ser o quarto componente principal e também, por ser o caractere de maior interesse agrônomo. Estudo realizado por Öner (2018) com caracteres de espiga e de pendão, relatou que o comprimento do pendão seria uma das características preferíveis para o estudo da divergência genética do milho.

As medidas de dissimilaridade estimadas a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) apresentaram diferença de magnitude, oscilando de 1,75 até 172,36, sendo que, a relação entre o maior e o menor valor observado de D^2 foi 98,49, indicando a presença de variabilidade genética entre as cultivares. Os menores valores de D^2 foram verificados entre as cultivares AG8780 e DKB290 (1,75), seguidas das cultivares AS1666 e AS1677 (3,12) e DKB290 e Celeron (5,24). Já as maiores distâncias ocorreram entre as cultivares StatusVIP e P2530 (172,36), SX7331 e P2530 (144,13) e StatusVIP e P1630 (124,18) (Tabela 5). As amplitudes dos escores das estimativas (D^2) sugerem a existência da dissimilaridade entre essas cultivares, podendo ser recomendadas para cruzamentos, visando à maximização das combinações híbridas de maior efeito heterótico, aumentando a possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Estudos sobre diversidade genética usando a distância generalizada de Mahalanobis, como medida de dissimilaridade, para análise de agrupamento foram feitos em milho por Alves et al. (2015), resultando em quatro grupos de cultivares, por Silva et al. (2016), formando 11 grupos de cultivares, e por Nardino et al. (2017), com a formação de oito grupos distintos de cultivares. A distância generalizada de Mahalanobis também foi utilizada em estudos com outras culturas, como arroz (BENITEZ et al., 2011), feijão (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008; TAVARES et al., 2018) em soja (RODRIGUES et al., 2016) e trigo (CONDÉ et al., 2010).

No dendrograma obtido pelo método de agrupamento da ligação média entre grupo (UPGMA), utilizando 50% como critério de dissimilaridade, houve a formação de seis grupos

de cultivares (Figura 2). Com relação ao agrupamento, observa-se que o grupo I foi constituído por cinco cultivares (AG8780, DKB290, Celeron, MS2010 e SX7331) o grupo II por uma cultivar (30A68), o grupo III por cinco cultivares (MS3022, AM9724, 20A55, MS2013 e BM3066), o grupo IV por uma cultivar (StatusVIP), o grupo V por sete cultivares (30F53, P2530, AG9025, AS1666, AS1677, P1630 e SHS7915) e o grupo VI por uma cultivar (DKB230). O método de agrupamento UPGMA foi considerado o método mais eficiente para o agrupamento de cultivares de milho, segundo Cargnelutti Filho e Guadagnin (2011). Para Silva et al. (2016) o método hierárquico UPGMA foi eficiente em identificar grupos de cultivares superiores e contrastantes para as características de maior interesse para a produção de milho verde.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) obtido a partir do agrupamento UPGMA foi de 0,6017 e significativo (valor- $p \leq 0,05$), evidenciando representação fidedigna das distâncias genéticas das cultivares no dendrograma. Ao estudarem a qualidade nutricional e a produtividade de grãos de milho, Alves et al. (2015) observaram CCC igual a 0,5788 e significativo, utilizando o método de agrupamento UPGMA. Silva et al. (2016), estudando a dissimilaridade em progênies de milho-verde, observaram coeficiente de correlação cofenética, pelo método UPGMA, de 0,65 e significativo. Já, para divergência genética entre ambientes distintos (Nardino et al., 2017) o coeficiente de correlação cofenética, pelo método UPGMA revelou magnitude de 0,60. Esses resultados estão de acordo com o obtido no presente estudo, indicando que os dados da matriz apresentaram ajuste satisfatório na representação gráfica apresentada pelo dendrograma.

A comparação das médias dos grupos, por meio do teste de Scott-Knott, mostrou que os quatro caracteres utilizados no agrupamento das cultivares, apresentaram diferença significativa. Desta forma, observa-se que o maior comprimento do pendão foi para o grupo II e menor para o grupo IV, o número total de ramificações apresentou maior média no grupo IV e menor no grupo V, para a massa de matéria seca da espiga central as maiores médias foram para os grupos II, III e V e a menor para o grupo VI, ainda os grupos I, II, III e IV destacaram-se por apresentarem a maior produtividade de grãos (Tabela 6).

Com isso, pode-se inferir que os caracteres de pendão devem ser considerados nos estudos da divergência genética de milho. Como observado, o comprimento do pendão, o número total de ramificações, a massa de matéria seca da espiga central e a produtividade de grãos foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética e, merecem atenção dos programas de melhoramento genético de milho.

3.4 CONCLUSÃO

Existe divergência genética entre as cultivares de milho. O comprimento do pendão, o número total de ramificações, a massa de matéria seca da espiga central e a produtividade de grãos são os caracteres que mais contribuem para a divergência genética entre as cultivares de milho.

3.5 REFERÊNCIAS

- ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, p. 711-728, 2013.
- BREWBAKER, J.L. Diversity and genetics of tassel branch numbers in maize. **Crop Science**, v. 55, p. 65-78, 2015. <http://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0248>
- ALVES, B.M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BRURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L.P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, v. 45, p. 884-891, 2015.
- BENITEZ L. C.; RODRIGUES, I.C.S.; ARGE, L.W.P.; RIBEIRO, M.V.; BRAGA, E.J.B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, p. 409-416, 2011.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N.D.; REIS, R.C.P.; SOUZA, J.R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v. 38, p. 2138-2145, 2008.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J.P. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de milho. **Ciência Rural**, v. 41, p. 1503-1508, 2011.
- CONDÉ, A.B.T.; COELHO, M.A.O.; FRONZA, V.; SOUZA, L.V. Divergência genética em trigo de sequeiro por meio de caracteres morfoagronômicos. **Revista Ceres**, v. 57, p. 762-767, 2010.
- CRUZ, C.D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, p. 547-552, 2016.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. . **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003, 585 p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2014, 668 p.

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

DUVICK, D. Genetic progress in yield of United States maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v. 50, p. 193-202, 2005.

EDWARDS, J. Changes in plant morphology in response to recurrent selection in the iowa stiff stalk synthetic maize population. **Crop Science**, v. 51, p. 2352-2361, 2011.

FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. **Milho: manejo e produtividade**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2009. 181 p.

FERREIRA, D.F. **Estatística multivariada**. 3. ed. Revisada e Ampliada. Lavras: Ed. UFLA, 2018. 624 p.

FERREIRA JÚNIOR, J.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ESPINDOLA, S.M.C.G.; VIANNA, V.F.; DI MAURO, A.O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 46, p. 339-351, 2015.

FISCHER, R.A.; EDMÉADES, G.O. Breeding and cereal yield progress. **Crop Science**, v. 50, p. 85-98, 2010.

IQBAL, J.; SHINWARI, Z.K.; RABBANI, M.A. Maize (*Zea mays* L.) germplasm agromorphological characterization based on descriptive, cluster and principal component analysis. **Pakistan Journal of Botany**, v. 47, p. 255-264, 2015.

NARDINO, M.; SOUZA, V.Q.; BARETTA, D.; KONFLANZ, V.A.; FOLLMANN, D.N.; CARVALHO, I.C.; FERRARI, M.; CARON, B.O.; SCHMIDT, D. Partial diallel analysis among maize lines for characteristics related to the tassel and the productivity. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, p. 974-982, 2016.
<http://doi.org/10.5897/AJAR2014.10314>

NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; FERRARI, M.; PELEGRINI, A.J.; SZARESKI, V.J.; KONFLANZ, V.A.; SOUZA, V.Q. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, p. 164-174, 2017.

OLIBONI, R.; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; BATTISTELLI, G.; TEGONI, R.G.; RESENDE, J.T.V. Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum**, v. 34, p. 37-44, 2012.

ÖNER, F. Assessment of genetic variation in turkish local maize genotypes using multivariate discriminant analysis. **Applied Ecology and Environmental Research**, v. 16, p. 1369-1380, 2018.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. Ed. Piracicaba: Esalq, 2009. 451 p.

RODRIGUES, J.I.S.; ARRUDA, K.M.A.; CRUZ, C.D.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, A.M. Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**, v. 47, p. 1-6, 2017.

SANTOS, H.G.; JACOMINE, P.K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, V.A.; LUMBRERAS, J.F.; COELHO, M.R.; ALMEIDA, J.A.; ARAÚJO FILHO, J.C.; OLIVEIRA, J.B.; CUNHA, T.J.F.; OLIVEIRA, J.B. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5. ed. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2018. 590 p.

SILVA, D.F.G.; COELHO, C.J.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J.R.; SILVA, A.R.; GRACZYKI, B.L.; OLIVEIRA, E.A.T.; MATIELLO, R.R. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho-verde. **Bragantia**, v. 75, p. 401-410, 2016.

SIMON, G.A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina**, v. 33, p. 449-458, 2012.

TAVARES, T.C.O.; SOUSA, S.A.; LOPES, M.B.S.; VELOSO, D.A.; FIDELIS, R.R. Divergência genética entre cultivares de feijão comum cultivados no estado do Tocantins. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 5, p. 76-82, 2018.

UPADYAYULA, N.; da SILVA, H.S.; BOHN, M.O.; ROCHEFORD, T.R. Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, p. 592-606, 2006. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0133-x>

WARTHA, C.A.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A.D.; FOLLMANN, D.N.; KLEINPAUL, J.A.; SIMÕES, F.M. Sample sizes to estimate mean values for tassel traits in maize genotypes. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, p. 1-13, 2016. <http://doi.org/10.4238/gmr15049151>

YI, Q.; LIU, Y.; ZHANG, X.; HOU, X.; ZHANG, J.; LIU, H.; HU, Y.; YU, G.; HUANG, Y. Comparative mapping of quantitative trait loci for tassel-related traits of maize in F2:3 and RIL populations. **Journal of Genetics**, v. 97, p. 253-266, 2018. <https://doi.org/10.1007/s12041-018-0908-x>

Tabela 1- Tecnologia, empresa, tipo, ciclo, uso, grão, cor e investimento das 20 cultivares de milho.

Híbrido	Versão	Tecnologia	Empresa	Tipo	Ciclo	Uso	Grão	Cor	Investimento
20A55	PW	PowerCore	Morgan Sementes	HT	P	G/S	Semiduro	AL	Médio
30F53	YH	Optimum Intrasect	Pioneer	HS	P	G/S	Semidentado	LR	Alto
AG8780	PRO 3	VT PRO 3	Sementes Agrocere	HS	P	G	Semidentado	AL	Alto
BM3066	PRO2	VT PRO 2	Biomatrix	HS	P	G/S	Semidentado	LR	Alto
DKB 290	PRO 3	VT PRO 3	Dekalb	HS	P	G	Semidentado	AL	Alto
MS 2010	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HS	P	G	Semidentado	AM/AL	Alto
MS 2013	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HS	P	G	Semiduro	AL	Alto
MS 3022	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HT	P	G	Duro	LR	Médio
Status	VIP	Agrisure Viptera	Syngenta Seeds	HS	P	G	Duro	AL	Alto
SX7331	VIP	Agrisure Viptera	Syngenta Seeds	HS	P	G	Duro	LR	Alto
30A68	PW	PowerCore	Morgan Sementes	HS	SP	G	Semiduro	AL	Alto
AG9025	PRO 3	VT PRO 3	Sementes Agrocere	HS	SP	G	Semidentado	AL	Alto
AM9724	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HS	SP	G	Dentado	AM/AL	Alto
AS1666	PRO 3	VT PRO 3	Agroeste	HS	SP	G	Semidentado	AM/AL	Alto
AS1677	PRO 3	VT PRO 3	Agroeste	HS	SP	G	Semidentado	AL	Alto
Celeron	TL	Agrisure TL	Syngenta Seeds	HS	SP	G	Duro	AL	Alto
DKB 230	PRO 3	VT PRO 3	Dekalb	HS	SP	G	Semidentado	AM	Alto
P1630	H	Herculex I	Pioneer	HS	SP	G	Semidentado	AL	Alto
P2530	-	Convencional	Pioneer	HS	SP	G	Semiduro	LR	Alto
SHS 7915	PRO	YieldGard VT PRO	Santa Helena Sementes	HS	SP	G/S	Semidentado	AL	Alto

HS: híbrido simples; HT: híbrido triplo; P: precoce; SP: superprecoce; G: grãos; S: silagem; AL: alaranjado; LR: laranja; AM: amarelo. Informações disponibilizadas pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO).

Tabela 2 - Significância do teste F, média e coeficiente de variação (CV) da análise variância individual e conjunta de 12 caracteres avaliados em 20 cultivares de milho nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018.

Experimento	Caractere	Cultivar (C)	Ano Agrícola (A)	C x A	Média	CV (%)
Experimento 1 (2015/2016)	CBR	*	-	-	8,780	10,750
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	9,130	7,040
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	7,800	8,510
Conjunta		*	*	*	8,570	8,899
Experimento 1 (2015/2016)	CZR	*	-	-	12,110	7,530
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	12,200	6,410
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	12,080	5,850
Conjunta		*	ns	*	12,131	6,635
Experimento 1 (2015/2016)	CEC	*	-	-	26,600	2,970
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	27,050	5,270
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	24,860	6,610
Conjunta		*	*	*	26,172	5,105
Experimento 1 (2015/2016)	CP	*	-	-	47,500	2,560
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	48,380	3,200
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	44,740	3,830
Conjunta		*	*	*	46,874	3,217
Experimento 1 (2015/2016)	NRP	*	-	-	11,410	10,410
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	9,910	11,580
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	9,160	8,550
Conjunta		*	*	*	10,161	10,388
Experimento 1 (2015/2016)	NRS	*	-	-	2,590	21,730
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	2,480	17,980
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	2,080	15,480
Conjunta		*	*	ns	2,385	19,068
Experimento 1 (2015/2016)	NR	*	-	-	14,000	11,580
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	12,390	11,000
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	11,240	8,700
Conjunta		*	*	ns	12,545	10,736
Experimento 1 (2015/2016)	MSBR	*	-	-	0,260	12,060
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	0,230	9,180
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	0,210	11,180
Conjunta		*	*	*	0,234	10,991
Experimento 1 (2015/2016)	MSZR	*	-	-	2,170	13,060
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	1,640	8,960
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	1,800	12,720
Conjunta		*	*	*	1,869	12,126
Experimento 1 (2015/2016)	MSEC	*	-	-	0,670	7,410
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	0,530	8,080
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	0,590	11,500
Conjunta		*	*	*	0,597	9,112
Experimento 1 (2015/2016)	MSP	*	-	-	3,110	10,270
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	2,400	7,700
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	2,600	10,970
Conjunta		*	*	*	2,701	9,953
Experimento 1 (2015/2016)	PROD	*	-	-	9,970	14,970
Experimento 2 (2016/2017)		*	-	-	9,260	10,570
Experimento 3 (2017/2018)		*	-	-	8,320	10,470
Conjunta		*	*	*	9,184	12,482

Caracteres: CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; NR: número total de ramificações; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g; MSP: massa de matéria seca do pendão, em g; e PROD: produtividade de grãos, em Mg ha⁻¹, a 13% de umidade.

*Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro. ns não significativo.

Tabela 3 - Médias de 12 caracteres avaliados em 20 cultivares de milho nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018.

(continua)

Cultivar	CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS	NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
Experimento 1 (2015/2016)												
20A55	10,248a	14,828a	24,548e	49,625c	13,467b	2,717b	16,183b	0,356a	3,330a	0,878a	4,564a	9,906b
30F53	6,983c	9,387d	30,888b	47,258c	6,767d	0,917d	7,683d	0,204d	1,464d	0,857a	2,526d	11,163a
AG8780	11,337a	14,915a	22,935f	49,187c	11,817c	3,750a	15,567b	0,363a	2,248c	0,476c	3,087c	10,728a
BM3066	7,762b	13,468b	21,353g	42,583e	18,633a	3,717a	22,350a	0,256c	3,145a	0,670b	4,071a	11,097a
DKB290	11,397a	15,783a	21,482g	48,662c	12,700b	3,900a	16,600b	0,401a	2,824b	0,537c	3,762b	9,652b
MS2010	10,492a	12,420b	28,707c	51,618b	14,933b	3,767a	18,700b	0,266c	2,664b	0,689b	3,619b	12,728a
MS2013	8,245b	13,148b	26,595d	47,988c	14,183b	4,000a	18,183b	0,238c	3,406a	0,856a	4,500a	10,341a
MS3022	8,893b	10,803c	24,870e	44,567e	13,400b	3,233b	16,633b	0,297b	2,775b	0,730b	3,802b	10,029a
StatusVIP	8,750b	15,788a	19,305h	43,843e	19,817a	4,350a	24,167a	0,322b	2,871b	0,550c	3,743b	9,773b
SX7331	10,633a	15,190a	23,285f	49,108c	17,433a	3,367a	20,800a	0,383a	2,822b	0,580c	3,784b	10,176a
30A68	10,025a	13,195b	31,742a	54,962a	9,883c	2,050c	11,933c	0,329b	2,084c	0,773b	3,186c	11,160a
AG9025	5,738c	10,743c	29,937b	46,418d	8,950c	1,433c	10,383c	0,133e	1,733d	0,692b	2,558d	8,240b
AM9724	6,785c	12,605b	27,338d	46,728d	10,450c	3,833a	14,2833b	0,166e	2,402c	0,718b	3,286c	11,703a
AS1666	10,200a	9,092d	28,813c	48,105c	6,733d	1,650c	8,383d	0,260c	1,362d	0,694b	2,316d	8,963b
AS1677	5,553c	11,373c	28,162c	45,088e	8,050d	1,800c	9,850c	0,121e	1,496d	0,572c	2,190d	8,703b
Celeron	11,087a	10,680c	26,970d	48,737c	11,067c	2,050c	13,117c	0,306b	1,818d	0,562c	2,686d	7,943b
DKB230	6,295c	12,698b	24,783e	43,777e	10,100c	2,500b	12,600c	0,124e	1,190e	0,334d	1,648e	8,645b
P1630	8,695b	8,322d	30,708b	47,725c	6,400d	0,267d	6,667d	0,201d	0,719e	0,750b	1,669e	8,640b
P2530	8,060b	7,117e	32,230a	47,407c	4,550e	0,000d	4,550e	0,217d	0,849e	0,817a	1,883e	7,922b
SHS7915	8,427b	10,705c	27,410d	46,542d	8,850c	2,567b	11,417c	0,243c	2,231c	0,755b	3,228c	11,808a
Experimento 2 (2016/2017)												
20A55	10,164b	15,464a	26,070c	51,697b	11,333d	3,061b	14,394c	0,331b	2,663a	0,657a	3,651a	8,476b
30F53	7,991c	8,582e	31,009a	47,582c	5,545g	0,576d	6,121f	0,187d	0,976e	0,641a	1,804e	9,683a
AG8780	10,618b	16,215a	24,609d	51,442b	11,152d	3,424a	14,576c	0,290c	1,966b	0,384d	2,640c	11,101a
BM3066	6,276e	12,427b	24,500d	43,203d	13,939c	3,697a	17,636b	0,175d	2,176b	0,543b	2,894b	11,756a
DKB290	10,736b	14,749a	24,049d	49,533b	9,546e	3,061b	12,606c	0,261c	1,876b	0,388d	2,525c	10,168a
MS2010	10,546b	11,664b	26,627c	48,836c	11,788d	3,061b	14,849c	0,207d	1,372d	0,491c	2,069d	10,203a
MS2013	8,691c	11,794b	27,239c	47,724c	13,242c	3,606a	16,849b	0,173d	1,977b	0,618a	2,767b	11,045a
MS3022	8,512c	10,585c	25,455d	44,552d	11,667d	2,636b	14,303c	0,252c	2,029b	0,634a	2,914b	8,489b
StatusVIP	9,467b	16,409a	22,155d	48,030c	17,697a	3,758a	21,455a	0,330b	2,573a	0,487c	3,390a	10,551a
SX7331	12,652a	15,597a	25,155d	53,403a	15,242b	3,182b	18,424b	0,440a	2,464a	0,527b	3,431a	11,094a
30A68	10,736b	12,324b	32,879a	55,939a	8,212e	2,485b	10,697d	0,314b	1,688c	0,628a	2,630c	9,875a
AG9025	7,161d	12,394b	28,118b	47,673c	8,333e	2,121c	10,455d	0,146e	1,476d	0,512c	2,134d	8,696b
AM9724	6,821e	12,236b	27,021c	46,079c	10,061e	3,818a	13,879c	0,115e	1,713c	0,571b	2,399c	9,850a
AS1666	10,218b	9,603d	27,203c	47,024c	6,576f	1,636c	8,212e	0,222d	1,023e	0,484c	1,728e	7,378c
AS1677	4,773f	12,009b	27,049c	43,830d	7,546f	1,515c	9,061d	0,092e	1,035e	0,434c	1,560e	8,467b
Celeron	11,349a	10,991c	27,936b	50,276b	9,394e	1,909c	11,303d	0,267c	1,407d	0,472c	2,145d	7,176c
DKB230	7,385d	11,903b	24,036d	43,324d	7,667f	2,606b	10,273d	0,126e	0,983e	0,279e	1,388e	7,875b
P1630	11,812a	10,894c	29,618b	52,324b	7,121f	0,606d	7,727e	0,276c	0,851e	0,559b	1,686e	5,838c
P2530	8,058c	8,355e	30,694a	47,106c	4,909g	0,030d	4,939f	0,208d	0,882e	0,679a	1,769e	6,666c
SHS7915	8,730c	9,770d	29,621b	48,121c	7,212f	2,818b	10,030d	0,195d	1,679c	0,622a	2,496c	10,903a

Tabela 4 - Médias de 12 caracteres avaliados em 20 cultivares de milho nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018.

(conclusão)

Cultivar	CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS	NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
Experimento 3 (2017/2018)												
20A55	7,512c	15,308b	25,108b	47,928a	10,900c	2,667b	13,567c	0,252d	2,879a	0,757a	3,887a	8,712a
30F53	6,315c	9,868e	29,977a	46,160a	5,367f	0,417e	5,783g	0,207e	1,336c	0,769a	2,311c	7,664b
AG8780	10,930a	16,368a	20,755c	48,053a	10,983c	3,433a	14,417c	0,319b	2,090b	0,401c	2,809b	9,150a
BM3066	6,932c	12,872c	24,573b	44,377b	13,983b	2,800b	16,783b	0,219e	2,689a	0,686b	3,594a	9,374a
DKB290	9,307b	16,727a	22,633c	48,667a	10,350c	3,183a	13,533c	0,303c	2,612a	0,484c	3,399a	9,737a
MS2010	8,970b	11,340d	24,228b	44,538b	11,800c	2,817b	14,617c	0,168e	1,703c	0,543c	2,414c	8,559a
MS2013	4,730e	11,217d	27,470a	43,417b	10,767c	2,917b	13,683c	0,124f	2,453a	0,778a	3,354a	8,050b
MS3022	5,950d	10,712d	24,845b	41,507c	11,850c	2,467b	14,317c	0,189e	2,468a	0,6563b	3,313a	7,672b
StatusVIP	8,710b	16,875a	17,295d	42,880b	15,517a	3,217a	18,733a	0,287c	2,256b	0,444c	2,987b	9,778a
SX7331	11,623a	15,677b	20,842c	48,142a	13,817b	2,550b	16,367b	0,379a	2,134b	0,469c	2,982b	8,616a
30A68	8,420b	12,788c	29,545a	50,753a	7,633e	1,867c	9,500e	0,249d	1,723c	0,668b	2,641b	9,905a
AG9025	5,800d	11,158d	27,755a	44,713b	6,333f	1,183d	7,517f	0,126f	1,436c	0,659b	2,221c	8,057b
AM9724	4,403e	11,833d	24,627b	40,863c	9,033d	2,933b	11,967d	0,100f	2,068b	0,620b	2,789b	7,357b
AS1666	8,672b	8,777e	23,608b	41,057c	5,883f	1,467d	7,350f	0,197e	1,091d	0,529c	1,816d	7,946b
AS1677	4,347e	10,758d	25,503b	40,608c	6,117f	1,183d	7,300f	0,094f	1,042d	0,478c	1,614d	8,358b
Celeron	10,830a	11,357d	25,807b	47,993a	9,617d	1,883c	11,500d	0,295c	1,639c	0,521c	2,454c	8,127b
DKB230	6,790c	11,180d	19,662c	37,632d	7,533e	1,833c	9,367e	0,109f	0,860d	0,269d	1,238d	7,340b
P1630	10,322a	9,618e	27,423a	47,363a	5,600f	0,317e	5,917g	0,247d	0,779d	0,601b	1,627d	7,079b
P2530	7,757c	7,662f	27,062a	42,480b	3,533g	0,017e	3,550h	0,205e	0,838d	0,679b	1,722d	4,978c
SHS7915	7,608c	9,523e	28,520a	45,652a	6,650f	2,450b	9,100e	0,201e	1,826b	0,713a	2,748b	10,004a

Caracteres: CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; NR: número total de ramificações; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g; MSP: massa de matéria seca do pendão, em g; e PROD: produtividade de grãos, em Mg ha⁻¹, a 13% de umidade.

*Médias seguidas por uma mesma letra na coluna, não diferem entre si, a 5% de probabilidade, pelo teste de Scott-Knott.

Tabela 5 - Percentual da variação total explicada pelos componentes principais (CP) e o conjunto de autovalores (λ) associados para 20 cultivares de milho, avaliadas em três anos agrícolas.

CP	λ	% explicada acumulada	CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS	NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
y1	6,620	55,169	0,153	0,344	-0,286	0,089	0,361	0,350	0,370	0,242	0,355	-0,073	0,335	0,277
y2	2,337	74,641	0,484	-0,004	0,284	0,599	-0,115	-0,183	-0,136	0,440	-0,009	0,246	0,082	-0,009
y3	1,750	89,223	-0,354	-0,174	0,346	-0,013	0,011	0,056	0,022	-0,203	0,269	0,655	0,332	0,263
y4	0,623	94,418	-0,082	0,161	0,226	0,316	-0,209	0,238	-0,105	-0,249	-0,155	-0,308	-0,219	0,690
y5	0,301	96,925	-0,419	0,678	-0,023	0,273	-0,237	-0,099	-0,210	-0,069	0,173	-0,034	0,144	-0,351
y6	0,169	98,337	-0,025	0,025	0,352	0,368	0,520	0,022	0,413	-0,376	-0,139	-0,051	-0,175	-0,324
y7	0,150	99,591	0,322	-0,201	0,036	0,075	-0,341	0,638	-0,109	-0,327	0,229	-0,078	0,159	-0,351
y8	0,034	99,877	-0,291	-0,323	0,430	-0,012	0,026	-0,080	0,000	0,323	0,328	-0,592	0,231	-0,060
y9	0,015	100,000	0,343	-0,034	-0,141	0,045	0,052	-0,570	-0,100	-0,530	0,358	-0,188	0,235	0,151
y10	0,000	100,000	0,003	0,004	0,005	-0,005	-0,606	-0,191	0,772	0,000	-0,002	0,000	0,003	0,000
y11	0,000	100,000	-0,008	-0,011	-0,013	0,013	0,002	0,001	-0,003	-0,080	-0,664	-0,125	0,733	0,000
y12	0,000	100,000	0,359	0,468	0,580	-0,562	0,005	0,002	-0,007	-0,002	-0,015	-0,003	0,017	0,000

Tabela 6 - Dissimilaridade entre cultivares de milho para comprimento do pendão, número total de ramificações, massa de matéria seca da espiga central e produtividade de grãos, em relação aos três anos agrícolas, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

C*	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	50,6	49,5	27,0	34,9	14,0	7,1	17,0	45,4	30,2	28,7	28,4	16,5	47,7	60,5	30,0	96,4	45,3	70,7	27,5	
2		93,7	91,7	73,0	66,1	58,2	51,5	146,8	118,7	43,2	13,4	31,1	15,0	25,9	55,2	81,1	17,5	8,1	8,1	
3			67,6	1,7	14,5	66,9	66,3	46,5	14,9	31,8	43,6	46,7	49,6	50,3	10,9	40,1	51,6	112,9	58,1	
4				53,6	23,1	9,1	9,0	16,7	40,7	88,6	55,3	17,9	74,9	71,4	61,8	89,7	99,4	117,7	50,7	
5					8,1	49,6	48,2	41,5	13,9	24,6	29,0	31,3	35,6	37,5	5,2	35,3	38,3	89,9	41,9	
6						19,6	23,4	22,7	9,0	28,1	28,0	15,8	41,6	44,8	14,5	55,4	47,9	89,5	31,6	
7							5,4	35,6	41,8	56,8	36,0	11,0	56,3	62,5	48,5	98,2	67,2	81,0	30,2	
8								36,9	50,7	68,2	26,4	4,9	40,9	41,7	43,9	69,7	59,2	65,1	27,3	
9									17,7	98,9	83,3	45,4	103,6	97,6	57,0	88,4	124,2	172,4	91,5	
10										45,0	62,4	46,2	80,0	84,0	25,2	79,8	81,0	144,1	72,8	
11											28,5	45,0	37,9	55,1	20,1	87,0	21,9	64,1	29,8	
12												10,9	2,5	7,9	17,0	36,7	8,1	18,3	7,3	
13													20,6	21,6	27,9	48,6	36,1	45,8	10,9	
14														3,1	21,9	28,1	7,4	15,3	13,1	
15															27,6	15,9	19,3	26,1	19,7	
16																33,0	19,5	61,5	35,3	
17																	50,9	77,3	61,8	
18																			16,4	21,1
19																				25,7

* C = Cultivares: 1: 20A55, 2: 30F53, 3: AG8780, 4: BM3066, 5: DKB290, 6: MS2010, 7: MS2013, 8: MS3022, 9: StatusVIP, 10: SX7331, 11: 30A68, 12: AG9025, 13: AM9724, 14: AS1666, 15: AS1677, 16: Celeron, 17: DKB230, 18: P1630, 19: P2530 e 20: SHS7915.

Tabela 7 - Médias dos caracteres comprimento do pendão (CP, em cm); número total de ramificações (NR); massa de matéria seca da espiga central (MSEC, em g); e produtividade de grãos (PROD, em Mg ha⁻¹) para 20 cultivares de milho, alocadas em seis grupos formados, por meio do método UPGMA, representado no dendrograma (Figura 2).

Grupo	Número de cultivares	Composição dos grupos	CP	NR	MSEC	PROD
I	5	AG8780, DKB290, Celeron, MS2010, SX7331	49,213b	15,132b	0,502b	9,677a
II	1	30A68	53,885a	10,710c	0,690a	10,313a
III	5	MS3022, AM9724, 20A55, MS2013, BM3066	45,523c	15,667b	0,691a	9,590a
IV	1	StatusVIP	44,918c	21,452a	0,494b	10,034a
V	7	30F53, P2530, AG9025, AS1666, AS1677, P1630, SHS7915	46,202c	7,714d	0,643a	8,436b
VI	1	DKB230	41,578d	10,747c	0,294c	7,953b

Médias de grupos não seguidas pela mesma letra, na coluna, diferem pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

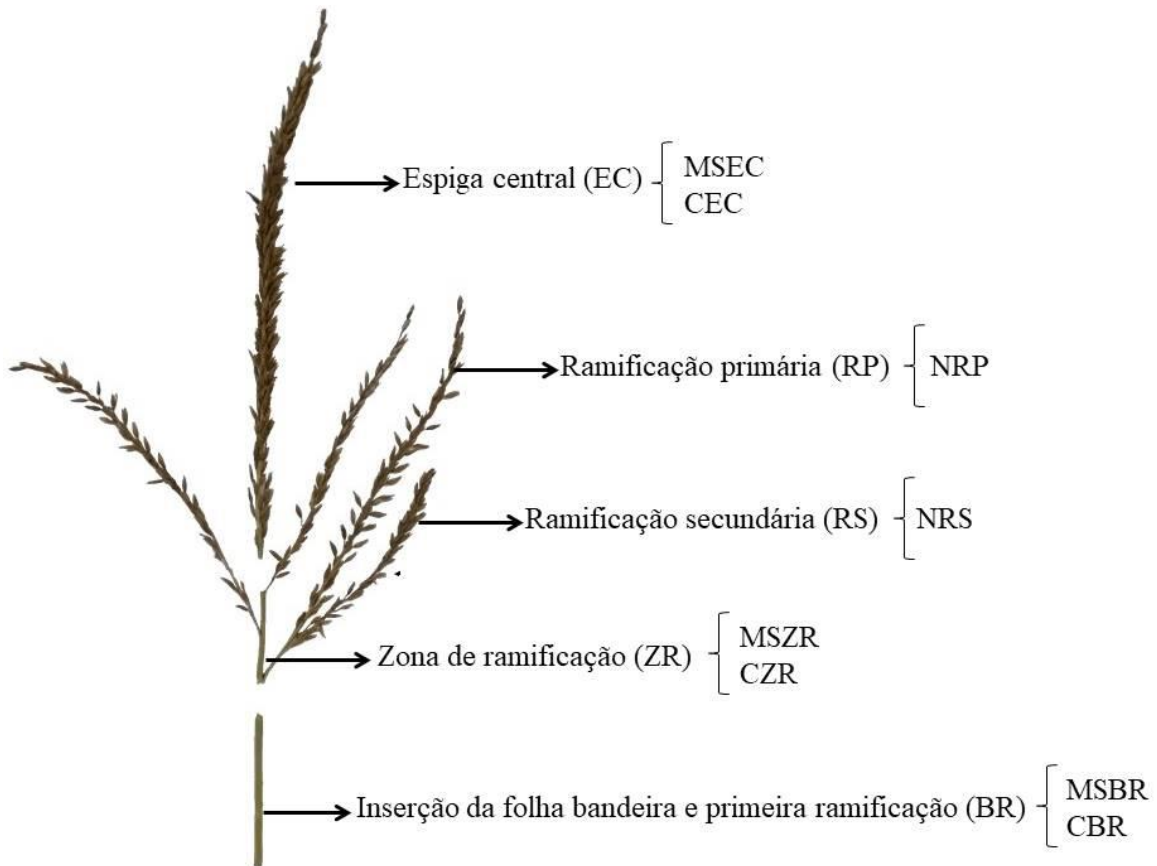


Figura 1 - Representação dos caracteres avaliados no pendão do milho, CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g. Adaptado de Wharta et al. (2016).

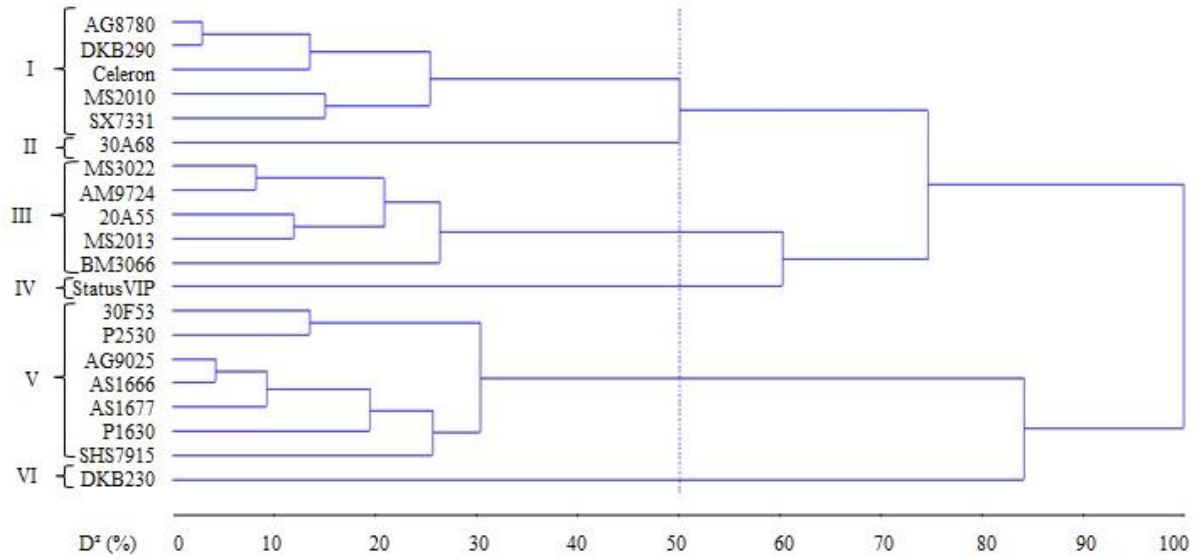


Figura 2 - Dendrograma obtido pelo método de agrupamento de cultivares, por meio do método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA), a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), entre 20 cultivares de milho, agrupadas com base no comprimento do pendão, número total de ramificações, massa de matéria seca da espiga central e produtividade de grãos. Coeficiente de correlação cofenética= 0,6017 e significativo a 5% de probabilidade de erro.

4 CAPÍTULO II - RELAÇÕES LINEARES ENTRE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E CARACTERES DE PENDÃO DE MILHO

RESUMO

Os objetivos deste trabalho foram verificar as relações lineares entre a produtividade de grãos e os caracteres de pendão de milho e identificar caracteres para a seleção, via efeito direto e indireto, em três anos agrícolas. Foram conduzidos três experimentos, com 20 cultivares de milho, no delineamento experimental blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 20, 11 e 20 pendões por parcela, respectivamente, nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018, e mensurados 11 caracteres de pendão e a produtividade de grãos, a 13% de umidade. Foram realizados os testes de Kolmogorov-Smirnov e Levene para verificar o atendimento dos pressupostos de normalidade dos erros e homogeneidade das variâncias residuais, respectivamente. Para cada um dos 12 caracteres, foram realizadas as análises de variância individual e conjunta, a 5% de probabilidade. Foram determinadas as matrizes de correlação fenotípica e genotípica, e realizados os diagnósticos de multicolinearidade com base no número de condição e no fator de inflação da variância. Para as análises de trilha, a produtividade de grãos foi considerada o caractere principal e os caracteres de pendão como explicativos. O número de ramificações secundárias apresenta relação linear positiva sobre a produtividade de grãos e pode ser utilizado para seleção indireta de plantas de milho, em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Multicolinearidade. Análise de trilha. Seleção indireta.

LINEAR RELATIONSHIPS BETWEEN TASSEL CHARACTERS AND GRAIN YIELD IN MAIZE

ABSTRACT

The objectives of this work were to verify the linear relationships between grain yield and maize tassel traits and to identify traits for the selection, through direct and indirect effect, in three agricultural years. Three experiments with 20 maize cultivars were conducted in a randomized complete block design with three replicates. We evaluated 20, 11 and 20 tassels per plot, respectively, in the agricultural years 2015/2016, 2016/2017 and 2017/2018, and measured 11 characters tassel and grain yield, 13% moisture. Kolmogorov-Smirnov and Levene tests were performed to verify compliance with the assumptions of normality of errors and homogeneity of residual variances, respectively. For each of the 12 traits, were realized the analysis of individual and joint variance, at 5% probability. Phenotypic and genotypic correlation matrices were determined, and multicollinearity diagnoses were made based on condition number and variance inflation factor. For path analyzes, grain yield was considered the main trait and traits the tassel as explanatory. The number of secondary branches presents a positive linear relation on grain yield and can be used for indirect selection of maize plants in breeding programs.

Key words: *Zea mays* L. Multicollinearity. Path analysis. Indirect selection.

4.1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal utilizado em diversos setores da cadeia produtiva, sendo empregado na produção de alimentos básicos, como farinhas, canjica e óleos, podendo ser utilizado também na formulação de xarope de glucose, maltodextrinas e corantes. Devido a sua importância socioeconômica, estudos são realizados com a cultura, considerando a produtividade de grãos como um dos principais fatores utilizados na escolha das cultivares (PORTO et al., 2011).

Nos programas de melhoramento genético de milho são almejados linhagens e híbridos produtivos que apresentem pendão com tamanho (comprimento) reduzido e menor número de ramificações, mas que mantenham a produção de pólen suficiente para favorecer a fecundação (DUVICK, 2005; FISCHER; EDMEADES, 2010). Segundo Edwards (2011) e Brewbaker (2015) os pendões que apresentam tamanho maior impedem a passagem da radiação solar para o dossel da planta, reduzindo a atividade fotossintética e atuam como dreno de fotoassimilados, podendo reduzir a produtividade de grãos.

No entanto, Brewbaker (2015) concluiu que existem raras evidências de que a redução do tamanho do pendão resultaria em maior produtividade de grãos. Com isso, os estudos de associações lineares entre caracteres, com base em coeficientes de correlação fenotípica e genotípica podem ser utilizados para medir o grau de associação entre os caracteres. As relações lineares são fundamentais para selecionar os caracteres de interesse agrônomo que apresentam baixa herdabilidade e são de difícil mensuração.

A associação linear entre caracteres é utilizada na quantificação da magnitude e na direção das influências, porém não possibilita avaliar os efeitos diretos e indiretos. Contudo, na análise de trilha, os coeficientes de correlação são desdobrados em efeitos diretos e indiretos, o que permite medir a influência de uma variável sobre a outra, independentemente das demais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Estudos sobre as correlações e/ou análise de trilha envolvendo caracteres de pendão de milho foram desenvolvidos por Upadyayula et al. (2006), Parvez (2007), Ci et al. (2012), Nardino et al. (2016a) e Öner (2018).

No entanto, não foram encontrados na literatura estudos de relações lineares com maior número de caracteres de pendão. Supõe-se que essas relações lineares existam e que possam ser utilizadas para a seleção indireta de cultivares visando o incremento da

produtividade de grãos. Assim, os objetivos deste trabalho foram verificar as relações lineares entre a produtividade de grãos e os caracteres de pendão de milho e identificar caracteres para a seleção, via efeito direto e indireto, em três anos agrícolas.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos três experimentos com a cultura de milho, nos anos agrícolas 2015/2016 (experimento 1), 2016/2017 (experimento 2) e 2017/2018 (experimento 3). Conforme classificação de Köppen o clima da região é do tipo Cfa, subtropical úmido, com verões quentes e sem estação seca definida (ALVARES et al. 2013) e o solo é classificado como Argissolo Vermelho distrófico arênico (SANTOS et al. 2018).

Os experimentos foram compostos por 20 cultivares (Tabela 7), pertencentes à rede de avaliação de cultivares de milho do estado do Rio Grande do Sul, coordenada pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO). O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas de duas fileiras de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,80 m entre fileiras e 0,20 m na fileira.

As sementeiras foram realizadas nos dias 21/10/2015, 19/11/2016 e 31/10/2017, para o experimento 1, 2 e 3, respectivamente. A adubação de base foi realizada juntamente com sementeira nos três experimentos. No ano agrícola 2015/2016 (experimento 1) foi utilizada a formulação comercial 05-20-20, resultando em 37,5 kg ha⁻¹ de N, 150 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 150 kg ha⁻¹ de K₂O. A adubação de cobertura foi de 121,5 kg ha⁻¹ de N, na forma de ureia, parcelada em três aplicações. No ano agrícola 2016/2017 (experimento 2), foi utilizada a formulação comercial 05-20-20, na quantidade de 20 kg ha⁻¹ de N, 80 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 80 kg ha⁻¹ de K₂O e a adubação de cobertura foi parcelada em duas aplicações, totalizando 180 kg ha⁻¹ de N, na forma de ureia. No ano agrícola 2017/2018 (experimento 3) foi utilizada a formulação comercial 05-20-20, totalizando 15 kg ha⁻¹ de N, 60 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 60 kg ha⁻¹ de K₂O e realizadas duas adubações de cobertura, totalizando 157,5 kg ha⁻¹ de N na forma de ureia.

A densidade de plantas foi ajustada, por meio de desbaste manual, para cinco plantas por metro de fileira, totalizando 62.500 plantas por hectare. Os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações para a cultura de milho, mantendo a área experimental livre de plantas daninhas, pragas e doenças (FANCELLI; DOURADO NETO, 2009).

No final do estágio reprodutivo foram coletados aleatoriamente 20, 11 e 20 pendões por parcela, nos anos agrícolas 2015/2016, 2016/2017 e 2017/2018, respectivamente.

Segundo Wharta et al. (2016), para os caracteres de pendão, 11, 20, 43 e 169 pendões são suficientes para a estimação da média, com precisão de 40, 30, 20 e 10% da estimativa da média, respectivamente, e grau de confiança de 95%. Após, coletar os pendões a campo, eles foram identificados, armazenados em embalagens de papel e levados para a estufa com circulação de ar forçada (60°C), até atingirem massa constante.

Para cada pendão foram mensurados os seguintes caracteres: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação (CBR), em cm; comprimento da zona de ramificação (CZR), em cm; comprimento da espiga central (CEC), em cm; comprimento do pendão ($CP = CBR + CZR + CEC$), em cm; número de ramificações primárias (NRP); número de ramificações secundárias (NRS); número total de ramificações ($NR = NRP + NRS$); massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação (MSBR), em g; massa de matéria seca da zona de ramificação (MSZR), em g; massa de matéria seca da espiga central (MSEC), em g; e massa de matéria seca do pendão ($MSP = MSBR + MSZR + MSEC$, em g) (Figura 3). A produtividade de grãos (PROD) foi avaliada a partir de todas as plantas da parcela, e expressa em $Mg\ ha^{-1}$, a 13% de umidade.

Foram utilizados os testes de Kolmogorov-Smirnov e Levene para verificar o atendimento dos pressupostos de normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias residuais, respectivamente, para os 12 caracteres mensurados. Posteriormente, realizou-se a análise de variância individual e, em seguida, a análise de variância conjunta, a 5% de probabilidade, considerando os efeitos de cultivar e ano agrícola como aleatório. Foram registradas as estimativas da média, do coeficiente de variação (CV), do F calculado para cultivar (F_c) e calculada a acurácia seletiva (AS), conforme descrito por Resende e Duarte (2007), para cada um dos caracteres (CBR, CZR, CEC, CP, NRP, NRS, NR, MSBR, MSZR, MSEC, MSP e PROD).

Para o estudo das relações lineares, foram estimadas as matrizes de coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre os caracteres que apresentaram diferenças significativas pelo teste F da análise de variância individual e pela análise de variância conjunta. Após, por meio do teste t de Student, a 5% de probabilidade, foi verificada a significância dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica.

O diagnóstico de multicolinearidade foi realizado nas matrizes de correlação fenotípica e genotípica por meio do fator de inflação da variância (FIV) e do número de condição (NC), conforme o critério estabelecido por Montgomery, Peck e Vinning (2012). Os critérios utilizados foram $FIV < 10$ e $NC < 100$, indicativos de multicolinearidade fraca. Em

presença de alto grau de multicolinearidade (prejudicial à análise de trilha), foram excluídos um ou mais caracteres que estavam altamente correlacionados.

Para cada experimento (ano agrícola) foi realizada a análise de trilha, considerando a produtividade de grãos como caractere principal e os caracteres de pendão como explicativos. Além disso, também foi realizada a análise de trilha geral (todos os experimentos). Nas análises de trilha foi possível identificar os caracteres explicativos com efeitos diretos e indiretos sobre o caractere principal. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software Genes (CRUZ, 2016) e do aplicativo Microsoft Office Excel®.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

As análises de variância individuais revelaram efeito significativo de cultivar, a 5% de probabilidade, para todos os caracteres, nos três anos agrícolas (Tabela 8). No entanto, na análise de variância conjunta, verificou-se efeito significativo, a 5% de probabilidade, de cultivar para todos os caracteres e ano agrícola para a maioria, exceto para o CZR, já, para interação entre cultivar \times ano agrícola, apenas os caracteres NRS e NR não apresentaram diferença significativa (Tabela 9). Esses resultados evidenciam comportamento diferenciado das cultivares nos anos avaliados, mostrando a necessidade de avaliar as cultivares em mais de um ano de cultivo.

Em relação à acurácia seletiva (AS), dentre os 36 casos (12 caracteres \times três anos agrícolas) 35 apresentaram precisão experimental muito alta ($AS \geq 0,90$), e apenas um caso no experimento 1 apresentou precisão alta ($0,70 \leq AS < 0,90$) conforme a classificação estabelecida por Resende e Duarte (2007) (Tabela 8). Já, quando os três experimentos foram estudados conjuntamente todos os caracteres apresentaram precisão experimental muito alta ($AS \geq 0,90$) (Tabela 9). De maneira geral, diante desse amplo conjunto de dados (12 caracteres avaliados em 20 cultivares durante três anos agrícolas), da elevada precisão experimental e variabilidade existente entre as cultivares, pode-se inferir que o banco de dados é adequado para o estudo das relações lineares entre caracteres de pendão e a produtividade de grãos, por meio das análises de correlação e de trilha.

As médias dos caracteres, obtidas neste estudo, foram semelhantes às observadas por Upadyayula et al. (2006) que relataram valores similares para os caracteres CP, NRP, CZR, CEC e MSP. Andrade e Miranda Filho (2008) observaram valores semelhantes para CP, MSP e NR. Ainda, foram semelhantes aos resultados descritos no estudo de Nardino et al. (2016b) para os caracteres CP, NRP e PROD, e também aos resultados observados por Yi et al. (2018)

e Öner (2018) para CP e NR (Tabela 9). De maneira geral, as médias do CP, NRP, NR, CZR, CEC, MSP e PROD revelam o adequado desenvolvimento da cultura, nos três experimentos.

As matrizes de correlação fenotípica e genotípica foram semelhantes, nos três anos agrícolas e também quando os anos foram avaliados conjuntamente (Tabela 10). De maneira geral, as associações lineares do CBR com os caracteres CZR, CEC, NRP, NRS, NR, MSZR, MSEC, MSP e PROD, apresentaram correlação de baixa magnitude, ou seja, entre -0,398 e 0,375, já, entre o CBR e o CP e a MSBR as correlações foram significativas e de alta magnitude, com valores oscilando de 0,602 a 0,901. Para o CZR as correlações fenotípica e genotípica foram positivas com os caracteres NRP, NRS, NR, MSBR, MSZR, MSP e PROD. Com relação ao CEC as correlações foram negativas e significativas com os caracteres CZR, NRP, NRS, NR e MSZR. O caractere NR correlacionou-se de forma positiva e significativa com CZR, NRP, NRS, MSBR, MSZR, MSP e PROD. Para a MSP as correlações fenotípica e genotípica foram positivas e significativas com CZR, NRP, NRS, NR, MSBR, MSZR e PROD. Ao estudarem caracteres de pendão e de espiga, Upadyayula et al. (2006) observaram correlações negativas e significativas entre o CEC e os caracteres CZR e NR, ainda, constataram associação positiva e significativa entre os caracteres NR, CZR e MSP, corroborando com os resultados obtidos neste estudo. Andrade e Miranda Filho (2008) observaram que entre o CP e os caracteres MSP e NR as correlações foram de baixa magnitude, já entre a MSP e o NR as correlações foram positivas e de maior magnitude ($r_g=0,626$ e $r_f=0,603$), resultados semelhantes aos observados no presente estudo. Öner (2018) observou correlações de baixa magnitude entre o CP com o NR e MSP, resultados semelhantes ao obtido neste estudo.

A PROD apresentou correlações, fenotípica e genotípica, positivas e significativas com os caracteres NRS, MSZR e MSP no primeiro experimento. No segundo experimento a PROD apresentou correlação positiva e significativa com o CZR, NRP, NRS, NR, MSZR e MSP, e no terceiro experimento a correlação foi positiva e significativa com CZR, CP, NRP, NRS, NR, MSZR e MSP. Entre o caractere CEC e a PROD as correlações fenotípicas e genotípicas foram negativas e de baixa magnitude (Tabela 10). Estudo realizado por Nardino et al. (2016a) apresentou correlações negativas e significativas entre a PROD e os caracteres NRP, NRS e o CP, ou seja, resultados distintos ao deste estudo. No entanto, Ci et al. (2012) observaram que a associação entre a PROD e o CP foi positiva e de baixa magnitude, resultado similar ao obtido. No entanto, apenas por meio dos coeficientes de correlação, não é possível inferir quais dos caracteres tem efeito direto sobre a PROD. Com isso, o desdobramento dos coeficientes, por meio da análise de trilha, é importante, pois desdobra os

efeitos diretos e indiretos comprovando as reais associações de causa e efeito entre esses caracteres (WRIGHT, 1921).

O diagnóstico de multicolinearidade nas matrizes de coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres explicativos (CBR, CZR, CEC, CP, NRP, NRS, NR, MSBR, MSZR, MSEC e MSP), em cada experimento e quando avaliados conjuntamente, apresentaram elevado grau de multicolinearidade. Assim, após a eliminação dos caracteres CBR, CEC, CP, NR, MSBR, MSEC e MSZR, em cada experimento e quando avaliados conjuntamente, as matrizes de correlação revelaram número de condição entre 18,185 (matriz de correlação fenotípica experimento 3) e 26,797 (matriz de correlação genotípica experimento 1), ou seja, multicolinearidade fraca, conforme critério de Montgomery, Peck, Vinning (2012). Com relação, aos fatores de inflação da variância (FIV), estes foram inferiores a 10, quando eliminados os caracteres CBR, CEC, CP, NR, MSBR, MSEC e MSZR, indicando multicolinearidade fraca (Tabela 11). Assim, pode-se inferir que as análises de trilha do caractere principal (PROD) em função dos caracteres explicativos (CZR, NRP, NRS e MSP) foram realizadas em condições adequadas.

Os efeitos diretos do NRS sobre PROD, obtidos a partir das matrizes de correlação fenotípica e genotípica, foram positivos e de elevada magnitude ($0,501 \leq \text{efeito direto} \leq 0,855$), o que revela associação de causa e efeito entre esses caracteres. Já, para MSP sobre PROD, os efeitos diretos foram positivos, porém com magnitude inferior ($0,099 \leq \text{efeito direto} \leq 0,693$). No entanto, as associações podem ser explicadas pelos maiores efeitos indiretos via NRS. Entre o NRP e a PROD os efeitos diretos foram de baixa magnitude ($-0,482 \leq \text{efeito direto} \leq 0,001$), e, podem ser explicados pelo elevado efeito indireto positivo do NRS sobre a PROD ($0,413 \leq \text{efeito indireto} \leq 0,698$), o que demonstra a não associação de causa e efeito entre NRP e PROD. Para o CZR e a PROD os efeitos diretos foram de baixa magnitude ($-0,402 \leq \text{efeito direto} \leq 0,412$), contudo, a associação pode ser explicada pelos maiores efeitos indiretos via NRS ($0,366 \leq \text{efeito indireto} \leq 0,698$) (Tabela 11).

Assim, com base nas matrizes de correlação fenotípica e genotípica e nas análises de trilha, pode-se inferir que o número de ramificações secundárias foi o caractere que apresentou associação linear positiva com a produtividade de grãos. Portanto, cultivares que apresentam maior número de ramificações secundárias apresentam maior produtividade de grãos. Desta forma, o número de ramificações secundárias pode ser utilizado para seleção indireta de plantas, visando o incremento da produtividade de grãos.

4.4 CONCLUSÕES

O número de ramificações secundárias apresenta relação linear positiva sobre a produtividade de grãos e pode ser utilizado para seleção indireta de plantas de milho, em programas de melhoramento genético.

4.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, p. 711-728, 2013. <http://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>

ANDRADE, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative variation in the tropical maize population, ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, v. 65, p. 174-182, 2008. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162008000200011>

BREWBAKER, J.L. Diversity and genetics of tassel branch numbers in maize. **Crop Science**, v. 55, p. 65-78, 2015. <http://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0248>

CI, X.; LI, M.; XU, J.; LU, Z.; BAI, P.; RU, G.; LIANG, X.; ZHANG, D.; LI, X.; BAI, L.; XIE, C.; HAO, Z.; ZHANG, S.; DONG, S. Trends of grain yield and plant traits in Chinese maize cultivars from the 1950s to the 2000. **Euphytica**, v. 185, p. 395-406, 2012. <http://doi.org/10.1007/s10681-011-0560-5>

CRUZ, C.D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, p. 547-552, 2016. <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.

DUVICK, D. Genetic progress in yield of United States maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v. 50, p. 193-202, 2005.

EDWARDS, J. Changes in plant morphology in response to recurrent selection in the iowa stiff stalk synthetic maize population. **Crop Science**, v. 51, p. 2352-2361, 2011. <http://doi.org/10.2135/cropsci2010.09.0564>

FISCHER, R.A.; EDMEADES, G.O. Breeding and cereal yield progress. **Crop Science**, v. 50, p. 85-98, 2010. <http://doi.org/10.2135/cropsci2009.10.0564>

FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. **Milho: manejo e produtividade**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2009. 181 p.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A.; VINNING, G.G. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 2012. 672 p.

NARDINO, M, SOUZA, V.Q.; BARETTA, D.; KONFLANZ, V.A.; CARVALHO, I.C.; FOLLMANN, D.N.; CARON, B.O. Association of secondary traits with yield in maize F 1 's. **Ciência Rural**, v. 46, p. 776-782, 2016a. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20150253>

NARDINO, M.; SOUZA, V.Q.; BARETTA, D.; KONFLANZ, V.A.; FOLLMANN, D.N.; CARVALHO, I.C.; FERRARI, M, CARON, B.O.; SCHMIDT, D. Partial diallel analysis among maize lines for characteristics related to the tassel and the productivity. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, p. 974-982, 2016b. <http://doi.org/10.5897/AJAR2014.10314>

ÖNER, F. Assessment of genetic variation in turkish local maize genotypes using multivariate discriminant analysis. **Applied Ecology and Environmental Research**, v. 16, p. 1369-1380, 2018.

PARVEZ, A.S. Genetic Analysis of Tassel and Ear Characters in Maize (*Zea mays* L.) Using Triple Test Cross. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, p. 881-883, 2007. <http://doi.org/10.3923/ajps.2007.881.883>

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Esalq, 2009. 451 p.

PORTO, A.P.F.; VASCONCELOS, R.C.; VIANA, A.E.S.; ALMEIDA, M.R.S. Variedades de milho a diferentes espaçamentos no Planalto de Vitória da Conquista - BA. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, p. 208-214, 2011. <http://doi.org/10.5039/agraria.v6i2a924>

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

SANTOS, H.G.; JACOMINE, P.K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, V.A.; LUMBRERAS, J.F.; COELHO, M.R.; ALMEIDA, J.A.; ARAÚJO FILHO, J.C.; OLIVEIRA, J.B.; CUNHA, T.J.F.; OLIVEIRA, J.B. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5. ed. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2018. 590 p.

WARTHA, C.A.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A.D.; FOLLMANN, D.N.; KLEINPAUL, J.A.; SIMÕES, F.M. Sample sizes to estimate mean values for tassel traits in maize genotypes. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, p. 1-13, 2016. <http://doi.org/10.4238/gmr15049151>

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, v. 20, p. 557-585, 1921.

UPADYAYULA, N.; SILVA, H.S.; BOHN, M.O.; ROCHEFORD, T.R. Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, p. 592-606, 2006. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0133-x>

YI, Q.; LIU, Y.; ZHANG, X.; HOU, X.; ZHANG, J.; LIU, H.; HU, Y.; YU, G.; HUANG, Y. Comparative mapping of quantitative trait loci for tassel-related traits of maize in F2:3 and RIL populations. **Journal of Genetics**, v. 97, p. 253-266, 2018. <https://doi.org/10.1007/s12041-018-0908-x>

Tabela 8 - Tecnologia, empresa, tipo, ciclo, uso, grão, cor e investimento das 20 cultivares de milho.

Híbrido	Versão	Tecnologia	Empresa	Tipo	Ciclo	Uso	Grão	Cor	Investimento
20A55	PW	PowerCore	Morgan Sementes	HT	P	G/S	Semiduro	AL	Médio
30F53	YH	Optimum Intrasect	Pioneer	HS	P	G/S	Semidentado	LR	Alto
AG8780	PRO 3	VT PRO 3	Sementes Agrocerec	HS	P	G	Semidentado	AL	Alto
BM3066	PRO2	VT PRO 2	Biomatrix	HS	P	G/S	Semidentado	LR	Alto
DKB 290	PRO 3	VT PRO 3	Dekalb	HS	P	G	Semidentado	AL	Alto
MS 2010	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HS	P	G	Semidentado	AM/AL	Alto
MS 2013	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HS	P	G	Semiduro	AL	Alto
MS 3022	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HT	P	G	Duro	LR	Médio
Status	VIP	Agrisure Viptera	Syngenta Seeds	HS	P	G	Duro	AL	Alto
SX7331	VIP	Agrisure Viptera	Syngenta Seeds	HS	P	G	Duro	LR	Alto
30A68	PW	PowerCore	Morgan Sementes	HS	SP	G	Semiduro	AL	Alto
AG9025	PRO 3	VT PRO 3	Sementes Agrocerec	HS	SP	G	Semidentado	AL	Alto
AM9724	-	Convencional	Melhoramento Agropastoril	HS	SP	G	Dentado	AM/AL	Alto
AS1666	PRO 3	VT PRO 3	Agroeste	HS	SP	G	Semidentado	AM/AL	Alto
AS1677	PRO 3	VT PRO 3	Agroeste	HS	SP	G	Semidentado	AL	Alto
Celeron	TL	Agrisure TL	Syngenta Seeds	HS	SP	G	Duro	AL	Alto
DKB 230	PRO 3	VT PRO 3	Dekalb	HS	SP	G	Semidentado	AM	Alto
P1630	H	Herculex I	Pioneer	HS	SP	G	Semidentado	AL	Alto
P2530	-	Convencional	Pioneer	HS	SP	G	Semiduro	LR	Alto
SHS 7915	PRO	YieldGard VT PRO	Santa Helena Sementes	HS	SP	G/S	Semidentado	AL	Alto

HS: híbrido simples; HT: híbrido triplo; P: precoce; SP: superprecoce; G: grãos; S: silagem; AL: alaranjado; LR: laranja; AM: amarelo. Informações disponibilizadas pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO).

Tabela 9 - Resumo da análise de variância com o número de graus de liberdade (GL) e o quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro, média, coeficiente de variação (CV%), valor do teste F para cultivar (Fc) e acurácia seletiva (AS), para 12 caracteres em 20 cultivares de milho, nos anos agrícolas 2015-2016 (experimento 1), 2016-2017 (experimento 2) e 2017-2018 (experimento 3).

FV	GL	Quadrado médio											
		CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS	NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
Bloco	2	0,265	0,870	0,337	3,450	3,637	0,172	5,335	0,000	0,020	0,002	0,031	0,771
Cultivar	19	10,393*	19,027*	40,976*	24,426*	52,709*	5,009*	85,015*	0,022*	1,986*	0,060*	2,378*	5,754*
Erro	38	0,891	0,833	0,626	1,484	1,411	0,318	2,628	0,001	0,080	0,003	0,102	2,224
Média		8,780	12,110	26,600	47,500	11,410	2,590	14,000	0,260	2,170	0,670	3,110	9,970
CV(%)		10,750	7,530	2,970	2,560	10,410	21,730	11,580	12,060	13,060	7,410	10,270	14,970
Fc		11,665	22,851	65,461	16,465	37,344	15,766	32,349	22,442	24,701	23,836	23,397	2,587
AS ⁽¹⁾		0,956	0,978	0,992	0,969	0,987	0,968	0,984	0,977	0,980	0,979	0,978	0,783
Precisão		MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	A

FV	GL	Quadrado médio											
		CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS	NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
Bloco	2	1,063	0,463	3,465	3,193	1,451	0,293	2,949	0,003	0,011	0,007	0,053	1,849
Cultivar	19	12,447*	17,291*	22,092*	35,002*	33,669*	3,783*	55,212*	0,022*	0,993*	0,034*	1,275*	8,455*
Erro	38	0,414	0,611	2,032	2,402	1,317	0,199	1,857	0,000	0,022	0,002	0,034	0,959
Média		9,130	12,200	27,050	48,380	9,910	2,480	12,390	0,230	1,640	0,530	2,400	9,260
CV(%)		7,040	6,410	5,270	3,200	11,580	17,980	11,000	9,180	8,960	8,080	7,700	10,570
Fc		30,058	28,285	10,870	14,572	25,574	19,022	29,725	49,662	46,008	18,316	37,355	8,819
AS ⁽¹⁾		0,983	0,982	0,953	0,965	0,980	0,973	0,983	0,990	0,989	0,972	0,987	0,942
Precisão		MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA

FV	GL	Quadrado médio											
		CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS	NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
Bloco	2	0,637	0,083	5,547	8,299	0,158	0,332	0,429	0,002	0,079	0,001	0,115	2,539
Cultivar	19	14,207*	22,506*	33,761*	35,013*	32,862*	3,149*	52,775*	0,019*	1,308*	0,056*	1,611*	4,318*
Erro	38	0,440	0,499	2,698	2,936	0,614	0,104	0,957	0,001	0,052	0,005	0,081	0,759
Média		7,800	12,080	24,860	44,740	9,160	2,080	11,240	0,210	1,800	0,590	2,600	8,320
CV(%)		8,510	5,850	6,610	3,830	8,550	15,480	8,700	11,180	12,720	11,500	10,970	10,470
Fc		32,297	45,062	12,513	11,925	53,530	30,384	55,171	32,960	25,074	12,273	19,884	5,688
AS ⁽¹⁾		0,984	0,989	0,959	0,957	0,991	0,983	0,991	0,985	0,980	0,958	0,975	0,908
Precisão		MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA	MA

Caracteres: CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; NR: número total de ramificações; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g; MSP: massa de matéria seca do pendão, em g; e PROD: produtividade de grãos, em Mg ha⁻¹, a 13% de umidade.

*Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro. ns não significativo.

(1) Limites de classes para a acurácia seletiva (AS), estabelecidos por Resende e Duarte (2007): MA: muito alta (AS ≥ 0,90), A: alta (0,70 ≤ AS < 0,90) e M: moderada (0,50 ≤ AS < 0,70).

Tabela 10 - Resumo da análise de variância conjunta com o número de graus de liberdade (GL) e o quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar, ano agrícola, interação cultivar × ano agrícola e resíduo, média, coeficiente de variação (CV%), valor do F calculado para cultivar (Fc) e acurácia seletiva (AS) para 12 caracteres em 20 cultivares de milho.

FV	GL	-----Quadrado médio-----					
		CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS
Bloco/Ano agrícola	6	0,655	0,472	3,116	4,981	1,748	0,266
Cultivar	19	32,970*	56,053*	86,068*	80,715*	115,452*	11,517*
Ano agrícola	2	28,849*	0,220ns	80,303*	216,841*	78,501*	4,365*
Cultivar × Ano agrícola	38	2,039*	1,386*	5,380*	6,862*	1,894*	0,212ns
Resíduo	114	0,582	0,648	1,785	2,274	1,114	0,207
Média		8,570	12,131	26,172	46,874	10,161	2,385
CV(%)		8,899	6,635	5,105	3,217	10,388	19,068
Fc		16,173	40,450	15,997	11,762	60,951	54,357
AS ⁽¹⁾		0,969	0,988	0,968	0,957	0,992	0,991
Precisão		MA	MA	MA	MA	MA	MA

FV	GL	-----Quadrado médio-----					
		NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
Bloco/Ano agrícola	6	2,904	0,002	0,036	0,003	0,066	1,720
Cultivar	19	187,588*	0,057*	3,979*	0,140*	4,854*	13,936*
Ano agrícola	2	115,286*	0,032*	4,475*	0,317*	7,936*	40,765*
Cultivar × Ano agrícola	38	2,707ns	0,003*	0,154*	0,005*	0,205*	2,296*
Resíduo	114	1,814	0,001	0,051	0,003	0,072	1,314
Média		12,545	0,234	1,869	0,597	2,701	9,184
CV(%)		10,736	10,991	12,126	9,112	9,953	12,482
Fc		69,306	20,199	25,822	31,141	23,697	6,070
AS ⁽¹⁾		0,993	0,975	0,980	0,984	0,979	0,914
Precisão		MA	MA	MA	MA	MA	MA

Caracteres: CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; NR: número total de ramificações; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g; MSP: massa de matéria seca do pendão, em g; e PROD: produtividade de grãos, em Mg ha⁻¹, a 13% de umidade.

*Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro. ns não significativo.

(1) Limites de classes para a acurácia seletiva (AS), estabelecidos por Resende e Duarte (2007): MA: muito alta (AS ≥ 0,90), A: alta (0,70 ≤ AS < 0,90) e M: moderada (0,50 ≤ AS < 0,70).

Tabela 11 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre 12 caracteres mensurados de 20 cultivares de milho, avaliados em três anos agrícolas.

Caractere	CBR	CZR	CEC	CP	NRP	NRS	NR	MSBR	MSZR	MSEC	MSP	PROD
Experimento 1 (2015-2016)												
CBR	-	0,359	-0,284	0,602*	0,300	0,302	0,310	0,901*	0,340	-0,068	0,387	0,166
CZR	0,397	-	-0,794*	0,088	0,794*	0,839*	0,828*	0,579*	0,764*	-0,396	0,691*	0,354
CEC	-0,303	-0,806*	-	0,409	-0,812*	-0,789*	-0,830*	-0,501*	-0,660*	0,526*	-0,568*	-0,121
CP	0,595*	0,077	0,414	-	-0,155	-0,085	-0,142	0,450*	0,041	0,288	0,126	0,264
NRP	0,327	0,796*	-0,818*	-0,166	-	0,840*	0,991*	0,515*	0,839*	-0,243	0,778*	0,372
NRS	0,338	0,850*	-0,815*	-0,106	0,851*	-	0,904*	0,451*	0,852*	-0,315	0,773*	0,540*
NR	0,339	0,831*	-0,840*	-0,156	0,992*	0,910*	-	0,515*	0,868*	-0,268	0,800*	0,424
MSBR	0,908*	0,605*	-0,519*	0,435	0,535*	0,476*	0,536*	-	0,566*	-0,033	0,608*	0,230
MSZR	0,369	0,766*	-0,671*	0,029	0,843*	0,868*	0,872*	0,583*	-	0,111	0,986*	0,531*
MSEC	-0,079	-0,412	0,535*	0,292	-0,252	-0,331	-0,278	-0,046	0,095	-	0,257	0,247
MSP	0,412	0,694*	-0,579*	0,115	0,782*	0,787*	0,805*	0,622*	0,986*	0,241	-	0,546*
PROD	0,265	0,393	-0,162	0,305	0,438	0,614*	0,492*	0,324	0,656*	0,324	0,683*	-
Experimento 2 (2016-2017)												
CBR	-	0,300	0,019	0,822*	0,202	0,038	0,168	0,837*	0,229	0,000	0,313	-0,053
CZR	0,319	-	-0,672*	0,348	0,723*	0,686*	0,744*	0,526*	0,758*	-0,382	0,676*	0,474*
CEC	0,021	-0,707*	-	0,334	-0,696*	-0,646*	-0,713*	-0,134	-0,539*	0,596*	-0,396	-0,333
CP	0,853*	0,355	0,291	-	0,075	-0,009	0,057	0,762*	0,242	0,204	0,347	0,038
NRP	0,222	0,725*	-0,722*	0,087	-	0,787*	0,987*	0,455*	0,845*	-0,083	0,792*	0,614*
NRS	0,049	0,706*	-0,700*	-0,014	0,809*	-	0,876*	0,156	0,788*	-0,221	0,680*	0,757*
NR	0,185	0,748*	-0,743*	0,064	0,988*	0,889*	-	0,396	0,866*	-0,123	0,797*	0,677*
MSBR	0,845*	0,537*	-0,151	0,779*	0,470*	0,165	0,409	-	0,561*	0,144	0,650*	0,124
MSZR	0,243	0,767*	-0,585*	0,237	0,861*	0,803*	0,878*	0,565*	-	0,141	0,980*	0,641*
MSEC	0,008	-0,401	0,603*	0,191	-0,088	-0,232	-0,128	0,138	0,126	-	0,306	-0,014
MSP	0,328	0,685*	-0,441	0,344	0,810*	0,695*	0,811*	0,654*	0,980*	0,290	-	0,580*
PROD	-0,051	0,497*	-0,350	0,050	0,647*	0,804*	0,713*	0,130	0,681*	-0,006	0,619*	-
Experimento 3 (2017-2018)												
CBR	-	0,375	-0,333	0,611*	0,240	0,107	0,215	0,868*	-0,009	-0,398	0,012	0,219
CZR	0,387	-	-0,622*	0,430	0,749*	0,731*	0,769*	0,595*	0,682*	-0,353	0,613*	0,641*
CEC	-0,345	-0,649*	-	0,271	-0,615*	-0,545*	-0,619*	-0,304	-0,223	0,794*	-0,086	-0,200
CP	0,636*	0,443	0,220	-	0,149	0,119	0,147	0,732*	0,323	0,244	0,415	0,457*
NRP	0,248	0,752*	-0,629*	0,166	-	0,824*	0,990*	0,422	0,786*	-0,195	0,718*	0,538*
NRS	0,116	0,741*	-0,547*	0,152	0,834*	-	0,895*	0,248	0,816*	-0,211	0,723*	0,665*
NR	0,224	0,773*	-0,629*	0,168	0,991*	0,900*	-	0,394	0,820*	-0,205	0,743*	0,587*
MSBR	0,877*	0,608*	-0,336	0,747*	0,437	0,264	0,409	-	0,333	-0,176	0,375	0,379
MSZR	0,001	0,692*	-0,270	0,308	0,807*	0,850*	0,843*	0,331	-	0,251	0,984*	0,573*
MSEC	-0,402	-0,364	0,793*	0,216	-0,189	-0,203	-0,198	-0,195	0,230	-	0,393	-0,094
MSP	0,023	0,627*	-0,136	0,400	0,744*	0,762*	0,772*	0,373	0,984*	0,370	-	0,539*
PROD	0,257	0,690*	-0,244	0,500*	0,589*	0,717*	0,639*	0,424	0,620*	-0,119	0,587*	-
Geral												
CBR	-	0,352	-0,197	0,729*	0,251	0,143	0,233	0,871*	0,181	-0,178	0,228	0,104
CZR	0,355	-	-0,746*	0,288	0,762*	0,768*	0,788*	0,575*	0,735*	-0,396	0,660*	0,559*
CEC	-0,187	-0,775*	-	0,285	-0,752*	-0,712*	-0,766*	-0,344	-0,541*	0,643*	-0,418	-0,294
CP	0,757*	0,280	0,258	-	0,020	-0,004	0,014	0,681*	0,169	0,220	0,264	0,228
NRP	0,255	0,768*	-0,771*	0,019	-	0,831*	0,991*	0,478*	0,839*	-0,186	0,780*	0,593*
NRS	0,139	0,777*	-0,735*	-0,010	0,838*	-	0,900*	0,290	0,842*	-0,259	0,750*	0,749*
NR	0,234	0,794*	-0,786*	0,013	0,991*	0,904*	-	0,446*	0,867*	-0,210	0,797*	0,651*
MSBR	0,875*	0,581*	-0,352	0,697*	0,484*	0,288	0,450*	-	0,483*	-0,046	0,539*	0,279
MSZR	0,179	0,739*	-0,572*	0,154	0,847*	0,854*	0,875*	0,481*	-	0,151	0,983*	0,685*
MSEC	-0,181	-0,408	0,646*	0,207	-0,187	-0,261	-0,211	-0,054	0,143	-	0,301	0,041
MSP	0,226	0,664*	-0,446*	0,251	0,789*	0,761*	0,806*	0,535*	0,983*	0,294	-	0,657*
PROD	0,111	0,617*	-0,355	0,231	0,662*	0,820*	0,722*	0,316	0,771*	0,033	0,739*	-

Caracteres: CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; NR: número total de ramificações; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g; MSP: massa de matéria seca do pendão, em g; e PROD: produtividade de grãos, em Mg ha⁻¹, a 13% de umidade.

*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste *t* de Student, com 18 graus de liberdade, para ambas matrizes.

Tabela 12 - Efeitos diretos e indiretos na análise de trilha, a partir das matrizes de correlação fenotípica e genotípica, dos caracteres explicativos sobre a produtividade de grãos (PROD) de 20 cultivares de milho, avaliadas em três anos agrícolas.

Efeitos	Matriz de correlação fenotípica				Matriz de correlação genotípica			
	CZR	NRP	NRS	MSP	CZR	NRP	NRS	MSP
Experimento 1 (2015/2016)								
Direto sobre PROD	-0,286	-0,402	0,748	0,479	-0,402	-0,482	0,821	0,693
Indireto via CZR		-0,227	-0,240	-0,198		-0,320	-0,342	-0,279
Indireto via NRP	-0,319		-0,338	-0,313	-0,384		-0,410	-0,377
Indireto via NRS	0,628	0,628		0,578	0,698	0,698		0,646
Indireto via MSP	0,331	0,373	0,370		0,481	0,542	0,545	
Total	0,354ns	0,372ns	0,540*	0,546*	0,393ns	0,438ns	0,614*	0,683*
Coefficiente de determinação	0,415				0,608			
Número de condição	23,611				26,797			
Fator de inflação da variância máximo	3,713	4,275	5,118	2,885	3,876	4,395	5,761	2,991
Efeitos	Matriz de correlação fenotípica				Matriz de correlação genotípica			
	CZR	NRP	NRS	MSP	CZR	NRP	NRS	MSP
Experimento 2 (2016/2017)								
Direto sobre PROD	-0,158	0,001	0,740	0,183	-0,205	-0,086	0,855	0,234
Indireto via CZR		-0,114	-0,109	-0,107		-0,148	-0,144	-0,140
Indireto via NRP	0,001		0,001	0,001	-0,062		-0,069	-0,069
Indireto via NRS	0,507	0,582		0,503	0,604	0,692		0,594
Indireto via MSP	0,124	0,145	0,125		0,160	0,190	0,163	
Total	0,474*	0,614*	0,757*	0,580*	0,497*	0,647*	0,804*	0,619*
Coefficiente de determinação	0,592				0,675			
Número de condição	18,416				21,283			
Fator de inflação da variância máximo	2,374	4,123	2,861	2,883	2,426	4,582	3,173	3,097
Efeitos	Matriz de correlação fenotípica				Matriz de correlação genotípica			
	CZR	NRP	NRS	MSP	CZR	NRP	NRS	MSP
Experimento 3 (2017/2018)								
Direto sobre PROD	0,391	-0,253	0,501	0,119	0,412	-0,245	0,540	0,099
Indireto via CZR		0,293	0,286	0,240		0,310	0,305	0,258
Indireto via NRP	-0,189		-0,208	-0,181	-0,184		-0,204	-0,182
Indireto via NRS	0,366	0,413		0,362	0,400	0,450		0,411
Indireto via MSP	0,073	0,085	0,086		0,062	0,074	0,075	
Total	0,641*	0,538*	0,665*	0,539*	0,690*	0,589*	0,717*	0,587*
Coefficiente de determinação	0,512				0,585			
Número de condição	18,185				19,583			
Fator de inflação da variância máximo	2,519	3,919	3,772	2,331	2,555	4,086	4,163	2,629
Efeitos	Matriz de correlação fenotípica				Matriz de correlação genotípica			
	CZR	NRP	NRS	MSP	CZR	NRP	NRS	MSP
Geral								
Direto sobre PROD	-0,030	-0,239	0,738	0,311	-0,044	-0,254	0,785	0,372
Indireto via CZR		-0,023	-0,023	-0,020		-0,034	-0,034	-0,029
Indireto via NRP	-0,182		-0,199	-0,186	-0,195		-0,213	-0,200
Indireto via NRS	0,566	0,613		0,553	0,609	0,657		0,597
Indireto via MSP	0,205	0,242	0,233		0,247	0,293	0,283	
Total	0,559*	0,593*	0,749*	0,657*	0,617*	0,662*	0,820*	0,739*
Coefficiente de determinação	0,598				0,723			
Número de condição	19,823				20,711			
Fator de inflação da variância máximo	2,780	4,331	4,013	2,799	2,855	4,495	4,216	2,909

*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t de Student, com 18 graus de liberdade.

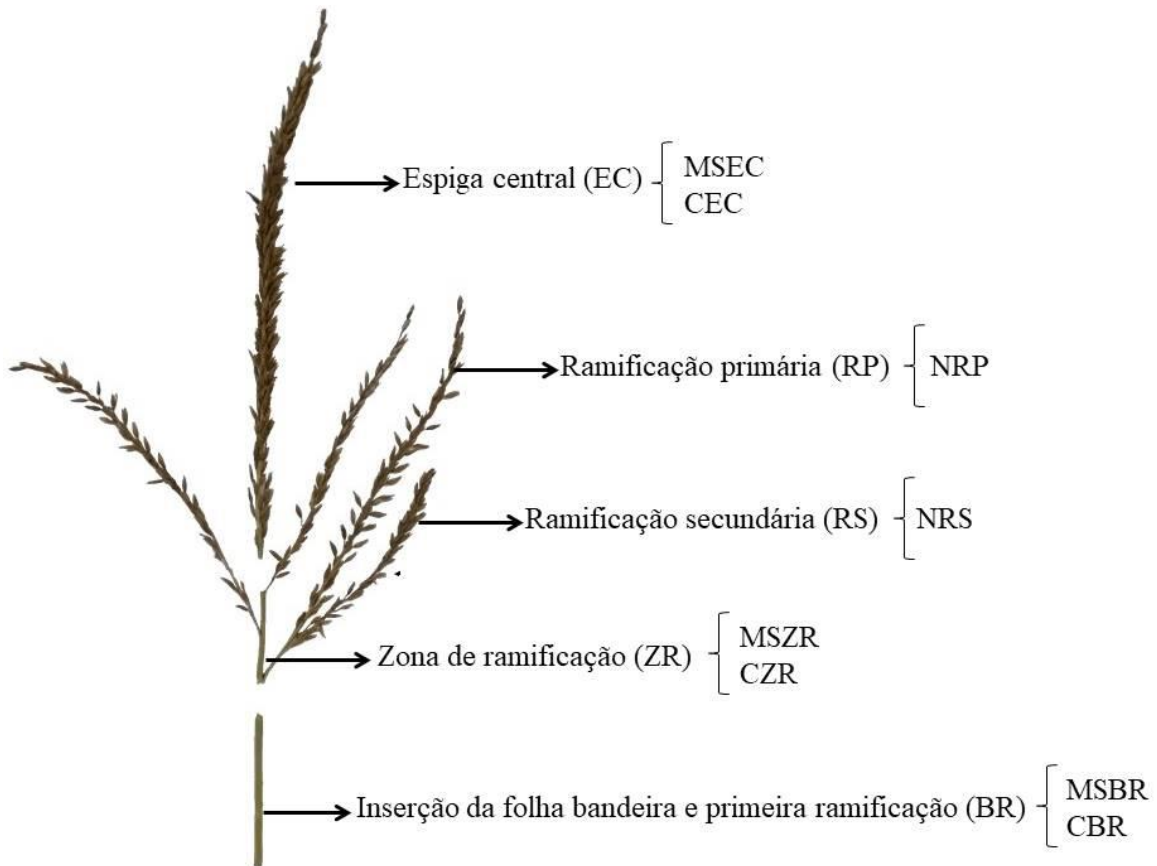


Figura 3 - Representação dos caracteres avaliados no pendão do milho, CBR: comprimento entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em cm; CZR: comprimento da zona de ramificação, em cm; CEC: comprimento da espiga central, em cm; CP: comprimento do pendão, em cm; NRP: número de ramificações primárias; NRS: número de ramificações secundárias; MSBR: massa de matéria seca entre a inserção da folha bandeira e primeira ramificação, em g; MSZR: massa de matéria seca da zona de ramificação, em g; MSEC: massa de matéria seca da espiga central, em g. Adaptado de Wharta et al. (2016).

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com base no amplo banco de dados (12 caracteres avaliados em 20 cultivares durante três anos agrícolas), da elevada precisão experimental e a variabilidade genética existente entre as cultivares, pode-se inferir que o banco de dados é adequado para os estudos da divergência genética e das relações lineares entre os caracteres de pendão e a produtividade de grãos em milho. Ressalta-se ainda a importância da utilização de mais de uma época de cultivo, para que as informações não sejam equivocadas, e também, por contemplar a variabilidade ambiental, entre anos e épocas de cultivo, em um mesmo local.

No estudo da divergência genética entre as cultivares observou-se que os caracteres, comprimento do pendão, número total de ramificações, massa de matéria seca da espiga central e produtividade de grãos, foram os caracteres que permaneceram para a análise de agrupamento. E com base nestes caracteres formaram seis grupos de cultivares, de forma que as cultivares reunidas fossem homogêneas dentro do grupo e heterogêneas entre os grupos. Com isso, os programas de melhoramento genético de milho podem utilizar as cultivares divergentes e com características de interesse agrônomo para futuros cruzamentos.

A presença da variabilidade genética entre as cultivares de milho é importante para os programas de melhoramento genético de plantas, pois possibilita o estudo das relações lineares e a indicação de caracteres promissores para seleção indireta de plantas. De maneira geral, as análises de trilha foram semelhantes e o caractere número de ramificações secundárias foi quem apresentou maior efeito direto sobre a produtividade de grãos e pode ser utilizado para seleção indireta de plantas, visando o incremento da produtividade de grãos. Os demais caracteres apresentaram efeito direto sobre a produtividade de grãos, porém, com magnitudes diferentes, e que podem ser explicados via efeito indireto do número de ramificações secundárias.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADU, G.B.; AWUKU F.J.; AMEGBOR, I.K.; HARUNA, A.; MANIGBEN, K.A.; ABOYADANA, P.A. Genetic characterization and population structure of maize populations using SSR markers. **Annals of Agricultural Sciences**, p. 1-8, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.aosas.2019.05.006>
- ALHUSSEIN, M.B.; IDRIS, A.E. Correlation And Path Analysis Of Grain Yield Components In Some Maize (*Zea Mays* L.) Genotypes. **International Journal of Advanced Research and Publications**, v.1, p. 79-82, 2017.
- ALI, T.; SINGH, M.K.; BHARADWAJ, D.N. Analysis of Genetic Divergence in Wheat (*Triticum aestivum* L.). **Environment & Ecology**, v. 35, p. 2081-2083, 2017.
- 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 Agrônômica**, v. 42, p. 108-115, 2011.
- ALVES, B.M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C. Multicollinearity in canonical correlation analysis in maize. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1-14, 2017.
- ALVES, B.M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; TOEBE, M. Correlações canônicas entre caracteres agronômicos e nutricionais proteicos e energéticos em genótipos de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 15, p. 171-185, 2016.
- ALVES, B.M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L.P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, v.45, p.884-891, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140471>
- ANDERSON, I.C. Crops of the future. **Crops and Soils magazine**, v. 23, p. 9-11, 1971.
- BEGUM S.; AHMED, A.; OMY, S.H.; ROHMAN, M.M.; AMIRUZZAMAN, M. Genetic variability, character association and path analysis in maize (*Zea mays* L.) **Bangladesh Journal of Agricultural Research**, v. 41, p. 173-182, 2016.
- BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C.; PIMENTEL, M.A. **Milho do plantio à colheita**. Editora UFV, Viçosa, 2015. 351 p.
- BREWBAKER, J.L. Diversity and genetics of tassel branch numbers in maize. **Crop Science**, vol. 55, p. 65- 78, 2015. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0248>
- CARGNELUTTI FILHO, A.; ALVES, B.M.; KEINPAUL, J.A.; NEU, I.M.M.; SILVEIRA, D.L.; SIMÕES, F.M.; WARTHA, C.A. Relações lineares entre caracteres de linho. **Bragantia**, v. 75, p. 257-262, 2016. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.474>
- CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J.P. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de milho. **Ciência Rural**, v. 41, p. 1503-1508, 2011. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782011005000116>

- CARGNELUTTI FILHO, A.; TOEBE, M.; ALVES, B.M.; BURIN, C.; SANTOS, G.O.; FACCO, G.; NEU, I.M.M. Relações lineares entre caracteres de aveia preta. **Ciência Rural**, v.45, p. 985-992, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140500>
- CARVALHO, I.R.; NARDINO, M.; FOLLMANN, D.N.; PELEGRIN, A.J.; KAVALKO, S.A.F.; SOUZA, V.Q. Análise de trilha e multivariada em milho submetido a diferentes tratamentos de semente. **Tecnologia e Ciências Agropecuária**, v. 10, p. 74-81, 2016.
- CHAGAS, K.; ALEXANDRE, R.S.; SCHIMILDT, E.R.; BRUCKNER, C.H.; FALEIRO, F.G. Divergência genética em genótipos de maracujazeiro azedo, com base em características físicas e químicas dos frutos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 47, p. 524-531, 2016.
- CI, X.; LI, M.; XU, J.; LU, Z.; BAI, P.; RU, G.; LIANG, X.; ZHANG, D.; LI, X.; BAI, L.; XIE, C.; HAO, Z.; ZHANG, S.; DONG, S. Trends of grain yield and plant traits in Chinese maize cultivars from the 1950s to the 2000. **Euphytica**, v. 185, p. 395-406, 2012. <http://doi.org/10.1007/s10681-011-0560-5>
- COIMBRA, R.R.; CRUZ, C.D.; MELO, A.V.; ECKERT, F.R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, p. 159-166, 2010.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2014, 668 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, Minas Gerais: UFV, 2012. 514 p.
- DUBEY, N.; AVINASHE, H.A.; SHRIVASTAVA, A.N. Evaluation of genetic diversity among soybean [*Glycine max* (L.)] genotypes using multivariate analysis. **Plant Archives**, v. 18, p. 908-912, 2018.
- DUVICK, D.N.; SMITH, J.S.C.; COOPER, M. Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. **Plant Breeding Reviews**, v.24, p.109-151, 2004. <https://doi.org/10.1002/9780470650288.ch4>
- DUVICK, D. Genetic progress in yield of United States maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v. 50, p. 193-202, 2005a.
- DUVICK, D. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy**, v. 86, p. 83-145, 2005b.
- ENTRINGER, G.C.; SANTOS, P.H.A.D.; VETTORAZZI, J.C.F.; CUNHA, K.S.C., PEREIRA, M.G. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Revista Ceres**, v. 61, p. 356-361, 2014. <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2014000300009>
- FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) Faostat - Statistics Database. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat>

- FERREIRA, D.F. **Estatística multivariada**. 3. ed. Revisada e Ampliada. Lavras: Ed. UFLA, 2018. 624 p.
- FISCHER, R.A.; EDMÉADES, G.O. Breeding and cereal yield progress. **Crop Science**, v. 50, p. 85-98, 2010. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2009.10.0564>
- FOLLMANN, D.N.; CARGNELUTTI FILHO, A.; SOUZA, V.Q.; NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; DEMARI, G.H.; FERRARI, M.; PELEGRINI, A.J.; SZARESKI, V.J. Relações lineares entre caracteres de soja safrinha. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, p. 213-221, 2017. <http://dx.doi.org/10.19084/RCA16027>
- GERALDI, I.O. Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. **Boletim Científico da Escola Superior Luiz de Queiróz**, v. 11, p. 63-70, 1977.
- HAIR JUNIOR., J.F.; BLACK, W.C.; BABIN, B.J.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L. **Análise multivariada de dados**. 6.ed. Porto Alegre, Bookman, 2009. 688 p.
- HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 6.ed. New York, Dordrecht Heidelberg London, 2010. 680 p.
- IQBAL, J.; SHINWARI, Z.K.; RABBANI, M.A. Maize (*Zea mays* L.) germplasm agromorphological characterization based on descriptive, cluster and principal component analysis. **Pakistan Journal of Botany**, v. 47, p. 255-264, 2015.
- JAIN, R.K.; JOSHI, A.; JAIN, D. Molecular marker based genetic diversity analysis in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, v. 6, p. 1034-1044. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.606.119>
- JANG, S.; LEE, Y.; LEE, G.; SEO, J.; LEE, D.; YU, Y.; CHIN, J.H.; KOH, H.J. Association between sequence variants in panicle development genes and the number of spikelets per panicle in rice. **BMC Genetics**, v. 19, p. 1-11, 2018. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0591-6>
- JENCY, J.P.; KALAIMAGAL, T. Genetic diversity in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] based on morphological characters. **Journal of Food Legumes**, v. 28, p. 27-29, 2015.
- KUMAR, V.; Singh S.K.; Bhati, P.K.; Sharma, A.; Sharma, S.K.; Mahajan, V. Correlation, path and genetic diversity analysis in maize (*Zea mays* L.). **Environment & Ecology**, v. 33, p. 971-975, 2015.
- LAUER, S.; HALL, B.D.; MULAOSMANOVIC, E.; ANDERSON, S.R.; NELSON, B.; SMITH, S. Morphological Changes in Parental Lines of Pioneer Brand Maize Hybrids in the U.S. Central Corn Belt. **Crop Science**, v. 52, p. 1033-1043, 2012.
- MARUTHI, R.T.; JHANSI RANI, K. Genetic variability, heritability and genetic advance estimates in maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Journal of Applied and Natural Science**, v. 7, p. 149-154, 2015.

MATIN, M.Q.I.; UDDIN, S.; ROHMAN, M.; AMIRUZZAMAN, M.; AZAD, A.K.; BANIK, B.R. Genetic Variability and Path Analysis Studies in Hybrid Maize (*Zea mays* L.). **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, p. 3101-3109, 2017. <https://doi.org/10.4236/ajps.2017.812209>

MOCK, J.J.; PEARCE R.B. An ideotype of maize. **Euphytica**, v. 24, p. 613-623, 1975.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A.; VINNING, G.G. **Introduction to linear regression analysis**. 5nd ed. New York: John Wiley, 2012. 672 p.

NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; FERRARI, M.; PELEGRINI, A.J.; SZARESKI, V.J.; KONFLANZ, V.A.; SOUZA, V.Q. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, p.164-174, 2017. <http://dx.doi.org/10.19084/RCA16013>

NARDINO, M.; SOUZA, V.Q.; BARETTA, D.; KONFLANZ, V.A.; CARVALHO, I.C.; FOLLMANN, D.N.; CARON, B.O. Association of secondary traits with yield in maize F1's. **Ciência Rural**, v. 46, p. 776-782, 2016. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20150253>

NYOMBAYIRE, A.; DERERA, J.; SIBIYA, J.; GASURA, E.; NGABOYISONGA, C. Genetic diversity among maize inbred lines selected for the midaltitudes and highlands of Rwanda. **Maydica**, v. 61, p. 1-7, 2016.

OLIBONI, R; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; BATTISTELLI, G.; TEGONI, R.G.; RESENDE, J.T.V. Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum**, v. 34, p. 37-44, 2012. <http://dx.doi.org/10.1590/S1807-86212012000100006>

ÖNER, F. Assessment of genetic variation in turkish local maize genotypes using multivariate discriminant analysis. **Applied Ecology and Environmental Research**, v. 16, p. 1369-1380, 2018. http://dx.doi.org/10.15666/aeer/1602_13691380

PARANTHAMAN, M.; RAMALINGAM, A.; ARUNACHALAM, P.; VANNIARAJAN, C.; BANUMATHY, S.; MAAVIMANI, M. Genetic analysis for extra earliness in Rice (*Oryza sativa* L.) among different age groups. **International Journal of Chemical Studies**, v. 6, p. 2263-2267, 2018.

PARVEZ, A.S. Genetic Analysis of Tassel and Ear Characters in Maize (*Zea mays* L.) Using Triple Test Cross. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, p. 881-883, 2007. <http://doi.org/10.3923/ajps.2007.881.883>

POSTLETHWAIT, S.M.; NELSON, O.E. Characterization of development in maize through the use of mutants. The polytupic (Pt) and ramosa-1 (ra1) mutants. **American Journal of Botany**, v. 11, p. 238-243, 1964.

RAM REDDY, V.; JABEEN, F. Narrow sense heritability, correlation and path analysis in maize (*Zea mays* L.). **Journal of Breeding and Genetics**, v. 48, p.120-126, 2016.

RODRIGUES, J.I.S.; ARRUDA, K.M.A.; CRUZ, C.D.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, A.M. Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**, v. 47, p. 1-6, 2017. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20151258>

ROTILI, E.A.; CANCELLIER, L.L.; DOTTO, M.A.; PELUZIO, J.M.; CARVALHO, E.V. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, p. 516-521, 2012.

ROY, M.R.; RASHED, R.U.; MITU, A.S. Screening and diversity analysis of drought tolerant genotypes in vitro in tomato. **Agricultural Research & Technology**, v. 4. p. 001-005, 2017. <https://doi.org/10.19080/RTOAJ.2016.04.555632>

SANGOI, L.; GUIDOLIN, A.F.; COIMMBRA, J.L.M.; SILVA, P.R.F. Response of maize hybrids grown at different eras to plant population and tassel removal. **Ciência Rural**, v. 36, p. 1367-1373, 2006. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782006000500004>

SANTOS, W.F.; MACIEL, L.C.; SODRÉ, L.F.; SILVA, R.M.; AFFÉRI, F.S.; FREITAS, J.H.; PEREIRA, J.S. Diversidade genética em genótipos de milho para baixo nível tecnológico em Gurupi, TO. **Tecnologia e Ciências Agropecuária**, v. 11, p. 21-24, 2017.

SHYAM, C.; CHANDRAKAR, P.K.; RASTOGI, N.K.; BANJARE, U. Evaluation of genetic divergence analysis in wheat for yield and its component characters. **International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology**, v.11, p. 829-834, 2018. <https://doi.org/10.30954/0974-1712.12.2018.3>

SILVA, D.F.G.; COELHO, C.J.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J.R.; SILVA, A.R.; GRACZYKI, B.L.; OLIVEIRA, E.A.T.; MATIELLO, R.R. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho-verde. **Bragantia**, v. 75, p.401-410, 2016. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.343>

SIMON, G.A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina**, v. 33, p. 449-458, 2012. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n2p449>

SOUSA, S.; TAVARES, T.; BARROS, H.; NASCIMENTO, I.; SANTOS, V.; FIDELIS, R. Divergência genética de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) no sul do Tocantins. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, p. 419-429, 2017. <http://dx.doi.org/10.19084/RCA16069>

STRECK, E.A.; AGUIAR, G.A.; MAGALHÃES JUNIOR, A.M.; FACCHINELLO, P.H.K.; OLIVEIRA, A.C. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, p. 101-109, 2017.

TAVARES, T.C.O.; SOUSA, S.A.; LOPES, M.B.S.; VELOSO, D.A.; FIDELIS, R.R. Divergência genética entre cultivares de feijão comum cultivados no estado do Tocantins. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 5, p. 76-82, 2018.

TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 48, p. 466-477, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000500002>

TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LÚCIO, A.D. Sample size for estimation of direct effects in path analysis of corn. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1-23, 2017a. <https://doi.org/10.4238/gmr16029523>

TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LÚCIO, A.D. Direct effects on scenarios and types of path analyses in corn hybrids. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1-15, 2017b. <https://doi.org/10.4238/gmr16019529>

UPADYAYULA, N.; SILVA, H.S.; BOHN, M.O.; ROCHEFORD, T.R. Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, p. 592-606, 2006. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0133-x>

VENEGAS, F.; SCUDELER, F. Diferentes coberturas vegetais na produção de milho (*Zea mays* L.). **Ensaio e Ciência: Ciências Biológicas, Agrárias e da Saúde**, v. 16, p. 9-20, 2012.