

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DE TECNOLOGIA
CURSO DE MESTRADO EM AGRONOMIA

RAFAEL KINKOSKI

POTENCIAL PRODUTIVO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MEIOS-
IRMÃOS DE MILHO SUPERDOCE E CRIOULO PARA CONSUMO *IN NATURA*

PONTA GROSSA

2017

RAFAEL KINKOSKI

POTENCIAL PRODUTIVO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MEIOS-
IRMÃOS DE MILHO SUPERDOCE E CRIOULO PARA CONSUMO *IN NATURA*

Dissertação apresentada para a obtenção do título
de Mestre na Universidade Estadual de Ponta
Grossa, área de concentração Agricultura.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello

PONTA GROSSA

2017

Ficha Catalográfica
Elaborada pelo Setor de Tratamento da Informação BICEN/UEPG

K55 Kinkoski, Rafael
Potencial produtivo e divergência genética de progênies de meios-irmãos de milho superdoce e crioulo para consumo in natura/ Rafael Kinkoski. Ponta Grossa, 2017.
77f.

Dissertação (Mestrado em Agronomia - Área de Concentração: Agricultura), Universidade Estadual de Ponta Grossa.
Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello.

1.Milho verde. 2.Análise multivariada. 3.Parâmetros genéticos. 4.Potencial produtivo. 5.Adaptação agrônômica. I.Matiello, Rodrigo Rodrigues. II. Universidade Estadual de Ponta Grossa. Mestrado em Agronomia. III. T.

CDD: 633.15



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DE TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

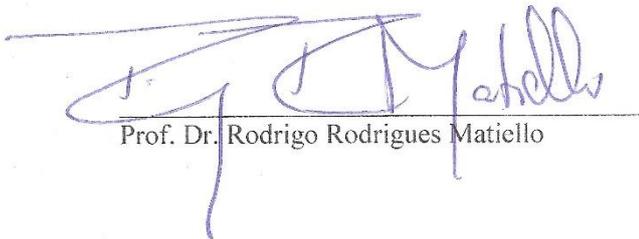
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

Título da Dissertação: “Potencial produtivo e divergência genética de progênies de meios-irmãos de milho superdoce e crioulo para consumo *in natura*”.

Nome: Rafael Kinkoski

Orientador: Rodrigo Rodrigues Matiello

Aprovado pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello



Dr. Caroline de Jesus Coelho



Dr. Charles Hobi Zimmer

Data da Realização: 20 de dezembro de 2017.

Aos meus avós Albino e Elza.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus pela saúde, coragem e paciência para superar as dificuldades e por minha vida, família e amigos.

À Universidade Estadual de Ponta Grossa e ao curso de Pós-Graduação em Agronomia.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de Mestrado.

Aos meus familiares, em especial meus pais Salézio e Nirce por todo apoio despendido a mim, mesmo nos momentos de dificuldade, indecisão, impaciência e durante toda minha vida.

À minha namorada Fernanda Miró por todo amor e compreensão nos momentos partilhados.

Ao meu orientador Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello pela confiança, oportunidade, conhecimentos e conselhos compartilhados durante a realização do trabalho. Conselhos esses que me fizeram prosseguir e se tornaram importantes para chegar a este momento. Deixo aqui meu respeito, admiração e gratidão.

À Dr^a. Caroline de Jesus Coelho pelo empenho, ajuda fundamental na realização deste trabalho em todas as fases e por todo tempo dedicado, sempre se mostrando disposta a ajudar e compartilhar seus conhecimentos.

Aos colegas de laboratório de Genética Molecular pela ajuda na realização dos trabalhos de campo e companheirismo durante os momentos que estivemos juntos.

Aos funcionários da Fazenda Escola Capão da Onça pelo auxílio na implantação e condução dos experimentos.

Aos meus companheiros de farda do Corpo de Bombeiros de Jaguariaíva pela compreensão, auxílio e apoio.

A todos aqueles que contribuíram de maneira direta ou indireta para a realização deste trabalho, muito obrigado.

RESUMO

Os objetivos do trabalho foram avaliar o potencial de progênies de meios-irmãos de milho superdoce e crioulo visando a produção de milho para consumo *in natura*, estimar a variabilidade genética e selecionar progênies com alto desempenho que reúnam o maior número de características de interesse por meio de técnicas estatísticas multivariadas. No primeiro experimento de milho superdoce foram avaliadas 85 progênies de meios-irmãos mais as testemunhas comerciais Tropical Plus, Sakata HS, Sakata HT, Azteca e Cativeverde. O experimento de milho crioulo foi constituído por 98 progênies de meios-irmãos mais duas testemunhas experimentais AG1051 e Cativeverde, os experimentos foram instalados no delineamento de blocos aleatorizados. Foram avaliadas nos dois experimentos 10 variáveis fenotípicas relacionadas a adaptação agrônômica e ao potencial de rendimento de espigas. Foram estimados os parâmetros genéticos, herdabilidade e ganho esperado com a seleção. A divergência genética entre os genótipos de milho foi obtida a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis, sendo os genótipos de milho agrupados pela dissimilaridade genética através dos métodos UPGMA e de Otimização de Tocher. Adicionalmente, as variáveis fenotípicas foram submetidas a análise de componentes principais para redução da dimensão dos dados. Os resultados demonstraram tanto para as populações de milho superdoce quanto de crioulo elevada variabilidade genética viabilizando possíveis ganhos genéticos com a seleção artificial, alto potencial para o rendimento de espigas e qualidade das espigas para consumo *in natura* quando comparadas às testemunhas comerciais. O método de agrupamento UPGMA foi mais sensível em separar os genótipos em sete e 10 grupos para milho superdoce e crioulo, respectivamente. A análise de componentes principais (ACP) reduziu o conjunto de variáveis onde os três primeiros componentes explicaram 71,67% (superdoce) e 63,99% (crioulo) da variância fenotípica, sendo que nas duas populações a variável rendimento de espigas foi o autovetor mais influente na formação do CP1 e CP2. Para o estudo da divergência genética entre os genótipos de milho (superdoce e crioulo) as variáveis ligadas ao potencial produtivo foram novamente as mais importantes. A partir da ACP foram verificados os genótipos com melhor desempenho onde foi possível a seleção de 27 progênies de meios-irmãos de milho superdoce e 30 progênies de meios-irmãos de milho crioulo e realizado a estimativa do ganho esperado com a seleção. Os resultados observados para as duas populações de milho (superdoce e crioulo) evidenciaram a existência de variabilidade genética favorável entre as progênies de meios-irmãos de milho para a aptidão para produção de milho verde *in natura*.

Palavras chave: Milho verde, análise multivariada, parâmetros genéticos, potencial produtivo, adaptação agrônômica.

ABSTRACT

The objectives of the study were evaluate the potential of half-sib progenies of supersweet corn and landrace corn aiming to *in natura* green corn production, estimate the genetic variability and select progenies with high performance that gather the major number of interest traits by the multivariate statistic techniques. The first experiment of supersweet corn was conducted with 85 half-sib progenies plus commercial control Tropical Plus, Sakata HS, Sakata HT, Azteca and Cativerde. The landrace corn experiment was constituted by 98 half-sib progenies and as experimental control the hybrid AG1051 and the variety Cativerde, the trials were evaluated in a randomized block design with three replications. Were analyzed in both experiments 10 phenotypic variables related to agronomic adaptation and ear yield potential. Were estimated the genetic parameters, inheritance and expected selection gain. The genetic divergence between the corn genotypes was obtained from the General Square Distance of Mahalanobis, being the genotypes grouping by genetic dissimilarity through the UPGMA and Tocher Optimization methods. Additionally, the phenotypic variables were submitted to principal component analysis for reduction the data dimension. The results showed both to the supersweet corn and landrace corn populations, high genetic variability enabling possible genetic gains with the artificial selection, high potential for ear yield and ear quality for *in natura* consumption when compared to the commercial control. The UPGMA grouping was more sensitive in separate the genotypes in seven and 10 groups for supersweet and landrace corn, respectively. The principal component analysis (PCA) reduce the set of variable were the three first components explained 71.67% (supersweet) and 63.99% (landrace) of the phenotypic variance, being that in the two populations the ear yield variable was the most influential eigenvector in the formation of the PC1 and PC2. For the genetic divergence study between the corn genotypes (supersweet and landrace) the variables linked to productive potential were again the most important. From the principal component analysis was possible the selection of 27 half-sib progenies of supersweet corn and 30 half-sib progenies of landrace corn and performed the estimate of genetic gains with artificial selection. The observed results for the both corn populations (supersweet and landrace) highlighting the existence of genetic variability favorable between the half-sib corn progenies for aptitude to green corn *in natura* production.

Keywords: Green corn, multivariate analysis, genetic parameters, productive potential, agronomic adaptation.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Agrupamento das progênies de meios-irmãos de milho superdoce e testemunhas através do método UPGMA a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Ponta Grossa, 2017.....44
- Figura 2. Dispersão gráfica dos escores do conjunto de progênies de meios-irmãos de milho superdoce e testemunhas para os três primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2017.50
- Figura 3. Agrupamento das progênies de meios-irmãos de milho crioulo e testemunhas através do método UPGMA a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Ponta Grossa, 2017.59
- Figura 4. Dispersão gráfica dos escores do conjunto de progênies de meios-irmãos de milho crioulo e testemunhas para os três primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2017.... 65

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Composição química média de genótipos de milho superdoce, doce e comum.....	18
Tabela 2. Estimativa da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e quociente \hat{b} para as variáveis avaliadas nas progênies de milho superdoce. Ponta Grossa, 2017.....	38
Tabela 3. Coeficientes de correlação fenotípica e genotípicas entre as variáveis avaliadas do conjunto de progênies de milho superdoce. Ponta Grossa, 2017.	41
Tabela 4. Contribuição relativa (S.j) de cada variável para a formação da divergência genética pelo método de Singh (1981) associados ao conjunto de progênies de milho superdoce. Ponta Grossa, 2017.....	42
Tabela 5. Composição dos grupos de progênies de milho superdoce obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.	43
Tabela 6. Composição dos grupos de progênies de milho superdoce obtidos a partir da análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher baseado na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.	45
Tabela 7. Desempenho médio dos grupos de progênies de milho superdoce obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2017.	46
Tabela 8. Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2017.	48
Tabela 9. Autovetores associados aos três primeiros componentes principais e importância relativa de cada variável para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2017.	49
Tabela 10. Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênies de milho superdoce selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2017.....	51
Tabela 11. Estimativa da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e quociente \hat{b} para as variáveis avaliadas nas progênies de milho crioulo. Ponta Grossa, 2017.....	53
Tabela 12. Coeficientes de correlação fenotípica e genotípicas entre as variáveis avaliadas do conjunto de progênies de milho crioulo. Ponta Grossa, 2017.	55
Tabela 13. Contribuição relativa (S.j) de cada variável para a formação da divergência genética pelo método de Singh (1981) associados ao conjunto de progênies de milho crioulo. Ponta Grossa, 2017.....	57
Tabela 14. Composição dos grupos de progênies de milho crioulo obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.	60

Tabela 15. Composição dos grupos de progênies obtidos a partir da análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher baseado na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.	61
Tabela 16. Desempenho médio dos grupos de progênies obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2017.	62
Tabela 17. Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2017.	63
Tabela 18. Autovetores associados aos três primeiros componentes principais e importância relativa de cada variável para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2017.	64
Tabela 19. Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênies de milho crioulo selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2017.....	66

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	OBJETIVOS	14
2.1	Geral	14
2.2	Específicos	14
3	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	15
3.1	Produção de milho.....	15
3.2	Produção de milho para o consumo <i>in natura</i>	16
3.3	Seleção de genótipos de milho com potencial agronômico	18
3.4	Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos.....	21
3.5	Estimativas de parâmetros genéticos.....	22
3.6	Correlação entre variáveis.....	24
3.7	Análise estatística multivariada	24
3.8	Análise de componentes principais	25
3.9	Medidas de dissimilaridade e análise de agrupamentos	27
4	MATERIAL E MÉTODOS	29
4.1	Base genética das progênes de milho superdoce.....	29
4.2	Base genética das progênes de milho crioulo	30
4.3	Avaliação das progênes de meios-irmãos milho superdoce.....	31
4.4	Avaliação das progênes de meios-irmãos de milho crioulo	31
4.5	Variáveis avaliadas para produção de milho verde.	32
4.6	Análises estatísticas	32
4.6.1	Estimativas dos parâmetros genéticos	32
4.6.2	Distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2) e Métodos de Agrupamento	33
4.6.3	Análise de componentes principais	35
4.6.4	Estimativa da herdabilidade e Ganho de seleção	37
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
5.1	Milho superdoce	38
5.1.1	Estimativa dos parâmetros genéticos	38
5.1.2	Estimativas de correlação	39
5.1.3	Dissimilaridade genética e agrupamento pelo método UPGMA	40
5.1.4	Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher.....	45

5.1.5	Análise de componentes principais	47
5.2	Milho verde crioulo	52
5.2.1	Estimativa dos parâmetros genéticos	52
5.2.2	Estimativas de correlação	54
5.2.3	Dissimilaridade genética e agrupamento pelo método UPGMA	56
5.2.4	Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher.....	60
5.2.5	Análise de componentes principais	63
6	CONCLUSÕES	68
7	REFERÊNCIAS	69

1 INTRODUÇÃO

Historicamente o milho (*Zea mays* L.) ocupa um local de destaque na agricultura desde os tempos mais remotos. Este cereal está difundido pelo mundo inteiro, principalmente devido a sua ampla adaptação edafoclimática, fruto do trabalho de melhoramento genético largamente aplicado à cultura, sendo conhecido, cultivado e consumido em diversas regiões.

O milho ocupa a terceira colocação como a cultura mais cultivada no mundo ficando atrás somente da cana-de-açúcar e da soja. Países como os Estados Unidos, a China, o Brasil e a Argentina, ocupam as primeiras posições como maiores produtores do grão. No Brasil, o Estado do Paraná aparece com a segunda maior produção do grão, com estimativas para safra 2017/2018 de 2,8 milhões de hectares cultivados perdendo apenas para o Estado do Mato Grosso (CONAB, 2017).

Este cereal faz parte da cultura popular e apresenta importância cultural, social e econômica tendo em vista que é tradicionalmente usado em diversos pratos doces e salgados típicos em diferentes regiões do Brasil. Pode ser utilizado de diversas maneiras, variando desde a alimentação animal na forma de silagem ou componente de rações, até o consumo humano *in natura* ou como matéria prima para indústria alimentícia (DUARTE, 2000; DUARTE; GARCIA; MIRANDA, 2011). A maior demanda de consumo e comercialização de milho verde *in natura* acontece nas épocas mais quentes, nos meses de dezembro a março, principalmente em regiões litorâneas, justificando o aumento significativo da produção, tornando-se uma forma de diversificação da produção para pequenos produtores rurais agregando valor ao produto.

Em função da escassa disponibilidade de cultivares recomendadas à produção de milho verde, muitas vezes os agricultores utilizam genótipos específicos para produção de grãos ou silagem, o que gera desuniformidade do produto, os quais acabam por não atender as exigências mínimas do mercado consumidor. Neste sentido, apesar da utilização do milho doce e superdoce para colheita no ponto de milho verde ainda não ser uma ideia amplamente difundida entre os agricultores, esta é uma alternativa interessante de produção. Estes tipos de milho apresentam características diferentes do milho verde comum, como por exemplo, sabor mais adocicado, maior palatabilidade e maciez dos grãos (CAMILO et al., 2015).

Ainda existem desafios a serem enfrentados tanto no manejo quanto na obtenção de cultivares, pois além da baixa difusão de conhecimento técnico para produtores e consumidores, outro fator que dificulta o desenvolvimento do cultivo de milho doce/ superdoce é a falta de cultivares adaptadas às condições ambientais de cultivo brasileiro (GAMA; PARENTONI; REIFSCHNEIDER, 1992).

Devido a sua ampla distribuição e cultivo por praticamente todo o território nacional, o plantio do milho acontece das mais diversas formas, tanto em locais de agricultura de subsistência, sem acesso à tecnologia ou realizado de forma primária, até em lavouras altamente tecnificadas, as quais dispõem da agricultura de precisão que contribui para a elevação da produtividade. Nos cultivos de baixa tecnologia destacam-se as variedades de milho crioulo ou *landraces*, que são cultivadas há muitos anos por agricultores familiares ou comunidades indígenas. Apesar destas variedades apresentarem menores rendimentos quando comparadas aos híbridos comerciais, verifica-se, de maneira geral, que estas possuem adaptação específica a ambientes pouco tecnificados (ARAÚJO; NASS, 2002).

A estabilidade produtiva e adaptação das variedades crioulas estão correlacionadas ao longo tempo de uso, manejo e conservação pelos agricultores, além da pressão de seleção do ambiente de cultivo. Sendo assim, essas populações crioulas são importantes por constituírem fonte de variabilidade genética que podem ser exploradas na busca de genes correlacionados à caracteres de interesse agrícola. Esta grande variabilidade genética presente em germoplasmas crioulos e de milho superdoce, possibilitam, a partir da discriminação com base em características agronômicas, a seleção de excelentes fontes de alelos favoráveis à produção de milho verde para o consumo *in natura*, visando a recomendação de novos cultivares para este nicho de mercado.

2 OBJETIVOS

2.1 Geral

Avaliar progênies de meios-irmãos oriundas de germoplasma de milho crioulo e superdoce visando a seleção de genótipos com aptidão agrônômica para a produção de milho verde.

2.2 Específicos

Avaliar a adaptação agrônômica e o potencial de rendimento de espigas de progênies de meios-irmãos de milho visando a aptidão para produção de milho verde;

Quantificar a variabilidade genética disponível entre as progênies de meios-irmãos de milho para as características relacionadas a adaptação agrônômica e ao potencial de rendimento de milho verde;

Estimar os parâmetros genéticos das progênies de meios-irmãos em relação aos caracteres adaptativos e ao potencial de rendimento para milho verde;

Estudar a diversidade genética entre as progênies de meios-irmãos com base em procedimentos estatísticos multivariados, buscando a identificação de grupos de progênies mais dissimilares;

Selecionar progênies de meios-irmãos com desempenho superior para o maior número de características de interesse para a produção de milho verde, a partir de técnicas estatísticas multivariadas.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Produção de milho

A Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) prevê para o Brasil na safra de milho 2017/18 que serão destinados em torno de 5,1 e 12,1 milhões de hectares para a 1ª safra e 2ª safra, respectivamente, sendo observada uma redução na área semeada variando de 6,1 a 10,1% em relação à safra anterior. Este fato está relacionado principalmente a redução do cultivo do milho de primeira safra e pelos baixos valores de cotação para a cultura. As estimativas de produção são de 26,4 e 67,1 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2017).

A cadeia produtiva do milho no Brasil envolve o plantio de duas safras, sendo a primeira semeada nos meses de setembro a outubro e a segunda (safrinha) logo após a colheita da soja e/ou do feijão entre os meses de janeiro a março. O milho verde em 2014 alcançou 9,6 milhões de toneladas produzidas com produtividade média de 8.690,6 kg ha⁻¹. O continente Americano é o principal produtor, responsável por 52,9% da produção mundial, sendo os Estados Unidos quase que majoritários na produção, seguidos pelo México, Nigéria, Hungria e Indonésia (FAOSTAT, 2014). O volume comercializado de espigas de milho verde no Estado do Paraná chegou a 6.565,09 toneladas no ano de 2017 nos quatro principais centros distribuidores do CEASA/PR (Curitiba, Maringá, Londrina e Foz do Iguaçu), somando mais de 9,4 milhões de reais (CEASA, 2017).

Balbinot Jr. et al. (2005), comentam que o potencial produtivo do milho é determinado pela densidade de plantas, prolificidade, população final de plantas, comprimento de espigas, número de fileiras de grãos por espiga, número de grãos por fileira, massa média do grão e pelo genótipo utilizado. A influência do componente de rendimento que mais contribui para a produtividade é uma ferramenta importante que pode auxiliar na definição do período crítico do ciclo de desenvolvimento em que é definido o rendimento da cultura. Argenta; Silva e Sangoi (2001) afirmam que o arranjo de plantas em milho, através de alterações na densidade de plantas de espaçamento entre linhas, de distribuição de plantas na linha e na variabilidade entre plantas constitui uma importante prática de manejo para maximizar o rendimento de grãos, pois influi diretamente no desenvolvimento da espiga, afetando a produtividade. Para produção de milho doce e milho verde, recomenda-se densidade de plantas entre 4,5 a 5,0 plantas m⁻¹ em populações de 50.000 plantas ha⁻¹.

No estudo da seleção de seis genótipos de milho, sendo um de milho comum e cinco de milho doce Oliveira Jr. et al. (2006) obtiveram valores de produtividade de espigas com palha acima de 12 t ha⁻¹ em cinco dos seis genótipos, assim como valores superiores a 6 t ha⁻¹

de rendimento com o híbrido Uenf 506-8 ligeiramente superior aos demais em relação às características agronômicas. Porém, na avaliação sensorial obteve desempenho inferior, os genótipos HDC e H43IN seriam os mais recomendados para a comercialização, pois alcançaram melhores resultados quanto à preferência tanto para sabor, doçura e maciez.

Silva (2014) ao avaliar 96 progênies de meios-irmãos para aptidão para milho verde, encontrou que o CP1 foi mais relacionado ao potencial produtivo de espigas, sendo as variáveis rendimento de espigas comerciais, número de espigas comerciais, porcentagem de espigas comerciais, rendimento, peso de espiga, porcentagem de espigas comerciais e peso de espiga comercial foram as mais importantes para a definição do potencial produtivo. Os resultados dos escores possibilitou a seleção de 30 progênies de meios-irmãos de milho com características altamente favoráveis a seleção. A partir do teste de agrupamento de médias, 61 progênies foram distribuídas no primeiro grupo estatístico com produtividade de espigas comerciais de 13,75 a 17,20 t ha⁻¹, com potencial superior às testemunhas comerciais AG1051 e Cativerde.

O levantamento das cultivares disponíveis na safra agrícola é realizado pela Embrapa Milho e Sorgo onde as informações são obtidas diretamente das empresas detentoras dos genótipos disponíveis no mercado e registradas no Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Para a safra 2016/17 estavam disponíveis 315 cultivares de milho. Apenas os cultivares AG1051 (híbrido duplo), BM3061 (híbrido triplo), GNZ2004 (híbrido simples) e BRS3046 (híbrido triplo) foram recomendados para o uso como milho verde (PEREIRA FILHO; BORGHI, 2016). Ao longo das últimas safras vem ocorrendo uma crescente diminuição nos cultivares de milho disponíveis para consumo *in natura*, por exemplo na safra 2015/16 contava com 19 cultivares indicadas (CRUZ et al., 2015) e na anterior estavam disponíveis 15 cultivares (CRUZ; PEREIRA FILHO; SIMÃO, 2014). Dentre estas cultivares recomendadas pela pesquisa nenhuma é de milho doce ou superdoce.

3.2 Produção de milho para o consumo *in natura*

O milho verde é colhido antes da conversão total do açúcar em amido e consumido ainda fresco, enquanto os grãos estão macios, no estágio de grão leitoso (R3), com 70 a 80% de umidade (COURTER et al., 1988). Essa forma de exploração da cultura é considerada como uma opção de diversificação em propriedades familiares, sendo uma alternativa de grande valor econômico em razão do bom preço do mercado e da demanda nacional. Tradicionalmente o milho verde possui uma grande aceitação popular, uma vez que é utilizado como base para diversos tipos de pratos doces e salgados.

O Brasil tem sido um importante produtor de milho, tanto para a utilização industrial, quanto para grão, onde já apresenta um mercado consolidado, porém, o consumo *in natura* ou a destinação do milho verde para a indústria alimentícia ainda é pequeno, quando comparado à produção de grãos. Este fato se deve, principalmente, à pequena disponibilidade de cultivares de milho com características agronômicas desejáveis que atendam às exigências do mercado consumidor de milho verde (GAMA; PARENTONI; LEMOS, 1992).

Em função da escassa disponibilidade de cultivares destinadas a produção de milho verde *in natura*, muitas vezes os agricultores utilizam genótipos recomendados para a produção de grãos ou silagem, o que gera desuniformidade do produto, estando aquém das exigências mínimas do mercado consumidor. Apesar do crescimento gradual do segmento de cultivo para consumo *in natura* nos últimos anos, são poucas as informações sobre a disponibilidade de novos cultivares e híbridos desenvolvidos por empresas do segmento (CAMILO et al., 2015). Neste sentido, o desenvolvimento de cultivares deve estar associado à critérios de seleção que visem principalmente a adaptação às regiões de cultivo e ao manejo da cultura, além das preferências do consumidor final, fatores importantes na obtenção de novas cultivares agregando melhor qualidade ao produto (GRIGULO et al., 2011).

O direcionamento da seleção artificial dado nos programas de melhoramento genético de empresas privadas para genótipos de milho doce ou comum para consumo *in natura*, além de atender às exigências quanto a produtividade, resistência a doenças e requisitos estabelecidos pelas indústrias de processamento, também se preocupam com a aprovação dos consumidores quanto às características qualitativas (BARBIERI et al., 2006). Os principais caracteres agronômicos visados pelos melhoristas em cultivares para o consumo de milho verde são endurecimento lento do grão, espigas grandes, bem granadas e com bom empalhamento, sabugo branco, grãos amarelo-creme do tipo dentado, profundo, com alinhamento retilíneo (FORNASIERI FILHO; CASTELLANE; DECARO, 1988; FORNASIERI FILHO, 1992) e com boa sanidade das espigas (MACHADO, 1980). Adicionalmente, é desejável que o pericarpo seja fino e a textura dos grãos uniforme (TOSELLO, 1987).

As características botânicas e reprodutivas no milho doce e milho superdoce são idênticas às do milho comum. A principal diferença entre eles está no grão, que após a maturação fisiológica, com a diminuição da umidade, apresenta uma aparência vítrea e textura enrugada nos tipos doces. A aparência vítrea é devido à cristalização dos açúcares e a textura enrugada em função da menor proporção de amido no endosperma (STORK; LOVATO, 1991). O milho doce apresenta elevados teores de açúcares quando comparado ao milho normal e também menor quantidade de amido presentes no endosperma (ARAGÃO, 2002). A

composição química é o fator preponderante, interferindo diretamente no sabor e na textura dos grãos, trazendo um sabor diferenciado e maior palatabilidade para o consumo (TRACY, 2001).

O caráter doce se deve à presença de genes mutantes recessivos, isoladamente ou em conjunto, em dupla ou triplas combinações que acarretam uma mudança no metabolismo vegetal, causando o bloqueio da conversão de açúcares em amido. A expressão destes genes ocorre no endosperma do grão (LAUGHNAN, 1953; SPRINGER et al., 1986). Os principais genes que têm sido usados no melhoramento de milho doce são: *Sugary-1 (su-1)*, *Sugary-2 (su-2)*, *Sugary-Enhancer (se)*, *Sugary-Shrunken-2 (sush-2)*, *Shrunken-1 (sh-1)*, *Shrunken-2 (sh-2)*, *Shrunken-4 (sh-4)*, *Brittle (bt)*, *Brittle-2 (bt-2)*, *Amilose-Extender (ae)*, *Dull (du)* e *Waxy (wx)* (GLOVER; MERTZ, 1987; SCHIMIDT; TRACY, 1988). A presença de alelos *ae*, *du* e *wx* resultam em menor proporção de amido quando comparado ao milho normal, entretanto não apresentam características de milho doce, exceto quando combinado com os outros alelos (TRACY, 2001).

Camilo et al. (2015) verificaram a aceitação sensorial de oito híbridos de milho utilizados para consumo *in natura* e constataram que os híbridos experimentais de milho doce obtiveram desempenho superior (gostei muito e gostei moderadamente), enquanto os híbridos de milho verde ficaram enquadrados em desgosto ligeiro à indiferença conforme os parâmetros utilizados na análise sensorial.

A composição química do grão de milho comum apresenta em torno de 3% de açúcar e entre 60 a 70% de amido, enquanto o milho doce tem de 9 a 14% de açúcar e de 30 a 35% de amido e o superdoce, em torno de 25% de açúcar e de 15 a 25% de amido (SILVA; KARAN, 1994).

Tabela 1. Composição química média dos grãos de genótipos de milho superdoce, doce e comum.

Composição (%)	Milho superdoce	Milho doce	Milho comum
Proteínas	11,6	10,8	10,3
Lipídeos	3,7	4,5	4,8
Amido	20,2	24,2	71,5
Açúcares redutores	2,1	1,6	0,6
Açúcares totais	5,2	4,3	2,0

Fonte: Adaptado de Pereira (1987).

3.3 Seleção de genótipos de milho com potencial agronômico

É compreendido entre os melhoristas de plantas que a escolha do germoplasma é parte fundamental e decisiva para qualquer programa de melhoramento vegetal, quer seja para o

desenvolvimento de novas variedades, para a obtenção de híbridos ou para estudos básicos, podendo inclusive influenciar significativamente no sucesso ou no fracasso do programa de melhoramento (ARAÚJO; NASS, 2002). Neste sentido, as populações crioulas, também conhecidas como raças locais ou *landraces*, são genótipos importantes para o melhoramento de plantas por apresentarem elevado potencial de adaptação às condições ambientais específicas de cultivo (PATERNIANI; NASS; SANTOS, 2000).

Existe uma grande quantidade de variedades crioulas de milho que foram cultivadas há muitos anos por agricultores familiares e comunidades indígenas. De maneira geral, estes genótipos apresentam menor produtividade que os cultivares modernos, embora apresentem uma complexa estrutura genética (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008). Para a manutenção da variabilidade existente em variedades com pouco ou nenhum processo de seleção artificial, é necessária a conservação do germoplasma existente em populações crioulas de milho, a fim de reduzir as possibilidades de contaminação por cruzamento com cultivares melhoradas e comerciais, podendo assim, ser utilizado futuramente em programas de melhoramento genético e pesquisas para a obtenção de genótipos com características de interesse (COIMBRA et al., 2010). A obtenção de variedades de polinização aberta com padrão de produção e adaptação ao meio em que ela se insere, é uma das principais estratégias no processo de melhoramento das variedades crioulas, uma vez que, estes programas visam atender a cadeia produtiva da agricultura familiar que utiliza um baixo nível tecnológico, mantendo os rendimentos da cultura em níveis satisfatórios (KIST, 2006).

Coimbra et al. (2010) verificaram grande variabilidade genética entre cinco populações de milho crioulo (*landrace*), sete populações de milho de paiol (populações oriundas de milhos comerciais e conduzidas sob polinização ao acaso durante várias gerações por pequenos agricultores) e quatro híbridos comerciais. Além disso, os autores caracterizaram estes genótipos com base nas características agronômicas e observaram que as populações locais de milho são excelentes fontes de germoplasma para busca de alelos favoráveis e adaptados localmente, em muitas variáveis analisadas os milhos de paiol como os crioulos não diferiram estatisticamente dos híbridos comerciais (AG1051; AG405; CX 533 e Br205), como por exemplo para o diâmetro de espigas, o número de fileiras de grãos por espiga e para a produtividade, com valor médio de 5.006,8 kg ha⁻¹ para o acesso genético Paiol 8.

Muitos programas de melhoramento evitam ou são relutantes em trabalhar com o milho crioulo disponível nos bancos de germoplasma ou de fácil obtenção junto aos pequenos agricultores. Normalmente, a justificativa para se trabalhar com populações de baixa produtividade é a busca de genes específicos, principalmente os relacionados à tolerância a

estresses bióticos e abióticos, tendo em vista que as técnicas utilizadas no melhoramento genético são muitas vezes difíceis, morosas e de alto custo (ARAÚJO; NASS, 2002).

A seleção de genótipos com características de interesse é a principal metodologia para aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações. O melhoramento genético de populações alógamas envolve esquemas de cruzamento entre indivíduos ou populações, a seleção de grupos de indivíduos superiores com alelos favoráveis e a introdução de genes de outras espécies por meio de técnicas biotecnológicas (BORÉM; MIRANDA, 2009).

O uso da seleção recorrente visa aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações, melhorando o desempenho médio na expressão de uma caráter, mantendo a variabilidade genética por meio de repetidos ciclos de seleção (SOUZA JÚNIOR, 2001; BORÉM; MIRANDA, 2009). Este método envolve três etapas principais: i) obtenção das progênies; ii) avaliação das progênies; e iii) recombinação das progênies superiores para formar as gerações subsequentes (BORÉM; MIRANDA, 2009). Para atingir esse objetivo, existem inúmeras opções de métodos, envolvendo como unidade seletiva indivíduos ou famílias (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). O melhoramento da cultura do milho foi o principal gerador da maior parte do conhecimento científico disponível na literatura sobre a seleção recorrente (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A escolha da metodologia empregada no programa depende dos objetivos a serem alcançados, como por exemplo, a ação gênica envolvida no caráter em estudo, a finalidade das progênies e também de quais recursos estão disponíveis. A seleção interpopulacional visando os melhores desempenhos em produtividade em função do efeito da heterose, são os métodos mais utilizados nos programas de melhoramento de empresas privadas para o desenvolvimento de híbridos comerciais. Por outro lado, os métodos de seleção intrapopulacional visam a adaptação de germoplasma ou melhorar a produtividade de cultivares na presença de ação gênica do tipo aditiva (BORÉM; MIRANDA, 2009; ORDAS et al., 2012). A seleção recorrente intrapopulacional é empregada objetivando-se o melhoramento de uma única população. Esse método, em geral, é de fácil execução e aplicável à maioria das características agrônômicas, sendo mais comumente utilizados do que os interpopulacionais que têm como objetivo a melhoria de duas populações simultaneamente (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Vários fatores como a variabilidade genética da população original, a magnitude dos efeitos aditivos, o método de seleção aplicado, o tipo de progênie utilizada como unidade de seleção/recombinação, o tamanho efetivo populacional, as técnicas experimentais utilizadas durante as avaliações, a intensidade da seleção, e os cuidados durante a etapa de recombinação

contribuem para o alcance do sucesso da seleção recorrente intrapopulacional (PATERNIANI, 1968; BONOMO et al., 2000).

3.4 Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos

Dentre as metodologias de seleção recorrente desenvolvidas a mais utilizada no Brasil é a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos. A magnitude alcançada por parâmetros genéticos estimados, em específico a variância genética aditiva e os ganhos esperados com a seleção para produtividade de grãos comprovam a eficiência desta metodologia de seleção (PATERNIANI, 1968; CARVALHO et al., 2000). Os objetivos deste método são de alterar a média populacional de um ou mais caracteres, buscando o aprimoramento ou adequação aos interesses de estudo ou exploração agrícola (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos pode ser realizada, em condições específicas de cultivo, com um ciclo de seleção por ano. Sendo que, os sucessivos ciclos de seleção indicarão as chances de êxito na seleção e em quais efeitos poderão ocorrer na variabilidade genética (CARVALHO et al., 2003; ARAUJO et al., 2005).

O propósito da seleção recorrente é de recuperar a variabilidade genética da população, por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação, deste modo, a frequência de alelos desejados para a característica a ser melhorada é elevada. Novos genótipos superiores são passíveis de serem extraídos durante os ciclos, retroalimentando repetidamente o sistema e propiciando a sustentabilidade do programa de seleção a longo prazo (ALLARD, 1971; PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987; SOUZA JÚNIOR, 2001).

A variabilidade genética existente na população a ser melhorada e as estratégias a serem adotadas para potencializar a eficiência da seleção, buscando ganhos genéticos significativos no decorrer dos anos são duas condições essenciais no sucesso de qualquer programa de melhoramento populacional (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

De maneira geral a seleção recorrente por ser resumida como a seleção sistemática de indivíduos promissores de uma população seguida pelo inter cruzamento dos genótipos selecionados, que recombinados formam uma nova população com performance melhor que a anterior. A nova população obtida é utilizada como base para um novo ciclo de seleção e assim por diante (MISTRO, 2013).

Ferreira, Moreira e Hidalgo (2009) testando a capacidade combinatória e heterose de 30 populações crioulas, uma variedade (IAPAR) e dois híbridos comerciais de milho (AG1051 e C125) em dois locais no Estado do Paraná, destacaram os acessos Palha Roxa (MC23) sendo

este o mais frequente nos melhores desempenhos, seguido das populações Milho Sem Nome (MC21) e Pintado (MC29). Estes últimos acessos apresentaram as melhores estimativas para os caracteres produtividade de 5,43 e 7,41 t ha⁻¹, acamamento de 4,4% e 11,1%, quebraimento de 18,8% e 4,1%, altura de planta de 244 e 270 cm e de 83 e 73 dias para o florescimento.

3.5 Estimativas de parâmetros genéticos

O melhoramento de milho teve grande parte de seus esforços alocados nos caracteres quantitativos, que são compostos tanto por componentes genéticos quanto por ambientais, sendo que ambos interferem na variação resultante da população. A maior complexidade genética destas características, aliado aos erros experimentais e aos efeitos do meio ambiente, que sempre estão presentes atuando contra os interesses do selecionador, obrigando-os a utilizar técnicas estatísticas específicas, que visem identificar a contribuição de cada um destes componentes (VENCOVSKY, 1978). Neste sentido, a avaliação dos componentes da variância tem grande importância, pois a partir deles é possível estimar a variabilidade genética de uma população sob seleção dentro do programa de melhoramento (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2004).

Os parâmetros genéticos permitem identificar a ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar se diferentes estratégias de melhoramento serão eficientes para a obtenção de ganhos genéticos e na manutenção adequada da base genética nas populações, por isso, demonstram grande importância no melhoramento de plantas (FALUBA et al., 2010). Os componentes da variação fenotípica de uma variável, são estimados a partir dos quadrados médios obtidos na análise de variância dos dados experimentais amostrados nos ensaios com duas ou mais repetições. Após a obtenção dos quadrados médios (QM) da análise de variância, deve se estabelecer a esperança matemática destes QM, de acordo com o modelo que rege o delineamento experimental e finalmente resolver as equações resultantes. A resolução das equações fornece as estimativas dos componentes da variação para aquela população estudada (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

As variâncias obtidas representam as diferenças ambientais dentro das parcelas; diferenças genéticas dentro das parcelas; diferenças ambientais entre parcelas e diferenças genéticas entre os tratamentos. Sendo que a variância genética total é composta pelas diferenças entre tratamentos e plantas dentro de uma mesma parcela (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Segundo Vencovsky (1978), a partir dos quadrados médios da análise de variância de dados obtidos em famílias de meios-irmãos de milho, podem-se estimar os parâmetros

genéticos populacionais como: a variância genética (σ^2_g), a variância genética aditiva (σ^2_a), a variância ambiental (σ^2_e), a herdabilidade (h^2), o ganho esperado com a seleção (GS), o coeficiente de variação genética (CV_g) e o coeficiente de variação ambiental (CV_e). Os componentes CV_g e CV_e representam uma informação a mais, pois através da relação $\frac{CV_g}{CV_e}$ se obtém o quociente \hat{b} , sendo que quando o resultado desta relação atinge valores $\geq 1,0$ indica uma condição muito favorável para a seleção artificial naquela população.

A proporção genética da variabilidade fenotípica total de uma população é designada como a herdabilidade no sentido amplo. A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (FERREIRA; MOREIRA; HIDALGO, 2009). No sentido amplo, a herdabilidade é definida como a razão entre variância genética e fenotípica, no sentido restrito, a herdabilidade estima a importância relativa da proporção aditiva da variância genética total que poderá ser transmitida às demais gerações (BORÉM; MIRANDA, 2009).

O ganho de seleção consiste na alteração dos valores médios de uma ou mais características de uma população sob seleção. Essa alteração da média é possível a partir da alteração das frequências genéticas determinantes do caráter de interesse (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Quanto maior a intensidade de seleção adotada pelo melhorista, maior o progresso estimado, tendo grande impacto na eficiência de um programa de melhoramento. Porém a alta intensidade de seleção em populações pequenas, podem conduzir a endogamia, comprometendo o progresso nos ciclos de seleção. Além disso, podem levar a fixação gênica e perda de alelos favoráveis por oscilação genética (BONOMO et al., 2000).

Carvalho e Souza (2007) avaliando o comportamento da variabilidade genética de uma variedade de milho de polinização aberta proveniente de uma população Pool 21 e denominada BR5001 Sertanejo, no decorrer de dezessete ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, e três ciclos de seleção massal no período de 1985 a 2005 em diferentes locais, verificaram que o ganho acumulado de produtividade foi de 1922 kg ha⁻¹ entre os ciclos 4 a 17 equivalente a 35,8%, demonstrando um alto potencial produtivo, associado a uma ampla base genética da variedade selecionada.

3.6 Correlação entre variáveis

Dentre as possíveis análises de dados de um grande número de caracteres avaliados, o coeficiente de correlação tem grande importância no melhoramento de plantas. Esta análise quantifica o grau de associação genético e não-genético entre dois ou mais caracteres (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988), permitindo aos melhoristas visualizar a ocorrência de possibilidades de variação de um caráter que esteja sendo influenciado por outro no processo de seleção (CHURATA; AYALA-OSUNA, 1996).

Para Cruz e Regazzi (2001) as correlações quantificam a possibilidade de ganhos indiretos pela seleção em variáveis correlacionadas. Em caracteres com baixa herdabilidade a seleção é mais eficiente quando realizada sobre caracteres que são correlacionados. Os coeficientes de correlação podem ser estimados sob dois pontos de vista. No primeiro, a associação entre duas variáveis pode ser observada diretamente e é chamada de correlação fenotípica (FALCONER, 1987), já o segundo denominado de correlação genotípica está relacionado com as propriedades genéticas das populações, sendo a natureza genotípica dos valores influenciada na magnitude e no sinal das correlações (CRUZ; MIRANDA; COSTA, 1988).

A seleção eficiente de um caráter pode ser aumentada com a utilização de caracteres agrônomicos correlacionados (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). Entretanto, Vencovsky e Barriga (1992) comentam que os estudos de correlação não permitem tirar conclusões sobre causa e efeito, mas ela serve como uma medida de associação entre os caracteres em análise.

3.7 Análise estatística multivariada

A análise estatística multivariada ou simplesmente análise multivariada é o ramo da estatística direcionada ao estudo das amostras e distribuição multidimensionais, onde os métodos estatísticos apropriados para estudos avaliam diversas variáveis simultaneamente (SOUZA, 2002), sendo todas as variáveis consideradas de igual importância inicialmente (MANLY, 2008).

Hair et al. (2009) define análise multivariada como todas as técnicas estatísticas que simultaneamente analisam múltiplas medidas sobre indivíduos ou objetos sob investigação. Assim, qualquer análise simultânea de mais do que duas variáveis pode ser considerada, a princípio, como multivariada.

O objetivo da análise é medir, explicar, e prever o grau de relação entre variáveis estatísticas (combinações ponderadas de variáveis). Assim o caráter multivariado reside nas múltiplas variáveis estatísticas (combinações múltiplas de variáveis), e não somente no número de variáveis ou observações (HAIR, et al., 2009).

Com o avanço da tecnologia foi possível desenvolver e aplicar as técnicas de estatística multivariada mais facilmente aos dados em análise, devido ao desenvolvimento de hardwares e softwares (HAIR et al., 2009). Essas análises permitiram a ampliação do conhecimento e auxiliaram na tomada de decisões, sendo de grande importância nos processos de melhoramento, uma vez que os melhoristas necessitam avaliar diferentes caracteres para definir os genótipos que apresentam o melhor desempenho.

A utilização de técnicas de análise univariada sobre variáveis isoladas podem não ser suficientes para modelar o fenômeno, pois não consideram as correlações existentes entre elas (LEDO; FERREIRA; RAMALHO, 2003). Por outro lado, em virtude das variáveis serem consideradas simultaneamente na análise multivariada, são obtidas interpretações mais precisas que muitas das vezes não são possíveis com o uso da estatística univariada (JAMES; McCULLOCH, 1990).

Desta forma, a análise multivariada permite combinar as múltiplas informações que compõe a unidade experimental, facilitando a execução da seleção com base na combinação de variáveis, possibilitando discriminar as populações mais promissoras, principalmente no contexto genético (LEDO; FERREIRA; RAMALHO, 2003).

3.8 Análise de componentes principais

A análise de componentes principais (ACP) é uma técnica multivariada onde é avaliada a interdependência entre as variáveis. Karl Pearson em 1901, foi o primeiro a descrever a técnica em um artigo onde deu ênfase à sua utilização no ajustamento de um subespaço a uma nuvem de pontos. Posteriormente, a metodologia foi consolidada por Hotelling em 1933 e 1936, para analisar estruturas de correlações (MORRISON, 1976, MARDIA; KENT; BIBBY, 1979; CRUZ, 1990). Entretanto, somente após o desenvolvimento da tecnologia e o advento de programas computacionais e softwares aplicados, a ACP foi difundida, podendo assim ser utilizada nas mais diversas áreas da ciência.

A literatura traz diversos autores que descrevem os princípios básicos da ACP, tais como Morrison (1976), Mardia, Kent e Bibby (1979), Kendal (1980), Johnson e Wichern (1992), Cruz e Regazzi (2001) entre outros. A metodologia de ACP utiliza as combinações

lineares das variáveis originais estruturadas a partir de variâncias e covariâncias, buscando reduzir os dados, adequá-los para análise, evidenciar as tendências e facilitar sua interpretação (SOUZA, 2002). A análise tem por finalidade a simplificação estrutural dos dados, influenciada pelo número de caracteres considerados no estudo que possam ser avaliados por um complexo bi ou tridimensional de fácil interpretação geométrica e com melhor apresentação visual (LIBERATO,1995).

Cada componente principal é uma combinação linear das variáveis originais, que são independentes entre si, mas buscam extrair o máximo da informação em termos de variação total, contida nos dados originais. Assim, o primeiro componente principal tem a maior variância, o segundo tem a segunda maior e assim sucessivamente. O objetivo principal da análise de componentes principais é de explicar a estrutura da covariância e variância de um certo vetor aleatório, composto por p-variáveis aleatórias, através de combinações lineares das médias originais. Sendo que, essas combinações lineares não são correlacionadas entre si e portanto sendo chamadas de componentes principais (SANDANIELO, 2008).

A metodologia de ACP é utilizada em diferentes áreas de conhecimento auxiliando na tomada de decisões e tem sido de grande utilidade no melhoramento genético, pois simplifica conjuntos de variáveis em poucos componentes independentes entre si (CRUZ; CARNEIRO, 2003). DoVale, Fritsche-Neto e Silva (2011) utilizaram esta técnica para identificar a dupla aptidão de híbridos comerciais de milho com finalidade para produção de milho verde e mini milho em dois experimentos. Foram verificadas diferenças no efeito de híbridos para todos os caracteres de minimilho e milho verde para as 15 variáveis avaliadas, sendo que os três primeiros componentes principais explicaram 82,5% da variância. A diferença de desempenho entre os híbridos para produção de minimilho está relacionada, principalmente, com a prolificidade o que não é repetido para o milho verde. A análise de fatores buscou obter variáveis relacionadas simultaneamente para as duas populações utilizando coeficientes de ponderação dos caracteres a partir dos escores obtidos em cada fator onde as variáveis número e massa de espigas empalhadas de minimilho e de milho verde, altura de planta e massa de pendão fresca, ligadas ao potencial produtivo, foram as variáveis encontradas. Os resultados demonstraram que os híbridos triplos DKB 350, AG 8080 e AG 6690 e o duplo DKB 747 podem ser utilizadas com dupla aptidão para a produção de minimilho e para milho verde.

Coimbra et al. (2012) realizaram a caracterização de acessos introduzidos e melhorados da Coleção Ativa de Germoplasma da Embrapa Milho e Sorgo de Minas Gerais utilizando a análise de componentes principais além de outros tipos de análise multivariada. A dispersão gráfica dos acessos com base nos três primeiros componentes principais, foi explicada

por 81,7% da variação total nos três primeiros componentes na cidade de Janaúba – MG e de 60,7% na cidade de Sete Lagoas – MG. As características que mais contribuíram para a discriminação dos acessos foram a altura de plantas, o peso médio de espiga por planta, o peso de grãos por planta na parcela e o peso de mil sementes.

3.9 Medidas de dissimilaridade e análise de agrupamentos

A utilização de medidas de dissimilaridade é recomendada quando a diversidade genética pode ser avaliada de forma conjunta em relação às várias características (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Neste sentido, as medidas de dissimilaridade destacam-se, principalmente em estudos de diversidade genética, à partir da qual é possível identificar indivíduos semelhantes ou grupo deles, onde estes podem ser utilizados como genitores em programas de hibridação (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

A quantificação das distâncias entre dois genótipos é entendido como medida de dissimilaridade, e quanto menor o valor desta medida, maior é a similaridade entre os indivíduos comparados. Diferentes medidas de distâncias vêm sendo utilizadas nas análises, onde cada uma delas possibilita um determinado tipo de agrupamento (MINGOTI, 2005).

Na avaliação simultânea de diferentes características de genótipos, aos pares, a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) pode ser utilizada para estimar a diversidade genética entre acessos, podendo ser obtida através de diferenças fisiológicas, morfológicas e agronômicas, avaliadas a partir de um grupo de genótipos (ELIAS et al., 2007).

A análise de agrupamento é uma técnica analítica para desenvolver subgrupos significativos de indivíduos e na grande maioria dos casos se baseia nas medidas de dissimilaridade. Objetiva-se com esta análise a redução da informação sobre uma população inteira ou amostra, transformando dados livres em informações gerais de subgrupos específicos e menores com reconhecidos padrões de agrupamento (HAIR et al., 2009), classificando uma população em grupos menores e mutuamente excludentes, baseando-se na similaridade entre eles.

A análise de agrupamento ou análise de *cluster* tem por finalidade reunir os indivíduos em grupos, de forma que exista a máxima heterogeneidade entre os grupos e a máxima homogeneidade dentro dos grupos (JOHNSON; WICHERN, 1992; CRUZ; REGAZZI, 2001). Esta análise envolve três passos básicos: estimar a similaridade entre os genótipos, o agrupamento dos genótipos e definição do perfil das variáveis para determinar a composição dos grupos.

Diversos métodos têm sido propostos para análise de agrupamento, entretanto, os mais utilizados no melhoramento de plantas são os hierárquicos método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*) e o de otimização de Tocher. No método UPGMA os indivíduos ou unidades amostrais, são agrupados em vários níveis até que seja constituído um dendrograma (ELIAS et al., 2007).

Existe uma vasta quantidade de algoritmos e programas disponíveis para a análise de agrupamento, os quais se diferenciam pelo resultado fornecido e também pela forma de definição de proximidade entre os acessos. Por isso, a escolha do programa para análise deve ser feita conhecendo suas propriedades e aliada aos objetivos da pesquisa (BUSSAB; MIAZAKI; ANDRADE, 1990).

Na identificação de 510 acessos da Coleção Ativa de Germoplasma da Embrapa Milho e Sorgo de Sete Lagoas – MG, Coimbra et al. (2012) realizaram a caracterização de 112 acessos que tiveram informações suficientes para avaliação em duas cidades. De acordo com o método de Tocher, os acessos mais divergentes foram o Zapalote Chico tipo dentado; Cateto Nortista Precoce tipo duro; Guyana 001 tipo semi-dentado, Olotillo tipo dentado, Rep. dominicana 275 tipo dentado; Comiteco tipo semi-dentado, BS 29 tipo semi-dentado, Chandelle tipo dentado; Veracruz 183 tipo semi-dentado e High Protein tipo semi-dentado. Os resultados do agrupamento obtidos pelo método de Otimização de Tocher tendo como medida de dissimilaridade a distância euclidiana invertida e o gráfico de dispersão genotípica elaborado com base nos escores dos três primeiros componentes principais se mostram compatíveis.

Silva et al. (2016) realizaram a caracterização de 96 progênies de meios-irmãos via métodos hierárquicos e de otimização, assim como o uso da análise discriminante. Dentre os 11 grupos gerados pelo método UPGMA, quatro apresentaram destaque com o maior número de características de interesse para a produção de milho verde. As testemunhas comerciais AG1051 e Cativeverde permaneceram isoladas entre os genótipos. O método de otimização de Tocher agrupou 81 progênies de meios-irmãos num único grupo dos cinco formados, sendo que a testemunha comercial AG1051 não compôs novamente nenhum grupo.

4 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no município de Ponta Grossa – PR, na Fazenda Escola “Capão da Onça” da Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG), localizada a 25° 5'35 12” de latitude Sul e 50° 3'50 16" de longitude Oeste, com altitude média de 1015 m, nas safras 2015/2016 e 2016/2017. O clima da região conforme a classificação de Köppen é do tipo subtropical úmido (Cfb) e o solo é classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico (EMBRAPA, 2006).

4.1 Base genética das progênies de milho superdoce

As progênies de meios-irmãos pertencentes ao banco de germoplasma do Programa de Melhoramento Genético da UEPG, foram obtidas através de uma população inicial advinda do intercruzamento da variedade Doce Cristal (BR-402), utilizada como genitor feminino, com as variedades crioulas Carioca e Nutricional, a variedade Cativerde, e os híbridos comerciais BM 3063 e AG 1051 (genitores masculinos) na safra 2007/2008. As melhores espigas obtidas foram selecionadas aleatoriamente para compor o campo de retrocruzamento.

Na safra 2009/2010, o retrocruzamento foi realizado em área isolada, pelo Método Irlandês modificado. Os genótipos gerados nos cruzamentos anteriores foram semeados em fileiras alternadas com a variedade Doce Cristal (BR-402), as quais foram despendoadas para o cruzamento. Na maturação fisiológica realizou-se a colheita das melhores espigas de cada fileira, e em seguida foram separadas as sementes de textura lisa das de textura enrugada (milho superdoce). O mesmo procedimento foi repetido na safra 2010/2011. Os objetivos dos ciclos de retrocruzamentos foram aumentar a quantidade de sementes disponíveis para compor as próximas gerações.

As melhores espigas das progênies selecionadas após o último ciclo de retrocruzamento foram avaliadas em experimento de campo na safra 2013/2014, quanto ao desempenho agrônomico, 190 famílias de meios-irmãos, juntamente com a testemunha tipo superdoce BR400, que foi utilizada como controle experimental, constituíram os tratamentos. Após análises dos dados obtidos, foram selecionadas 30 melhores progênies de meios-irmãos baseando-se no desempenho agrônomico a partir de experimento de competição agrônômica para a recombinação na próxima safra.

O campo de recombinação em área isolada utilizando o Método Irlandês modificado (safra 2014/2015) foi composto pelas 30 progênies que obtiveram o melhor desempenho no

ensaio de competição. De cada família foram selecionadas as quatro melhores espigas, as quais constituíram 120 novas progênies de meios-irmãos que deram origem ao experimento de competição agrônômica. A colheita do campo de recombinação foi realizada em 2015, após atingir a maturação fisiológica das sementes, encerrando o primeiro ciclo de seleção recorrente.

4.2 Base genética das progênies de milho crioulo

A população inicial de milho foi composta por 126 espigas provenientes de cruzamentos aleatórios, obtidas na safra 2006/2007 de um campo com 34 variedades crioulas de milho, as quais foram avaliadas em relação às características da espiga. Destas, 94 foram selecionadas e utilizadas para compor o campo de recombinação na safra 2007/2008.

A recombinação entre as 94 progênies foi realizada em área isolada, segundo o Método Irlandês modificado selecionando as 20 melhores progênies. De cada família selecionada foram escolhidas as cinco melhores espigas, as quais constituíram as 100 novas progênies de meios-irmãos que deram origem ao experimento de competição agrônômica instalado na safra 2008/2009. Para a seleção dentro das progênies utilizou-se uma pressão de seleção de 30%. O critério de seleção foi baseado em seis características principais, as quais apresentaram diferenças significativas ($p \leq 0,05$) a partir da análise de variância entre famílias de meios-irmãos dentre as quais: rendimento de grãos, massa da espiga, número de fileiras de grãos por espiga, diâmetro de espiga, ciclo masculino e estatura de planta.

As progênies de meios-irmãos selecionadas na safra 2008/2009 foram semeadas e avaliadas nas safras: 2009/2010 e 2010/2011, sendo compostos por 102 tratamentos, 100 progênies de meios-irmãos e 2 testemunhas, a variedade crioula Nutricional e o híbrido comercial 2A550 da empresa DowAgroScience Ltda.

Na safra 2010/2011, as 24 melhores progênies de meios-irmãos selecionadas no experimento de competição agrônômica foram utilizadas para compor o novo campo de recombinação na safra 2011/2012. A recombinação das progênies de meios-irmãos foi realizada em área isolada, segundo o Método Irlandês modificado. A colheita do campo de recombinação foi realizada em 2012, após atingir a maturação fisiológica das sementes, encerrando o segundo ciclo de seleção recorrente. Foram selecionadas as quatro melhores espigas de cada progênie, as quais constituíram as 96 progênies de meios-irmãos que foram avaliadas em dois experimentos de competição agrônômica na safra 2012/2013, sendo selecionadas as 30 melhores progênies, que foram utilizadas para compor o novo campo de recombinação na safra 2013/2014 realizada em área isolada, segundo o Método Irlandês modificado. A colheita do

campo de recombinação foi realizada em 2014, após atingir a maturação fisiológica das sementes, encerrando o terceiro ciclo de seleção recorrente, foram selecionadas as quatro melhores espigas de cada progênie de meios-irmãos.

4.3 Avaliação das progênies de meios-irmãos milho superdoce

O experimento foi instalado no delineamento de blocos aleatorizados com 3 repetições na safra 2015/2016. Foram avaliadas 85 progênies de meios-irmãos de milho superdoce, além de três híbridos de milho doce (Sakata HS, Sakata HT e Tropical Plus) e mais duas variedades comerciais (Cativerde e Azteca) que foram utilizadas como controle experimental. Em função do número de tratamentos avaliados, os blocos foram instalados com intervalo de semeadura de 15 dias, visando otimizar as avaliações agronômicas.

A semeadura foi realizada mecanicamente através de semeadora/adubadora de parcelas da Semeato, modelo PS-8. A parcela experimental foi constituída por duas linhas de 4 m de comprimento e 0,9 m na entre linha. A população de plantas foi ajustada para 55.000 plantas ha⁻¹. A adubação de base/cobertura e os tratos culturais (controle de plantas daninhas e insetos) foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho.

4.4 Avaliação das progênies de meios-irmãos de milho crioulo

O experimento foi instalado na safra 2016/2017 utilizando o delineamento de blocos aleatorizados com três repetições, onde cada bloco foi semeado com intervalo de 15 dias, visando otimizar as avaliações agronômicas por ocasião da colheita. Os tratamentos consistiram de 96 progênies de meios-irmãos e 2 testemunhas comerciais (AG1051 e a variedade Cativerde), utilizados como controle experimental.

O experimento foi instalado utilizando uma semeadora adubadora de parcelas, com uma população aproximada de 55.000 plantas ha⁻¹. A parcela experimental foi constituída de duas linhas de 5 m de comprimento e 0,9 m na entrelinha. A adubação de base/cobertura e os tratos culturais (controle de plantas daninhas e insetos) foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho.

4.5 Variáveis avaliadas para produção de milho verde.

As progênes de meios-irmãos de milho superdoce e crioulo foram avaliadas para as seguintes características agronômicas:

- Ciclo masculino (DEFM): número de dias da emergência até que 70% das plantas dos genótipos tenham emitido o pendão;
- Ciclo feminino (DEFF): número de dias da emergência até que 70% das plantas dos genótipos tenham emitido os estigmas da espiga principal;
- Altura de planta (AP): medida da superfície do solo até o início da ramificação do pendão em cm, a partir da avaliação de 4 plantas aleatórias por parcela;
- Altura de inserção de espiga (AIE): medida da superfície do solo até a base de inserção da espiga em cm, a partir da avaliação de 4 plantas aleatórias por parcela.

Para a avaliação das características relacionadas a aptidão para a produção de milho verde, foram realizadas pelo menos três coletas a cada dois dias a partir do 25º dia após a data de florescimento feminino, o que equivale ao estágio de grão leitoso (R3). As espigas coletadas foram avaliadas para:

- Comprimento médio de espigas comerciais em cm (CESPC);
- Diâmetro médio de espigas comerciais em cm (DESPC);
- Número total de espigas comerciais (NTESPC);
- Número total de espigas (NTESP);
- Porcentagem de espigas comerciais (%ESPC);
- Produtividade de espigas comerciais por hectare em toneladas (REND).

Foram consideradas espigas comerciais aquelas com comprimento de espiga superior a 15 centímetros e livre de danos de insetos.

4.6 Análises estatísticas

4.6.1 Estimativas dos parâmetros genéticos

Os dados dos experimentos foram submetidos à análise de variância e os parâmetros genéticos foram estimados através da esperança matemática dos quadrados médios da análise de variância para progênes de meios-irmãos de milho de acordo com Vencovsky e Barriga (1992). A estimativa da variância genética foi obtida por: $\hat{\sigma}_g^2 = 1/r (QM_p - QM_e)$, sendo (r) o

número de repetições, (QM_p) o quadrado médio das progênes de meios-irmãos e (QM_e) o quadrado médio do erro, obtidos através da análise de variância. A variância ambiental foi calculada através: $\hat{\sigma}_e^2 = QM_e$. A herdabilidade no sentido amplo foi estimada através, $\hat{h}^2 = (QM_p - QM_e) / QM_p$. Além disto, foram estimados o coeficiente de variação genética: $CV_g = \frac{1}{r} \sqrt{\hat{\sigma}_g^2 / \mu} \times 100$, o coeficiente de variação do erro experimental: e o quociente $\hat{b} = CV_g / CV_e$.

4.6.2 Distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2) e Métodos de Agrupamento

Para as análises multivariadas, a medida de dissimilaridade utilizada foi à distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2), devido ao pressuposto que os caracteres estudados apresentam certo grau de correlação, não sendo totalmente independentes. Esta medida possibilita quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética por meio das partições dos componentes de D^2 , relativos a cada característica, da dissimilaridade total observada entre os genótipos avaliados (SINGH, 1981).

Pode ser obtida pela expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta'_{ii'} \Psi^{-1} \delta_{ii'}$$

Em que:

$D_{ii'}^2$: é a distância quadrada generalizada de Mahalanobis entre os tratamentos i e i' .

$\delta'_{ii'}$: é o vetor com dimensão de p variáveis, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ para os tratamentos i e i' ;

Y_{ij} : é a média do i -ésimo tratamento em relação à j -ésima variável ($j = 1, 2, \dots, 10$);

$Y_{i'j}$: é a média do i' -ésimo tratamento em relação à j -ésima variável ($j = 1, 2, \dots, 10$);

Ψ^{-1} : é a inversa da matriz de variância e covariâncias residuais, cujos elementos da diagonal principal são os quadrados médios do resíduo (QMR) da análise de variância e os elementos de fora os produtos cruzados médios do resíduo (PMR) entre os pares de variáveis.

A distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2) possibilita quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética por meio das partições dos componentes de D^2 , relativos a cada característica, da dissimilaridade total observada entre os genótipos avaliados (SINGH, 1981). Nesse caso considera-se que:

$$D_{ii'}^2 = \delta'_{ii'} \Psi^{-1} \delta_{ii'} = \sum_{j=1}^p \sum_{j'=1}^p \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que:

$\omega_{jj'}$: é o elemento da j-ésima linha e j'-ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Os valores percentuais da contribuição relativa de cada característica para a divergência (\hat{S}_j) constituem a medida da importância relativa das variáveis para o estudo da diversidade genética, sendo expresso por:

$$\hat{S}_j (\%) = \frac{\hat{S}_j}{\sum_{j=1}^p \hat{S}_j} \times 100$$

Além de levar em consideração as variâncias e covariâncias residuais das variáveis pela distância generalizada de Mahalanobis, os procedimentos de agrupamento foram realizados considerando-se as escalas das variáveis, por meio da relação: Y_{ij} / s_j , onde s_j é o desvio padrão da variável Y_j .

A partir da distância generalizada de Mahalanobis foi realizado o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*), esse método de ligação média, utiliza médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os genótipos considerados. A construção do dendrograma foi estabelecida a partir dos tratamentos com menor dissimilaridade, o ponto de corte foi definido pelo método de Mojena (1977) que baseia-se no tamanho relativo dos níveis de fusões ou distâncias no dendrograma.

A distância entre um tratamento k e um grupo, formado pelos tratamentos i e j, é dada por:

$$d_{(ij)k} = \text{média} \{d_{ik}; d_{jk}\} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

Em que:

$d_{(ij)k}$: é a média do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k).

A distância entre dois grupos formados pelos indivíduos (i e j) e (k e l), é dada pela média do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos (i e k), (i e l), (j e k) e (j e l):

$$d_{(ij)(kl)} = \text{média} \{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\} = \frac{d_{ik}+d_{il}+d_{jk}+d_{jl}}{4}$$

O método de Otimização de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares, formando o grupo inicial. Avaliações sucessivas são realizadas afim de identificar a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Neste método, a entrada de um indivíduo no grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. A inclusão ou não do indivíduo k no grupo é baseada na seguinte condição:

$$\text{Se } \frac{d(\text{grupo})k}{n} \leq \theta, \text{ inclui-se o indivíduo k no grupo;}$$

$$\text{Se } \frac{d(\text{grupo})k}{n} > \theta, \text{ o indivíduo k não é incluído no grupo.}$$

Em que:

n representa o número de indivíduos que constitui o grupo original e θ é a maior dentre as menores distâncias envolvendo cada indivíduo (critério de agrupamento). A distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

4.6.3 Análise de componentes principais

A análise de componentes principais foi realizada a partir da padronização das médias dos tratamentos em razão das diferentes escalas métricas presentes nas variáveis:

$$X_j = \frac{X_{ij}}{\sigma_j}$$

Onde:

X_j : é o valor da variável padronizada;

X_{ij} : é o valor observado da j -ésima variável no i -ésimo indivíduo;

σ_j : desvio padrão da j -ésima variável.

Foi obtida a matriz de correlação residual realizada através da análise de variância e a estimativa dos autovetores associados às variáveis avaliadas nos experimentos. A técnica dos componentes principais tem a vantagem adicional de avaliar a importância de cada caractere estudado sobre a variação total disponível entre os acessos avaliados (DAHER et al., 1997).

A soma dos primeiros autovalores representa a magnitude da informação retida de p para k dimensões. Essa informação pode decidir quantos componentes serão utilizados na análise para diferenciar os tratamentos.

O somatório dos autovalores (λ_j) é tal que:

$$\sum_{j=1}^p \lambda_j = tr(R) = p$$

Em que:

p corresponde ao número de variáveis analisadas na matriz de correlação residual, e $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \dots, \lambda_p$ são as raízes da equação característica a partir dessa matriz.

Para cada autovalor λ_i existe um autovetor a_i :

$$a_i = \begin{bmatrix} a_{i1} \\ a_{i2} \\ \dots \\ a_{ip} \end{bmatrix}$$

Foram obtidos os autovetores a_i normalizados como norma unitária, isto é, a soma dos quadrados dos coeficientes igual a 1, sendo ainda ortogonais entre si. Sendo a_i o autovetor correspondente ao autovalor λ_i . O componente principal é influenciado diferentemente pelas variáveis que o compõem. Neste sentido, a análise foi realizada verificando-se o grau de influência que cada variável X_j tem sobre o componente Y_i . O grau de influência em porcentagem entre cada X_j e o componente Y_i que está sendo analisado é dado pelo autovetor a_i . Os escores são os valores dos componentes principais calculados para cada tratamento. Após

a redução de p para k dimensões, os k componentes principais serão as novas variáveis e toda a análise foi realizada utilizando-se os escores desses componentes, assim os tratamentos que obtiveram os maiores escores, apresentam desempenho superior para as características que mais influenciaram na formação do componente.

Cada componente principal é uma combinação linear das variáveis originais, explicando a variabilidade total das variáveis originais e não correlacionadas, onde o primeiro tem maior importância, pois retém a maior parte da variação total contida nos dados originais. A importância do componente principal é determinada pela sua contribuição na proporção da variância total explicada pelo componente. A contribuição C_i de cada componente principal Y_i é expressa em porcentagem, sendo estimada pela divisão da variância de Y_i pela variância total. O resultado representa a proporção da variância total explicada pelo componente principal Y_i .

$$C_i = \frac{\lambda_i}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \times 100$$

4.6.4 Estimativa do Ganho esperado com a seleção

Após a seleção dos genótipos com melhor desempenho de acordo com a análise de componentes principais foi possível realizar as estimativas de ganho esperado com a seleção.

O diferencial de seleção (ds) foi calculado a partir da diferença entre a média das progênies de melhor desempenho fenotípico na variável de maior importância segundo a análise de componentes principais (M_s), e a média original do conjunto de dados (M_o) sendo utilizado uma intensidade de seleção de 30% sobre o número total de progênies de cada experimento. A estimativa do ganho genético ou progresso com a seleção artificial foi estimado pela fórmula:

$$GS = \hat{h}^2 * ds$$

E o ganho esperado com a seleção em porcentagem:

$$GS\% = \frac{GS}{M_o} \times 100$$

Todas as análises foram realizadas utilizando o programa GENES (CRUZ, 2013).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Milho superdoce

5.1.1 Estimativa dos parâmetros genéticos

O uso de estimativas de parâmetros genotípicos e fenotípicos em programas de melhoramento são de extrema importância para a tomada de decisão pelos melhoristas. Os valores obtidos na análise (Tabela 2) demonstram que para a maioria das variáveis analisadas, a variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) foi superior à variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$) com exceção das variáveis altura de inserção de espiga (AIE), altura de plantas (AP) e porcentagem de espigas comerciais (%ESPC), evidenciando a grande contribuição dos fatores genéticos na expressão fenotípica.

Tabela 2. Estimativa da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e quociente \hat{b} para as variáveis avaliadas nas progênies de milho superdoce. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis*	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	\hat{h}^2	CV_g	CV_e	\hat{b}
AIE (cm)	0,009	0,006	0,003	35,59	6,34	14,74	0,43
AP (cm)	0,011	0,008	0,004	33,08	3,36	8,20	0,41
NTESP	73192747	22646307	50546440	69,06	17,69	20,57	0,86
NTESPC	41352321	15952573	25399748	61,42	17,39	23,82	0,73
CESPC (cm)	0,39	0,18	0,20	52,14	2,62	4,37	0,60
DESPC (cm)	0,031	0,015	0,016	51,68	2,72	4,53	0,60
%ESPC	0,005	0,004	0,001	17,41	4,11	15,22	0,27
REND (t ha ⁻¹)	1,82	0,81	1,01	55,28	16,2	25,31	0,64
DEFM (dias)	2,60	1,16	1,44	55,35	1,62	2,53	0,64
DEFF (dias)	7,71	2,04	5,67	73,50	3,15	3,28	0,96

* (AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

O coeficiente de herdabilidade indica diretamente a proporção herdável da variabilidade total, sendo que a estimativa deste parâmetro guia o melhorista na escolha de métodos e na intensidade de seleção a ser usada, assim como, permite prever as estimativas de ganho genético a serem obtidos através da seleção artificial (CARVALHO et al., 1981).

Os valores estimados de herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}^2) variaram de 17,41 para a porcentagem de espigas comerciais (%ESPC) a 73,50% para o ciclo feminino (DEFF), com valores acima de 50% para as características: número total de espigas (NTESP), número total de espigas comerciais (NTESPC), comprimento de espigas comerciais (CESPC), diâmetro de

espigas comerciais (DESPC), rendimento de espigas por hectare (REND) e ciclo masculino (DEFM). Estas estimativas são semelhantes às observadas por Freitas et al. (1998) que obtiveram valores de herdabilidade no sentido amplo de 74,40% para florescimento masculino e 46,70% para tamanho de espigas (comprimento) ao avaliar 199 progênies de meios-irmãos de uma população de milho doce cristal. Dagla et al. (2015) avaliando 45 híbridos de milho doce estimaram coeficientes de herdabilidade para produtividade de 61,20 e de 57,30% para o comprimento de espigas, para as variáveis fenotípicas altura de plantas, altura de inserção de espigas, número de fileiras de grãos e variáveis ligadas à composição química tiveram coeficientes de herdabilidade acima de 60%, indicando que grande proporção da variabilidade para estas características é devido aos efeitos genéticos. A variabilidade genética presente em um conjunto de 50 híbridos de milho tipo doce foi avaliada por Suhaisini, Ravikesavan e Yuvaraja (2016) através de 18 variáveis relacionadas à arquitetura de planta, produtividade, eficiência fotossintética e composição química de grãos. Nove variáveis demonstraram coeficientes de herdabilidade superior a 75%, sendo que as variáveis eficiência fotossintética, açúcares totais, açúcares não redutores, altura de plantas, peso seco e fresco de espigas e altura de inserção de espigas obtiveram as maiores estimativas, chegando a 97,40%.

A estimativa do quociente \hat{b} , que é dado pela razão entre o coeficiente de variação genético e ambiental, também pode auxiliar o melhorista quanto à condução do programa de melhoramento. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004) quando a estimativa for ≥ 1 é um indicativo de precisão experimental na coleta dos dados bem como de situação bastante favorável para a seleção artificial de fontes com aptidão para a produção de milho verde doce. Para todas as variáveis analisadas o quociente \hat{b} apresentou valores inferiores a 1, porém para o ciclo feminino (DEFF) e o número total de espigas (NTESP) as estimativas foram de 0,86 e 0,96, respectivamente. Progênies de meios-irmãos com maior destaque nestas variáveis podem ser selecionados, sendo provavelmente vantajosos no processo de seleção do programa de melhoramento genético.

5.1.2 Estimativas de correlação

As estimativas dos coeficientes de correlação genética e fenotípica demonstraram o grau de associação entre as características avaliadas, indicando que a seleção direcionada de um determinado caráter simultaneamente terá resposta correlacionada à outros caracteres nas próximas gerações. Segundo Rodrigues et al. (2011) essas associações quantificam a possibilidade de ganhos indiretos por seleção baseada em caracteres correlacionados.

As estimativas de correlações fenotípicas entre as variáveis foram, na maioria dos casos, mais elevadas que as estimativas de correlação genética (Tabela 3), padrão inverso ao encontrado por Dagla et al. (2015), os quais observaram que as correlações genotípicas foram superiores. Valores de coeficiente de correlação genotípica comparativamente maiores do que fenotípica, indicam que, embora exista um alto grau de associação entre duas variáveis a nível genotípico, a associação fenotípica é diminuída devido a influência do meio ambiente. As associações das variáveis altura de inserção de espiga (AIE) com altura de plantas (AP), número total de espigas (NTESP) com número total de espigas comerciais (NTESPC) e com rendimento de espigas por hectare (REND), foram as que obtiveram as maiores correlações fenotípicas, com coeficientes de 0,82, 0,90 e 0,94, respectivamente. Além das mesmas variáveis destacadas para a correlação fenotípica, para as correlações genotípicas também foram observadas correlações de 0,68 e 0,66 entre o comprimento de espigas comerciais (CESPC) e o ciclo masculino (DEFM) e feminino (DEFF) e de 0,74 entre o ciclo masculino (DEFM) e o ciclo feminino (DEFF) (Tabela 3).

Ao estimar a correlação genética entre as variáveis estudadas em 44 híbridos de milho doce para o gene *shrunk* (*sh2*), Solomon, Martin e Zeppa (2012) estimaram correlação de 0,70 entre altura de plantas e altura de inserção de espigas. Entre dias até a emissão da espiga até a maturidade de 0,89, porém os autores relataram que o grau de associação na maioria dos casos não era forte o suficiente para ter aplicações práticas nos programas de melhoramento genético, pois a maioria dos valores foi de baixa magnitude. Semelhantemente, Dagla et al. (2015) encontraram valores de correlação genotípica de 0,67 entre altura de plantas e inserção de espiga e de 0,90 para correlação entre ciclo masculino e feminino. Suhaisini, Ravikesavan e Yuvaraja (2016) estimaram correlação de alta magnitude entre ciclo masculino e feminino (0,95), entre comprimento e diâmetro de espigas (0,93) e entre diâmetro de espigas e massa verde de espigas (0,91).

5.1.3 Dissimilaridade genética e agrupamento pelo método UPGMA

A dissimilaridade genética entre as progênies de milho superdoce e das testemunhas foi obtida utilizando-se a distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Os resultados evidenciaram que as maiores distâncias ocorreram entre as progênies 36 e 87 com $D^2 = 83,82$, sendo a maior similaridade observada entre as progênies 27 e 49 com $D^2 = 0,63$. Para os híbridos comerciais Sakata HS foi constatada a maior distância com a progênie 10 com $D^2 = 51,50$, enquanto que para Sakata HT com a progênie 87, com $D^2 = 53,40$ e Tropical Plus com a progênie

36 com $D^2= 45,48$. Já para as variedades comerciais, a maior distância encontrada para Azteca foi com a progênie 81 com $D^2= 46,32$ e para Cativerde (milho comum) com a progênie 80 com $D^2= 63,10$ (dados não apresentados).

Tabela 3. Coeficientes de correlação fenotípica e genotípicas entre as variáveis avaliadas do conjunto de progênies de milho superdoce. Ponta Grossa, 2017.

Correlações Fenotípicas										
Variáveis*	AIE	AP	NTESP	NTESPC	CESPC	DESPC	%ESPC	REND	DEFM	DEFF
AIE (cm)	1,00	0,82	0,35	0,42	0,00	-0,01	0,15	0,42	0,23	0,08
AP (cm)		1,00	0,28	0,35	0,10	0,08	0,17	0,38	0,19	0,02
NTESP			1,00	0,90	-0,36	-0,35	-0,26	0,80	-0,09	-0,20
NTESPC				1,00	-0,25	-0,25	0,14	0,94	-0,08	-0,15
CESPC (cm)					1,00	0,32	0,26	-0,09	0,38	0,38
DESPC (cm)						1,00	0,16	0,00	0,02	0,10
%ESPC							1,00	0,25	0,07	0,16
REND (t ha ⁻¹)								1,00	-0,09	-0,14
DEFM (dias)									1,00	0,70
DEFF (dias)										1,00

Correlações Genotípicas										
Variáveis*	AIE	AP	NTESP	NTESPC	CESPC	DESPC	%ESPC	REND	DEFM	DEFF
AIE (cm)	1,00									
AP (cm)	0,82	1,00								
NTESP	0,32	0,14	1,00							
NTESPC	0,41	0,18	0,98	1,00						
CESPC (cm)	0,13	0,38	-0,49	-0,27	1,00					
DESPC (cm)	-0,03	0,20	-0,54	-0,34	0,41	1,00				
%ESPC	0,22	0,03	-0,61	-0,47	1,11	0,68	1,00			
REND (t ha ⁻¹)	0,41	0,24	0,84	0,95	-0,10	0,00	-0,15	1,00		
DEFM (dias)	0,55	0,41	-0,16	-0,11	0,68	0,00	0,36	-0,15	1,00	
DEFF (dias)	0,10	-0,01	-0,30	-0,22	0,66	0,21	0,54	-0,21	0,74	1,00

*(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

Paixão et al. (2008), ao testar seis populações de milho no Estado de Alagoas, verificaram valores máximos de dissimilaridade $D^2= 67,27$ entre as populações Alagoano e Asa Branca (BR 5033) e $D^2= 61,63$ entre São Luís e Asa Branca (BR 5033). É sabido que a utilização de populações com grandes distâncias genéticas oportuniza o ganho heterótico e a manifestação de genótipos superiores em gerações segregantes. Nestes sentido, Oliboni et al. (2012) ao avaliar 12 híbridos comerciais, seus inter cruzamentos (66 híbridos resultantes), e três testemunhas (P30R50, AS1560 e DKB214) observaram distâncias de até $D^2= 406,70$ entre os híbridos DKB234 e 2B688 indicando uma elevada divergência genética entre os acessos,

refletindo em elevados coeficientes de herdabilidade representando o maior ganho em rendimento entre os genótipos avaliados.

A contribuição relativa de cada variável para a formação da divergência genética teve como variável mais influente o número total de espigas comerciais (NTESPC) com 28,51% como mostrado na Tabela 4. Por outro lado, as variáveis número total de espigas e rendimento de espigas tiveram somadas apenas 3,58% de contribuição, podendo ser excluídas, já que apresentaram alta correlação residual com a variável de maior contribuição, que está ligada ao potencial produtivo da planta.

Tabela 4. Contribuição relativa (S.j) de cada variável para a formação da divergência genética pelo método de Singh (1981) associados ao conjunto de progênies de milho superdoce. Ponta Grossa, 2017.

Variável*	S.j	Valor (%)
AIE (cm)	5674,29	9,28
AP (cm)	5052,80	8,26
NTESP	1515,01	2,48
NTESPC	17436,96	28,51
CESPC (cm)	5598,23	9,15
DESPC (cm)	4820,42	7,88
%ESPC	4518,44	7,39
REND (t ha ⁻¹)	671,30	1,10
DEFM (dias)	4497,41	7,35
DEFF (dias)	11375,84	18,60

*(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

Estes resultados concordam com os encontrados por Rotili et al. (2012). Os autores avaliaram oito características em 81 genótipos de milho e observaram que a variável que mais contribuiu para a formação da divergência genética foi o rendimento de espigas com 21,80%, seguida das variáveis diâmetro de espigas (13,7%) e altura de espigas (13,30%). Por outro lado, os estudos de Paixão et al. (2008) demonstraram que a variável altura de plantas foi a que mais contribuiu para a formação da divergência com 49,56%, sendo que a variável produtividade foi responsável por somente 7,85% da formação.

A partir das distâncias obtidas entre os genótipos foi possível, através da análise de agrupamento de ligação média entre grupos (UPGMA), a formação de um dendrograma para a visualização da formação de grupos heteróticos (Figura 1). No dendrograma observa-se a formação de sete grupos, dentre os quais foram distribuídas 78 progênies de meios-irmãos mais

três testemunhas comerciais. O ponto de corte foi estabelecido pelo método de Mojena (1977), a partir de uma constante $k = 0,48$, sendo determinado em 22,70% de dissimilaridade genética.

O primeiro grupo reuniu a testemunha comercial Tropical Plus e a progênie 83. No grupo II além da testemunha comercial Sakata HS foram alocadas as progênies 34 e 32. Os grupos III e IV agruparam duas progênies cada, seguidos dos grupos V e VI que agruparam 5 e 14 progênies, respectivamente. O maior grupo foi o VII com 53 genótipos, sendo 52 progênies de meios-irmãos e o híbrido comercial Sakata HT. As progênies 68, 81, 11, 82, 10 e 8 e as testemunhas comerciais Azteca e Cativeverde ficaram isoladas no dendrograma não sendo alocadas em nenhum grupo (Tabela 5). Genótipos que não constituem nenhum grupo apontam na direção de que tais indivíduos apresentam uma alta divergência em relação aos demais.

Tabela 5. Composição dos grupos de progênies de milho superdoce obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.

Grupos	N*	Genótipos									
I	2	Tropical	83								
II	3	Sakata HS	34	32							
III	2	52	7								
IV	2	80	30								
V	5	22	78	18	60	15					
VI	14	69	5	12	77	17	74	73	25	14	4
		13	2	84	76						
VII	53	67	19	39	29	35	Sakata HT	51	3	71	24
		65	50	61	16	1	54	33	36	58	38
		43	59	45	79	63	40	47	48	23	56
		42	31	53	6	20	9	72	70	64	75
		46	66	44	37	62	26	57	21	55	41
		28	49	27							
NA**	9	87	68	Cativeverde	81	11	Azteca	82	10	8	

*N número de genótipos que compõe o grupo. ** Não agrupados.



Figura 1. Agrupamento das progênies de meios-irmãos de milho superdoce e testemunhas através do método UPGMA a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Ponta Grossa, 2017.

5.1.4 Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher

No agrupamento obtido pelo método de Otimização de Tocher a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis, os 90 genótipos avaliados para a produção de milho verde superdoce foram alocados em cinco grupos. O maior agrupamento contendo 66 progênies além do híbrido comercial Sakata HT foi estabelecido no grupo I. Já no grupo II foram alocadas seis progênies. Em seguida, o grupo III alocou as progênies 32, 34 e 83 e as testemunhas comerciais Sakata HS e Tropical Plus. O grupo IV e V foram formados cada um por dois genótipos, sendo que no grupo V agruparam-se a progênie 82 e a testemunha comercial Azteca (Tabela 6). As progênies 11, 8, 68, 80, 10, 81 e 87 e a testemunha Cativeverde permaneceram isoladas, não sendo agrupadas pelo método de Tocher. Segundo Rotili et al. (2012) indivíduos isolados de grupos são os que apresentam maior divergência dentro do conjunto avaliado. Neste sentido, podem ser identificados os genótipos mais divergentes visando futuros esquemas de recombinação, facilitando a projeção dos trabalhos de melhoramento.

Tabela 6. Composição dos grupos de progênies de milho superdoce obtidos a partir da análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher baseado na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.

Grupo	N*	Genótipos											
I	67	27	49	28	21	26	57	41	62	44	55	64	46
		72	6	9	53	37	17	73	77	79	47	63	3
		58	45	70	75	66	38	25	19	56	51	50	23
		Sakata HT	35	1	24	16	61	54	5	60	84	29	30
		33	12	18	36	78	22	31	40	20	43	42	48
		39	67	59	15	65	74	71					
II	6	4	14	2	13	76	69						
III	5	32	34	Sakata HS	Tropical	83							
IV	2	7	52										
V	2	82	Azteca										
NA**	8	11	8	68	Cativeverde	80	10	81	87				

*N (número de genótipos que compõe o grupo). ** Não agrupados.

Dotto et al. (2010) avaliaram 24 genótipos comerciais de milho superdoce quanto à adaptação a diferentes condições climáticas e verificaram a formação de oito grupos heteróticos pelo método de Otimização de Tocher. Segundo os autores a grande divergência genética encontrada entre as cultivares é principalmente devida a sua origem e a composição genética

diferenciada entre elas (cultivares de polinização aberta, híbridos simples, duplos e triplos). Segundo os autores as informações obtidas com relação a divergência genética são importantes para direcionar os programas de melhoramento quanto ao nível de variabilidade que serão observados dentro dos cruzamentos realizados entre as cultivares.

Quando comparados os métodos de agrupamento, verifica-se que o padrão apresentado pelo método UPGMA demonstra um padrão semelhante quando comparado à Otimização de Tocher. Algumas progênies foram realocadas em um único grupo como no caso do grupo III (Tocher) que reuniu progênies que anteriormente formavam dois grupos distintos pelo método UPGMA (Tabelas 5 e 6).

A análise das médias fenotípicas das variáveis nos respectivos grupos gerados pelo método de Otimização de Tocher estão apresentados na Tabela 7. O grupo I, com maior número de genótipos (67), apresentou em média o maior número de espigas comerciais, o que influenciou diretamente no rendimento médio do grupo. O grupo II demonstrou, de maneira geral, desempenho mediano quando comparado aos demais. O grupo III destacou-se pelo maior aproveitamento percentual de espigas comerciais, apesar do baixo desempenho no rendimento de espigas. O grupo IV formado por duas progênies, apresentou maior precocidade tanto para o ciclo masculino quanto para o feminino. Já para o grupo V, formado pela progênie 82 e a testemunha comercial Azteca foi possível observar a menor estatura de planta (AP) e inserção de espiga principal (AIE) (Tabela 7).

Tabela 7. Desempenho médio dos grupos de progênies de milho superdoce obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V
AIE (cm)	0,89	0,86	0,90	0,87	0,69
AP (cm)	1,83	1,80	1,88	1,78	1,71
NTESP	41.563,02	37.577,15	25.092,59	42.129,64	24.537,04
NTESPC	29.795,47	28.086,42	20.185,18	27.314,82	18.518,50
CESPC (cm)	17,04	17,09	17,97	15,83	17,81
DESPC (cm)	4,65	4,59	4,80	4,23	4,78
%ESPC	72,56	75,81	82,74	64,97	69,00
REND (t ha ⁻¹)	6,37	5,85	4,84	5,53	4,33
DEFM (dias)	73,81	74,11	76,40	72,17	77,33
DEFF (dias)	74,70	80,00	79,47	73,50	78,50
*N	67	6	5	2	2

(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino. *N (número de genótipos que compõe o grupo).

A exploração da divergência genética em populações ou grupos de indivíduos é de grande importância para a manutenção dos programas de melhoramento. Entretanto, a presença de elevada quantidade de genótipos similares, reduz a possibilidade de obtenção de híbridos interpopulacionais ou intergrupos. Assim, a escolha de grupos com maiores divergências, podem explorar, de forma mais eficiente, a heterose através de cruzamentos entre indivíduos contrastantes (ROTILI et al., 2012). O cruzamento entre indivíduos de um mesmo grupo, pode resultar em baixa heterose, por isso, recomenda-se que os cruzamentos sejam realizados entre genótipos de grupos distintos, a fim de se obter maior ganho (PAIXÃO et al., 2008).

A escolha de genótipos do grupo I, IV e V para recombinação poderia ampliar a frequência dos alelos favoráveis para produção de milho superdoce, já que os dois grupos contam com genótipos que demonstraram superioridade em plantas de menor porte e inserção de espigas e elevado rendimento produtivo associado a precocidade. Os estudos de Oliboni et al. (2012) confirmaram que ao cruzar híbridos altamente divergentes (2B688 x DKB234), foi possível observar um aumento de $1,90 \text{ t ha}^{-1}$ sobre a média dos parentais híbridos, representando uma heterose de 16,60%. Por outro lado, Solomon, Martin e Zeppa (2012) afirmam que a diversidade genética encontrada entre acessos, pode não garantir o desenvolvimento de híbridos melhorados. Para tanto o progresso depende da sensibilidade do melhorista em identificar combinações parentais específicas que contribuam para o aumento da heterose (ROTILI et al., 2012).

5.1.5 Análise de componentes principais

A partir da análise de componentes principais foi possível a redução da dimensão das dez variáveis fenotípicas iniciais, mensuradas nos 90 genótipos de milho superdoce (progênes de meios-irmãos e testemunhas), em três componentes principais (CP's), os quais explicaram 71,67% da variância fenotípica total das variáveis estudadas (Tabela 8). Esta porcentagem é considerada adequada levando em consideração o número de variáveis analisadas, bem como o número de progênes em avaliação. Souza (2015) ao avaliar a diversidade de 29 variedades crioulas de milho doce e adocicado no Oeste de Santa Catarina, verificou que os dois primeiros componentes principais explicaram juntos 44% da variação ocorrida entre as variedades. DoVale, Fritsche-Neto e Silva (2011) obtiveram 82,50% de variância acumulada pelos três primeiros componentes principais na avaliação de milho verde e minimilho.

Tabela 8. Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2017.

Componentes	λ_j	λ_j (%)	% Variância Acumulada
CP 1	3,38	33,78	33,78
CP 2	2,52	25,22	59,00
CP 3	1,27	12,67	71,67
CP 4	1,06	10,61	82,28
CP 5	0,77	7,67	89,95
CP 6	0,57	5,69	95,64
CP 7	0,26	2,63	98,27
CP 8	0,13	1,34	99,61
CP 9	0,03	0,28	99,89
CP 10	0,01	0,11	100,00

As variáveis mais importantes para formação dos componentes principais são identificados através dos coeficientes dos autovetores obtidos pela análise. O sinal dos autovetores (+ ou -), indica que os genótipos com maiores escores positivos (+) obterão desempenho superior para as características com autovetores (+) e menor expressividade para as variáveis com autovetores (-), e vice-versa.

O maior coeficiente dos autovetores no CP1 demonstrou que a variável REND (0,69) foi a de maior influência na formação deste componente, estando negativamente relacionada com as variáveis NTESPC (-0,45) e AP (-0,39) (Tabela 9). As progênies com maiores escores para o CP1 apresentaram os maiores rendimentos associado ao menor número de espigas comerciais e menor estatura de plantas.

No CP2 os maiores coeficientes dos autovetores foram obtidos para as características REND (0,70), NTESPC (0,45) e AP (0,41) (Tabela 9). Os sinais dos autovetores evidenciaram associação positiva entre as variáveis que melhor explicam este componente. Para o terceiro componente principal o maior coeficiente de autovetor foi obtido para DEFM (0,61), seguido de AIE e DEFF (0,50) ambos associados positivamente ao CP3. Verificou-se que os genótipos que obtiveram o menor escore para este último componente obtiveram ciclo reduzido e baixa altura de inserção de espiga, caracteres desejados a aptidão para milho verde. Ciclos mais curtos reduzem o tempo para a colheita e a inserção de espigas mais baixa, além de auxiliar na colheita, reduz o risco de quebra do colmo, devido ao peso das espigas.

Tabela 9. Autovetores associados aos três primeiros componentes principais e importância relativa de cada variável para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis	CP1		CP2		CP3	
	Autovetor	%	Autovetor	%	Autovetor	%
AIE (cm)	-0,29	8,39	0,24	5,83	0,50	25,11
AP (cm)	-0,39	14,97	0,41	16,79	-0,09	0,75
NTESP	-0,17	2,94	0,27	7,11	-0,25	6,34
NTESPC	-0,45	19,95	0,45	20,58	-0,03	0,10
CESPC (cm)	0,14	1,84	-0,09	0,78	0,21	4,58
DESPC (cm)	0,07	0,51	0,01	0,00	0,07	0,45
%ESPC	-0,19	3,43	-0,02	0,05	0,02	0,05
REND (t ha ⁻¹)	0,69	47,94	0,70	48,79	0,06	0,30
DEFM (dias)	-0,01	0,01	-0,02	0,05	0,61	36,88
DEFF (dias)	-0,02	0,03	-0,02	0,04	0,50	25,44

(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

A projeção gráfica dos escores dos componentes principais demonstrou uma dispersão mais à direita no primeiro componente principal para o grupo I (67 genótipos agrupados pelo método de Otimização de Tocher), refletindo em melhor desempenho para o rendimento de espigas, menor prolificidade associada à menor estatura (Figura 2). Alguns genótipos foram plotados mais afastados do conjunto, como, por exemplo, as testemunhas Cativerde (90), Azteca (89) e Tropical Plus (88). Isso ocorre devido a diferença entre a base genética das progênies de meios-irmãos e as testemunhas, principalmente em relação à variedade Cativerde, a única recomendada para produção de milho verde, a qual não apresenta o gene de caráter superdoce. A seleção de progênies deve basear-se principalmente em caracteres relacionados à produtividade, porém é de extrema importância considerar a análise conjunta dos dados devido às complexas interações genéticas existentes, pois associadas aos elevados valores de rendimento podem estar ligadas variáveis que comprometem o bom desenvolvimento da cultura e prejudicam o potencial produtivo como a alta estatura, o ciclo tardio e características indesejáveis para a qualidade às espigas.

A análise de componentes principais foi utilizada como parâmetro para decidir quais as progênies tiveram melhor desempenho médio, uma vez que os autovetores que mais contribuíram para formação do primeiro componente principal foram REND, NTESPC e AP. Assim, foram escolhidas as 27 progênies que obtiveram maior destaque positivo para estas variáveis, simbolizando uma intensidade de seleção de 30% sobre o conjunto inicial. Na Tabela

10 são apresentados os resultados dos coeficientes de herdabilidade e dos ganhos esperados com a seleção artificial.

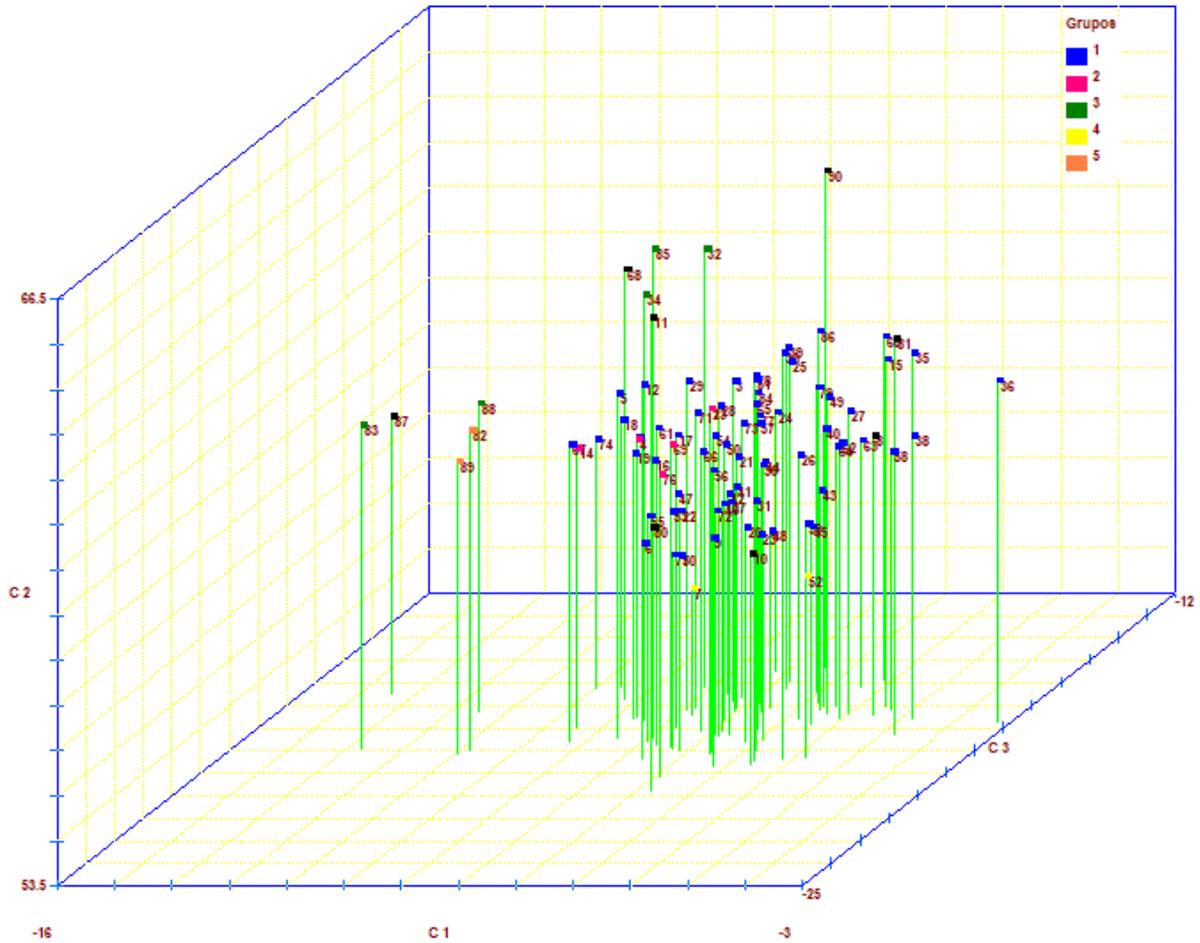


Figura 2. Dispersão gráfica dos escores do conjunto de progênies de meios-irmãos de milho superdoce e testemunhas para os três primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2017.

Em relação ao ganho percentual com a seleção artificial, as variáveis NTESP (10,60%), NTESPC (12,62%) e REND (11,96%) foram as que obtiveram os maiores valores percentuais a partir da análise. Estas três variáveis, que estão correlacionadas ao potencial produtivo, somam juntas 35,18% de possíveis ganhos com a seleção realizada. De modo semelhante, Dagla et al. (2015) observaram que as variáveis número de espigas por planta, diâmetro de espigas e peso de 100 grãos para híbridos de milho doce foram as que apresentaram as maiores estimativas de ganho com a seleção, com 49,30; 13,20 e 12,70%, respectivamente ao utilizar intensidade de seleção de apenas 5%. Suhaisini, Ravikesavan e Yuvaraja (2016) obtiveram estimativas de ganhos esperados com a seleção em 45,10% na variável massa de espigas verdes, 41,60% em produtividade, além do valor de 49,10% estimado para açúcares

totais e 83,20% para açúcares redutores, embora neste trabalho não foi informada qual a intensidade de seleção utilizada pelos autores.

Tabela 10. Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênies de milho superdoce selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis	Y _s	Y ₀	h ²	ds	GS	GS%
AIE (cm)	0,93	0,89	0,36	0,04	0,02	1,70
AP (cm)	1,87	1,83	0,33	0,04	0,01	0,71
NTESP	46.358,03	40.190,63	0,69	6.167,40	4.259,20	10,60
NTESPC	34.938,27	28.981,48	0,61	5.956,79	3.658,66	12,62
CESPC (cm)	17,05	17,08	0,52	-0,03	-0,02	-0,10
DESPC (cm)	4,61	4,63	0,52	-0,03	-0,01	-0,28
%ESPC	0,76	0,73	0,17	0,03	0,01	0,65
REND (t ha ⁻¹)	7,53	6,19	0,55	1,34	0,74	11,96
DEFM (dias)	74,00	74,01	0,55	-0,01	-0,01	-0,01
DEFF (dias)	75,26	75,49	0,74	-0,24	-0,18	-0,23

(Y₀) média original, (Y_s) média das progênies selecionadas, (h²) herdabilidade no sentido amplo, (ds) diferencial de seleção, (GS) ganho esperado com a seleção e (GS%) ganho esperado com a seleção em porcentagem, (AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

As estimativas de herdabilidade juntamente com o ganho estimado com a seleção são mais úteis para prever o ganho com seleção do que as estimativas de herdabilidade sozinhas. No entanto, nem sempre uma característica que apresenta alta herdabilidade sempre obterá uma resposta positiva no determinado atributo (JOHNSON; ROBINSON; COMSTOCK 1955). Segundo Resende (2002) o ganho genético mede o aprimoramento da geração que está sendo selecionada em relação à anterior. Estimar o ganho genético ou progresso com a seleção, ajuda a estimar a eficiência dos métodos de seleção empregados no desenvolvimento de novas cultivares. O uso destes parâmetros é um dos mais importantes da genética quantitativa aplicada no fitomelhoramento, pois auxilia a prever o possível sucesso alcançado com a seleção artificial (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; RANGEL et. al., 2000).

A combinação de múltiplas informações dentro da unidade experimental e seleção de genótipos superiores com base em um complexo de variáveis, amplia a possibilidade de uma seleção mais promissora. Assim, a seleção de genótipos mais promissores ao mercado consumidor baseando-se em várias características ao mesmo tempo oferece uma maior chance de sucesso para o programa de melhoramento (RODRIGUES et al., 2011). Frente a isso, as progênies 36, 15, 8, 38 e 60 foram as que se apresentaram mais promissoras para a aptidão para

produção de milho superdoce *in natura*, pois, além de se destacar para a maioria dos caracteres avaliados, estas cinco progênes de meios-irmãos de milho superdoce demonstraram rendimento de espigas superior a 8,50 t ha⁻¹. Ugur e Maden (2015) ao avaliarem a produtividade de milho doce em diferentes datas de plantio encontraram valores máximo próximos a 3,5 t ha⁻¹ de grãos, por outro lado Luz et al. (2014) ao verificar a produtividade de genótipos de milho doce e milho verde encontraram nos acessos SWC04; 06 e 08 (milho doce) como os mais produtivos com valores entre 10,14 a 11,70 t ha⁻¹ de grãos. Já para Oliveira Jr. et al. (2006) ao avaliar genótipos de milho doce para produção de milho verde alcançou valor máximo de 7,80 t ha⁻¹ de espigas com o acesso H43IN. Tais resultados corroboram com os encontrados e destacam o elevado potencial produtivo obtido pelas progênes selecionadas.

5.2 Milho verde crioulo

5.2.1 Estimativa dos parâmetros genéticos

Nas avaliações de progênes de meios-irmãos, em grande parte, são realizados estimativas da variância genética aditiva, a herdabilidade e o ganho por seleção (CARVALHO et al., 2003). Assim, estimativas de médias, variância genética ambiental e fenotípica, herdabilidade e correlação entre as variáveis dos componentes primários e secundários de produção auxiliam na seleção dos genótipos para o uso nos programas de melhoramento vegetal. As estimativas dos parâmetros genéticos para as variáveis analisadas evidenciaram que a variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) foi de maior magnitude que a variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$) em cinco das dez variáveis analisadas: altura de inserção da espiga principal, altura de planta, número total de espigas comerciais, rendimento de espigas e dias da emergência ao florescimento masculino (Tabela 11).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}^2) tiveram amplitude de 22,58 para o ciclo feminino (DEFF) até 61,63% para a altura de planta (AP) (Tabela 11). Somente duas variáveis obtiveram valores de herdabilidade acima de 55%, sendo a altura de inserção de espigas (AIE) com 56,01% e a altura de plantas (AP) com 61,63%. Estes resultados são superiores aos observados por Souza et al. (2009) que avaliaram a performance agrônômica de 100 progênes de meios-irmãos de uma população crioula de milho branco em três locais distintos. Os autores obtiveram estimativa de herdabilidade de 47% para as variáveis altura de plantas e produtividade de grãos as quais apresentaram grande efeito da interação genótipo x ambiente, devido às diferentes condições climáticas dos locais de avaliação. Por outro lado,

Rodrigues et al. (2011) ao analisarem oito linhagens e 28 híbridos de milho verde, para as variáveis altura, produtividade, diâmetro, comprimento de espigas e coloração de grãos, estimaram coeficientes de herdabilidade superiores a 70%.

Tabela 11. Estimativa da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e quociente \hat{b} para as variáveis avaliadas nas progênies de milho crioulo. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis*	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	\hat{h}^2	CV_g	CV_e	\hat{b}
AIE (cm)	0,01	0,01	0,01	56,01	5,81	8,94	0,65
AP (cm)	0,02	0,01	0,01	61,63	4,35	5,96	0,73
NTESP	39929817	20270976	19658841	49,23	8,43	14,79	0,57
NTESPC	38758828	19284211	19474617	50,25	10,53	18,16	0,58
CESPC (cm)	0,79	0,51	0,27	34,94	3,53	8,40	0,42
DESPC (cm)	0,03	0,02	0,02	47,87	2,59	4,71	0,55
%ESPC	38,69	27,66	11,04	28,53	4,16	11,24	0,37
REND (t ha ⁻¹)	1,58	0,76	0,82	51,98	11,58	19,30	0,60
DEFM (dias)	0,71	0,34	0,37	52,00	0,99	1,65	0,60
DEFF (dias)	0,70	0,54	0,16	22,58	0,60	1,94	0,31

*(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

Estimativas de herdabilidade próximas a 70% para altura de planta e altura de inserção de espigas também foram relatados por Andrade e Miranda Filho (2008) ao avaliarem progênies de meios-irmãos provenientes do acesso ESALQ-PB1. Entretanto, em medidas realizadas em apenas um ambiente e/ou um ano de avaliação, podem se mostrar superestimadas sobre um ou grupo de genótipos quando comparados à amostragens realizadas em vários locais/anos de avaliação (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008).

As variáveis ciclo feminino (DEFF), porcentagem de espigas comerciais (%ESPC) e comprimento de espigas comerciais (CESPC) foram as que obtiveram os coeficientes mais baixos para a herdabilidade com 22,58, 28,53 e 34,94%, respectivamente (Tabela 11), demonstrando que o efeito ambiental teve grande influência na expressão fenotípica destas variáveis. Silva (2014) avaliou 96 progênies de meios-irmãos oriundas de germoplasma de milho crioulo quanto a aptidão para a produção de milho verde e estimou coeficientes de herdabilidade superiores a 55% para as variáveis ciclo masculino, feminino e número de fileiras de grãos por espiga.

Para todas as variáveis avaliadas o quociente \hat{b} teve valores inferiores a 1, tendo os valores mais elevados nas variáveis altura de inserção de espigas (AIE) e altura de plantas (AP) com quociente \hat{b} de 0,65 e 0,73, respectivamente. Estes resultados podem estar relacionados com a influência do ambiente na expressão fenotípica das características avaliadas tendo em vista que os valores dos coeficientes de variação genética se mostraram bastante reduzidos em relação ao ambiental. Para as variáveis comprimento de espigas comerciais (CESPC), porcentagem de espigas comerciais (%ESPC) e ciclo feminino (DEFF), o efeito ambiental foi mais pronunciado, obtendo-se valores do quociente \hat{b} de 0,42, 0,37 e 0,31, respectivamente (Tabela 11).

A maioria das variáveis ligadas à produtividade são controlados por uma grande quantidade de genes e sofrem influência das condições ambientais, a avaliação dos coeficientes de variação genotípica e fenotípica indicam a variabilidade contida na população e pode ser utilizada para prever os ganhos alcançados com a seleção (BELLO et al., 2012). Valores acima de 7% para CV_g já indicam uma alta probabilidade de sucesso com a seleção artificial e, conseqüentemente, influencia direta na estimativa do quociente \hat{b} .

5.2.2 Estimativas de correlação

As estimativas de correlação genética e fenotípica revelam a influência ou não dos mesmos genes em duas características. A presença de genes em comum pode aumentar o valor fenotípico de duas características, apresentando uma correlação positiva, e em outros genes aumentam uma variável fenotípica e reduzem a outra, evidenciando uma correlação negativa. A análise de correlação mede a relação mútua entre várias características da planta e determina quais variáveis a seleção artificial pode se basear para melhoria genética (HOSSAIN; JOARDER, 1987). Esta informação pode facilitar a seleção e reduzir o trabalho do melhorista na seleção de genótipos promissores que possam atender às exigências do mercado consumidor reduzindo o número de características a serem avaliadas, sem a necessidade de medições adicionais (RODRIGUES et al., 2011). Portanto, a correlação entre variáveis pode determinar quais variáveis podem ser apropriadas na seleção na melhoria de uma característica de herança complexa como por exemplo o rendimento de espigas (GHOSH et al., 2014).

As correlações fenotípicas entre as variáveis altura de inserção de espiga (AIE) e altura de plantas (AP), número total de espigas (NTESP) e número total de espigas comerciais (NTESPC), número total de espigas comerciais (NTESPC) e rendimento de espigas por hectare

(REND), foram elevadas com valores variando de 0,82 a 0,90 (Tabela 12). Já para as correlações genóticas, além dos caracteres correlacionados fenotipicamente, também houveram correlações genóticas elevadas entre o comprimento de espigas comerciais (CESPC) e a porcentagem de espigas comerciais (%ESPC) com correlação genotípica de 0,96 e de 0,83 para o comprimento de espigas comerciais (CESPC) e para o ciclo masculino (DEFM), a variável (REND) também obteve alta correlação com a variável (%ESPC) na ordem de 0,79 (Tabela 12). Os resultados alcançados neste trabalho concordam com os relatados por Rodrigues et al. (2011), os quais observaram correlação genética de alta magnitude entre a produtividade de espigas comerciais e empalhadas (0,88), porcentagem de espigas comerciais e diâmetro de espigas (0,81) e porcentagem de espigas comerciais e comprimento de espigas (0,80).

Tabela 12. Coeficientes de correlação fenotípica e genóticas entre as variáveis avaliadas do conjunto de progênies de milho crioulo. Ponta Grossa, 2017.

Correlações Fenotípicas										
Variáveis*	AIE	AP	NTESP	NTESPC	CESPC	DESPC	%ESPC	REND	DEFM	DEFF
AIE (cm)	1,00	0,82	0,32	0,32	0,15	-0,04	0,12	0,29	0,27	0,14
AP (cm)		1,00	0,25	0,33	0,24	0,06	0,23	0,33	0,25	0,11
NTESP			1,00	0,86	0,04	-0,09	0,11	0,74	0,02	-0,04
NTESPC				1,00	0,14	-0,08	0,60	0,90	0,09	-0,09
CESPC (cm)					1,00	0,01	0,21	0,30	0,32	0,06
DESPC (cm)						1,00	-0,06	0,15	0,01	-0,03
%ESPC							1,00	0,59	0,13	-0,13
REND (t ha ⁻¹)								1,00	0,06	-0,08
DEFM (dias)									1,00	-0,13
DEFF (dias)										1,00

Correlações Genóticas										
Variáveis*	AIE	AP	NTESP	NTESPC	CESPC	DESPC	%ESPC	REND	DEFM	DEFF
AIE (cm)	1,00									
AP (cm)	0,87	1,00								
NTESP	0,54	0,35	1,00							
NTESPC	0,44	0,45	0,94	1,00						
CESPC (cm)	0,51	0,64	0,10	0,47	1,00					
DESPC (cm)	0,05	0,18	-0,07	0,05	-0,45	1,00				
%ESPC	0,04	0,41	0,39	0,68	0,96	0,12	1,00			
REND (t ha ⁻¹)	0,46	0,53	0,85	0,97	0,51	0,26	0,79	1,00		
DEFM (dias)	0,55	0,47	0,08	0,21	0,83	0,05	0,35	0,25	1,00	
DEFF (dias)	0,50	0,46	-0,20	-0,16	0,26	0,03	-0,04	-0,07	-0,09	1,00

*(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

No trabalho realizado por Faluba et al. (2010) ao testar uma população de milho em três locais distintos de Minas Gerais foi verificada alta correlação fenotípica entre as variáveis altura de planta e altura de espigas (0,83), além destas variáveis, ocorreu também correlação entre as variáveis rendimento e estatura de plantas, porém somente verificada em dois dos três ambientes de avaliação. Kinfé e Tsehaye (2015) também encontraram elevada correlação fenotípica e genotípica entre as variáveis produtividade, estatura de planta e inserção da espiga principal. Hefny (2011) ao avaliar 13 linhagens de milho em diferentes períodos de semeadura (recomendada e tardia) encontrou correlações fenotípicas e genotípicas com valores próximos. As variáveis diâmetro de espiga, massa de espigas por planta, fileiras de grãos por espiga e grãos por fileira foram positivamente correlacionados à produtividade quando realizado na época recomendada de semeadura, não sendo confirmado estes coeficientes quando a época de semeadura foi mais tardia. Portanto, a interação e expressão de alelos pode ser influenciada pelo ambiente, onde, a correlação entre dois caracteres pode ser alta em determinada região ou experimento, e em outra, com condições ambientais diferentes, pode não haver correlação para as mesmas variáveis em um mesmo germoplasma (FALUBA et al., 2010).

5.2.3 Dissimilaridade genética e agrupamento pelo método UPGMA

Através da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2) foi possível verificar a dissimilaridade genética entre as 98 progênies de meios-irmãos de milho crioulo e as testemunhas comerciais. Os resultados evidenciaram maior similaridade entre as progênies 25 e 74 com dissimilaridade de apenas $D^2= 1,07$, sendo a maior diferença observada entre as progênies 67 e 80 com $D^2= 53,56$. Para a testemunha comercial AG1051 foi verificada a maior distância de $D^2= 33,40$ com a progênie 80 enquanto que para a testemunha Cativerde a maior distância foi de $D^2= 37,38$ com a progênie 67 (dados não apresentados).

Os valores de dissimilaridade encontrados por Simon, Kamada e Moitero (2012) ao avaliar a divergência genética entre híbridos comerciais de milho avaliados no estado de Goiás nas épocas de safra e safrinha, os autores estimaram valores variando de $D^2= 4,40$ até $D^2= 120,50$ na safra e de $D^2= 170,90$ na safrinha da cultura. Nardino et al. (2017) ao avaliarem 25 híbridos comerciais para produção de milho em cinco locais distintos de avaliação verificaram as menores distâncias entre KSP1 e KSP14 na ordem de $D^2= 2,30$ e a maior distância ocorreu entre os híbridos KSP6 e KSP22 com $D^2= 77,20$. Elevados valores de dissimilaridade indicam ampla variabilidade genética na população avaliada, viabilizando assim a escolha dos acessos mais contrastantes, visando a recombinação e obtenção de genótipos mais heteróticos. Os

resultados encontrados neste trabalho foram semelhantes aos de Silva et al. (2016) utilizando progênies de meios-irmãos desta mesma base genética, onde a distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2) evidenciou maior similaridade entre as progênies 6 e 86 com D^2 de apenas 1,51. A maior dissimilaridade genética foi obtida entre o híbrido AG 1051 e a progênie 67 com $D^2 = 109,66$. De maneira geral, as testemunhas comerciais sempre apresentaram alta divergência genética combinada a alguma progênie de meio-irmão estudada.

A contribuição relativa de cada variável para a formação da divergência genética está demonstrada na Tabela 13, sendo o número total de espigas (15,18%) a variável mais influente na formação da divergência, seguida da altura de planta (14,02%) e do ciclo masculino (13,04%). Já a variável número total de espigas comerciais contribuiu com apenas 0,19% para formação da divergência e pode ser excluída, tendo em vista que também tem alta correlação residual com as variáveis número total de espigas e rendimento de espigas ha^{-1} . Resultados semelhantes foram demonstrados a partir da avaliação de 58 acessos de milho do tipo endosperma duro da coleção núcleo da Embrapa Milho e Sorgo realizados por Netto et al. (2004), onde as variáveis peso de mil grãos (31,0%), altura da espiga (21,7%) e peso de espiga (16,4%) foram as mais relevantes para a formação da divergência genética.

Tabela 13. Contribuição relativa (S.j) de cada variável para a formação da divergência genética pelo método de Singh (1981) associados ao conjunto de progênies de milho crioulo. Ponta Grossa, 2017.

Variável*	S.j	Valor (%)
AIE (cm)	6666,83	11,01
AP (cm)	8494,71	14,02
NTESP	9194,87	15,18
NTESPC	114,71	0,19
CESPC (cm)	6155,18	10,16
DESPC (cm)	6326,69	10,44
%ESPC	5783,74	9,55
REND ($t ha^{-1}$)	5711,42	9,43
DEFM (dias)	7898,81	13,04
DEFF (dias)	4227,31	6,98

*(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha^{-1} , (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

Para Simon, Kamada e Moitero (2012) as variáveis massa de mil grãos, produtividade e número de grãos por fileira foram as variáveis mais importantes para a divergência genética quando o experimento foi avaliado na safrinha. Coimbra et al. (2012) citaram as características altura de planta e o peso de mil grãos como as mais relevantes para a estimativa da divergência.

A grande maioria dos trabalhos publicados concordam que variáveis ligadas ao rendimento e altura de planta e espiga, são as que mais contribuem para a formação da divergência genética e discriminação entre os diferentes acessos de milho. Entretanto, para os resultados obtidos por Nardino et al. (2017), as variáveis profundidade de grão (33,33%), diâmetro de sabugo (18,22%), peso do sabugo (9,62%) e diâmetro da espiga (9,01%) foram as mais relevantes, enquanto as variáveis prolificidade, número de grãos por fileira, altura de plantas e peso de espigas somaram juntas apenas 4,37%. Neste sentido, Nagalakshmi, Kumari e Boranayaka (2010) evidenciaram que a contribuição depende na maioria dos casos dos genótipos utilizados no estudo e na influência que o ambiente exerce sobre a expressão fenotípicas dos caracteres.

A análise de agrupamento através da metodologia de ligação média entre grupos (UPGMA) possibilitou a formação de grupos de genótipos de acordo com o índice de dissimilaridade ilustrado no dendrograma da Figura 3.

O ponto de corte no dendrograma foi estabelecido pelo método de Mojena (1977), a partir de uma constante $k = 0,45$, sendo determinado em uma dissimilaridade genética de 29,77% (Figura 3). As progênies 3, 29, 42, 45, 50, 57, 60, 62, 67, 72, 80 não foram agrupadas e permaneceram isoladas (Figura 3).

No grupo I foram agrupadas sete progênies de meios-irmãos (30, 95, 49, 18, 89, 15 e 13) e no grupo II ficaram alocadas quatro progênies sendo as progênies de meios-irmãos 19 e 5 juntamente com as testemunhas comerciais AG1051 e Cativerde. Os grupos III, IV e V alocaram 5, 3 e 2 progênies, respectivamente. O grupo VI foi composto pelas progênies 88, 66, 64, 82, 21, 63, 76, 31, 61 e 36, seguido pelos grupos VII e VIII com 9 e 5 progênies de meios-irmãos, respectivamente (Figura 3). Os grupos no dendrograma formados pelo maior número de genótipos foram o IX e X, com 16 e 28 progênies de meios-irmãos, respectivamente (Tabela 14).

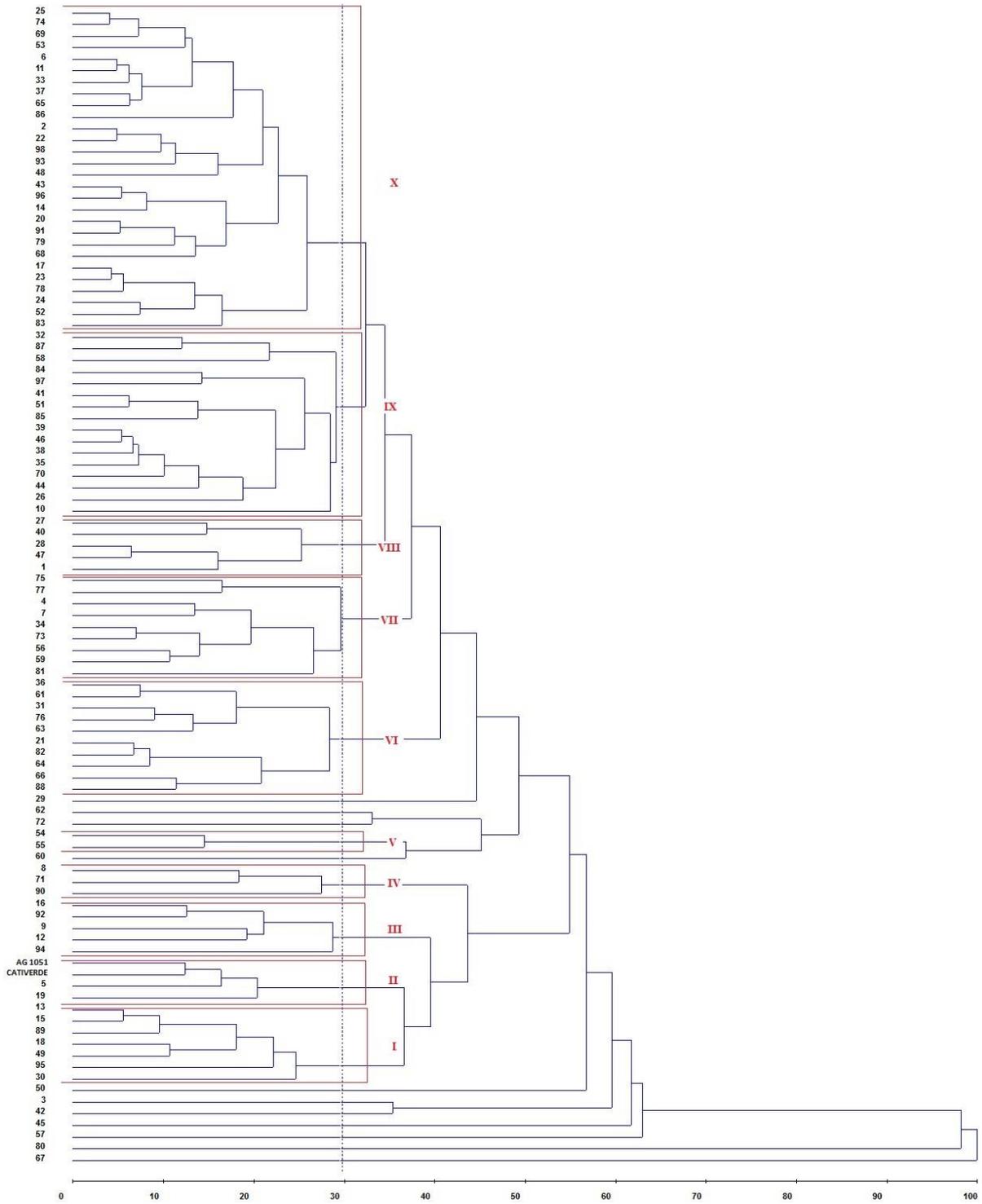


Figura 3. Agrupamento das progênies de meios-irmãos de milho crioulo e testemunhas através do método UPGMA a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Ponta Grossa, 2017.

Tabela 14. Composição dos grupos de progênies de milho crioulo obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.

Grupos	N*	Genótipos										
I	7	30	95	49	18	89	15	13				
II	4	19	5	AG1051	Cativerde							
III	5	94	12	9	92	16						
IV	3	90	71	8								
V	2	55	54									
VI	10	88	66	64	82	21	63	76	31	61	36	
VII	9	81	59	56	73	34	7	4	77	75		
VIII	5	1	47	28	40	27						
IX	16	10	26	44	70	35	38	46	39	85	51	
		41	97	84	58	87	32					
X	28	83	52	24	78	23	17	68	79	91	20	
		14	96	43	48	93	98	22	2	86	65	
		37	33	11	6	53	69	74	25			
NA**	11	67	80	57	45	42	3	50	60	72	62	
		29										

*N número de genótipos que compõe o grupo. ** Não agrupados.

5.2.4 Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher

O agrupamento pelo método de Otimização de Tocher possibilitou a organização das progênies em seis grupos distintos, demonstrando uma redução considerável em comparação ao número de grupos formado pelo método UPGMA no dendrograma. O agrupamento pelo método de Tocher utiliza as distâncias genéticas entre os pares de genótipos, mantendo a homogeneidade dentro e a heterogeneidade entre os grupos (Tabela 15). Vasconcelos et al. (2007) ressaltam que esse método apresenta a tendência em reunir um grande número de genótipos nos primeiros grupos e manter indivíduos agrupados isoladamente nos últimos grupos.

O primeiro grupo representa o maior agrupamento formado onde foram alocadas 73 progênies, enquanto apenas três progênies foram alocadas no grupo II (21, 82 e 60). O grupo III foi formado por nove progênies 5, 19, 95, 71, 94, 16, 12 além das testemunhas comerciais AG1051 e CATIVERDE. Os demais grupos IV, V e VI foram formados por 4, 2 e 2 progênies, respectivamente. As progênies 90, 54, 45 57, 9, 80 e 67 permaneceram isoladas não formando nenhum grupo pelo método de Otimização de Tocher, sendo que a maioria delas já não tinha sido agrupada pelo método UPGMA. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004) indivíduos que

permanecem isolados e não compõem nenhum grupo, apontam como os mais divergentes em relação aos demais.

Tabela 15. Composição dos grupos de progênies obtidos a partir da análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher baseado na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2017.

Grupo	N*	Genótipos											
I	73	25	74	69	11	37	65	6	33	2	39	91	24
		76	53	31	17	22	46	23	79	48	52	38	51
		85	56	78	40	35	32	59	70	73	34	20	43
		14	96	18	28	89	7	13	47	92	68	75	97
		98	55	84	83	44	1	41	86	93	66	87	8
		58	36	61	10	88	63	4	64	81	15	27	26
		29											
II	3	21	82	60									
III	9	Cativerde	AG1051	5	19	95	71	94	16	12			
IV	4	50	77	30	49								
V	2	62	72										
VI	2	3	42										
NA**	7	90	54	45	57	9	80	67					

*N (número de progênies que compõe o grupo). **Não agrupadas

Apesar da redução no número de grupos, os métodos de agrupamento UPGMA e de Otimização de Tocher, ambos alocaram de forma semelhante as progênies de meios-irmãos baseados na dissimilaridade genética (Tabelas 14 e 15). Coimbra et al. (2010) demonstraram o mesmo padrão de agrupamento entre os métodos de variáveis canônicas e otimização de Tocher, reforçando o argumento de similaridade genética entre os indivíduos. Outros autores como Elias et al. (2007), Zuin et al. (2009), Silva et al. (2016), Simon, Kamada e Moitero (2012) revelaram este mesmo padrão e afirmaram que quando a dissimilaridade entre acessos é estimada por dois métodos (UPGMA e Otimização de Tocher) confere uma maior segurança em discriminar genótipos quanto à divergência genética. Para Büttow et al. (2010), as pequenas diferenças entre os métodos ocorre em função da forma distinta em realizar o cálculo da variabilidade genética, porém a similaridade entre os genótipos os aproximam. Para Silva et al. (2016) as testemunhas comerciais de milho AG1051 e Cativerde foram constituintes de um grupo pelo método de UPGMA e pelo Método de Tocher somente AG1051 permaneceu isolado principalmente em função das características fenológicas e morfológicas desse híbrido comercial.

As médias fenotípicas das variáveis para cada grupo gerado pelo método de Otimização de Tocher são apresentadas na Tabela 16. O grupo I apresentou desempenho mediano em relação aos demais, não havendo destaque para nenhuma das variáveis fenotípicas avaliadas. As três progênes alocadas no grupo II, destacaram-se por apresentar baixa estatura de planta e inserção de espiga, variáveis que influenciam na estabilidade da planta e resistência ao acamamento. Porém, este grupo demonstrou baixo desempenho em variáveis associadas ao rendimento de espigas. O grupo III composto por sete progênes mais as duas testemunhas comerciais apresentaram número total de espigas acima de 50.000 espigas ha⁻¹ com aproveitamento comercial acima de 85%. O grupo IV obteve destaque na porcentagem de espigas comerciais, seguido pelo grupo V que apresentou precocidade para o ciclo feminino e maior diâmetro de espigas comerciais. O grupo VI formado pelas progênes 3 e 42 foi o que teve melhor desempenho entre os demais grupos, onde cinco das dez variáveis foram superiores, tendo destaque naquelas variáveis associadas ao rendimento de espigas (número total de espigas comerciais, rendimento e comprimento de espigas) e para a precocidade do ciclo masculino (Tabela 16).

Tabela 16. Desempenho médio dos grupos de progênes obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V	Grupo VI
AIE (cm)	1,39	1,19	1,49	1,49	1,35	1,36
AP (cm)	2,40	2,12	2,48	2,59	2,47	2,32
NTESP	53.056,82	44.907,41	51.466,05	47.453,70	49.768,52	54.166,67
NTESPC	42.189,88	32.561,73	43.441,36	40.162,04	37.962,96	45.601,85
CESPC (cm)	14,71	13,81	15,72	15,65	15,13	17,18
DESPC (cm)	4,69	4,76	4,59	4,75	5,07	4,55
%ESPC	79,78	72,79	85,31	85,07	74,81	82,69
REND (t ha ⁻¹)	7,89	5,64	7,89	8,03	7,79	8,69
DEFM (dias)	61,06	61,22	63,07	61,08	62,00	60,67
DEFF (dias)	66,58	65,89	66,59	67,92	65,17	67,17
*N	73	3	9	4	2	2

(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino. *N (número de genótipos que compõe o grupo).

Hallauer e Miranda Filho (1988) enfatizam que cruzamentos entre genótipos que obtêm médias elevadas e divergentes devem ser realizadas, pois ampliam as chances de sucesso na busca de genótipos com características de interesse nas etapas de recombinação e seleção. Neste sentido, a escolha de genótipos do grupo II e VI para recombinação poderia ser uma

ótima opção para ampliar a frequência dos alelos favoráveis para produção de milho verde, já que os dois grupos dispõem de genótipos com superioridade em plantas de menor estatura e inserção de espigas e elevado rendimento de espigas associado a precocidade.

5.2.5 Análise de componentes principais

A análise de componentes principais (ACP) possibilitou, a partir das dez variáveis analisadas para as 98 progênies de meios-irmãos e duas testemunhas comerciais, reduzir a dimensão para três componentes principais, os quais explicaram 63,99% da variação fenotípica total das variáveis estudadas, sendo que para o primeiro, segundo e terceiro componente principal (CP) foram obtidos percentuais de 34,29; 16,73 e 12,97%, respectivamente (Tabela 17). Estes percentuais estão de acordo com a literatura como por exemplo o trabalho de Netto et al. (2004) que obtiveram o primeiro componente concentrando 33,65% da variância total, o segundo 27,57% e o terceiro 9,35%, explicando 70,57% da variância total observada. Santos et al. (2011) ao testar 15 híbridos comerciais de milho em sete locais distintos do Paraná verificaram que os três primeiros componentes principais acumularam 80,1% da variância total.

Tabela 17. Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2017.

Componentes	λ_j	λ_j (%)	% Variância Acumulada
CP 1	3,43	34,29	34,29
CP 2	1,67	16,73	51,02
CP 3	1,30	12,98	63,99
CP 4	1,05	10,49	74,48
CP 5	0,96	9,58	84,06
CP 6	0,77	7,71	91,77
CP 7	0,58	5,80	97,56
CP 8	0,16	1,64	99,20
CP 9	0,08	0,75	99,95
CP 10	0,01	0,05	100,00

A literatura especializada demonstra que 75 a 85% da variância total deve ser explicada pelos dois ou três primeiros componentes principais. Alguns referenciais citam valores acima de 80%, porém deve-se levar em conta o tamanho da população utilizada e o número de variáveis analisadas nos experimentos. Silva (2014) utilizando esta mesma base genética obteve variância acumulada de 69,91% nos três primeiros componentes. O autor comenta que o valor é considerado adequado, levando-se em consideração o elevado número

de características avaliadas, bem como o grande número de progênies de meios-irmãos em avaliação.

A partir dos coeficientes dos autovetores fornecidos pela análise é possível identificar quais variáveis foram mais importantes para a formação de cada componente principal. Os coeficientes dos autovetores no CP1 demonstram que o REND (0,70) foi a característica que mais contribuiu com este componente sendo associada positivamente ao NTESP (0,33) e negativamente ao AIE (-0,33) e AP (-0,45), sendo essas quatro características as que mais influenciaram na formação do CP1. Neste sentido, genótipos de milho crioulo que obtiveram escores positivos no CP1, serão aqueles com maior rendimento de espigas e menor estatura de plantas que traz estabilidade e resistência ao acamamento. No CP2 os maiores coeficientes de autovetores foram obtidos para o REND (-0,69) com associação negativa ao componente principal. No CP3 o maior coeficiente do autovetor foi obtido na variável DEFF (-0,59), associado negativamente ao componente principal (Tabela 18).

Tabela 18. Autovetores associados aos três primeiros componentes principais e importância relativa de cada variável para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis	CP1		CP2		CP3	
	Autovetor	%	Autovetor	%	Autovetor	%
AIE (cm)	-0,33	10,59	-0,34	11,53	-0,40	15,71
AP (cm)	-0,45	19,94	-0,45	20,04	0,33	10,97
NTESP	0,33	11,06	0,25	6,18	0,29	8,29
NTESPC	0,03	0,07	-0,09	0,73	0,02	0,03
CESPC (cm)	0,26	6,52	0,18	3,32	0,11	1,15
DESPC (cm)	0,12	1,49	0,23	5,04	-0,43	18,73
%ESPC	0,08	0,71	0,24	5,79	-0,09	0,87
REND (t ha ⁻¹)	0,70	49,55	-0,69	47,28	-0,07	0,50
DEFM (dias)	0,03	0,07	-0,03	0,09	0,30	8,84
DEFF (dias)	0,00	0,00	-0,01	0,01	-0,59	34,90

(AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

A partir da projeção gráfica dos componentes principais foi possível identificar os grupos de genótipos mais similares fenotipicamente agrupados pelo teste de Otimização de Tocher que demonstrou uma dispersão do grupo I (maior grupo com 73 progênies) em relação aos eixos dos CP1, CP2 e CP3 (Figura 4). Progênies de meios-irmãos deslocadas à direita do eixo central obtiveram desempenho superior em rendimento de espigas, baixa estatura e menor prolificidade de acordo com os autovetores associados ao CP1, características altamente

desejáveis à produção e desenvolvimento da cultura. As testemunhas comerciais Cativerde (99) e AG1051 (100) se encontram na região média do CP1 com rendimento médio em relação às progênes, mas deslocadas mais acima em relação aos CP2 e CP3. Além disso, é possível verificar o isolamento das progênes 21 e 82 para o eixo do CP1, as quais permaneceram deslocadas mais à esquerda, devido ao baixo desempenho em relação ao rendimento de espigas. Em contrapartida as progênes 1 e 44 permaneceram deslocadas mais à direita do CP1 apresentando o melhor desempenho para o rendimento de espigas (Figura 4).

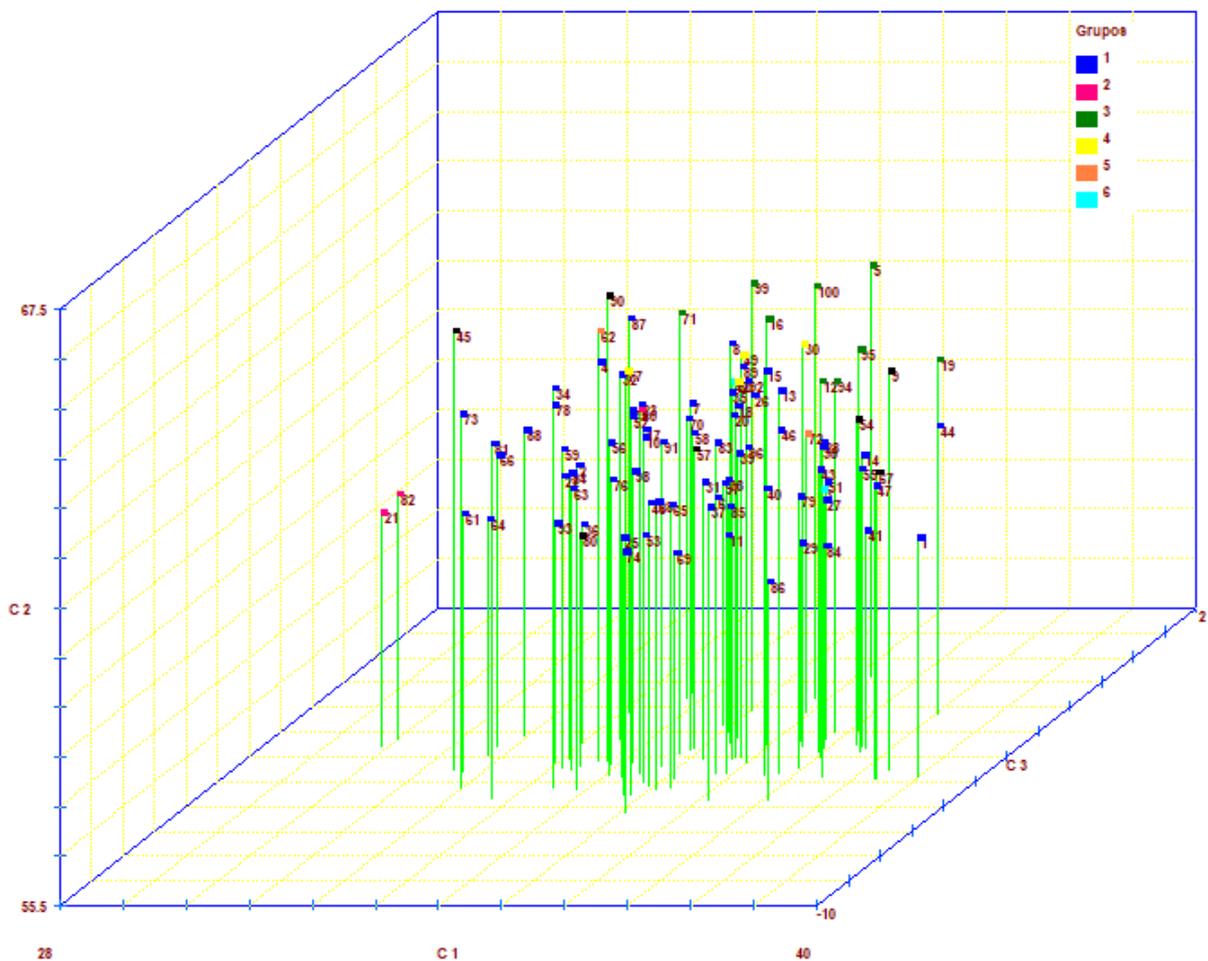


Figura 4. Dispersão gráfica dos escores do conjunto de progênes de meios-irmãos de milho crioulo e testemunhas para os três primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2017.

A seleção das melhores progênes de meios-irmãos foi baseada na análise de componentes principais que indicou que as características ligadas ao rendimento de espigas e estatura de plantas foram as variáveis com autovetores mais influentes para a formação do primeiro componente principal. Desta maneira, foram escolhidas as 30 progênes que obtiveram maior destaque nestas variáveis, simbolizando uma intensidade de seleção de 30% sobre o

conjunto inicial. Na Tabela 19 são apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos de herdabilidade e ganhos esperados com a seleção artificial.

Tabela 19. Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênes de milho crioulo selecionadas a partir dos escores do CPI. Ponta Grossa, 2017.

Variáveis	Y _s	Y ₀	h ²	ds	GS	GS%
AIE (cm)	1,43	1,40	0,56	0,02	0,01	0,95
AP (cm)	2,44	2,41	0,62	0,04	0,02	0,90
NTESP	58.425,93	52.598,26	0,49	5.827,66	2.868,96	5,45
NTESPC	48.209,88	41.928,86	0,50	6.281,02	3.156,21	7,53
CESPC (cm)	14,95	14,84	0,35	0,11	0,04	0,25
DESPC (cm)	4,73	4,69	0,48	0,03	0,02	0,35
%ESPC	82,76	79,92	0,29	2,84	0,81	1,01
REND (t ha ⁻¹)	9,21	7,84	0,52	1,37	0,71	9,09
DEFM (dias)	61,18	61,28	0,52	-0,10	-0,05	-0,09
DEFF (dias)	66,48	66,60	0,23	-0,12	-0,03	-0,04

(Y₀) média original, (Y_s) média das progênes selecionadas, (h²) herdabilidade no sentido amplo, (ds) diferencial de seleção, (GS) ganho esperado com a seleção e (GS%) ganho esperado com a seleção em porcentagem, (AIE) altura de inserção de espiga, (AP) altura de plantas, (NTESP) número total de espigas, (NTESPC) número total de espigas comerciais, (CESPC) comprimento de espigas comerciais, (DESPC) diâmetro de espigas comerciais, (%ESPC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espigas ha⁻¹, (DEFM) ciclo masculino e (DEFF) ciclo feminino.

Os resultados mais expressivos para ganho percentual com a seleção artificial foram verificados para as variáveis REND (9,09%), NTESPC (7,53%) e NTESP (5,46%), somando juntas 22,08% de ganhos possíveis com a seleção a ser realizada para características ligas ao potencial produtivo, (%), as variáveis AIE (0,95) e AP (0,90) ligadas a estatura de planta e DEFM (-0,09) e DEFF (-0,04) inerentes ao ciclo foram as que apresentaram os menos valores de GS%. Os percentuais obtidos se assemelham aos relatados por Silva (2014) que verificou valores expressivos de ganho com a seleção em características ligadas ao potencial produtivo de progênes como rendimento de espigas comerciais (7,18%) e número de espigas comerciais (6,56%), as variáveis relacionadas à estatura e ciclo também se assemelham pela baixa magnitude alcançada. Oliveira et al. (2015) ao testar os cruzamentos de 51 acessos provenientes do CIMMYT com os genótipos P3041, CMS 14C e ESALQ PB23 verificaram valores de GS% semelhantes, relativos à produtividade de grãos com valor médio de 10,81%. Kinfe e Tsehaye (2015) avaliando 48 híbridos estimaram valores variando desde 1,75% para o ciclo feminino até 21,54% para o peso de 100 grãos. Singh, Kumar e Jasmine (2017) ao avaliar 21 genótipos de milho encontraram ganhos de para altura de plantas e altura de inserção de espigas de 54,65% e 31,13% respectivamente e 46,50% ligados à produtividade de grãos por planta.

Silva (2014) comenta que em características controladas por um grande número de genes como as variáveis associadas ao rendimento, normalmente há uma maior complexidade gênica no controle destas características onde os ganhos com seleção podem ser mais complexos. No trabalho realizado pelo autor as variáveis número de espigas empalhadas (41,16%), porcentagem de espigas empalhadas (39,95%), rendimento de espigas empalhadas (52,00%), número de espigas comerciais (53,68%), porcentagem de espigas comerciais (36,69%), rendimento de espigas comerciais (48,97%), diâmetro (35,29%) e o comprimento de espiga comerciais (37,27%) apresentaram baixos valores ligados à herdabilidade se mostrando inferiores a 55%.

A literatura especializada apresenta resultados distintos referentes à herdabilidade e ao ganho esperado, sendo que o tipo de material utilizado (variedades de polinização aberta, tipos de híbridos e linhagens), quantidade de ciclos de seleção aplicados aos genótipos e as condições ambientais de avaliação, exercem grande influência sobre esses parâmetros. Assim, as progênies de meios-irmãos de milho crioulo que concentraram as características mais favoráveis para a aptidão milho verde foram a 1, 4, 27, 29, 41 e 67, uma vez que demonstraram rendimento de espigas superior a 10 t ha^{-1} . Luz et al. (2014) relataram que os híbridos SWC01 e SWC02 (milho verde) apresentaram rendimento máximo de 8,87 e 9,45 t ha^{-1} de grãos, respectivamente. Silva (2014) obteve bom desempenho para o rendimento de espigas de progênies de meios-irmãos com produtividade máxima de $17,2 \text{ t ha}^{-1}$, muito acima das testemunhas comerciais (AG1051 e Cativerde). Os resultados obtidos concordam com os encontrados na literatura, sendo satisfatórios pois representam um elevado potencial produtivo.

6 CONCLUSÕES

As progênies de meios-irmãos de milho superdoce e crioulo apresentaram potencial para a produção de milho verde, pela adequada aptidão agronômica bem como pelo elevado potencial genético para o rendimento de espigas em relação as testemunhas comerciais utilizadas nos experimentos;

As estimativas de parâmetros genéticos demonstraram elevada variabilidade genética entre as progênies dos dois germoplasmas de milho (superdoce e crioulo) para todas as características avaliadas. Indicando a possibilidade de ganho genético esperado com a seleção artificial baseada em variáveis correlacionadas ao rendimento de espigas.

Os métodos de agrupamento UPGMA e de Otimização de Tocher foram eficazes em agrupar os genótipos mais similares geneticamente baseando-se nas características fenotípicas. O método UPGMA se mostrou mais sensível, uma vez que separou os genótipos em um maior número de grupos;

A análise de componentes principais (CP) possibilitou a redução do conjunto de 10 variáveis estudadas em três componentes principais explicando 71,69% da variância fenotípica total para o germoplasma de milho superdoce e de 63,99% para o germoplasma de milho crioulo.

A magnitude dos autovetores do CP1 indicaram as variáveis rendimento de espigas, número total de espigas, altura de planta e altura de inserção da espiga principal como as mais importantes para a definição das progênies com maior aptidão para a produção de milho verde. Desta forma, foi possível selecionar 27 progênies de meios-irmãos de milho superdoce e de 30 progênies de meios-irmãos de milho crioulo, a partir da aplicação de uma intensidade de seleção de 30%;

As progênies 36, 15, 8, 38 e 60 destacaram-se como as mais promissoras para a produção de milho verde superdoce, enquanto que as progênies 27, 1, 67, 41, 29 e 4 foram consideradas as mais promissoras para a produção de milho verde crioulo.

7 REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgar Blucer, 381p. 1971.
- ANDRADE, J. A. da C.; MIRANDA FILHO, J. B. de. Quantitative variation in the tropical maize population, ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, v. 65, n. 02, p. 174-182, 2008.
- ARAGÃO, C. A. **Avaliação de híbridos simples braquíticos de milho superdoce (*Zea mays* L.) portadores do gene *shrunk* (*sh2sh2*) utilizando esquema dialélico parcial**. 2002. Tese de Doutorado. Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu. 101p., 2002.
- ARAÚJO, P. M., NASS, L. L.; Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**. Piracicaba, Brasil., v.59, n.3, p.589-593, 2002. ISSN 0103-9016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162002000300027>. Acesso em 01 nov. 2017.
- ARAÚJO, P. M.; SANTOS, V. S.; BISON, O.; SOUZA, J. C. Avaliação de famílias de meios-irmãos de milho em diferentes espaçamentos entre linhas. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.4, n.3, p.428-435, 2005.
- ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; SANGOI, L. Arranjo de plantas em milho: análise do estado da arte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 31, n. 6, p. 1075-1084, 2001.
- BALBINOT JR. A. A.; BACKES, R. L.; ALVES, A. C.; OGLIARI, J. B.; FONSECA, J. A. da. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.11, n.2, p.161-166, 2005.
- BARBIERI, V. H. B.; LUZ, J. M. Q.; BRITO, C. H.; DUARTE, J. M.; GOMES, L. S.; SANTANA, D. G. Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamento e populações de plantas. **Horticultura Brasileira**, v. 23, p. 826-830, 2006.
- BELLO O. B.; IGE S. A.; AZEEZ M. A.; AFOLABI M. S.; ABDULMALIQ S. Y.; MAHAMOOD J. Heritability and Genetic Advance for Grain Yield and its Component Characters in Maize (*Zea Mays* L.) **International Journal of Plant Research**, v. 2, n. 5, p. 138-145, 2012.
- BONOMO, P.; SAMPAIO, N. F.; VIANA, J. S. M.; BORÉM, A. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos na população de milho palha roxa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 17, n. 272, p. 383-392, 2000.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa, MG: 529 p. Ed. UFV, 2009.
- BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. **Introdução a análise de agrupamentos**. São Paulo: Associação Brasileira de Estatística, 105 p. 1990.
- BÜTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F. I. F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**, v. 40, n. 6, p. 1264-1269, 2010.

CAMILO, J. S., BARBIERI, V. H. B., RANGEL, R. M., BONNAS, D. S., LUZ, J. M. Q., OLIVEIRA, R.C.; Aceitação sensorial de híbridos de milho doce e híbridos de milho verde em intervalos de colheita. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 62, n.1, p. 001-008, 2015.

CANCELLIER, L. L.; AFFERRI, F. S.; CRUZ, O. S.; PELUZIO, J. M.; MELO, A. V. de. Desempenho de populações de milho para produção de grãos e consumo *in natura* no Estado de Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 542-553, 2011.

CARVALHO, F. I. F.; UITDEWILLIGEN, W. P. M.; FEDERIZZI, L. C.; GOMES, E. P.; PFEIFER, A. B.; MATOS, M. A. O. Herdabilidade do caráter estatura de planta de trigo: Estimativa através do coeficiente de regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 16, p. 55-67, 1981.

CARVALHO, H. W. L.; GUIMARÃES, P. E. O.; LEAL, M. L. S.; CARVALHO, P. C. L.; SANTOS, M. C. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1577-1584, ago. 2000.

CARVALHO, H. W. L.; SANTOS, M. X.; LEAL, M. L. S.; SOUZA, E. M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 1, p. 73 -78, jan. 2003.

CARVALHO, H. W. L.; SOUZA, E. M. de. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 42, n. 6, p. 803-809, 2007.

CENTRAIS DE ABASTECIMENTO DO PARANÁ – CEASA. **Volumes Comercializados nas Unidades Atacadistas**. Curitiba, 2017. Disponível em: http://celepar7.pr.gov.br/ceasa/result_evolucao_das_unidades.asp. Acesso em 15 nov. 2017.

CHURATA, B. G. M.; AYALA-OSUNA, J. T. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente e análise de trilha em caracteres avaliados no composto de milho (*Zea mays*) arquitetura. **Revista Ceres**, v. 43, p. 628-636, 1996. Disponível em: <http://www.ceres.ufv.br/CERES/revistas/V43N249P05096.pdf>. Acesso em 15 out. 2017.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V. de; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 1, p. 159-166, 2010. Disponível em: <http://ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/347>>. Acesso em: 15 out. 2017.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; SILVA, D. J. H. DA; VILELA, R. A. Amostragem de acessos introduzidos e melhorados para composição de uma coleção núcleo de milho. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 184-194, Mar. 2012. Disponível em http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1806-66902012000100023&lng=en&nrm=iso Acesso em 21 out. 2017.

Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2017/2018- Primeiro levantamento - outubro 2017**. v. 5, n. 1, 2017. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_10_16_16_34_39_graos_outubro_2017.pdf. Acesso em 16 out. 2017.

COURTER, J. W., RHODES, A. M., GARWOOD, D. L., MOSELY, P. R.; Classification of vegetables corns. **HortScience**, v. 23, p. 449-450, 1988.

CRUZ C. D.; FERREIRA F. M.; PESSONI L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 620p. 2011.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 2. Viçosa, MG, Ed. UFV. 585p. 2003.

CRUZ, C. D.; MIRANDA, J. E. C.; COSTA, C. P. Correlações, efeitos diretos e indiretos de caracteres agrônômicos sobre a produção de pimentão (*Capsicum annuum* L.) **Revista Brasileira de Genética**. V. 11, p. 921-928, 1988.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa, MG, Ed. UFV. 390p, 2001.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. Tese (Doutorado) ESALQ/USP, Piracicaba, 188 p. 1990.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG, Ed. UFV. 279p. 2004.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E.; SIMÃO, E. de P. Quatrocentas e Setenta e Sete Cultivares de Milho estão Disponíveis no Mercado de Sementes do Brasil para a Safra 2015/16. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, **Documentos** 184, 28 p. 2015.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; SIMÃO, E. 478 Cultivares de Milho estão Disponíveis no Mercado de Sementes do Brasil para a Safra 2014/15. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, **Documentos** 167, 37 p. 2014.

DAGLA, M. C.; GADAG, R. N.; SHARMA, O. P.; KUMAR, N. Genetic variability and correlation among yield and quality traits in sweet corn. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 6, n. 2, p. 500-505, 2015.

DAHER, R. F.; MORAES, C. F.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, A. V.; XAVIER, D. F. Seleção de caracteres morfológicos em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 26, n. 2, p. 247-259, 1997

DOTTO, M. A.; AFFERRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; MELO, A. V. de; CARVALHO, E. V. de. Divergência genética entre cultivares comerciais de milho em baixas altitudes no Tocantins, safra 2007/2008. **Revista Ciências Agrônômicas**, v. 41, n. 4, p. 630-637, out-dez, 2010

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

DUARTE, J. O. **Introdução e Importância Econômica do Milho**. Embrapa Milho e Sorgo, Sistema de Produção 1, 2000. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho/importancia.htm>>. Acesso em 16 ago. 2017.

DUARTE, J. O.; GARCIA, J. C.; MIRANDA, R. A. **Economia da produção**. Embrapa Milho e Sorgo. Sistema de Produção 1, 7ª ed. Set./2011. Disponível em <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_7ed/economia.htm>. Acesso em 16 ago. 2017

ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, 2007.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2 ed. Brasília: Embrapa, 306 p. 2006.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa, MG, Ed. UFV. 279p. 1987.

FALUBA, J. S.; MIRANDA, G. V.; DE LIMA, R. O.; SOUZA, L. V. de; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 6, p. 1250-1256, June 2010. Disponível em <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782010000600002&lng=en&nrm=iso>. Acesso em 22 Set. 2017.

FAOSTAT – **Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO Statistical Databases**. Disponível em: < <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/E>>. Acesso em 02 nov. 2017.

FERREIRA, J. M.; MOREIRA, R. M. P.; HIDALGO, J. A. F. Capacidade combinatória e heterose em populações de milho crioulo. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 2, p. 332-339, mar./abr, 2009.

FORNASIERI FILHO, D. **A cultura do milho**, Jaboticabal, FUNEP, 273 p, 1992.

FORNASIERI FILHO, D.; CASTELLANE, P. D.; DECARO, S. Competição de cultivares de milho doce. **Horticultura Brasileira**, v. 6, n. 1 p. 20-22, 1988.

FREITAS, Z. M. T. S. de; LEMOS, M. A.; GAMA, E. E. G.; TABOSA, J. N.; SANTOS, V. F. dos. Parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de milho doce Cristal - II ciclo. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22. 1998, Recife. Globalização e segurança alimentar: **anais**. Recife: IPA, 1998.

GAMA, E. E. G., PARENTONI, S. N., LEMOS, M. A.; Tipos especiais de milho. In: EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo. **Relatório Técnico Anual**; p. 164-165, 1992.

GAMA, E. E. G.; PARENTONI, S. N.; REIFSCHNEIDER, F. J. B. Origem e importância do milho doce. In: EMPRESA AGROPECUÁRIA BRASILEIRA. A cultura do milho doce. Sete Lagoas, 1992. p.5-34. (**Circular Técnica**, 18).

GHOSH, A.; SUBBA, V.; ROY, A.; GHOSH, A.; KUNDAGRAMI, S. Genetic variability and character association of grain yield components in some inbred lines of maize (*Zea mays* L.). **Journal of Agroecology and Natural Resource Management**. v. 1, n. 2, p. 34-39, 2014.

GLOVER, D. V., MERTZ, E. T. Corn. In: OLSON, R. A., FREY, K. J. Nutritional quality of cereal grains: genetic and agronomic improvement. Madison: **American Society of Agronomy**, cap.6, p.183-336, 1987.

GRIGULO, A. S. M., AZEVEDO, V. H., KRAUSE, W., AZEVEDO, P. H.; Avaliação do desempenho de genótipos de milho para consumo in natura em Tangará da Serra, MT, Brasil. **Bioscience Journal**, v. 27; p. 603-608, 2011.

HAIR, F. J.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados**. Tradução Adonai Schlup Sant'Anna. 6. ed., Porto Alegre, RS, Ed. Bookman, 2009.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa University Press, 468p. 1988.

HEFNY, M. Genetic parameters and path analysis of yield and its components in corn inbred lines (*Zea mays* L.) at different sowing dates. **Asian Journal of Crop Science**, v.3, n.3, p. 106-117, 2011.

HOSSAIN, A. R. M. M; JOARDER, N. Studies on some mechanical cells in the basal internodes of some rice cultivars in relation to lodging. **Pakistan Journal Agricultural Research**, v. 8, p. 24-28, 1987.

JAMES, F. C.; McCULLOCH, C. E. Multivariate analysis in ecology and systematics: Panacea or Pandora's box? **Annual Review Ecology Systematic**, v. 21, p. 129-66, 1990.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Englewood Cliffs. 642p, 1992.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. F; COMSTOCK, R. E. Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. **Agronomy. Journal**. V. 47, p. 314-318, 1955.

KENDALL, M. **Multivariate analysis**. High Wycombe, Charles Griffin, 209p. 1980.

KINFE, H.; TSEHAYE, Y. Studies of Heritability, Genetic Parameters, Correlation and Path Coefficient in Elite Maize Hybrids. **Academic Research Journal of Agricultural Science and Research**. v. 3, n. 10, p. 296-303, 2015.

KIST, V. **Seleção recorrente de famílias de meios-irmãos em população composta de milho procedente de Anchieta-SC**. 2006, 149 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2006.

LAUGHNAN, J. R. The effect of the sh2 factor on carbohydrate reserves in the mature endosperm of maize. **Genetics**. v. 38, p. 485-99, 1953.

- LEDO, C. A. da S.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 6, p. 1214-1221, 2003.
- LIBERATO, J. R. **Aplicação de técnica de análise multivariada em fitopatologia**. Viçosa, MG: UFV, 1995, 144p. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Viçosa, 1995.
- LUZ, J. M. Q.; CAMILO, J. S.; BARBIERI, V. H. B.; RANGEL, R. M.; OLIVEIRA, R. C. Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p. 163-167, 2014.
- MACHADO, J. A. **Melhoramento genético do milho doce (*Zea mays* L.)**. 1980, 78 p. Dissertação (mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq), Piracicaba, 1980.
- MANLY, B. J. F. **Métodos estatísticos multivariados**. 3 ed. New York: Bookman. 230p. 2008.
- MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. Academic Press, 521 p. 1979.
- MINGOTI, S. A. **Análise de Dados Através de Métodos de Estatística Multivariada: Uma abordagem Aplicada**. Belo Horizonte, MG, Editora UFMG, 2005.
- MISTRO, J. C. **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex. A. Froehner)**. 2013. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.
- MOJENA R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal** v. 20, p. 359-363, 1977.
- MORRISON, D. F. **Multivariate statistical method**. McGraw - Hill Book Co, 415 p. 1976.
- NAGALAKSHMI, R. M.; KUMARI, R. U.; BORANAYAKA, M. B. Assessment of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata*). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 1, n. 4, p. 453-461, 2010.
- NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; FERRARI, M.; PELEGRIN, 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, n. 1, p. 164-174, 2017.
- NETTO, D. A. M.; SOUZA, I. R. P. de; OLIVEIRA, A. C. de; PINTO, C. A. B. P.; ANDRADE, R.V. de. Avaliação agronômica e molecular de acessos da coleção Núcleo de milho, subgrupo endosperma duro. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 3, n. 01, p. 92-107, 2004.
- OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M., BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; RESENDE, J. T. V. de. Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum Agronomia**, v. 34, n. 1, p. 37-44, 2012.

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

OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. dos; MIRANJA FILHO, J. B. de; MENDES, U. C.; RODRIGUES, L. O. Genetic variability and yield potential of three semiexotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1609-1617, Nov./Dec. 2015.

ORDAS, B.; BUTRON, A.; ALVAREZ, A.; REVILLA, P.; MALVAR, R. A. Comparison of two methods of reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 7, p. 1183-1191, 2012.

PAIXÃO, S. L.; CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; MADALENA, J. A. da S.; PEREIRA, R. G. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de Alagoas. **Revista Caatinga**, v. 21, n. 4, p. 191-195, 2008.

PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.)**. 1968, 92 f. Dissertação de Mestrado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1968.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento de milho. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 817p. 1999.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento de milho no Brasil**. 2 ed. Campinas. Fundação Cargill. Cap 6. p. 217-265, 1987.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: UDRY, C.W.; DUARTE, W. (Org.) **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, p.11-41, 2000.

PEREIRA, A. S. Composição, avaliação organoléptica e padrão de qualidade de cultivares de milho doce. **Horticultura Brasileira**, v. 5 n. 2, p. 22- 24, 1987.

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. Mercado de Sementes de Milho no Brasil Safra 2016/2017. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, **Documentos** 202, 28 p. 2016.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 472 p. 2004.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARAES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1595-1604, 2000.

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

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, mar./abr., 2011.

ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J. M.; CARVALHO, E. V. de. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 3, p. 516-521, 2012.

SANDANIELO, V. L. M. **Emprego de técnicas estatísticas na construção de índices de desenvolvimento sustentável aplicados a assentamentos rurais**. 2008. 165 f. Tese (Doutorado em Agronomia-Energia na Agricultura) – Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2008.

SANTOS, E. L. DOS; GARBUGLIO, D. D.; ARAÚJO, P. M. DE; GERAGE, A. C.; SHIOGA, P. S.; PRETE, C. E. C. Uni and multivariate methods applied to studies of phenotypic adaptability in maize (*Zea mays* L.). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 33, n. 4, p. 633-639. 2011.

SCHIMIDT, D. H., TRACY, W. F. Effects of starchy sugary-2 and sugary sugary-2 endosperm on pericarp thickness in sweet corn. **Hortscience**. v.23, n.1, p.885-886, 1988.

SILVA, D. F. G. **Aptidão, divergência genética e seleção de progênes de meios-irmãos para produção de milho verde**. 2014. 93 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual de Ponta Grossa, 2014.

SILVA, D. F. G.; COELHO, C. DE J.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J. R.; SILVA, A. R. DA, GRACZYKI, B. L.; OLIVEIRA, E. A. T.; MATIELLO, R. R. Genetic dissimilarity and definition of recombination clusters among green corn half-sib progenies. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 4, p. 401-410, 2016.

SILVA, J. B.; KARAM D. Manejo integrado de plantas daninhas na cultura do Milho. **O Ruralista**, Belo Horizonte, v.32, n. 414, p. 5-9, 1994.

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 2, p. 449-458, 2012.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, n. 2 p. 237-245, 1981.

SINGH, G.; KUMAR, R.; JASMINE. Genetic parameters and character association study for yield traits in maize (*Zea mays* L.). **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**. v. 6, n. 5, p. 808-813, 2017.

SOLOMON, K. F.; MARTIN, I.; ZEPPA, A. Genetic effects and genetic relationships among *shrunken* (*sh2*) sweet corn lines and F1 hybrids. **Euphytica**, v.185, p. 385–394, 2012.

SOUZA JUNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. *In*: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 159-199, 2001.

SOUZA, A. L. **Técnicas multivariadas aplicadas em manejo de florestas, material didático manejo florestal**. UFV, Viçosa – MG, 58p, 2002. Disponível em: <ftp://atenas.cpd.ufv.br/def/disciplinas/ENF642/Apostila-TECMULTIVARIADAS/Apostila-TECMULTIVAR.htm>. Acesso em 15 out. 2017.

SOUZA, A. R. R. e; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, L. V. de. Predicting the genetic gain in the Brazilian white maize landrace. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 1, p. 19-24, Feb. 2009. Disponível em <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782009000100004&lng=en&nrm=iso>. Acesso em 06 Out. 2017.

SOUZA, R. **Diversidade de variedades crioulas de milho doce e adocicado conservadas por agricultores do oeste de Santa Catarina**. 2015. 190p. Dissertação (Mestrado) Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2015.

SPRINGER, B.; WERR, W.; STARLINGER, P.; BENNETT, D. C.; ZOKOLICA, M.; FREELING, M. The shrunken gene on chromosome 9 of *Zea mays* L. is expressed in various plant tissues and encodes an anaerobic protein. **Molecular and General Genetics**, v. 205, p. 461-8, 1986.

STORK, L., LOVATO, C. Milho doce. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 2, p. 283-292, 1991.

SUHAISINI, B.; RAVIKESAVAN, R.; YUVARAJA, A. Genetic variability and correlation among yield and yield contributing traits in sweet corn. **Madras Agricultural Journal**, v. 103, n. 10-12, p. 293-296, 2016

TOSELLO, G. A. Milhos especiais e seu valor nutritivo. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. R. (2a ed.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas, Fundação Cargill, p. 373-408, 1987.

TRACY, W. F. **Sweet corn**. In: Hallauer A. R. (Ed.) Specialty corn. 2nd edition. Boca Raton, CRC Press. p. 155-198, 2001.

UGUR, A.; MADEN, H. A. Sowing and planting period on yield and ear quality of sweet corn (*Zea mays* L. var. *saccharata*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 39, n. 1, p. 48-57, 2015.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JUNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 1421-1428, 2007

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho**. Piracicaba – ESALQ: Fundação Cargill, Marprint, p. 122-201. 650 p. 1978.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 486 p. 1992.

ZUIN, G. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; VIGIGAL, M. C. G.; COIMBRA, G. K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 1, p. 21-30, 2009.