

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

DANILO FERNANDO GUIMARÃES SILVA

APTIDÃO, DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS
IRMÃOS PARA PRODUÇÃO DE MILHO VERDE

PONTA GROSSA
2014

DANILO FERNANDO GUIMARÃES SILVA

APTIDÃO, DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS
IRMÃOS PARA PRODUÇÃO DE MILHO VERDE

Dissertação apresentada à Universidade Estadual
de Ponta Grossa para obtenção do título de
Mestre em Agronomia, área de concentração
Agricultura.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello

PONTA GROSSA
2014

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

S586 Silva, Danilo Fernando Guimarães
 Aptidão, divergência genética e seleção
de progênies de meios irmãos para produção
de milho verde/ Danilo Fernando Guimarães
Silva. Ponta Grossa, 2014.
 97 f.

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

 1.Rendimento de espiga. 2.Seleção
recorrente. 3.Análise multivariada.
4.Parâmetros genéticos. 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: **“Aptidão, divergência genética e seleção de progênes de meios irmãos para produção de milho verde”.**

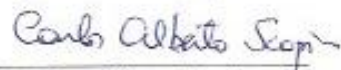
Nome: Danilo Fernando Guimarães Silva

Orientador: Rodrigo Rodrigues Matiello

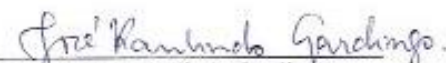
Aprovado pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello



Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim



Prof. Dr. José Raulindo Gardingo

Data da Realização: 20 de maio de 2014.

A minha mãe Leni Custódio Guimarães.
Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus primeiramente pela saúde, sabedoria, coragem e determinação a mim concedidos.

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.

Ao meu orientador Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello pelo acolhimento, dedicação, conselhos e conhecimentos compartilhados, os quais possibilitaram a conclusão desta dissertação.

A minha mãe Leni Custódio Guimarães pelo incentivo e amor incondicional durante minha trajetória pessoal e acadêmica.

A minha namorada Debora Cristine de Lima por todo amor e compreensão.

Aos colegas do laboratório de Genética Molecular: Caroline Coelho, Cristiane Romaneck, Débora Máximo, Daniele Tasior, Hellen Prochno, Eduardo Oliveira, Guilherme de Jong, Rodrigo Hilbert, Thaís da Silva, Vanessa Oliveira e William dos Anjos. Pela ajuda e amizade que foram fundamentais para a conclusão deste trabalho.

Ao Eng. Agr. doutorando Anderson Rodrigo da Silva pelo auxílio nas análises estatísticas.

Aos meus amigos Robinson Martins Venâncio e Emmanuel Gomes Cordeiro Junior por toda amizade e companheirismo.

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

RESUMO

Os objetivos do trabalho foram avaliar o potencial de progênies de meios irmãos de milho quanto à aptidão para produção de milho verde, estimar através de procedimentos estatísticos multivariados a divergência genética e selecionar progênies de milho com o maior número de características de interesse. As 96 progênies foram avaliadas em dois experimentos no delineamento aleatorizado em blocos com três repetições, utilizando a variedade Cativerde 02 (CATI-SP) e o híbrido AG 1051 (AGROCERES) como testemunhas comerciais. Foram mensuradas 18 características fenotípicas associadas à adaptação agrônômica, ao potencial de rendimento e ao aspecto comercial das espigas de milho verde. Os dados foram submetidos às análises de variância individuais e conjunta dos experimentos. As médias das variáveis fenotípicas foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott. Os parâmetros genéticos foram estimados através da esperança matemática dos quadrados médios das fontes de variação, sendo considerados aleatórios os efeitos de tratamentos (progênies) e de experimentos. A divergência genética entre os tratamentos foi obtida a partir da Distância Quadrada Generalizada de Mahalanobis. Os genótipos de milho foram agrupados pela dissimilaridade genética através dos métodos UPGMA e de Otimização de Tocher. Para verificar a consistência dos grupos foi aplicada a análise discriminante de Fisher (1936). As variáveis fenotípicas foram submetidas a análise de componentes principais visando a redução da dimensão dos dados e a seleção de progênies superiores para a aptidão de milho verde. Os resultados das 18 características confirmaram o potencial genético da maioria das progênies de meios irmãos em função da precocidade produtiva, elevado rendimento e qualidade comercial das espigas de milho verde quando comparadas as testemunhas comerciais. As estimativas dos parâmetros genéticos evidenciaram elevada variabilidade entre as progênies, indicando a possibilidade de ganho genético com a seleção artificial. Os métodos de agrupamento UPGMA e Tocher foram eficazes na identificação de grupos de genótipos dissimilares. O método UPGMA foi mais sensível que o de Otimização de Tocher, pois possibilitou a formação de 11 grupos geneticamente dissimilares. A análise de componentes principais (CP) reduziu o conjunto de 18 variáveis em três componentes principais explicando 70% da variância fenotípica total. Os coeficientes dos autovetores indicaram que o CP1 foi mais relacionado ao potencial produtivo de espigas de milho verde. O CP2 mais influenciado pelas características associadas ao aspecto comercial das espigas e o CP3 pelas características adaptativas dos genótipos de milho. Os autovetores do CP1 evidenciaram que as características RENDC, NEC, %EC, REND, PE, %EE e PEC foram as mais importantes para a definição do potencial produtivo bem como para atender as exigências do mercado consumidor, possibilitando através dos escores deste a seleção de 30 progênies de meios irmãos com características altamente favoráveis a esta aptidão.

Palavras chave: rendimento de espiga, seleção recorrente, análise multivariada, parâmetros genéticos.

ABSTRACT

The objectives were to evaluate the potential of half sib progenies of maize for the ability to produce green maize, estimate through statistical multivariate procedures the genetic divergence and select maize progenies with the highest number of characteristics of interest. The 96 progenies were evaluated in two experiments in a randomized block design with three replications, using the variety Cativerde 02 (CATI - SP) and the hybrid AG 1051 (AGROCERES) as commercial control. 18 phenotypic characteristics were measured associated with agronomic adaptation, the potential yield and the commercial aspect of the ears of maize. The data were submitted the individual and joint analyses of variance of the experiments. The means of phenotypic variables were grouped according to Scott and Knott test. The genetic parameters were estimated using the mathematical expectation of the mean squares of the sources of variation, were considered random the effects of treatments (progenies) and experiments. The genetic divergence between treatments was obtained from the Generalized Mahalanobis Square Distance. The genotypes were grouped by genetic dissimilarity through UPGMA and Tocher Optimization methods. To check the consistency of groups Fisher discriminant analysis (1936) was applied. The phenotypic variables were submitted to principal component analysis aiming to reduce the data dimension and selection high progenies for ability to produce green maize. The results of the 18 characteristics confirmed the genetic potential of the majority half sib progenies as function the productive precocity, high yield and commercial quality of the ears of green maize when compared to commercial control. The genetic parameters estimates showed high variability among the progenies, indicating the possibility of genetic gains with artificial selection. The UPGMA cluster analysis and Tocher were effective in identifying dissimilarity genotypes groups. The UPGMA method was more sensitive than the Tocher optimization, because it enabled the formation of 11 genetically dissimilar groups. The principal component analysis (PC) reduced set of 18 variables on three principal components explaining 70 % of the total phenotypic variance. The coefficients of the eigenvectors indicated that PC1 was more related to the productive potential of green maize ears. The PC2 was more influenced by the characteristics associated with the ears commercial aspect and PC3 for adaptive characteristics of maize genotypes. The eigenvectors of the PC1 showed the characteristics RENDC, NEC, %EC, REND, PE, % EE and PEC were the most important in defining the productive potential and as well as to attend the demands of the consumer market, allowing through the scores of this the selection of 30 half sib progenies highly favorable to this ability.

Keywords: ear yield, recurrent selection, multivariate analysis, genetic parameters.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Quadro 1 - Esquema da análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios das fontes de variação da análise individual.....	35
Quadro 2 - Esquema da análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios das fontes de variação da análise conjunta.....	36
Figura 1 - Agrupamento dos 98 genótipos de milho (progênies e testemunhas) através do método UPGMA a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Ponta Grossa, 2014.	66
Figura 2 - Escores das duas primeiras funções discriminantes de Fisher (LD) aplicadas aos grupos obtidos com o Método UPGMA. Ponta Grossa, 2014.	71
Figura 3 - Escores das duas primeiras funções discriminantes de Fisher (LD) aplicadas aos grupos obtidos pelo Método de Otimização de Tocher. Ponta Grossa, 2014.	75
Figura 4 - Escores dos genótipos (progênies de meios irmãos e testemunhas) para os três primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2014.	79

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Resumo da análise de variância conjunta para as 18 variáveis fenotípicas avaliadas nos experimentos de aptidão para a produção de milho verde. Ponta Grossa, 2014.	47
Tabela 2 - Distribuição das progênies de meios irmãos nos grupos estatísticos de Scott e Knott a partir do desdobramento das progênies em cada experimento. Ponta Grossa, 2014.	50
Tabela 3 - Distribuição das progênies de meios irmãos nos grupos estatísticos de Scott e Knott a partir das médias das progênies nos dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.	53
Tabela 4 - Distribuição das progênies de meios irmãos nos grupos estatísticos de Scott e Knott a partir das médias das progênies nos dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.	55
Tabela 5 - Estimativas 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}_a^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e quociente \hat{b} para 17 características avaliadas em 96 progênies de meios irmãos de milho visando a produção de milho verde. Ponta Grossa, 2014.	59
Tabela 6 - Estimativa da contribuição relativa de cada característica (\hat{S}_j) para a divergência genética entre 98 tratamentos (progênies de meios irmãos e testemunhas) com base na avaliação de 18 características fenotípicas em dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.	63
Tabela 7 - Coeficientes de correlação residual entre as 18 características avaliadas em 98 tratamentos (progênies de meios irmãos e testemunhas) nos dois experimentos de aptidão para a produção de milho verde. Ponta Grossa, 2014.	64
Tabela 8 - Composição dos grupos de genótipos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2014.	67
Tabela 9 - Desempenho médio das 18 variáveis fenotípicas para cada grupo de genótipos obtidos pelo Método de agrupamento UPGMA. Ponta Grossa, 2014.	68
Tabela 10 - Porcentagem de classificações corretas (diagonal principal) e incorretas (na linha) de cada grupo com base nos resultados da análise discriminante de Fisher a partir do agrupamento de 98 tratamentos pelo método UPGMA. Ponta Grossa, 2014.	70

Tabela 11 - Composição dos grupos de genótipos a partir da análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2014.	72
Tabela 12 - Desempenho médio das 18 variáveis fenotípicas para cada grupo de genótipos obtidos pelo Método de Otimização de Tocher. Ponta Grossa, 2014.	73
Tabela 13 - Porcentagem de classificações corretas (diagonal principal) e incorretas (linha) de cada grupo com base nos resultados da análise discriminante de Fisher a partir do agrupamento de 98 tratamentos pelo Método de Otimização Tocher. Ponta Grossa, 2014.	74
Tabela 14 - Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa ($\lambda_j\%$) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2014.	76
Tabela 15 - Autovetores dos três primeiros componentes principais e a importância relativa de cada variável fenotípica para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2014.	78
Tabela 16 - Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênies de meios irmãos selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2014.	80

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	OBJETIVOS	14
2.1	OBJETIVO GERAL	14
2.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	14
3	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	15
3.1	A CULTURA DO MILHO.....	15
3.2	O MILHO VERDE.....	16
3.3	MANEJO FITOTÉCNICO VISANDO A PRODUÇÃO DE MILHO VERDE	17
3.4	MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO A APTIDÃO PARA MILHO VERDE.....	19
3.5	SELEÇÃO RECORRENTE	21
3.6	SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS.....	23
3.7	DIVERGÊNCIA GENÉTICA	24
3.7.1	Medidas de dissimilaridade	25
3.7.2	Técnicas de agrupamento	26
3.8	ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	28
3.9	SELEÇÃO MÚLTIPLA DE CARACTERÍSTICAS	29
4	MATERIAL E MÉTODOS	31
4.1	MATERIAL VEGETAL	31
4.2	CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS A CAMPO.....	32
4.3	AVALIAÇÕES FENOTÍPICAS.....	33
4.3.1	Avaliações nas espigas empalhadas	34
4.3.2	Avaliações nas espigas despalhadas (comerciais)	34
4.4	ANÁLISES ESTATÍSTICAS UNIVARIADAS.....	35
4.5	ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS	36
4.6	ANÁLISES ESTATÍSTICAS MULTIVARIADAS.....	37
4.6.1	Dissimilaridade entre genótipos através da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2).....	37
4.6.2	Método de Agrupamento UPGMA.....	39
4.6.3	Método de Otimização de Tocher	40
4.6.4	Obtenção da Matriz cofenética para o método de Tocher	40
4.6.5	Correlação Cofenética	41
4.6.6	Análise Discriminante	42
4.7	ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	42

4.7.1	Determinação dos Componentes Principais (CP's)	43
4.7.2	Contribuição de cada Componente Principal	44
4.7.3	Interpretação e Escores dos Componentes Principais	45
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
5.1	ANÁLISE DE VARIÂNCIA E AGRUPAMENTO DE MÉDIAS.....	46
5.2	ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS	58
5.3	ANÁLISE DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA POR TÉCNICAS MULTIVARIADAS	62
5.3.1	Dissimilaridade entre genótipos e importância dos caracteres	62
5.3.2	Agrupamento de genótipos pelo Método UPGMA	65
5.3.3	Agrupamento de genótipos pelo Método de Otimização de Tocher	71
5.4	ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	76
6	CONCLUSÕES	81
	REFERÊNCIAS	82
	ANEXOS	90

1 INTRODUÇÃO

A exploração comercial da cultura do milho através da produção de milho verde é uma atividade amplamente difundida no Brasil. Apesar da tradição no consumo de milho verde o país não se destaca no cenário internacional, sendo os Estados Unidos, a Nigéria e o México os principais produtores mundiais. Na alimentação humana as principais formas de utilização do milho verde compreendem o consumo de espigas *in natura*, processado como pamonha, curau, suco, bolo, sorvete, ou sob a forma industrializada por meio de enlatados.

A comercialização de espigas de milho verde é realizada durante o ano todo na maioria dos centros consumidores, com maior volume no período de dezembro a março, que coincide com as férias escolares e maior movimentação de pessoas em regiões litorâneas, local onde o produto é amplamente comercializado. Esta demanda nacional contribui para o aumento significativo da produção, tornando-se uma importante opção de diversificação em pequenas propriedades rurais, agregando valor ao produto e absorvendo principalmente a mão de obra familiar.

Dos 479 genótipos de milho disponíveis no mercado na safra 2013/2014, apenas 15 (híbridos e variedades de polinização aberta) foram oficialmente recomendados para a produção de milho verde (CRUZ; PEREIRA FILHO; QUEIROZ, 2013). Em função da deficiência de cultivares com aptidão para este nicho de mercado, na maioria das vezes os agricultores utilizam genótipos recomendados para produção de grãos e/ou silagem, o que gera desuniformidade do produto, não atendendo as exigências mínimas do mercado consumidor.

A utilização de genótipos híbridos para a produção de milho verde leva naturalmente a uniformização do período de colheita, acarretando para o agricultor um curto espaço de tempo entre a colheita e a comercialização da produção. Por outro lado, quando se utiliza uma variedade de polinização aberta melhorada, ocorre um aumento no período de colheita, permitindo a ampliação da oferta de milho verde. Adicionalmente, o produtor pode optar por intercalar as épocas de semeadura, mantendo uma oferta regular do produto para o mercado consumidor.

Em função da necessidade de cultivares que apresentem características específicas para o mercado de milho verde, empresas privadas e instituições públicas de pesquisa têm intensificado nos programas de melhoramento esquemas de seleção artificial visando à obtenção de genótipos que atendam as exigências mínimas do mercado consumidor. Na seleção deve-se levar em consideração a obtenção de genótipos com alto potencial de

rendimento, textura do pericarpo, adaptabilidade e estabilidade produtiva, o que possibilitará a sua ampla recomendação para o cultivo (DOVALE; FRITCHE-NETO; SILVA, 2011; PEREIRA FILHO, 2002).

A obtenção de variedades melhoradas com aptidão para a produção de milho verde a partir de ciclos de seleção recorrente entre e dentro de progênies de meios irmãos, possibilitará aos agricultores familiares oferecer ao mercado consumidor um produto com alto padrão de qualidade. Adicionalmente, os produtores poderão produzir a própria semente da variedade, reduzindo os custos de produção pela independência do mercado de sementes (ROCHA; FILHO; BARBOSA, 2011).

O sucesso nos programas de melhoramento se baseia na existência de variabilidade genética dentro de uma população. A escolha de genótipos superiores e divergentes para as características de interesse possibilitará por meio de métodos de seleção adequados, o incremento da frequência dos alelos favoráveis bem como a manutenção da variabilidade genética (FONSECA, 1999). Para o melhoramento de milho verde, é necessário a seleção de indivíduos que apresentem elevado potencial de rendimento e uma série de características qualitativas associadas, de tal forma, que o produto final atenda as exigências específicas do mercado consumidor.

Nos programas de melhoramento vegetal são avaliados um grande número de características fenotípicas, porém no momento da seleção ocorre uma grande dificuldade em identificar indivíduos/genótipos que apresentem desempenho superior para as características de maior interesse. Neste sentido, a utilização de técnicas multivariadas, no qual todas as variáveis são analisadas conjuntamente, torna-se indispensável para a definição de grupos de genótipos superiores e divergentes a partir de um conjunto de características favoráveis para a produção de milho verde.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Avaliar o potencial genético de uma população de progênies de meios irmãos quanto à aptidão para produção de milho verde, estimar os parâmetros genéticos associados às características fenotípicas e selecionar através de técnicas estatísticas multivariadas progênies de meios irmãos que agreguem o maior número de características favoráveis para a aptidão de milho verde.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Avaliar o potencial adaptativo e produtivo de 96 progênies de meios irmãos de milho visando à aptidão para produção de milho verde;

Estimar os parâmetros genéticos associados às características fenotípicas das progênies de meios irmãos;

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 A CULTURA DO MILHO

O milho é o principal cereal cultivado no mundo (+ 100 países), fornecendo produtos amplamente utilizados para a alimentação humana, animal e matéria prima para a indústria, principalmente em função da quantidade e da natureza das reservas acumuladas nos grãos (FANCELLI; DOURADO NETO, 2004).

Destaca-se no cenário internacional como o cereal mais produzido no mundo com produção mundial de 862,7 milhões de toneladas (USDA, 2013). O Brasil encontra-se entre os principais produtores mundiais de milho, ocupando a terceira posição, com produção aproximada de 81 milhões de toneladas, atrás apenas dos Estados Unidos da América e da China com 273,8 e 205,6 milhões de toneladas, respectivamente (USDA, 2013). Em 2013, totalizando a produção das duas safras houve um incremento de 7,5% em relação à safra anterior. A área semeada foi de aproximadamente 15,8 milhões de hectares, representando um aumento de 4,2% em relação à safra de 2012 (CONAB, 2013). Os maiores produtores nacionais do grão são os estados do Mato Grosso, Paraná e Goiás, os quais obtiveram produção de 18,9; 17,6 e 7,1 milhões de toneladas, respectivamente (CONAB, 2013).

Apesar do destaque no cenário mundial, o Brasil não se encontra entre os países com a melhor produtividade, obtendo média nacional de 5,1 t ha⁻¹, com amplitude de 0,6 a 6,9 t ha⁻¹, nos estados de Pernambuco e Santa Catarina, respectivamente (CONAB, 2013). Um dos principais fatores responsáveis pelo baixo rendimento é o grande número de pequenos produtores, que além de destinar grande parte da produção para o consumo interno na propriedade, utilizam baixo nível tecnológico nas lavouras (CRUZ et al., 2011).

Apesar da produção de grãos ser a principal forma de exploração comercial da cultura do milho, outros nichos de mercado estão em plena expansão, com destaque para a produção de minimilho e principalmente para o de milho verde. O mercado de minimilho é constituído da comercialização das espigas antes da fertilização, para serem consumidas na forma de conservas ou *in natura*. Já o consumo de milho verde é uma atividade amplamente explorada através do consumo direto das espigas ou derivados. No entanto, observa-se muitas vezes que o produto disponível não atinge os padrões mínimos exigidos pelo mercado, sendo necessário o desenvolvimento de genótipos específicos para este segmento.

3.2 O MILHO VERDE

O cultivo de milho visando à produção de milho verde é uma atividade altamente difundida no Brasil, sendo que o produto final pode ser consumido *in natura* ou sob a forma processada como pamonha, curau, suco, bolo, sorvete, dentre outras (DOVALE; FRITSCHENETO; SILVA, 2011; ROCHA; FILHO; BARBOSA, 2011). Para o consumo *in natura*, as espigas de milho verde são colhidas no estágio R3 (grão leitoso), entre 20 a 25 dias após a polinização, quando apresentam estigmas de coloração marrom (PEREIRA FILHO, 2002).

Em função da alta demanda interna e bom preço do produto a comercialização é realizada durante todo o ano, principalmente nos grandes centros e regiões litorâneas. Este fator contribuiu para o aumento significativo da produção de milho verde, tornando-se uma importante opção de diversificação em pequenas propriedades, agregando valor ao produto e absorvendo principalmente a mão de obra familiar (MATOS, 2007; PEREIRA FILHO, 2002; PINHO et al., 2008)

No Brasil o mercado de milho verde é composto basicamente por dois segmentos. O primeiro é representado pela comercialização direta nas Centrais de Abastecimento (CEASA's) e o segundo por meio da venda direta aos consumidores nos supermercados, feiras livres, casas de pamonha e quitandas (ALBUQUERQUE; VON PINHO; SILVA, 2008). Normalmente nos CEASA's e feiras, as espigas de milho verde são comercializadas com palha enquanto em supermercados as espigas são despalhadas, acondicionadas em bandejas de poliestireno expandido e envoltas com filme plástico (PAIVA JUNIOR et al., 2001; PEREIRA FILHO, 2002).

No estado do Paraná o volume comercializado no CEASA em 2013 foi de 4,7 mil toneladas, gerando um valor bruto de aproximadamente 6,5 milhões de reais, com preço médio por tonelada de R\$1.389,00. O maior volume de comercialização de espigas de milho verde ocorre entre os meses de dezembro a março, que favoravelmente corresponde com o período de safra da cultura mantendo o equilíbrio entre a oferta e a demanda do produto pelo mercado consumidor.

O zoneamento agrícola para o cultivo do milho verde é o mesmo para a produção de grãos, possibilitando a semeadura em duas safras. A primeira safra é 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 produtor pode optar por intercalar as épocas de semeadura, mantendo uma oferta regular do produto por um maior período de tempo. Destaca-se que os maiores preços normalmente são alcançados nos períodos de entressafra da cultura.

Na propriedade rural após a colheita das espigas de milho verde, o agricultor pode reaproveitar os restos culturais remanescentes na área para a alimentação animal ou optar pela manutenção da palhada na superfície do solo. Quando o objetivo for destinar os resíduos culturais para alimentação animal, deve-se optar por cultivares que produzam alta quantidade de colmos e folhas (PARENTONI et al., 1990). Por outro lado, recomenda-se a utilização de cultivares de porte baixo e precoces quando o objetivo for a manutenção de palhada no solo (ALBUQUERQUE; VON PINHO; SILVA, 2008; BORDALLO et al., 2005).

3.3 MANEJO FITOTÉCNICO VISANDO A PRODUÇÃO DE MILHO VERDE

A demanda crescente por milho verde que atenda as exigências mínimas do mercado consumidor faz com que os produtores busquem tecnologias que proporcionem o aumento da produtividade aliado a qualidade mínima exigida pelos consumidores finais. Dentre essas, a utilização de cultivares recomendadas e uma adequada densidade populacional são os fatores determinantes para a obtenção de elevados rendimentos e alto padrão comercial das espigas de milho verde (VIEIRA et al., 2010).

Apesar do reduzido número de cultivares disponíveis para este segmento, existe uma enorme variação entre os genótipos com relação à adaptação agrônômica e ao potencial produtivo. No mercado de sementes encontram-se desde variedades de polinização aberta com baixo potencial produtivo e custo das sementes, até híbridos simples com elevado potencial e alto custo de aquisição das sementes (PEREIRA FILHO, 2002).

A utilização de híbridos para produção de milho verde leva a uniformização do período de colheita (estádio R3, grão leitoso), acarretando num curto espaço de tempo entre a colheita e a comercialização da produção. Por outro lado, quando se utiliza uma variedade de polinização aberta, a desuniformidade que ocorre naturalmente nesse período de colheita permite a ampliação do tempo de oferta de milho verde ao mercado consumidor.

Dos 479 genótipos de milho disponíveis para a semeadura no país na safra 2013/2014, apenas os híbridos simples (PHD 20F07, ALFA 90, MS 90, AM 606, AM 811 e AM 997), triplos (AG 4051 e BM 3061) e duplo (AG 1051) e as variedades de polinização aberta (AL PIRATININGA, CATIVERDE 02, UFVM 100, AM 4003, AM 4002 e AM 4001) foram oficialmente recomendados para a produção de milho verde no território nacional (CRUZ; PEREIRA FILHO; QUEIROZ, 2013). Em função da escassez de cultivares recomendadas especificamente para a produção de milho verde, a maioria dos trabalhos disponíveis na literatura estão direcionados para a avaliação de genótipos recomendados para a produção de

grãos e/ou silagem e técnicas de manejo visando a produção de espigas de milho verde dentro dos padrões comerciais exigidos. Neste sentido, observa-se claramente a deficiência de informações sobre a obtenção de novas cultivares destinadas a este nicho de mercado.

Recentemente Castro; Silva e Cardoso (2013) visando avaliar a aptidão dos híbridos AG 1051, AG 2060 e BRS 2020 em dois sistemas de produção, I (milho verde) e II (minimilho + milho verde) em que a primeira inflorescência foi colhida como minimilho e a segunda como milho verde, verificaram que os híbridos AG 1051 e AG 2060 apresentaram desempenho superior ao híbrido BRS 2020, com rendimento de espigas comerciais despalhadas de 9,4 e 9,8 t ha⁻¹ no sistema de produção I e de 3,2 e 3,6 t ha⁻¹ no sistema de produção II, respectivamente. Em relação ao sistema de produção, em todas as características avaliadas para a produção de milho verde, os híbridos evidenciaram desempenho superior para o sistema de produção I.

Através da avaliação de híbridos comerciais recomendados para a produção de grãos quanto à aptidão para produção de minimilho e milho verde, Do Vale; Fritsche-Neto e Silva (2011) verificaram que os híbridos triplos DKB 350, AG 6690 e o duplo DKB 747 proporcionaram maiores rendimentos em relação aos demais genótipos avaliados. Os híbridos selecionados apresentaram número de espigas despalhadas variando de 27.277 a 32.194 espigas ha⁻¹ e amplitude de 5 a 6,4 t ha⁻¹ para a produtividade de espigas comerciais.

O dimensionamento populacional é umas das técnicas de manejo cultural que interfere diretamente no potencial produtivo dos genótipos e nas características das espigas destinadas ao mercado de milho verde. Argenta; Silva e Sangoi (2001) ressaltaram que o aumento na população de plantas promoveu o incremento na produtividade até determinada densidade, a partir do qual ocorreu competição intraespecífica entre plantas, reduzindo o potencial produtivo com reflexos negativos nas características da espiga. Os resultados indicaram que a densidade ideal varia de acordo com o genótipo utilizado e com o nível tecnológico adotado na lavoura.

Normalmente, densidade de 35.000 plantas ha⁻¹ favorece a produção de espigas de milho verde com comprimento variando de 25 a 30 cm, convenientes para a comercialização na forma empalhada, onde o aspecto visual define a aceitação do produto pelo consumidor. Por outro lado, os maiores rendimentos de espigas comerciais despalhadas foram obtidos com densidade próxima a 55.000 plantas ha⁻¹, favorecendo a produção de espigas com comprimento entre 15 e 18 cm, específicas para o mercado sem palha, visto que não necessitam de corte para o acondicionamento nas bandejas (PAIVA JUNIOR et al., 2001; ROCHA; FILHO; BARBOSA, 2011; SILVA et al., 2007; VIEIRA et. al, 2010).

Vieira et al. (2010) avaliaram o efeito de genótipos recomendados para produção de grãos e diferentes densidades de semeadura nas características da espiga relacionadas a produção de milho verde. Os autores verificaram que o híbrido simples DKB 214 apresentou comprimento médio de espiga comercial de 17,64 cm e porcentagem de espigas comerciais de 65,5%, com desempenho superior aos híbridos Penta, 30P34 e SWB 551. Adicionalmente, o aumento na densidade de 3,5 para 9,5 plantas m⁻², influenciou negativamente todas as características relacionadas à qualidade da espiga para produção de milho verde.

Na avaliação de genótipos recomendados para produção de milho verde em diferentes densidades populacionais, Rocha; Filho e Barbosa (2011) verificaram que os híbridos triplos AG 4051, BM 3061, P3232 e o duplo AG 1051 apresentaram rendimento de espigas comerciais (despalhadas) superior a 27,5 mil espigas ha⁻¹, desempenho superior a variedade Cativerde 02 e ao híbrido simples doce SWB 551, com produtividade inferior a 20 mil ha⁻¹. Em relação a densidade populacional, os genótipos avaliados evidenciaram na densidade de 30.000 plantas ha⁻¹ maior comprimento de espiga comercial (17,9 cm), entretanto, o maior rendimento de espigas comerciais (29.900 espigas ha⁻¹) foi obtido com 50.000 plantas ha⁻¹.

3.4 MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO À APTIDÃO PARA MILHO VERDE

Devido à carência de cultivares com padrão comercial específico para o mercado de milho verde, vem sendo intensificado nos programas de melhoramento o desenvolvimento de genótipos com características específicas para este segmento de mercado. A seleção deve focar em progênies com ampla adaptação aos ambientes de cultivo, produtividade de espigas superior a 12 t ha⁻¹, ciclo com amplitude de 90 a 110 dias, longevidade no período da colheita, espiga despalhada com comprimento superior a 15 cm, diâmetro ≥ 3 cm e coloração dos grãos creme e/ou amarelo claro (PEREIRA FILHO, 2002).

A aceitação do produto final pelo mercado consumidor é a parte crucial no processo de desenvolvimento, cabendo ao melhorista adotar este critério a fim de investigar a potencialidade do novo genótipo advindo do programa de seleção (OLIVEIRA JR et al., 2006). Adicionalmente, ressalta-se que as cultivares para o consumo de milho verde *in natura* devem apresentar baixa resistência a penetração do pericarpo, espigas grandes e com bom empalhamento, sabugo branco e grãos amarelos do tipo dentado e com alinhamento retilíneo das fileiras de grãos nas espigas (CANCELIER et al., 2011).

Na literatura são poucos os trabalhos que visam identificar genótipos com aptidão específica para o mercado de milho verde. Rodrigues et al. (2011) avaliaram o desempenho de

28 híbridos experimentais e 8 linhagens para a produção de milho verde em Lavras e Ijaci. A partir do índice de seleção de Mulamba e Mock, no qual é atribuído pesos econômicos as características, os autores verificaram que os híbridos HS48, HS27, HS24, HS25 e HS12 acumularam um maior número de características desejadas. Em Lavras os híbridos selecionados apresentaram produtividade de espigas empalhadas superior a 20 t ha⁻¹, e de espigas comerciais com amplitude de 9,64 a 13,88 t ha⁻¹. Por outro lado, em Ijaci os resultados foram menores, com produtividade média de espigas empalhadas de 13,39 t ha⁻¹ e de espigas comerciais com amplitude de 2,6 a 5,7 t ha⁻¹.

Na avaliação de 32 híbridos simples experimentais e 4 híbridos comerciais promissores para a produção de milho verde em Lavras, Albuquerque; Von Pinho e Silva (2008) verificaram que os híbridos experimentais GNS 03, GNS 21, GNS 23 e GNS 35 e os comerciais AG 1051 e AG 4051, destacaram-se positivamente, com produtividade superior a 10,94 t ha⁻¹ e porcentagem de espigas comerciais acima de 86%. O híbrido experimental GNS 03 destacou-se com 97% das espigas com padrão comercial.

Oliveira Jr. et al. (2006) visando estudar o desempenho agrônomo e a aptidão para o consumo de espigas *in natura* de diferentes híbridos de milho, constataram que o híbrido UENF 506-8 demonstrou desempenho superior para: produtividade de espigas empalhadas e comerciais, comprimento, diâmetro e porcentagem de espigas comerciais, sendo o mais apto para produção de milho verde. Entretanto, na avaliação sensorial, o híbrido não atingiu aceitação desejada pelos avaliadores, em função da dureza do pericarpo e da baixa concentração de açúcares nos grãos.

Cancellier et al. (2011) avaliaram 158 progênies de meios irmãos de milho oriundas do programa de melhoramento da Universidade Federal do Tocantins visando selecionar genótipos com potencial produtivo e aptidão para o consumo *in natura*. Os autores verificaram para as características da espiga: comprimento, diâmetro, formato, alinhamento das fileiras de grãos e cor dos grãos, que apenas 9 progênies reuniram um conjunto de características mais favoráveis ao mercado *in natura*.

Ferreira; Gardingo e Matiello (2009) avaliaram 190 progênies de irmãos germanos superiores e 179 intermediárias, visando à aptidão para produção de milho verde. Com base nas características avaliadas os autores selecionaram 62 progênies oriundas do grupo superior e 35 progênies derivadas do grupo intermediário, as quais apresentaram desempenho médio similar aos híbridos DKB 214, 2C577 e Tropical Doce (testemunhas). No grupo superior e intermediário, a porcentagem das espigas classificadas como excelentes foi de 17,37 e 3,91%,

respectivamente. Após a recombinação entre os indivíduos selecionados, 27,6% das espigas apresentaram padrão comercial excelente, a partir da avaliação visual das espigas.

3.5 SELEÇÃO RECORRENTE

A seleção artificial é o principal processo para aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações, pois apenas indivíduos superiores contribuem para a formação da próxima geração (FALCONER, 1987). No processo artificial, a seleção de um grupo de indivíduos é realizada intencionalmente, visando à melhoria do germoplasma bem como atender aos interesses do melhorista (HARLAN, 1992).

Dentre os métodos de seleção artificial mais utilizados no melhoramento de espécies alógamas destacam-se o massal, a seleção de progênes e a seleção recorrente (ARAÚJO; PATERNIANI, 1999; RONZELLI JR., 1996). Este último tem sido amplamente utilizado para o aumento da frequência dos alelos favoráveis nas populações, principalmente em características quantitativas que são altamente influenciadas pelo ambiente, mantendo de certa forma a variabilidade genética da população entre os ciclos de seleção (DOEKSEN, 2003; PERIS; HALLAUER, 2005). O período de execução desse método não é predeterminado, ou seja, são conduzidos sistematicamente ano após ano para o desenvolvimento das populações sob seleção do programa (HALLAUER, 1985).

Um ciclo de seleção recorrente envolve quatro etapas principais. A primeira equivale à obtenção das progênes (progênes de meios irmãos, irmãos germanos, ou progênes parcialmente endógamas) que constituirão a unidade alvo de seleção e recombinação. A segunda etapa corresponde à avaliação das progênes mediante a utilização de técnicas de experimentação. A terceira compreende a seleção das melhores progênes para as características de interesse. Na quarta e última etapa é realizada a recombinação das progênes selecionadas, encerrando um ciclo de seleção recorrente. Se conduzida adequadamente, a recombinação entre genótipos selecionados aumenta a frequência dos alelos favoráveis e recompõe a variabilidade genética para o próximo ciclo de seleção. Para que a recombinação seja adequada, é indispensável o isolamento da área, visando evitar a contaminação por pólen de plantas procedentes de outras populações (PERIS; HALLAUER, 2005).

Este esquema de seleção inclui duas metodologias, sendo que quando conduzido para a melhoria de uma única população é denominado Seleção Recorrente Intrapopulacional. Em geral, esta metodologia é de fácil execução e aplicável a maioria das características

agronômicas, sendo comumente mais utilizada do que os métodos interpopulacionais que tem como objetivo a melhoria de duas populações simultaneamente (PERIS; HALLAUER, 2005).

A seleção recorrente intrapopulacional para capacidade geral de combinação foi inicialmente proposta por Jenkins (1940) que introduziu um método de seleção visando à obtenção de variedades sintéticas superiores. Nesse procedimento são obtidas um número suficiente de linhas autofecundadas (S_1 's) de uma população heterogênea e simultaneamente procede-se o cruzamento dessas linhagens parcialmente endógamas com um testador de base genética ampla (variedade de polinização aberta ou híbrido duplo). Na sequência, as progênies oriundas do cruzamento são avaliadas, com posterior ciclo de recombinação dos selecionados, dando origem ao primeiro ciclo de seleção nesta metodologia.

Hull (1945) apresentou uma modificação do método desenvolvido por Jenkins (1940) visando a capacidade específica de combinação, substituindo o testador de base genética ampla por um de base genética estreita (linhagem endogâmica ou híbrido simples). Dessa forma, o método possibilita a exploração do vigor híbrido, tendo como pressuposição básica as interações alélicas de dominância e sobredominância, as quais são responsáveis pela heterose ou vigor híbrido.

Posteriormente, Comstock; Robinson e Harvey (1949) propuseram um procedimento de seleção para o melhoramento simultâneo de duas populações, denominado interpopulacional, maximizando os ganhos com a seleção obtidos nos cruzamentos, utilizando uma população como testadora da outra. Este método foi desenvolvido para explorar entre os genótipos a capacidade geral e específica de combinação, bem como os vários tipos de ação gênica conjuntamente, como os efeitos aditivos e os desvios de dominância dos genes. Esta metodologia tem sido altamente eficiente para o melhoramento de uma população original bem como para a maximização da heterose a partir do cruzamento entre populações de milho (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995).

A escolha do método de seleção depende do objetivo do programa, da ação gênica, da finalidade das progênies selecionadas e dos recursos disponíveis. Por exemplo, se a seleção recorrente objetiva o desenvolvimento de híbridos, os métodos de seleção interpopulacionais, que maximizam o efeito da heterose, podem ser os mais apropriados. Quando o objetivo é adaptar germoplasma exótico ou melhorar o potencial produtivo de cultivares e a ação gênica for predominantemente aditiva, recomendam-se os métodos de seleção intrapopulacionais (BORÉM; MIRANDA, 2009; ORDAS et al., 2012).

O sucesso da seleção recorrente intrapopulacional depende de vários fatores, dentre os quais destacam-se: 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 nas avaliações; a intensidade da seleção e os cuidados durante a etapa de recombinação das progênies (BONOMO et al., 2000; PATERNIANI, 1967).

Ganhos satisfatórios foram obtidos por Santos et al. (2008) após três ciclos de seleção recorrente na população de milho pipoca UNB-2U. Os autores obtiveram para as características capacidade de expansão e rendimento de grãos, ganhos de 6,9 e 1,5% em relação ao ciclo original; 8,1 e 1,7% no ciclo I e de 7,1 e 2,7% ciclo II, respectivamente. Figueiredo Santos et al. (2007) após três ciclos de seleção recorrente recíproca modificada (MRRS) nas populações de milho EPB-5 e EPB-4, estimaram ganhos de 7,25% para o rendimento de grãos, -13,63% para o índice de acamamento e de 11,93% para a prolificidade.

3.6 SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS

A seleção com base no desempenho de progênies é mais eficiente do que a realizada apenas através do fenótipo dos indivíduos selecionados. Esse procedimento permite que o melhorista faça as avaliações fenotípicas em ensaios agronômicos com repetições e em diferentes locais de cultivo (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A seleção recorrente entre e dentro de progênies de meios irmãos constitui o método de melhoramento intrapopulacional mais utilizado para a cultura do milho, em razão da simplicidade, eficiência e pela possibilidade de realizar um ciclo de seleção por ano (MATTA; VIANNA, 2003). A eficiência da metodologia tem sido comprovada a partir da magnitude dos parâmetros genéticos estimados e do ganho esperado com a seleção artificial para características de herança quantitativa (CARVALHO et al., 2000; PATERNIANI, 1968).

Nessa metodologia a seleção entre progênies é realizada através da comparação das médias obtidas em experimentos de competição agronômica. A seleção dentro das progênies é efetuada no bloco de recombinação, por meio da avaliação das melhores plantas dentro de cada progênie, sendo que as sementes dos melhores indivíduos darão origem as novas progênies que serão utilizadas para iniciar o novo ciclo de seleção recorrente.

Diversas instituições públicas de pesquisa e empresas privadas de melhoramento têm desenvolvido populações de milho usando diferentes métodos de seleção recorrente, com ênfase na seleção recorrente entre e dentro de progênies de meios irmãos. Este método é extensivamente utilizado devido à facilidade de execução e pela eficiência na obtenção de

ganhos genéticos nas populações sob seleção. Paterniani (1967) após três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos obteve um aumento de 42% para produtividade em relação ao ciclo original na população de milho Dente Paulista.

Vários trabalhos têm relatado ganhos significativos no melhoramento com a utilização da seleção recorrente entre e dentro de progênies de meios irmãos. Carvalho et al. (2003) submeteram a população de milho CPATC-3 composta por 196 progênies de meios irmãos, a três ciclos de seleção, nos municípios de Nossa Senhora das Dores e Neópolis, no estado de Sergipe. Para produtividade de grãos, verificaram ganhos estimados de 7,3 e 3,5% no ciclo original; 11,5 e 8,7% no ciclo I; e de 6,8 e 3,0% no ciclo II. Considerando a média dos dois locais de avaliação, as progênies selecionadas superaram a variedade BR 106 em 28, 39 e 36%, nos ciclos original, I e II, respectivamente.

Para estimar parâmetros genéticos associados ao rendimento de grãos e altura de planta na população MAP1, cultivada por agricultores familiares na região de Anchieta-SC, Kist et al. (2010) avaliaram 186 progênies de meios irmãos divididas em três experimentos, sendo cada experimento instalado numa propriedade da região. Utilizando intensidade de seleção de 25% foram estimados ganhos negativos de 5,1; 5,8 e 5,2% quando o objetivo foi a redução da estatura e de 3,9; 5,7 e 5,0% para o aumento do rendimento de grãos, nos experimentos I, II e II, respectivamente.

Rovaris et al. (2011) após a realização de dois ciclos de seleção recorrente entre e dentro de progênies de meios irmãos na variedade comercial IPR 114, verificaram variabilidade genética significativa entre as progênies. Para a característica peso de grãos foram estimados ganhos de seleção de 6,33% (1º ciclo) e 5,03% (2º ciclo). As estimativas dos parâmetros genéticos evidenciaram que mesmo numa variedade de polinização aberta em equilíbrio genotípico, podem ocorrer ganhos satisfatórios com a seleção artificial, quando conduzida sob metodologias adequadas, justificando a continuidade do programa de seleção da variedade IPR 114.

3.7 DIVERGÊNCIA GENÉTICA

A definição de divergência genética foi postulada como “qualquer medida quantitativa ou diferença genética, que pode ser calculada entre indivíduos, populações ou espécies” (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). A importância de estimar a divergência genética para o melhoramento reside no fato de que cruzamentos envolvendo genitores geneticamente

diferentes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico e maior variabilidade genética em gerações segregantes (RAO et al., 1981).

Estudos de divergência genética também são de grande utilidade para o conhecimento da variabilidade genética entre e dentro de populações e, também, por possibilitar o monitoramento dos bancos de germoplasma, pois geram informações úteis para a conservação, prospecção e utilização dos acessos do banco (CRUZ; CARNEIRO, 2006). A variabilidade genética, espontânea ou gerada, é o ponto de partida para qualquer programa de melhoramento, e pode ser maximizada através do cruzamento de parentais divergentes, associados a alta variabilidade para características de interesse (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Para determinar a divergência entre indivíduos, populações ou espécies são utilizados métodos biométricos, os quais são analisados pela estatística multivariada permitindo identificar múltiplas informações de um conjunto de características trazidas das unidades experimentais, oferecendo ao melhorista a oportunidade de escolha de genitores mais divergentes (SUDRÉ et al., 2005). Embora as técnicas multivariadas sejam conhecidas a muito tempo, sua utilização em maior escala se tornou possível com a disponibilidade de novos recursos computacionais, que possibilitaram a avaliação simultânea de várias características e permitiram que inúmeras inferências pudessem ser feitas a partir do conjunto de dados existentes (CURI, 1983).

3.7.1 Medidas de dissimilaridade

O sucesso de um programa de melhoramento se baseia na existência de variabilidade na população sob seleção. Melhoristas têm recomendado, para a formação de populações base, o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes. Essa divergência pode ser avaliada a partir de características agrônômicas, morfológicas, moleculares, entre outras. As informações múltiplas de cada genótipo são expressas em medidas de dissimilaridade, que representam a diversidade existente no conjunto de acessos estudados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

As medidas de dissimilaridade são de grande importância em estudos de diversidade genética em que se procura identificar genitores a serem utilizados em programas de hibridação. Espera-se que por meio do cruzamento de genótipos com bom desempenho fenotípico e divergentes para características de interesse, ocorra a complementação de genes, proporcionando na geração F_1 , maior heterose e, nas gerações segregantes indivíduos transgressivos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

As medidas de dissimilaridade comumente utilizadas são: a Distância Euclidiana, a Distância Euclidiana Média, o Quadrado da Distância Euclidiana Média e a Distância Quadrada Generalizada de Mahalanobis. A distância Euclidiana é mais utilizada para a caracterização de germoplasmas mantidos em coleções, em que o banco de dados é obtido através de médias. No entanto, essa distância apresenta o inconveniente de ser alterada, quando medida a partir de variáveis originais, com a mudança da escala de medidas, com o número de características avaliadas e pela correlação entre elas. Cruz e Regazzi (1994) propuseram a utilização da distância euclidiana média e a padronização dos dados para solucionar os dois primeiros problemas, embora não resolva a correlação entre as características analisadas. Por outro lado, a distância quadrada generalizada de Mahalanobis é recomendada para dados provenientes de ensaios com delineamento experimental, e tem vantagem em relação à distância Euclidiana, pois leva em consideração as correlações entre as características consideradas, que podem ser estimadas a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais, ou a partir dos dados transformados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

3.7.2 Técnicas de agrupamento

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista, por quantificarem o grau de similaridade ou de divergência apresentado entre dois genótipos quaisquer. Entretanto, o número de estimativas obtidas é relativamente grande $[(n(n-1)/2)]$, onde n representa o número de genótipos considerados, o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual das estimativas. Assim para realizar essa tarefa faz-se o uso de métodos de agrupamentos ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, em que cada coordenada é obtida a partir de medidas de dissimilaridade escolhida (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

A análise de agrupamento tem como objetivo discriminar os indivíduos, e permite separá-los em grupos a partir de um conjunto de características avaliadas, agrupando-os por algum critério de classificação, de modo que haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Estes métodos dependem da estimativa prévia de medidas de dissimilaridade como a distância Euclidiana e a distância Quadrada Generalizada de Mahalanobis (D^2) entre outras (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Existem inúmeros métodos de agrupamento, que se distinguem pelo tipo de resultado fornecido e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já

formado ou entre dois grupos quaisquer. Em todos os casos não se conhece, a priori, o número de grupos a serem estabelecidos. As inúmeras metodologias de agrupamento proporcionam diferentes resultados, sendo que os métodos mais utilizados são os de Otimização e os Hierárquicos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

No método de Otimização os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento. O método de Tocher utiliza um critério de agrupamento que possui a particularidade de apresentar a distância média intragrupo sempre menor que a distância média intergrupo. Após a identificação do par de genótipos mais similares, somente será possível a inclusão de outros genótipos ao grupo em formação, se a distância média em relação a esse grupo não ultrapassar determinado valor pré-estabelecido (CRUZ; REGAZZI, 1994; CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Nos métodos Hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma, sendo que o interesse maior está no dendrograma e nas ramificações obtidas. Dentre os métodos Hierárquicos destaca-se o método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average), pois não considera a estrutura de subdivisão do grupo, dando pesos iguais a cada indivíduo do grupo. Estima-se a similaridade média de um indivíduo que pretende se juntar aos grupos já existentes, ou seja, é um método de agrupamento com base na média aritmética dos genótipos (MEYER, 2002).

Uma dificuldade na etapa final dos algoritmos hierárquicos de agrupamento é a falta de critérios objetivos para identificar o número ideal de grupos formados, uma vez que na prática este número é dado simplesmente por uma inspeção gráfica visual ou estabelecido em pontos de alta mudança de nível do dendrograma (MILLIGAN, 1980). Neste sentido, Mojena (1977) propôs um método objetivo no ponto de corte do dendrograma. O método recorre a um critério estatístico e propõe um procedimento de cálculo baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões ou distâncias no dendrograma. Dessa forma, não é necessário o conhecimento prévio da conformação dos grupos, ao contrário do método subjetivo, com base na inspeção visual das ramificações geradas no dendrograma.

O coeficiente de correlação entre os elementos da matriz de dissimilaridade (obtida a partir dos dados originais) e os elementos da matriz cofenética (matriz de distâncias entre os genótipos, obtida a partir do dendrograma) é denominado coeficiente de correlação cofenética. Esse coeficiente pode ser utilizado para avaliar a consistência do padrão de agrupamento de métodos hierárquicos, sendo que valores próximos à unidade indicam melhor representação (BARROSO; ARTES, 2003; CRUZ; CARNEIRO, 2006). Silva e Dias (2013)

propuseram para o método de Tocher uma forma de obtenção de uma matriz análoga à matriz cofenética obtida nos métodos hierárquicos. Neste procedimento, utilizam-se as distâncias médias intra e intergrupos. Dessa forma, é possível o cálculo da correlação cofenética para o método de agrupamento de Tocher. Adicionalmente, pode-se testar o nível de significância da correlação cofenética para os métodos Hierárquicos e de Otimização, através da aplicação do teste de aleatorização de Mantel (1967) (MANLY, 2008).

Para verificar a consistência dos agrupamentos, Cruz; Ferreira e Personi (2011) propõem que a análise discriminante de Fisher (1936) pode ser aplicada utilizando-se da partição final dos indivíduos em grupos, obtidos pelos métodos de agrupamento. Com estas informações, geram-se funções, que são combinações lineares das características avaliadas, tendo por finalidade obter a melhor discriminação entre os indivíduos. Estas funções permitem identificar os indivíduos erroneamente agrupados nos grupos iniciais, realocando-os aos devidos grupos. Dessa forma, é possível verificar a porcentagem de classificações corretas dos indivíduos, servindo como meio de validação do método de agrupamento utilizado.

3.8 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

A técnica de análise de componentes principais foi inicialmente descrita por Karl Pearson em 1901, sendo consolidada posteriormente por Hotelling (1933). O autor acreditava que era uma solução correta para alguns dos problemas de interesse dos biométricos da época. Apesar de conhecida a muito tempo, somente após os computadores eletrônicos terem se popularizado, é que a técnica de componentes principais alcançou amplo uso (MANLY, 2008).

A metodologia de análise consiste em transformar um conjunto de variáveis originais (Y_1, Y_2, \dots, Y_p) em outro conjunto de variáveis de mesma dimensão (C_1, C_2, \dots, C_p), denominadas de componentes principais. Pode ser considerada uma técnica exata, pois em sua composição não existe a presença do erro, portanto, possui estrutura basicamente matemática. O novo conjunto de variáveis possui propriedades importantes e de grande interesse (FERREIRA, 2008).

De acordo com Cruz (1990), os componentes principais apresentam as seguintes propriedades: cada componente principal é uma combinação linear de todas as variáveis originais, sendo possível identificar o grau de associação (correlação) de cada variável com o componente principal. Os componentes principais (CP's) são independentes entre si e são estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, em

termos de variação total contida nos dados iniciais. Uma vez determinados os CP's, os seus valores numéricos, denominados de escores, podem ser calculados para cada observação. Além do mais, os valores de cada componente podem ser analisados, utilizando-se técnicas estatísticas usuais como análise de variância e análise de regressão.

3.9 SELEÇÃO MÚLTIPLA DE CARACTERÍSTICAS

Para obter genótipos com aptidão para produção de milho verde é necessário que o material selecionado reúna simultaneamente alto potencial produtivo e uma série de características relacionadas ao aspecto comercial das espigas verdes, satisfazendo as exigências do produtor e do mercado consumidor. Nos programas de melhoramento genético, os pesquisadores avaliam um grande número de variáveis fenotípicas, porém encontram dificuldades em selecionar indivíduos/genótipos que reúnam o maior número de características de interesse.

Para o melhoramento de milho verde a seleção com base em uma, ou em poucas características tem se mostrado pouco eficiente para a obtenção de genótipos superiores. No entanto, a partir de métodos estatísticos multivariados, como a análise de componentes principais, uma série de características originais correlacionadas entre si, são condensadas em novas variáveis denominadas componentes principais. Os novos valores numéricos (escores) são obtidos para cada genótipo e dessa forma é possível a seleção de indivíduos que reúnem simultaneamente num só genótipo um elevado número de características de interesse (LEDO; FERREIRA; RAMALHO, 2003).

DoVale; Fritsche-Neto e Silva (2011) avaliaram em 10 híbridos comerciais de milho, 15 variáveis relacionadas à produção de minimilho e milho verde. Após a realização da análise de componentes principais, as 15 características fenotípicas foram condensadas em três componentes principais explicando 82,48% da variância total, considerado suficiente para a interpretação dos dados. Para a seleção dos melhores genótipos com as duas aptidões (minimilho e milho verde), os dados foram submetidos à análise de fatores. Através dos autovetores obtidos, os autores verificaram que o segundo fator atribuiu maiores pesos ao número e à massa de espigas empalhadas de minimilho e milho verde, características de maior interesse para a seleção. Através dos escores obtidos neste fator foi possível selecionar os híbridos triplos DKB 350, AG 8080 e AG 6690 e o duplo DKB 747 como os mais promissores para a produção de minimilho e de milho verde.

Na avaliação de 7 caracteres agronômicos em 47 genótipos de feijão caupi, Bertini et al. (2010) por meio da análise de componentes principais, relataram que os três primeiros componentes explicaram 80,32% da variância total. Através da análise gráfica dos escores em três dimensões foi possível a avaliação da divergência genética entre os genótipos de feijão caupi e conseqüentemente a identificação dos indivíduos mais contrastantes, que ao serem cruzados poderiam gerar combinações gênicas mais promissoras. Com base no índice de seleção de soma dos ranks e utilizando uma pressão de seleção de 27%, os autores identificaram 13 genótipos superiores, os quais demonstraram as melhores combinações para porte de planta, rendimento de grãos, precocidade para a maturação e qualidade dos grãos.

4 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram desenvolvidos na safra agrícola 2012/2013, na área experimental da Fazenda Escola “Capão da Onça”, da Universidade Estadual de Ponta Grossa, localizada no Segundo Planalto Paranaense. A área de realização dos experimentos possui as seguintes delimitações geográficas: latitude Sul variando de 25°05’36.68’’ a 25°05’41.25’’S e longitude Oeste de 50°03’17.11’’ a 50°03’11.16’’W, com altitude de 1015 m.

O solo é classificado como um CAMBISSOLO HÁPLICO Tb distrófico típico, com textura argilosa (EMBRAPA, 2006). Segundo a classificação de Koppen, o clima da região é tipificado como Cfb, ou seja, subtropical úmido, mesotérmico, sem estação seca definida e com geadas frequentes no inverno. A temperatura média nos meses mais quentes é de 21,4 °C e nos meses mais frios de 13 °C, com média pluvial anual de 1574 mm (IAPAR, 2012).

4.1 MATERIAL VEGETAL

A base genética das progênes de meios irmãos é oriunda de 126 espigas obtidas na safra 2006/2007, provenientes do intercruzamento aleatório de 34 variedades de milho crioulo, as quais foram submetidas a ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos através da metodologia de seleção recorrente.

A seleção entre as progênes de meios irmãos foi realizada com base no potencial produtivo para o rendimento de grãos e para redução das características fenológicas ciclo masculino e feminino. Nos ensaios de competição agrônômica sempre foram utilizadas como testemunhas a variedade crioula Nutricional e o híbrido comercial 2A550 da empresa Dow AgroSciences.

A recombinação entre as progênes de meios irmãos selecionadas nos experimentos de competição agrônômica foi realizada em área isolada, segundo o Método Irlandês modificado. No campo de recombinação os genitores masculinos e femininos foram dispostos no esquema 2 : 4 linhas de 5 metros (♂ e ♀, respectivamente). As linhas de polinizador foram formadas a partir da mistura equitativa de sementes de cada uma das melhores progênes, as quais foram intercaladas com as linhas de cada progênie. Nas fileiras correspondentes as progênes de meios irmãos foram efetuadas manualmente o despendoamento de cada planta antes da emissão do pendão.

Na maturação fisiológica das sementes recombinadas foram selecionadas as melhores espigas de cada progênie de meio irmão com base nas seguintes características da espiga: comprimento, diâmetro, número de fileiras de grãos, massa de espiga e massa de grãos por espiga.

Na safra 2010/2011, as 24 melhores progênies de meios irmãos selecionadas no experimento de competição agronômica 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, com proporção de 2 : 4 (♂ e ♀, respectivamente). A colheita do campo de recombinação foi realizada em maio de 2012, após atingir a maturação fisiológica das sementes, encerrando o segundo ciclo de seleção recorrente. Após a secagem das espigas de cada progênie foram selecionadas as 4 melhores espigas, as quais constituíram as 96 progênies de meios irmãos que foram avaliadas em dois experimentos de competição agronômica visando a aptidão para milho verde na safra 2012/2013.

4.2 CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS A CAMPO

Os dois experimentos foram implantados no delineamento experimental aleatorizado em blocos com 3 repetições em 05/10/2012 e 22/11/2012. Em cada experimento foram incluídos 98 tratamentos, sendo 96 progênies de meios irmãos e duas testemunhas comerciais, o híbrido AG 1051 (Agrocere) e a variedade de polinização aberta Cativerde 02 (CATI/SP), recomendados oficialmente para a produção de milho verde. A parcela experimental foi constituída de 2 linhas de 4 m de comprimento e 0,9 m na entrelinha. Na semeadura foi utilizada densidade de 70.000 sementes ha⁻¹, posteriormente foi realizado o desbaste manual, mantendo-se uma população de 55.000 plantas ha⁻¹.

Pelo grande número de tratamentos (progênies + testemunhas) dentro de cada experimento, os blocos foram semeados com intervalo médio de 10 dias, visando reduzir ou atenuar o número de parcelas a serem avaliadas no estágio R3 (grão leitoso) em cada período de colheita das espigas de milho verde.

As áreas experimentais foram inicialmente dessecadas com glifosato (Trop® SL) na dose de 3,0 L de p. c. ha⁻¹, acrescido de 0,3 L ha⁻¹ de óleo mineral (Dash® HC CE). A semeadura foi mecanizada através da semeadora/adubadora de parcelas da Semeato, modelo PS-8. A adubação de base foi com 250 kg ha⁻¹ da formulação 10-20-20 nas linhas de

semeadura. Entre os estádios fenológicos V4 a V8 foram realizadas duas aplicações de nitrogênio e potássio em cobertura com a formulação 36-00-12 na dose de 150 kg ha⁻¹.

O controle de plantas daninhas foi realizado em pós-emergência da cultura pela aplicação dos herbicidas atrazina (Primóleo® SC) e tembotriona (Soberan® SC), nas doses de 3,0 e 0,2 L de p. c. ha⁻¹, respectivamente. Para o controle de insetos foi utilizado os inseticidas tiodicarbe (Larvin® WG) e triflumuron (Certero® SC), nas doses de 0,1 kg ha⁻¹ e 0,1 L de p. c. ha⁻¹.

As colheitas foram realizadas manualmente, à medida que as espigas atingiram o estágio R3 (grão leitoso) ou “ponto de milho verde” (PEREIRA FILHO, 2002). De maneira geral, foram realizadas no mínimo 2 a no máximo 5 coletas por genótipo, com intervalo médio de 2 dias.

4.3 AVALIAÇÕES FENOTÍPICAS

Os tratamentos foram avaliados para as seguintes características agronômicas:

- Ciclo masculino (CM): número de dias da emergência até que 70% das plantas da parcela emitissem o pendão;
- Ciclo feminino (CF): número de dias da emergência até que 70% das plantas da parcela emitissem os estigmas com no mínimo 2,0 cm de exposição;
- Estatura de planta (EST): medida da superfície do solo até o primeiro nó do pendão em cm. A avaliação correspondeu a média de quatro plantas aleatórias por parcela;
- Altura de inserção da espiga principal (IEP): medida da superfície do solo até a inserção da espiga principal em cm. A avaliação correspondeu a média de quatro plantas aleatórias por parcela;

Para avaliar a aptidão das progênies de meios irmãos para a produção de milho verde foram realizadas avaliações referentes ao rendimento e componentes do rendimento em espigas empalhadas e despalhadas (padrão comercial \geq 15 cm de comprimento, livre de danos de insetos ou deformação). As coletas das espigas em cada tratamento foram efetuadas no estágio fenológico R3 (grão leitoso), com número variável de coletas entre os tratamentos em função da maior ou menor uniformidade entre as plantas da parcela para atingir o ponto de milho verde.

4.3.1 Avaliações nas espigas empalhadas

- Número de espigas por ha (NE): total de espigas empalhadas coletadas na área da parcela, transformadas para número de espigas empalhadas por hectare.

- Porcentagem de espigas comerciais (%EE): obtida pela fórmula:

$$\%EE = \left(\frac{\text{Número de espigas com comprimento} \geq 20 \text{ cm}}{\text{Número total de espigas}} \right) \times 100.$$

- Rendimento de espigas (REND): rendimento de espigas empalhadas obtidas na área da parcela, transformado para t ha⁻¹;

- Peso de espiga (PE): obtido pela média aritmética do peso das espigas coletadas na parcela em gramas;

- Comprimento de espiga (CE): obtido pela média aritmética do comprimento das espigas coletadas na parcela em cm;

- Diâmetro de espiga (DE): obtido pela média aritmética do diâmetro das espigas coletadas na parcela em cm.

4.3.2 Avaliações nas espigas despalhadas (comerciais)

- Número de espigas comerciais por ha (NEC): total de espigas com padrão comercial na área da parcela, transformados para número de espigas comerciais por hectare.

- Porcentagem de espigas comerciais (%EC):

$$\%EC = \left(\frac{\text{Número de espigas com comprimento} \geq 15 \text{ cm}}{\text{Número total de espigas}} \right) \times 100.$$

- Rendimento de espigas comerciais (RENDC): rendimento de espigas comerciais obtidas na área da parcela, transformado para t ha⁻¹;

- Peso de espiga comercial (PEC): obtido pela média aritmética do peso das espigas coletadas na parcela em gramas;

- Comprimento de espiga comercial (CEC): obtido pela média aritmética do comprimento das espigas coletadas na parcela em cm;

- Diâmetro de espiga comercial (DEC): obtido pela média aritmética do diâmetro das espigas coletadas na parcela em cm;

- Número de fileiras de grãos por espiga (NFG): obtido pela média aritmética do número de fileiras de grãos por espiga comercial coletadas na parcela;

- Massa fresca de grãos (MFG): obtido pela diferença entre o peso médio da espiga comercial e o peso médio do sabugo em gramas (g). As espigas comerciais de cada tratamento

foram submetidas ao ralador elétrico de milho modelo RALAMIL, visando quantificar a massa fresca de grãos por espiga.

4.4 ANÁLISES ESTATÍSTICAS UNIVARIADAS

Os dados coletados das variáveis fenotípicas dos dois experimentos foram submetidos à análise de variância individual no programa estatístico SISVAR (FERREIRA, 2011). As análises de variância individuais foram realizadas de acordo com o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação referente ao genótipo i no bloco j ;

μ : é uma constante inerente a todas as observações;

t_i : efeito de tratamento i ($i = 1, 2, \dots, 98$);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2$ e 3);

\bar{e}_{ij} : é o erro aleatório associado à observação Y_{ij} .

De acordo com o modelo estatístico o esquema da análise de variância individual é apresentado no Quadro 1.

Quadro 1 - Esquema da análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios das fontes de variação da análise individual.				
Fontes de Variação	G. L.	QM	F	E (QM)
Blocos (B)	(j-1)	QM_B	QM_B / QM_e	----
Tratamentos (T)	(i-1)	QM_T	QM_T / QM_e	$\sigma^2 + J\sigma^2_T$
Resíduo	(i-1)(j-1)	QM_e		σ^2

Após a realização das análises de variância individuais, foi verificada a homogeneidade das variâncias residuais pelo teste F máximo, que considera as variâncias residuais homogêneas quando a relação entre os quadrados médios residuais não for superior a 7 (PIMENTEL GOMES, 2009). Na presença de homocedasticidade das variâncias residuais, pôde-se realizar a análise de variância conjunta dos experimentos, utilizando-se o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + b_{j(k)} + t_i + e_k + (te)_{ik} + \bar{e}_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : é a observação do tratamento i no bloco j dentro do experimento k ;

μ : é uma constante inerente a todas as observações;

$b_{j(k)}$: efeito do bloco j ($j = 1, 2$ e 3) dentro do experimento k ($k = 1$ e 2);

t_i : efeito do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, 98$);

e_k : efeito do experimento k ($k = 1$ e 2);

$(te)_{ik}$: efeito da interação entre tratamento i e experimento k ;

\bar{e}_{ijk} : é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} .

De acordo com o modelo estatístico o esquema da análise de variância conjunta é apresentado no Quadro 2.

Quadro 2 - Esquema da análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios das fontes de variação da análise conjunta.				
Fontes de Variação	G. L.	QM	F	E (QM)
Blocos (experimento)	$(j-1) k$	$QM_{B(k)}$	$QM_{B(k)} / QM_e$	$\sigma^2 + I\sigma_b^2$
Experimentos (E)	$(k-1)$	QM_E	$\frac{(QM_E + QM_e)}{(QM_B + QM_{TE})}$	$\sigma^2 + J\sigma_{te}^2 + I\sigma_b^2 + IJ\sigma_e^2$
Tratamentos (T)	$(i-1)$	QM_T	QM_T / QM_{TE}	$\sigma^2 + J\sigma_{te}^2 + KJ\sigma_t^2$
Interação T x E	$(i-1) (k-1)$	QM_{TE}	QM_{TE} / QM_e	$\sigma^2 + J\sigma_{te}^2$
Resíduo	$k (i-1) (j-1)$	QM_e		σ^2

Para as variáveis fenotípicas que demonstraram efeito significativo da interação tratamento x experimento, procedeu-se o desdobramento das médias dos tratamentos dentro de cada experimento. As médias das variáveis fenotípicas foram agrupadas através do teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade no programa SISVAR (FERREIRA, 2011).

4.5 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da análise de variância ou (método dos momentos), utilizando-se das esperanças matemáticas E (QM) dos quadrados médios das fontes de variação de acordo com Vencovsky e Barriga (1992). Nestas análises foram considerados aleatórios os efeitos de tratamentos (progênies de meios irmãos) e experimentos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

a- Variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$)

$$\hat{\sigma}_e^2 = QM_e$$

b- Variância da interação tratamento x experimento ($\hat{\sigma}_{TXE}^2$)

$$\hat{\sigma}_{TXE}^2 = \frac{QM_{TE} - QM_e}{K}$$

c- Variância Genética ($\hat{\sigma}_G^2$)

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{QM_T - QM_{TE}}{JK}$$

d- Variância Fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$)

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QM_T}{JK}$$

e- Herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2)

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2} \times 100$$

f- Coeficiente de variação genético (CV_G)

$$CV_G = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_G^2}}{Y_0} \times 100, \text{ onde } Y_0 = \text{média da variável fenotípica.}$$

g- Coeficiente de variação ambiental (CV_E)

$$CV_E = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{Y_0} \times 100$$

h- Quociente \hat{b}

$$\hat{b} = \frac{CV_G}{CV_E}$$

i- Ganho esperado com a seleção (\widehat{GS})

$$\widehat{GS} = ds \times \hat{h}_a^2,$$

Onde, ds é o diferencial de seleção dado por $ds = Y_s - Y_0$, em que Y_s é a média dos indivíduos selecionados.

j- Ganho esperado com a seleção em porcentagem ($\widehat{GS}\%$)

$$\widehat{GS}\% = \frac{\widehat{GS}}{Y_0} \times 100$$

4.6 ANÁLISES ESTATÍSTICAS MULTIVARIADAS

4.6.1 Dissimilaridade entre genótipos através da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2)

A medida de dissimilaridade adotada foi à distância quadrada generalizada de Mahalanobis calculada por meio do software R versão 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012). Esta

medida de dissimilaridade foi utilizada devido ao pressuposto dos caracteres estudados apresentarem certo grau de correlação, não sendo totalmente independentes. Assim, a distância quadrada generalizada de Mahalanobis tem vantagem em relação às distâncias euclidianas, pois leva em consideração a correlação entre os caracteres considerados, podendo 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' ($i = 1, 2, \dots, 98$);

$\delta_{ii'}$: é o vetor $[d_1, d_2, \dots, d_p]_{1 \times p}$ 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 ($j = 1, 2, \dots, 18$);

$Y_{i'j}$: é a média do i' -ésimo tratamento em relação à j -ésima variável ($j = 1, 2, \dots, 18$);

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:

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

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 .

4.6.2 Método de Agrupamento UPGMA

Para o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis foi utilizado o programa R versão 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012). Por este método (ligação média), utilizam-se as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando assim, caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre os genótipos considerados. A construção do dendrograma foi estabelecida pelos tratamentos de menor dissimilaridade. 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):

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

Para a determinação do ponto de corte no dendrograma foi utilizado o método de Mojena (1977), que é um procedimento baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões ou distâncias no dendrograma. Este método consiste em selecionar o número de grupos no estágio j que, primeiramente satisfaçam à seguinte inequação: $\alpha_j > \theta_k$, em que α_j é o valor de distâncias dos níveis de fusão correspondentes ao estágio j ($j = 1, 2, \dots, g-1$) e θ_k é o valor

referencial de corte, expresso por: $\theta_k = \bar{\alpha} + k \sigma_{\alpha}$, em que $\bar{\alpha}$ e σ_{α} são as estimativas não viesadas da média e do desvio padrão dos valores de α . Para a definição do número de grupos adotou-se $K=1,0$ de acordo com Milligan e Cooper (1985).

4.6.3 Método de Otimização de Tocher

O agrupamento dos genótipos através do método de Tocher foi realizado com o programa R versão 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012). O método de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares, formando o grupo inicial. Na sequência é avaliada 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:

- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$, inclui-se o indivíduo k no grupo;
- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$, 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:

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

4.6.4 Obtenção da Matriz cofenética para o método de Tocher

Para a obtenção da matriz cofenética para o método de Tocher foi utilizada a metodologia elaborada por Silva e Dias (2013) através do programa R versão 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012). A proposta para o método de Otimização de Tocher é a obtenção de uma matriz análoga a matriz cofenética obtida nos métodos hierárquicos, através das distâncias médias intra e intergrupos.

A distância média intragrupo foi obtida pela média das distâncias dos pares de genótipos dentro do grupo, de acordo com a expressão:

$$d_k = \frac{2}{n_k(n_k - 1)} \sum_{i=1}^{n_k-1} \sum_{j>1}^{n_k} d_{i,j}, \forall i \neq j, n_k \geq 2,$$

Em que:

n_k é o número de indivíduos no grupo k , e $d_{i,j}$ é a distância entre os indivíduos i e j alocados no grupo k . Se, $n_k = 1$ então $d_k = 0$. A distância média entre os grupos k e k' foi obtida pela média das distâncias entre pares de indivíduos a partir de dois grupos envolvidos, de acordo com a equação:

$$d_{k,k'} = \frac{1}{n_k n_{k'}} \sum_{i=1}^{n_k} \sum_{j>1}^{n_{k'}} d_{i,j}, \forall k \neq k',$$

Em que:

n_k e $n_{k'}$ é o número de indivíduos nos grupos k e k' ; e $d_{i,j}$ é a distância entre o indivíduo i do grupo k e o indivíduo j do grupo k' . Se $n_k = n_{k'} = 1$, então $d_{k,k'} = d_{i,j}$.

A matriz cofenética para o método de Otimização de Tocher então foi obtida a partir das estimativas das distâncias médias intra e intergrupos.

4.6.5 Correlação Cofenética

Após a aplicação dos métodos de agrupamento UPGMA e Tocher, foi obtido o coeficiente de correlação cofenética entre a matriz de distâncias originais e a matriz cofenética, de acordo com a expressão proposta por Bussab; Miazaki e Andrade (1990) citada por Albuquerque (2005).

$$r_{\text{cof}} = \frac{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})(d_{ij} - \bar{d})}{\left[\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})^2 \right]^{1/2} \left[\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (d_{ij} - \bar{d})^2 \right]^{1/2}}$$

Em que:

c_{ij} é o valor da distância entre os tratamentos i e j na matriz cofenética;

d_{ij} é o valor da distância entre os mesmos tratamentos na matriz original de distâncias;

n é a dimensão da matriz;

\bar{c} é o valor médio das distâncias obtidas na matriz cofenética dado por:

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n c_{ij}$$

\bar{d} é o valor médio das distâncias entre os indivíduos na matriz original dado por:

$$\bar{d} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n d_{ij},$$

Assim a correlação cofenética mede o grau de associação entre os elementos abaixo ou acima da diagonal principal de ambas as matrizes. Após a obtenção da correlação cofenética para cada método de agrupamento, os valores dos coeficientes foram submetidos ao teste de aleatorização de Mantel ($\alpha \leq 0,05$) baseado em 5000 permutações.

4.6.6 Análise Discriminante

Após a obtenção dos agrupamentos UPGMA e Tocher, foi aplicada a análise discriminante para verificação do poder de separação dos métodos de agrupamento através do programa R versão 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012). A partir de combinações lineares das p variáveis originais de g grupos normais com matrizes de covariâncias homogêneas, foram estimadas as funções discriminantes canônicas de Fisher (1936).

O poder de separação dos métodos de agrupamento foi avaliado pela taxa de erro aparente (TEA) das funções discriminantes, conforme a expressão:

$$TEA = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^g e_i$$

Em que:

n é o número total de classificações e e_i corresponde ao número de classificações erradas em cada grupo.

4.7 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Inicialmente todas as variáveis fenotípicas analisadas foram padronizadas, pois foram obtidas de diferentes escalas métricas:

$$X_j = \frac{X_{ij}}{\hat{\sigma}_j}$$

Onde:

X_j : é o valor da variável padronizada;

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

$\hat{\sigma}_j$: desvio padrão da j -ésima variável.

4.7.1 Determinação dos Componentes Principais (CP's)

A análise de componentes principais foi realizada com a função `princomp()` do software R versão 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012), sendo utilizada a matriz de correlação residual obtida através da análise de variância conjunta dos experimentos pelo programa GENES (CRUZ, 2006).

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 \tilde{a}_i :

$$\tilde{a}_i = \begin{bmatrix} a_{i1} \\ a_{i2} \\ \vdots \\ a_{ip} \end{bmatrix}$$

Foram obtidos os autovetores \tilde{a}_i normalizados como norma unitária, isto é, a soma dos quadrados dos coeficientes igual a 1, sendo ainda ortogonais entre si. Sendo \tilde{a}_i o autovetor correspondente ao autovalor λ_i , então o i -ésimo componente principal é dado por:

$$Y_i = a_{i1}X_1 + a_{i2}X_2 + \dots + a_{ip}X_p$$

De acordo com Ferreira (2008) os componentes principais apresentam as seguintes propriedades:

- 1) A variância do componente principal Y_i é igual ao autovalor λ_i .

$$Var(Y_i) = \lambda_i$$

- 2) O primeiro componente é o que apresenta maior variância, seguido do segundo e assim por diante:

$$Var(Y_1) > Var(Y_2) > \dots > Var(Y_p)$$

- 3) A variância total das variáveis originais é igual ao somatório dos autovalores que corresponde a variância total dos componentes principais:

$$\sum Var(X_i) = \sum \lambda_i = \sum Var(Y_i)$$

- 4) Os componentes principais não são correlacionados entre si:

$$Cov(Y_i, Y_j) = 0 \quad \forall i \neq j$$

4.7.2 Contribuição de cada Componente Principal

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 .

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

A importância do componente principal é avaliada por meio de sua contribuição, isto é, pela proporção da variância total explicada pelo componente principal. A soma dos primeiros autovalores (k) representa a proporção de informação retida na redução de p para k

dimensões. Com essa informação pode-se decidir quantos componentes serão usados na análise, isto é, quantos componentes serão utilizados para diferenciar os tratamentos. Não existe um modelo estatístico que ajude nesta decisão. Segundo Regazzi (2000) para aplicações em diversas áreas do conhecimento, o número de componentes principais tem sido aquele que acumula 70% ou mais da variância total.

4.7.3 Interpretação e Escores dos Componentes Principais

Cada 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 \tilde{a}_i^2 .

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. No Quadro 3 é exemplificado a organização de um conjunto de dados composto por n tratamentos ($n = 1, 2, \dots, 98$) e p variáveis ($p = 1, 2, \dots, 18$) no componente principal 1 (Y_1). Dessa forma, os tratamentos que obtiverem os maiores escores, apresentarão desempenho superior para as características que mais influenciaram na formação do componente.

Quadro 3 - Escore do primeiro componente principal (Y_1) para n tratamentos.		
Tratamentos	Y_1	Obtenção do (Y_1)
1	Y_{11}	$Y_{11} = a_1X_{1(1)} + a_2X_{1(2)} + \dots + a_{18}X_{1(18)}$
2	Y_{21}	$Y_{21} = a_1X_{2(1)} + a_2X_{2(2)} + \dots + a_{18}X_{2(18)}$
...
N	Y_{n1}	$Y_{n1} = a_1X_{n(1)} + a_2X_{n(2)} + \dots + a_pX_{n(p)}$

Em que:

Y_{n1} : é o escore do tratamento n correspondente ao componente principal 1 (Y_1);

$a_pX_{n(p)}$: é o autovetor a_p correspondente a média padronizada da respectiva variável (p) obtida no tratamento n .

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA E AGRUPAMENTO DE MÉDIAS

A partir dos resultados das análises de variância individuais, testou-se a homogeneidade das variâncias residuais dos dois experimentos para as 18 variáveis fenotípicas avaliadas. Para todas as variáveis estudadas a relação $\frac{>QM_e}{<QM_e}$ foi inferior a 7, atendida essa pressuposição, considerou-se os experimentos homogêneos e realizou-se a análise de variância conjunta dos experimentos (PIMENTEL GOMES, 2009).

Os resultados da análise de variância conjunta evidenciaram efeito significativo ($p \leq 0,01$) para a fonte de variação experimento na maioria das variáveis analisadas, com exceção das características: estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (IEP) e massa fresca de grãos (MFG). Para o efeito de tratamento a análise de variância não demonstrou efeito significativo apenas para o caráter diâmetro de espiga empalhada (DE). Para a interação tratamento x experimento foram observados efeitos significativos para as características: ciclo masculino (CM), ciclo feminino (CF), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (IEP) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) (Tabela 1). Para as características onde não houve efeito significativo da interação, os tratamentos (progênes de meios irmãos e testemunhas) apresentaram ranqueamento semelhante nos dois experimentos de campo, sendo as médias dos tratamentos apresentadas com base nos resultados obtidos da análise conjunta dos experimentos. Por outro lado, para as variáveis com efeito significativo da interação, procedeu-se o desdobramento da interação dos tratamentos dentro de cada experimento (Tabela 2).

Os coeficientes de variação oscilaram de 2,08 para o ciclo masculino a no máximo 23,89% para rendimento de espigas comerciais (Tabela 1). Estes coeficientes estão adequados para experimentos de competição agrônômica bem como para estudos relacionados à produção de milho verde (CANCELLIER et al., 2011; CASTRO; SILVA; CARDOSO, 2013; DOVALE; FRITSCHÉ-NETO; SILVA, 2011; RODRIGUES et al., 2011; VIEIRA et al., 2010).

Tabela 1 - Resumo da análise de variância conjunta para as 18 variáveis fenotípicas avaliadas nos experimentos de aptidão para a produção de milho verde. Ponta Grossa, 2014.

Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	CM	CF	EST	IEP	NE	%EE	REND	PE	CE
Blocos (experimento)	4	980,97 **	687,63 **	0,39 **	0,24 **	254,08 **	2760,5 **	52,86 **	8905,23 **	14,48 **
Experimentos (E)	1	3285,88 **	1408,33 **	0,02	0,01	11196,05 **	163802,67 **	3741,7 **	390770,66 **	370,52 **
Tratamentos (T)	97	24,54 **	37,42 **	0,05 **	0,05 **	120,55 **	243,67 **	12,64 **	1636,66 **	7,63 **
T x E	97	7,42 **	13,89 **	0,03 **	0,02 **	70,66	141,19	5,86	597,62	1,88
Resíduo	388	1,88	3,88	0,01	0,01	57,24	112,95	4,75	592,84	1,87
Média		66,03	69,91	2,33	1,38	46,960	52,08	14,02	296,95	23,39
C.V.(%)		2,08	2,82	4,96	6,37	16,11	20,41	15,56	8,20	5,84

Continuação

Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	DE	NEC	%EC	RENDNC	PEC	DEC	CEC	NFG	MFG
Blocos (experimento)	4	1,31 **	937,21 **	2710,74 **	37,67 **	1807,50 **	0,17	2,58 **	1,52 **	715,11 *
Experimentos (E)	1	7,87 **	58804,00 **	151696,02 **	3405,34 **	18719,05 **	0,51 **	103,62 **	17,23 **	568,54
Tratamentos (T)	97	0,31	93,27 **	231,81 **	5,17 **	962,52 **	0,18 **	1,135 **	2,73 **	636,13 **
T x E	97	0,25	42,8	152,59 *	2,52	262,16	0,11	0,69	0,28	272,83
Resíduo	388	0,24	35,32	109,15	2,07	264,18	0,10	0,66	0,31	223,90
Média		5,72	26,190	54,36	6,02	217,22	4,69	16,85	14,41	94,58
C.V.(%)		8,65	22,70	19,22	23,89	7,50	6,69	4,82	3,86	15,10

** , * significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente. (CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (RENDNC) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

Na cultura do milho os fatores climáticos mais importantes para a obtenção de altos rendimentos são a disponibilidade hídrica, a intensidade de radiação solar e a temperatura do ar (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2004). Quando a semeadura é realizada em diferentes períodos (safra e safrinha), a cultura do milho encontra condições climáticas diferenciadas, sendo que o cultivo na safrinha normalmente reduz o potencial produtivo, principalmente em função da diminuição da radiação solar interceptada pelo dossel, seguido de baixas temperaturas diurnas e redução no volume de precipitação (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2004).

Segundo Valente (1996) a precipitação necessária para a produção de grãos em milho é de 540 a 571 mm. Considerando-se um ciclo de 145 dias seriam necessários, de 26,1 a 27,6 mm por semana. Extrapolando-se para a produção de milho verde seriam necessários de 332 a 374 mm, embora se deva levar em consideração as exigências hídricas de cada estágio fenológico. A precipitação total observada da semeadura até a colheita das espigas verdes foi de 706,4 e 834,4 mm para o 1º e 2º experimento, respectivamente (ANEXO 1-A), evidenciando a excelente disponibilidade hídrica durante o desenvolvimento da cultura.

Para a obtenção de elevadas produtividades na cultura o período compreendido entre os estádios de pré-florescimento e enchimento de grãos deve coincidir com temperaturas na faixa de 26 a 32°C e alta intensidade de radiação solar, de tal forma que a fotossíntese líquida da cultura atinja seu ponto máximo (ANDRADE, 1992; MUNDSTOCK; SILVA, 2005). Com base nos dados climáticos obtidos durante a realização dos experimentos pode-se verificar que as maiores taxas de radiação solar e altas temperaturas diurnas foram obtidas entre os meses de novembro e janeiro, o que favoreceu o desempenho dos genótipos no primeiro experimento (ANEXO 1-C).

Os resultados evidenciaram tendência de queda para a maioria das características produtivas avaliadas em progênies de meios irmãos no segundo experimento (safrinha), em relação ao primeiro, com destaque negativo para o REND e o RENDC com redução de 43,9 e 66,5%, respectivamente (DADOS NÃO APRESENTADOS). Percebe-se que a partir do mês de fevereiro houve uma tendência de redução da temperatura diurna e da intensidade de radiação solar diária, coincidindo com o início do período reprodutivo para o segundo experimento (safrinha), explicando assim o forte declínio das variáveis produtivas (ANEXO 1-C).

As variáveis relacionadas à fenologia da planta são de grande importância para a seleção de genótipos adaptados para a produção de milho verde, pois através do conhecimento do ciclo reprodutivo o agricultor poderá estabelecer a melhor época de semeadura bem como

determinar o período em que as espigas estarão aptas à comercialização na forma de milho verde. Neste sentido, é importante determinar o período compreendido entre a emergência (VE) e o florescimento masculino (VT) e feminino (R1), pois segundo Fancelli e Dourado Neto (2004), as espigas atingem o estágio R3 (grão leitoso) de 12 a 15 dias após o início da polinização.

Os valores médios dos tratamentos com o teste de agrupamento de Scott e Knott para as 18 variáveis fenotípicas analisadas constam nos ANEXOS 2 e 3. Para facilitar a visualização dos resultados da análise de agrupamento de médias foram estabelecidos os grupos estatísticos, o intervalo das médias dentro de cada grupo (superior e inferior), bem como o número de progênies de meios irmãos de milho nos respectivos grupos (Tabela 2).

Em relação à fenologia da planta, no primeiro experimento, as progênies de meios irmãos demonstraram ciclo masculino (CM) variando de 64 a 75 dias, sendo que 85 progênies apresentaram CM inferior a 71 dias. O híbrido AG 1051 e a variedade Cativerde 02 foram ranqueados no grupo superior, com ciclo de 75 e 73,33 dias, superando a grande maioria das progênies estudadas (Tabela 2). Para o segundo experimento (safrinha), o CM médio das progênies foi de 63,53 dias, variando de 59,33 até 68 dias para emissão do pendão, com distribuição em quatro grupos estatísticos. As testemunhas comerciais (híbrido AG 1051 e a variedade Cativerde 02) apresentaram CM de 70 e 70,67 dias, respectivamente, com ciclo masculino mais tardio que todas as progênies estudadas. Na avaliação de diferentes híbridos de milho na região de Ponta Grossa-PR, Vieira (2007) verificou que o ciclo masculino variou de 68 a 71 dias, sendo o híbrido DKB 214 classificado como o mais precoce e o SWB 551 como o mais tardio. No presente trabalho, destaca-se que as progênies de meios irmãos apresentam precocidade para o ciclo masculino nos dois experimentos, o que demonstra o potencial genético deste conjunto de progênies de meios irmãos para a redução do ciclo, característica de grande importância para a adequação do período de semeadura visando à colheita de espigas de milho verde pelos agricultores.

Para o ciclo feminino (CF) a análise evidenciou a formação de cinco grupos estatísticos, com amplitude de 65 a 81,33 dias (Tabela 2). Destaque positivo para 86 progênies de meios irmãos que apresentaram intervalo entre os estádios VE a R1 inferior a 76 dias, superando em precocidade as testemunhas comerciais (híbrido e variedade). Para o segundo experimento houve uma redução média de aproximadamente três dias no ciclo feminino das progênies quando comparado ao primeiro experimento. As progênies apresentaram CF variando de 62,67 a 74,67 dias, sendo ranqueadas em três grupos, com 15 progênies com maior ciclo feminino (71 a 74,67 dias), 29 no grupo intermediário (68,67 a 70,67 dias) e 52

progênies de meios irmãos com a maior precocidade com no máximo 68,33 dias para a emissão dos estigmas. Da mesma forma, as testemunhas comerciais (híbrido e variedade) agruparam-se no conjunto de genótipos mais tardios, com média de 74,5 dias para o florescimento feminino (Tabela 2).

Tabela 2 - Distribuição das progênies de meios irmãos nos grupos estatísticos de Scott e Knott a partir do desdobramento das progênies em cada experimento. Ponta Grossa, 2014.

Grupos Estatísticos		1º Experimento									
		CM (dias)		CF (dias)		EST (m)		IEP (m)		%EC (%)	
		Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP
A	Sup. ⁽¹⁾	75,00		81,33		2,60		1,60		89,36	
	Inf. ⁽²⁾	73,33	4	81,33	1	2,34	42	1,48	15	69,30	57
B	Sup.	72,00		78,33		2,33		1,47		69,09	
	Inf.	71,00	7	76,00	9	2,15	54	1,40	27	46,49	39
C	Sup.	70,67		75,00				1,39			
	Inf.	68,33	47	72,00	31			1,17	54		
D	Sup.	67,67		71,33							
	Inf.	66,33	15	68,67	38						
E	Sup.	66,00		68,33							
	Inf.	64,00	23	65,00	17						
Média das progênies		68,27		71,29		2,33		1,38		70,66	
AG 1051 (H)		75,00		81,33		2,36		1,54		71,72	
Cativerde 02 (V)		73,33		77,67		2,38		1,55		46,49	
Grupos Estatísticos		2º Experimento									
		CM (dias)		CF (dias)		EST (m)		IEP (m)		%EC (%)	
		Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP
A	Sup. ⁽¹⁾	70,67		74,67		2,62		1,66		63,10	
	Inf. ⁽²⁾	70,00		71,00	15	2,46	17	1,52	10	38,57	48
B	Sup.	68,00		70,67		2,45		1,51		38,17	
	Inf.	66,00	12	68,67	29	2,33	37	1,40	29	21,15	48
C	Sup.	65,67		68,33		2,32		1,38			
	Inf.	63,67	38	62,67	52	2,07	42	1,28	37		
D	Sup.	63,33						1,27			
	Inf.	62,00	24					1,14	20		
E	Sup.	61,67									
	Inf.	59,33	22								
Média das progênies		63,53		68,24		2,34		1,37		38,30	
AG 1051 (H)		70,00		74,67		2,07		1,35		36,22	
Cativerde 02 (V)		70,67		74,33		2,55		1,66		40,25	

(1) média superior no grupo estatístico, (2) média inferior no grupo estatístico, (NP) número de progênies, (CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal e (%EC) porcentagem de espigas comerciais.

Os resultados obtidos neste trabalho para as variáveis CM e CF são extremamente satisfatórios, pois a maioria das progênies de meios irmãos superaram em precocidade às testemunhas comerciais. Nos programas de melhoramento genético a redução na duração do ciclo é um atributo almejado, pois genótipos com ciclo demasiadamente longo permanecem por maior período a campo, diminuindo a eficiência no uso das áreas agrícolas em sucessão pelos produtores, além de estarem sujeitas às intempéries climáticas. No presente estudo, verificou-se intervalo médio de 11 dias entre as progênies de meios irmãos que obtiveram o menor e o maior ciclo masculino nos dois experimentos. Para o ciclo feminino este intervalo

foi de 16 dias no primeiro e 12 dias no segundo experimento, o que indica variabilidade genética para ciclo neste conjunto de 96 progênies de meios irmãos.

Os programas de melhoramento de milho que visam à produção de grãos buscam através da seleção artificial a redução do porte dos genótipos, uma vez que existe alta correlação entre a altura da planta e o índice de acamamento. Contudo, para produção de milho verde a estatura de planta (EST) possui importância relativa. A literatura indica que normalmente genótipos de maior estatura apresentam elevada correlação com a produção de massa verde (PARENTONI et al., 1990). Desta forma, é esperado que numa lavoura destinada à produção de milho verde, os resíduos vegetais pós-colheita das espigas possam ser destinados a alimentação animal em pequenas propriedades rurais.

Para a estatura de planta (EST), no primeiro experimento, as progênies de meios irmãos apresentaram estatura média de 2,33 m, com amplitude de 2,15 a 2,60 m (Tabela 2). Pelo agrupamento de médias de Scott e Knott foi possível observar a formação de apenas dois grupos estatísticos, com 42 progênies mais altas variando de 2,34 a 2,60 m e 54 progênies com no máximo de 2,33 m de estatura. As testemunhas AG 1051 e Cativeverde 02 foram ranqueadas no grupo superior, com estatura de 2,36 e 2,38 m, respectivamente. No segundo experimento formaram-se três grupos de progênies, com 17 mais altas (2,46 a 2,62 m), 37 intermediárias (2,33 a 2,45 m) e 42 com menor estatura (2,07 a 2,32 m). Neste experimento, destaque positivo para 80 progênies de milho com estatura média inferior a variedade Cativeverde 02 (Tabela 2).

A altura de inserção da espiga principal (IEP) possui grande importância quando se considera a colheita manual das espigas em ponto de milho verde, pois espigas muito altas dificultam esse processo a campo. Para essa variável, no primeiro experimento, as progênies de milho evidenciaram altura de inserção da espiga principal variando de 1,17 a 1,60 m, patamar bastante favorável ao processo de colheita manual. O agrupamento de médias demonstrou a formação de três grupos, sendo 15 progênies ranqueadas no grupo de maior altura de inserção (1,48 a 1,60 m), 27 no grupo intermediário (1,40 a 1,47 m) e 54 progênies com no máximo 1,39 m de IEP. O híbrido AG 1051 e a variedade Cativeverde 02 foram agrupados no conjunto de genótipos com maior IEP (Tabela 2). No segundo experimento, as progênies demonstraram média de inserção de espiga principal de 1,37 m, variando de 1,14 a 1,66 m, com a grande maioria das progênies superada pela testemunha comercial Cativeverde 02, com IEP de 1,66 m (Tabela 2).

A porcentagem de espigas comerciais (%EC) constitui uma das variáveis produtivas mais importantes para a seleção de genótipos com aptidão para produção de milho verde, uma

vez que quantifica a porcentagem das espigas com padrão comercial para o mercado de espiga despalhada. Em relação a %EC, no primeiro experimento, as progênies obtiveram média de 70,66% de espigas com padrão comercial, com variação de 46,49 a 89,36% (Tabela 2). Pelo agrupamento de médias, 57 progênies de meios irmãos foram ranqueadas no grupo superior com amplitude de 69,3 a 89,36%. O híbrido AG 1051 apresentou porcentagem de espigas comerciais de 71,7%, estatisticamente ranqueado no grupo de maior %EC, no entanto, numericamente observam-se progênies com desempenho muito superior ao híbrido, com quase 90% das espigas com padrão comercial. Por outro lado, a variedade Cativeverde 02 recomendada oficialmente para esta aptidão, apresentou o pior desempenho com %EC de apenas 46,49% (Tabela 2).

No segundo experimento (safrinha), a média geral das progênies para %EC foi reduzida sensivelmente de 70,66 para 38,3%. Das 96 progênies de meios irmãos, 48 foram ranqueadas no grupo superior (38,6 a 63,1%) e 48 no grupo inferior (21,1 a 38,2%). A variedade Cativeverde 02 apresentou desempenho semelhante à média das progênies superiores com %EC de 40,25% (Tabela 2). Por outro lado, o híbrido AG 1051 obteve apenas 36,22% das espigas com padrão comercial, resultado muito inferior as progênies de maior %EC. Evidencia-se neste experimento, valores de %EC no grupo superior próximo a 63%, equivalendo praticamente ao dobro do desempenho obtido pelo híbrido (Tabela 2). Na região de Ponta Grossa, Vieira et al. (2010) avaliando a aptidão para produção de milho verde em híbridos recomendados para produção de grãos, verificaram que o DKB 214 apresentou a maior porcentagem de espigas comerciais com média de 65,5%. Analisando-se as médias das melhores progênies de meios irmãos obtidas nos dois experimentos, evidencia-se resultados extremamente satisfatórios quanto a produção de espigas de milho verde dentro do padrão comercial exigido pelo mercado consumidor.

Na comercialização do milho verde, as CEASA's e as feiras livres dispõem de espigas empalhadas, pois a palha oferece naturalmente proteção às espigas, reduzindo os danos físicos causados durante o transporte/armazenamento. Neste sentido, a avaliação de variáveis produtivas e comerciais em espigas empalhadas é de grande interesse, pois possibilitam a recomendação de genótipos com aptidão para esse nicho de mercado.

Para o número total de espigas empalhadas (NE), as progênies de meios irmãos demonstraram rendimento médio de 47.020 espigas ha⁻¹, sendo ranqueadas em dois grupos estatísticos, com amplitude de 36.300 a 58.240 espigas ha⁻¹ (Tabela 3). Destaque extremamente satisfatório para 57 progênies de milho que alcançaram rendimento médio de 46.540 até 58.240 espigas ha⁻¹, superando largamente as testemunhas comerciais AG 1051

(46.050 espigas ha⁻¹) e Cativerde 02 (37.520 espigas ha⁻¹). Os resultados alcançados para a testemunha AG 1051 (46.050 espigas ha⁻¹) corroboram com os obtidos por Castro; Silva e Cardoso (2013), que relataram rendimento médio de 49.340 espigas empalhadas ha⁻¹ para o mesmo híbrido comercial em Mossoró-RN.

Tabela 3 - Distribuição das progênes de meios irmãos nos grupos estatísticos de Scott e Knott a partir das médias das progênes nos dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.

Grupos Estatísticos		NE (ha ⁻¹)		%EE		REND (t ha ⁻¹)		PE (g)		CE (cm)		DE (cm)	
		Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP
A	Sup. ⁽¹⁾	58.240	57	67,51	50	17,22	61	343,82	52	26,33	13	6,45	96
	Inf. ⁽²⁾	46.540		52,05		13,75		298,82		24,90		5,23	
B	Sup.	46.300	39	51,78	46	13,70	35	297,27	44	24,63	22		
	Inf.	36.300		35,82		10,27		260,00		23,70			
C	Sup.									23,62	61		
	Inf.									21,21			
Média das progênes		47.020		52,04		14,06		297,24		23,39		5,72	
AG 1051 (H)		46.050		63,65		13,24		292,9		22,6		5,59	
Cativerde 02 (V)		37.520		44,32		10,27		273,3		24,9		5,55	

(1) média superior no grupo estatístico, (2) média inferior no grupo estatístico, (NP) número de progênes, (NE) número total de espigas ha⁻¹, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas, (PE) peso de espiga, (CE) comprimento de espiga e (DE) diâmetro de espiga.

Para a porcentagem de espigas comerciais empalhadas (%EE), as progênes avaliadas apresentaram desempenho médio de 52% das espigas com padrão comercial, com amplitude de 35,8 a 67,5%. O agrupamento das médias possibilitou o ranqueamento das progênes em dois grupos estatísticos, com 50 progênes de meios irmãos com melhor desempenho (52 a 67,5%) e 46 no grupo inferior (35,8 a 51,8%). O AG 1051 apresentou porcentagem de espigas comerciais empalhadas de 63,65%, estatisticamente semelhante às progênes do grupo superior. Por outro lado, a Cativerde 02 com apenas 44,32% de espigas comerciais, foi superada pela maioria das progênes em estudo, com destaque muito favorável para as progênes de milho que obtiveram valores próximos a 67% (Tabela 3).

Para o rendimento de espigas empalhadas (REND), a média geral das progênes de meios irmãos foi de 14,06 t ha⁻¹, com amplitude de 10,27 a 17,22 t ha⁻¹ (Tabela 3). Estes resultados estão de acordo com as médias comumente encontradas no Brasil, as quais variam de 9 e 15 t de espigas empalhadas ha⁻¹ (PEREIRA FILHO, 2002; RODRIGUES et al., 2009). A análise das médias para esta variável demonstrou o ranqueamento das progênes de meios irmãos em dois grupos estatísticos, destacando-se 61 progênes com rendimento variando de 13,75 a 17,22 t ha⁻¹, com ênfase para aquelas que obtiveram rendimento próximo a 17 t ha⁻¹. O híbrido AG 1051 e a variedade Cativerde 02 apresentaram REND de 13,4 e 10,27 t ha⁻¹, respectivamente, sendo superados pelas progênes do grupo superior. Resultados semelhantes

foram obtidos por Castro; Silva e Cardoso (2013), no qual o híbrido AG 1051 apresentou produtividade de espigas empalhadas de 14,35 t ha⁻¹, com desempenho superior aos híbridos AG 2060 e BRS 2020. Na avaliação de híbridos experimentais, Rodrigues et al. (2011) verificaram que a produtividade de espigas verdes empalhadas em 28 híbridos simples variou de 14,2 a 22,7 em Lavras e de 7,3 a 15,4 t ha⁻¹ em Ijaci, no estado de Minas Gerais.

A aparência das espigas destinadas à alimentação humana exerce grande influência na aceitação do produto pelo mercado consumidor (PEREIRA FILHO, 2002). Para o peso de espiga empalhada (PE), as progênies demonstraram peso médio de 297,2 g por espiga, variando de 260 a 343,8 g (Tabela 3). Verifica-se que 52 progênies foram agrupadas com maior peso, com amplitude de 298,8 a 343,8 g, superando estatisticamente o híbrido AG 1051 (292,9 g) e a variedade Cativerde 02 (273,3 g), os quais evidenciaram desempenho similar a 44 progênies do grupo inferior (260,0 a 297,3 g). Pinho et al. (2008) verificaram em sistema orgânico de produção de milho verde, que o híbrido AG 1051 obteve peso de espiga empalhada de 300,5 g, o qual não diferiu significativamente dos demais genótipos avaliados. Neste conjunto de 96 progênies de milho, evidenciou-se que determinadas progênies obtiverem PE próximos a 340 g, resultado extremamente satisfatório para o mercado de espigas empalhadas, no qual o aspecto visual define a aceitação do produto pelo consumidor.

O comprimento de espiga empalhada (CE) é um dos critérios utilizados para a seleção de genótipos com aptidão para a produção de milho verde. Enfatiza-se que no momento da comercialização esta característica (CE) norteia o padrão de qualidade da espiga. As progênies obtiveram média de 23,4 cm de CE, sendo ranqueadas em três grupos estatísticos, com amplitude de 21,21 a 26,33 cm (Tabela 3). Das 96 progênies de meios irmãos, 13 foram ranqueadas no grupo de maior comprimento, com CE superior a 25 cm, juntamente com a variedade Cativerde 02 (24,9 cm). Outras 22 apresentaram CE intermediário com médias variando de 23,70 a 24,63 cm. Por outro lado, o híbrido AG 1051 obteve CE de apenas 22,6 cm, juntamente com 61 progênies que obtiveram comprimento de espiga inferior a 23,62 cm (Tabela 3).

Para o diâmetro de espiga empalhada (DE), as médias das progênies variaram de 5,23 a 6,45 cm (Tabela 3). Para esta característica a análise de variância não revelou diferenças significativas entre os tratamentos (progênies e testemunhas), apenas houve diferença entre os experimentos. Mesmo assim, evidencia-se um DE para a média das progênies de 5,72 cm, atendendo aos critérios estabelecidos para a comercialização de espigas de milho verde, ou seja, ≥ 5 cm (PEREIRA FILHO, 2002).

Nos supermercados a comercialização de milho verde para o consumo *in natura* ou processamento normalmente é realizada através de espigas despalhadas acondicionadas em bandejas de poliestireno expandido (isopor) envoltas com filme plástico. Neste sentido, características produtivas e comerciais merecem grande atenção do melhorista no momento da seleção artificial. Em relação ao número de espigas comerciais ha⁻¹ (NEC), as progênies avaliadas obtiveram rendimento médio de 26.301 espigas com padrão comercial. Através da análise de agrupamento de médias, evidenciou-se que 49 progênies de milho apresentaram rendimento variando de 26.320 até 33.870 espigas ha⁻¹, superando largamente as testemunhas comerciais, o AG 1051 (23.870 espigas ha⁻¹) e a Cativerde 02 (16.570 espigas ha⁻¹), as quais agruparam-se com 47 progênies de médias inferiores (Tabela 4). Na avaliação de híbridos e variedades visando à produção de espigas de milho verde, Rocha, Filho e Barbosa (2011) verificaram variação de 27.500 a 30.800 espigas comerciais ha⁻¹, para o grupo de híbridos de melhor desempenho. Por outro lado, a variedade Cativerde 02 evidenciou o pior desempenho, com rendimento de apenas 20.300 espigas comerciais ha⁻¹.

Tabela 4 - Distribuição das progênies de meios irmãos nos grupos estatísticos de Scott e Knott a partir das médias das progênies nos dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.

Grupos Estatísticos	NEC (ha ⁻¹)		RENDNC (t ha ⁻¹)		PEC (g)		DEC (cm)		CEC (cm)		NFG (n)		MFG (g)		
	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	Int.	NP	
A	Sup. ⁽¹⁾	33.870	49	8,22	47	257,42	8	5,23	51	18,12	40	16,64	2	125,5	45
	Inf. ⁽²⁾	26.320		6,08		232,41		4,69		16,90		16,21		95,41	
B	Sup.	26.070	47	6,02	49	231,02	54	4,68	45	16,87	56	15,91	10	94,33	51
	Inf.	16.570		3,53		214,44		4,29		15,83		15,28		65,70	
C	Sup.					213,99	22					15,18	25		
	Inf.					203,18						14,54			
D	Sup.					200,88	12					14,51	31		
	Inf.					186,18						13,97			
E	Sup.											13,95	28		
	Inf.											13,20			
Média das progênies		26.301		6,05		217,06		4,69		16,86		14,39		94,24	
AG 1051 (H)		23.870		5,34		210,71		4,70		16,02		15,91		103,25	
Cativerde 02 (V)		16.570		3,53		198,76		4,32		16,47		14,63		77,79	

(1) média superior no grupo estatístico, (2) média inferior no grupo estatístico, (NP) número de progênies, (NEC) número de espigas comerciais, (RENDNC) rendimento de espigas comerciais despalhadas, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

Para o rendimento de espigas comerciais (RENDNC), as progênies evidenciaram produtividade média de 6,05 t ha⁻¹, variando de 3,53 até 8,22 t ha⁻¹ (Tabela 4). Pelo agrupamento de médias, 47 progênies de meios irmãos demonstraram RENDNC variando de 6,08 a 8,22 t ha⁻¹, desempenho superior ao híbrido AG 1051 (5,34 t ha⁻¹). Novamente, a variedade Cativerde 02 obteve a pior produtividade entre os genótipos com RENDNC de apenas 3,53 t ha⁻¹, sendo que em algumas progênies do grupo superior superaram em mais de

100% o RENDC da Cativeverde 02 (Tabela 4). Nos municípios de Lavras e Ijaci (MG), Rodrigues et al. (2011) relataram rendimento de espigas despalhadas com amplitude de 5,2 a 13,9 t ha⁻¹ em Lavras e de 1,9 a 6,7 t ha⁻¹ em Ijaci. No presente trabalho, evidenciou-se que algumas progênies de meios irmãos demonstraram desempenho igual e/ou superior a determinados híbridos experimentais relatados por Rodrigues et al. (2011).

O peso da espiga comercial é importante para a comercialização em bandejas, pois o preço é definido pela quantidade em R\$ kg⁻¹ ou pelo peso mínimo por bandeja (ex. 800 g). Assim, o peso da espiga despalhada pode ser considerado fator determinante da quantidade de espigas por bandeja a ser adquirida pelo consumidor ou do rendimento em bandejas. Para o peso de espiga comercial (PEC), as progênies evidenciaram média geral de 217,06 g, com amplitude de 186,18 a 257,42 g (Tabela 4). Evidencia-se que 8 progênies de meios irmãos demonstraram resultados muito favoráveis, com PEC de 232,41 até 257,42 g. O híbrido AG 1051 e a variedade Cativeverde 02 apresentaram média de 210,71 e 198,76 g, respectivamente, o que reflete o baixo desempenho em relação a maioria das progênies de meios irmãos avaliadas. Os resultados obtidos para as melhores progênies de meios irmãos são semelhantes aos encontrados por Vieira et al. (2010) para os híbridos comerciais Penta (213,70 g), 30P34 (262,1 g), DKB 214 (267,1 g) e SWB 551 (251,3 g) avaliados no mesmo ambiente em Ponta Grossa.

Para o diâmetro de espiga comercial (DEC), 45 progênies de meios irmãos foram ranqueadas no grupo de menor diâmetro (4,29 a 4,68 cm) e 51 no grupo superior (4,69 a 5,23 cm) (Tabela 4). As progênies de meios irmãos demonstraram diâmetro médio de 4,69 cm, semelhante ao híbrido AG 1051 (4,7 cm) e superior a variedade Cativeverde 02 (4,32 cm). Estes resultados corroboram com os obtidos por Cancellier et al. (2011), que relataram diâmetro de espiga variando de 4,51 a 5,26 cm no grupo superior e de 3,75 a 4,50 cm no grupo de menor DEC. De acordo com Pereira Filho (2002) a recomendação da pesquisa para o diâmetro de espiga comercial é que seja \geq a 3 cm. Considerando-se que no presente trabalho todas as progênies de meios irmãos demonstraram diâmetro superior a 4,29 cm, fica evidente que estas possuem padrão adequado para o desenvolvimento de novos genótipos voltados para o mercado de milho verde.

As progênies de milho demonstraram em média um CEC de 16,86 cm, com amplitude de 15,83 a 18,12 cm (Tabela 4). Destaque para 40 progênies com amplitude de 16,90 a 18,12 cm, estatisticamente superior as testemunhas comerciais, o híbrido AG 1051 com 16,02 cm e a variedade Cativeverde 02 com 16,47 cm (Tabela 4). Evidencia-se que algumas progênies obtiveram CEC próximos a 18 cm, desempenho muito favorável para a comercialização das

espigas na forma *in natura*. Cancellier et al. (2011) na avaliação de 190 progênies de milho destinadas ao consumo *in natura*, verificaram que 76 progênies superiores demonstraram CEC de 15,51 a 18,37 cm. Resultados semelhantes foram obtidos por Rodrigues et al. (2009) na avaliação de 28 híbridos experimentais, onde os 17 melhores híbridos evidenciaram CEC com amplitude de 16,5 a 18,9 cm.

Para o número de fileiras de grãos por espiga (NFG) o padrão comercial recomendado por Pereira Filho (2002) é de ≥ 14 fileiras. Neste trabalho, as progênies de milho evidenciaram em média NFG de 14,39, com amplitude de 13,2 até 16,6, com 68 progênies de milho acima do padrão exigido para a comercialização (≥ 14 fileiras). As testemunhas comerciais (AG 1051 e Cativerde 02) obtiveram NFG de 15,9 e 14,39, respectivamente.

A massa fresca de grãos por espiga comercial (MFG) quantifica a massa de grãos em ponto de milho verde que serão consumidos *in natura* e ou a matéria prima para o processamento. Na literatura, a maioria dos trabalhos, está relacionada à avaliação de genótipos recomendados para produção de grãos e técnicas de manejo visando à produção de espigas de milho verde dentro dos padrões exigidos pelo mercado consumidor. Adicionalmente, não tem sido verificado nestes estudos, nem mesmo em programas de melhoramento específicos para a produção de milho verde a mensuração da característica MFG. Desta forma, a avaliação da MFG torna-se indispensável para a seleção de genótipos com aptidão para o mercado de milho verde. No presente trabalho, as progênies de meios irmãos foram diferenciadas em dois grupos estatísticos, com 45 progênies superiores evidenciando MFG de 95,41 a 125,5 g. A variedade Cativerde 02 obteve MFG de apenas 77,70 g, ranqueada juntamente com 51 progênies de pior desempenho (Tabela 4). Apesar do híbrido estar no mesmo grupo das progênies superiores, numericamente ocorreram valores para MFG de até 125 g, quase o dobro do obtido pela testemunha comercial Cativerde 02, o que evidencia o elevado potencial de algumas progênies para a maior massa fresca de grãos por espiga.

Os resultados experimentais das características fenológicas, produtivas e comerciais para a produção de milho verde, evidenciaram que grande parte das progênies de meios irmãos apresentaram potencial produtivo e qualidade comercial das espigas superior as testemunhas (híbrido AG 1051 e variedade Cativerde 02), oficialmente recomendadas para a produção de milho verde. Importante destacar, que neste conjunto de progênies de meios irmãos várias reúnem simultaneamente uma série de características muito favoráveis para a produção de milho verde, sendo possível explorar através de ciclos continuados de seleção

recorrente, novas variedades melhoradas que atendam as exigências do mercado consumidor de milho verde.

5.2 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

A maioria das características agrônômicas a serem melhoradas nas espécies vegetais é de natureza complexa, governadas por um elevado número de genes e sujeitas a forte efeito ambiental. O conhecimento e a quantificação das propriedades genéticas de uma população são pontos fundamentais na definição das melhores estratégias de seleção a serem adotadas nos programas de melhoramento (RESENDE, 2002). Neste sentido, a estimativa dos parâmetros genéticos é uma ferramenta valiosa para a seleção artificial, pois permite conhecer a estrutura e o potencial genético da população sob seleção bem como possibilita melhorar os ganhos esperados com a seleção artificial (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2000; VENCOVSKY, 1987).

A avaliação de um conjunto de progênies num único ano ou experimento torna a estimativa da variância genética inflacionada pela interação genótipo x ambiente, refletindo em parâmetros genéticos populacionais superestimados. Por outro lado, quando a avaliação das progênies envolve dois ou mais ambientes, é possível através da análise de variância conjunta estimar com precisão a interação genótipo x ambiente (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005). Se a interação não for apropriadamente detectada ou mensurada, esse efeito poderá ser um fator prejudicial, comprometendo os resultados no processo de seleção artificial. Normalmente, o principal objetivo dos programas de melhoramento vegetal é integrar a seleção dos melhores genótipos com estabilidade produtiva e ampla adaptação aos ambientes de cultivo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; RESENDE, 2007).

Os resultados da análise de variância conjunta confirmaram a alta variabilidade genética das progênies de meios irmãos de milho para as características fenológicas, morfológicas, produtivas e comerciais. Para a fonte de variação progênie x experimento foram observados efeitos significativos ($p \leq 0,05$) para as características CM, CF, EST, IEP e %EC (ANEXO 3). Isso sugere que as progênies de meios irmãos apresentaram desempenho diferenciado em virtude das variações ambientais proporcionadas pelos dois períodos de implantação dos experimentos (safra e safrinha).

A variação observada no fenótipo, que não seja devida a causas genéticas, é denominada variância ambiental e é considerada uma fonte de erro, comprometendo a

precisão experimental. A existência pode ter origem em uma série de circunstâncias conhecidas, tais como fatores nutricionais ou climáticos, ou então por elementos não identificáveis (FALCONER, 1987). As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram que para a maioria das características analisadas (15), a variância ambiental $\hat{\sigma}_e^2$ foi de maior magnitude que a variância genética $\hat{\sigma}_g^2$, exceto para as variáveis ciclo masculino (CM) e número de fileiras de grãos por espiga (NFG) (Tabela 5). Estes resultados podem ser o reflexo da herança complexa de alguns caracteres, evidenciando um elevado efeito do ambiente na expressão fenotípica destas variáveis.

Tabela 5 - Estimativas 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}_a^2), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e quociente \hat{b} para 17 características avaliadas em 96 progênies de meios irmãos de milho visando a produção de milho verde. Ponta Grossa, 2014.

Características	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	\hat{h}_a^2	CV_g	CV_e	\hat{b}
CM (dias)	3,34	2,08	1,77	62,31	2,19	2,02	1,08
CF (dias)	5,27	2,94	3,81	55,77	2,46	2,80	0,88
EST (m)	0,01	0,00	0,01	50,97	2,81	4,98	0,56
IEP (m)	0,01	0,00	0,01	54,45	4,60	6,42	0,72
NE (espigas ha ⁻¹)	19,56	8,05	56,44	41,16	6,03	15,96	0,38
%EE (%)	39,42	15,75	110,59	39,95	7,63	20,21	0,38
REND (t ha ⁻¹)	2,00	1,04	4,72	52,00	7,25	15,45	0,47
PE (g)	272,39	174,75	589,32	64,16	4,45	8,17	0,54
CE (cm)	1,27	0,95	1,78	75,00	4,17	5,70	0,73
NEC (espigas ha ⁻¹)	14,83	7,96	35,60	53,68	10,72	22,68	0,47
%EC (%)	38,16	14,00	108,95	36,69	6,87	19,16	0,36
RENDC (t ha ⁻¹)	0,81	0,40	2,09	48,97	10,39	23,86	0,44
PEC (g)	159,91	120,00	258,36	75,04	5,05	7,41	0,68
DEC (cm)	0,03	0,01	0,10	35,29	2,13	6,73	0,32
CEC (cm)	0,18	0,07	0,65	37,27	1,55	4,78	0,32
NFG (fileiras espiga ⁻¹)	0,44	0,39	0,31	89,39	4,36	3,87	1,13
MFG (g)	104,56	62,40	218,74	59,68	8,38	15,69	0,53

(CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (RENDC) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

A herdabilidade é o parâmetro genético de maior importância e aplicação nos programas de melhoramento de plantas. Sua compreensão embasa as tomadas de decisões sobre os melhores procedimentos de condução e estratégias de seleção a serem adotadas nas diferentes etapas no desenvolvimento de uma nova cultivar (FALCONER, 1987; REIS,

2000). A relevância está no fato de poder quantificar o quanto da variância fenotípica atribuída às causas genéticas é transmitida para a próxima geração (FALCONER; MACKAY, 1996).

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2) evidenciaram variação entre os caracteres avaliados, com amplitude de 35,29 para o diâmetro de espiga comercial (DEC) até 89,39% para o número de fileiras de grãos por espiga (NFG). Evidencia-se que as características fenotípicas de herança simples como o ciclo masculino (CM), ciclo feminino (CF) e número de fileiras de grãos (NFG) revelaram estimativas de herdabilidade no sentido amplo superior a 55%, o que torna o processo seletivo bem como os ganhos esperados com a seleção artificial mais pronunciados. Por outro lado, para aquelas características controladas por um grande número de genes como o número de espigas empalhadas (NE), a porcentagem de espigas empalhadas (%E), o rendimento de espigas empalhadas (REND), o número de espigas comerciais (NEC), a porcentagem de espigas comerciais (%EC), o rendimento de espigas comerciais (REND), o diâmetro de espiga comercial (DEC) e o comprimento de espiga comercial (CEC), as estimativas da herdabilidade foram inferiores a 55%, evidenciando o alto efeito do ambiente na expressão fenotípica destas características. Resultados semelhantes foram obtidos na população ESALQ-PB1, com coeficiente de herdabilidade para médias de progênes de 40% para o peso de grãos (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008).

As variáveis quantitativas peso de espiga empalhada (PE), comprimento de espiga empalhada (CE) e peso de espiga comercial (PEC) evidenciaram elevada estimativa da herdabilidade no sentido amplo, com amplitude de 64 a 75%. Possivelmente, esses resultados devem-se em boa parte ao rigor experimental utilizado nas avaliações fenotípicas com a redução do erro ambiental, possibilitando um incremento nos coeficientes de herdabilidade.

Na avaliação da população UFV 7 em três regiões do estado de Minas Gerais, Faluba et al. (2010) relataram para a produtividade de grãos herdabilidade no sentido amplo de 47,04%. Coeficientes baixos indicam alta interferência do ambiente na expressão fenotípica dos caracteres sob seleção. Uma das estratégias de elevar os coeficientes de herdabilidade é reduzir a variância residual, através da uniformização do ambiente experimental de avaliação ou pelo aumento da variância genética, a qual é dependente da variabilidade genética presente na população sob seleção (ALLARD, 1971; FALCONER, 1987; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMAN, 1993; VENCOVSKY, 1987).

O coeficiente de variação genética e o quociente \hat{b} complementam as informações sobre a quantificação da variabilidade genética presente numa população. O coeficiente de

variação genética (CVg %) expressa a magnitude da variação em relação à média do caráter e permite inferir sobre a variabilidade dentro da população (RESENDE, 2002). O quociente \hat{b} é um parâmetro que auxilia o melhorista na detecção da variabilidade genética em uma população, o qual é obtido pela relação entre os coeficientes de variação genética e experimental.

As estimativas do quociente \hat{b} demonstraram valores abaixo de 1 para a grande maioria das variáveis analisadas, exceto para o ciclo masculino ($\hat{b} = 1,08$) e para o número de fileiras de grãos por espiga ($\hat{b} = 1,13$) (Tabela 5). Resultados similares foram obtidos em progênies de meios irmãos de milho da população ESALQ-PB1, onde os autores estimaram quociente \hat{b} abaixo de 1 para todas as características estudadas (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008). Segundo Vencovsky (1987) para experimentos que envolvam progênies de milho, quando o quociente \hat{b} estimado é igual ou maior que 1, a condição é altamente favorável no que diz respeito à seleção artificial. Apesar dos valores estimados serem abaixo de 1, os mesmos foram superiores aos encontrados numa população de milho crioulo para o caráter produtividade de grãos (SOUZA et al., 2009) e também para o peso de espiga na população BR 5011 (CARVALHO; SOUZA, 2007). Souza et al. (2009) relataram que não tem sido encontrados quociente \hat{b} superiores a 1 em experimentos com progênies de meios irmãos de milho para a produtividade de grãos e caracteres relacionados ao potencial produtivo no estado de Minas Gerais.

Apesar do coeficiente de variação ambiental (CVe) ter sido superior ao coeficiente de variação genético (CVg), as estimativas de CVg para este conjunto de progênies de meios irmãos foram superiores a 6% para os caracteres: NE, %E, REND, NEC, %EC, RENDC e MFG (Tabela 5). Em milho, nas condições ambientais brasileiras, diversos autores consideram valores do CVg acima de 6% como um bom indicador do potencial genético do germoplasma para fins de melhoramento (ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008; RODRIGUES et al., 2011). Dessa forma, a seleção artificial poderá ser realizada com grande possibilidade de sucesso, mesmo para caracteres fenotípicos mais complexos (herança quantitativa), os quais normalmente evidenciam estimativas de herdabilidade de menor magnitude.

5.3 ANÁLISE DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA POR TÉCNICAS MULTIVARIADAS

5.3.1 Dissimilaridade entre genótipos e importância dos caracteres

A dissimilaridade genética entre os 98 genótipos (progênies de meios irmãos e testemunhas) avaliados quanto à aptidão para produção de milho verde através da mensuração de 18 variáveis fenotípicas em dois experimentos (safra e safrinha) foi obtida utilizando a distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Analisando os resultados das distâncias entre os genótipos evidenciou-se a maior similaridade entre o par de progênies 6 e 86 com dissimilaridade de apenas $D^2 = 1,51$. Por outro lado, a análise revelou a maior dissimilaridade entre o híbrido comercial AG 1051 e a progênie 67 com $D^2 = 109,66$ (DADOS NÃO APRESENTADOS). Os resultados demonstraram que sempre nas combinações de genótipos mais divergentes, estavam presentes as testemunhas comerciais (variedade Cativeiro 02 ou o híbrido AG 1051) combinadas as progênies de meios irmãos, evidenciado assim a alta dissimilaridade das testemunhas em relação às progênies de milho.

A estimativa da contribuição relativa de cada característica (\hat{S}_j) possibilitou verificar a contribuição de cada variável para a dissimilaridade genética entre os genótipos avaliados para produção de milho verde (Tabela 6). As características que exerceram maior influência para a divergência genética em porcentagem foram: o ciclo masculino (16,66%), o número de fileiras de grãos por espiga (14,20%), o rendimento de espigas empalhadas (12,51%), a altura de inserção de espiga principal (12,05%) e o ciclo feminino (11,28%) (Tabela 6).

Alves et al. (2003) ressaltam que a avaliação da importância relativa dos caracteres fenotípicos possibilita o descarte de características que contribuem pouco para a divergência entre os genótipos sob seleção, reduzindo dessa forma, a mão de obra, o tempo e o custo despendidos na experimentação. Neste estudo as características que evidenciaram as menores contribuições para a divergência genética foram: o número de espigas empalhadas (0,18%), o peso de espiga empalhada (0,79%), o diâmetro de espiga empalhada (1,62%), o número de espigas comerciais (1,77%) e o diâmetro de espiga comercial (2,07%) (Tabela 6).

A literatura especializada propõe que variáveis que contribuem pouco para a divergência genética e encontram-se fortemente correlacionadas a outras variáveis, são passíveis de serem descartadas por explicarem o mesmo tipo de informação (IVOGLIO et al., 2008; ROTILI et al., 2012; SIMON; KAMADA; MONTEIRO, 2012). Neste trabalho, as variáveis fenotípicas NE e NEC podem ser descartadas, pois somam juntas menos de 2 % da divergência genética entre as progênies de milho (Tabela 6). Adicionalmente, estão

fortemente correlacionadas com o rendimento de espigas empalhadas (REND) o qual respondeu por 12,51% da divergência genética.

Tabela 6 - Estimativa da contribuição relativa de cada característica (\hat{S}_j) para a divergência genética entre 98 tratamentos (progênes de meios irmãos e testemunhas) com base na avaliação de 18 características fenotípicas em dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.

Características	\hat{S}_j	Contribuição relativa (%)
CM (dias)	18184,18	16,66
CF (dias)	12308,64	11,28
EST (m)	3137,49	2,87
IEP (m)	13151,46	12,05
NE (espigas ha ⁻¹)	191,07	0,18
%EE (%)	2631,47	2,41
REND (t ha ⁻¹)	13658,51	12,51
PE (g)	857,95	0,79
CE (cm)	6368,98	5,83
DE (cm)	1765,66	1,62
NEC (espigas ha ⁻¹)	1935,90	1,77
%EC (%)	3237,51	2,97
REND _C (t ha ⁻¹)	3721,41	3,41
PEC (g)	4845,06	4,44
DEC (cm)	2256,83	2,07
CEC (cm)	2632,90	2,41
NFG (fileiras espiga ⁻¹)	15497,34	14,20
MFG (g)	2777,57	2,54

(CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (REND_C) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

Os coeficientes de correlação residual evidenciaram para a grande parte das variáveis fenotípicas correlações positivas e significativas para o conjunto de genótipos avaliados para a produção de milho verde (Tabela 7). Considerando as características adaptativas pode-se verificar correlação significativa de 0,52 entre o ciclo masculino (CM) e o feminino (CF) e de 0,77 entre a altura de inserção da espiga principal (IEP) e a estatura de planta (Tabela 7). Evidencia-se que nenhuma destas variáveis fenológicas/morfológicas apresentaram correlação com as variáveis associadas ao potencial de rendimento e ao aspecto comercial das espigas de milho verde.

Tabela 7 - Coeficientes de correlação residual entre as 18 características avaliadas em 98 tratamentos (progênies de meios irmãos e testemunhas) nos dois experimentos de aptidão para produção de milho verde. Ponta Grossa, 2014.

Variáveis	CF	EST	IEP	NE	%EE	REND	PE	CE	DE	NEC	%EC	RENDC	PEC	DEC	CEC	NFG	MFG
CM	0,52 **	- 0,10	- 0,13	0,02	0,08	0,04	0,03	- 0,02	- 0,01	- 0,04	- 0,09	- 0,02	0,02	- 0,02	0,03	0,02	0,00
CF		- 0,25	- 0,21 **	- 0,04	0,04	- 0,09	- 0,09	- 0,03	- 0,06	- 0,21 **	- 0,24	- 0,17	- 0,03	0,01	0,01	0,02	- 0,02
EST			0,77 **	0,02	0,01	0,06	0,10	0,09	0,07	0,13	0,19	0,13	0,12	0,00	0,03	- 0,02	0,11
IEP				0,06	0,04	0,09	0,09	0,03	0,08	0,13	0,16	0,13	0,06	- 0,02	0,03	- 0,06	0,08
NE					- 0,06	0,87 **	- 0,26 **	- 0,17	- 0,06	0,55 **	- 0,13	0,49 **	- 0,09	- 0,06	- 0,02	- 0,15	- 0,08
%EE						0,17	0,49 **	0,27 **	0,19 **	0,33 **	0,47	0,38 **	0,25	0,04	0,17	0,26 **	0,19 **
REND							0,23	0,01	0,12	0,70 **	0,14	0,69 **	0,10	0,01	0,05	- 0,05	0,03
PE								0,39 **	0,39 **	0,27 **	0,55	0,36 **	0,38 **	0,13	0,17	0,19 **	0,24
CE									0,20 **	0,06	0,23	0,07	0,10	- 0,04	0,07	0,04	0,07
DE										0,20 **	0,31 **	0,24	0,14	0,12	0,02	0,02	0,10
NEC											0,72 **	0,93 **	0,01	0,06	0,03	- 0,01	- 0,02
%EC												0,69 **	0,10	0,12	0,06	0,08	0,05
RENDC													0,29 **	0,16	0,12	0,08	0,21 **
PEC														0,31 **	0,37 **	0,31 **	0,75 **
DEC															0,03	0,10	0,22 **
CEC																0,02	0,23
NFG																	0,22 **

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste t, (CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (RENDC) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

Para as características produtivas houve correlação significativa de 0,87 entre o rendimento de espigas empalhadas (REND) e o número de espigas empalhadas (NE). Da mesma forma, foi verificada correlação positiva e significativa entre o número de espigas comerciais (NEC) com as características: número de espigas empalhadas (0,55), porcentagem de espigas comerciais (0,72) e rendimento de espigas comerciais (0,93) (Tabela 7).

Para as variáveis relacionadas ao aspecto comercial das espigas ocorreu correlação significativa de 0,75 entre o peso de espiga comercial (PEC) e a massa fresca de grãos (MFG), indicando que quanto maior o peso da espiga comercial maior será a quantidade de massa fresca de grãos produzida (Tabela 7). Avaliando a aptidão de híbridos comerciais para produção de milho verde, DoVale; Fritsche-Neto e Silva (2011) encontraram correlações fenotípicas significativas para os caracteres rendimento de espigas com o número de espigas empalhadas e número de espigas comerciais, demonstrando que as variáveis NE e NEC podem ser utilizadas na seleção indireta para o rendimento de espigas.

Resultados semelhantes foram obtidos por Albuquerque; Von Pinho e Silva (2008) e Rodrigues et al. (2011), os quais estimaram correlações positivas e significativas entre as variáveis quantitativas (PE, PEC e %EC) relacionadas ao aspecto comercial das espigas de milho verde. Coeficientes de correlação de grande magnitude entre características de interesse podem facilitar o processo de seleção artificial, visto que o melhorista pode optar pelo descarte daquelas variáveis mais difíceis de serem avaliadas a campo, reduzindo consideravelmente o trabalho durante as etapas de seleção (FREITAS JUNIOR et al., 2009; SILVA et al., 2009).

5.3.2 Agrupamento de genótipos pelo Método UPGMA

A análise de agrupamento dos genótipos de milho pelo método UPGMA a partir dos dados da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2) possibilitou a formação de grupos de genótipos de acordo com o índice de dissimilaridade (Figura 1). Para determinar o número de grupos foi aplicado o método de Mojena (1977) que consiste num procedimento de cálculo baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões ou distâncias no dendrograma. Utilizando a constante $K=1,0$ determinou-se um ponto de corte no dendrograma na distância de 16,5, o qual corresponde a 25,6% da distância máxima observada nos níveis de fusão dos grupos (Figura 1). A partir deste ponto de corte foi possível a visualização de 11 grupos dissimilares geneticamente, resultado coerente com a topologia observada no dendrograma gerado pelo Método UPGMA (Figura 1).

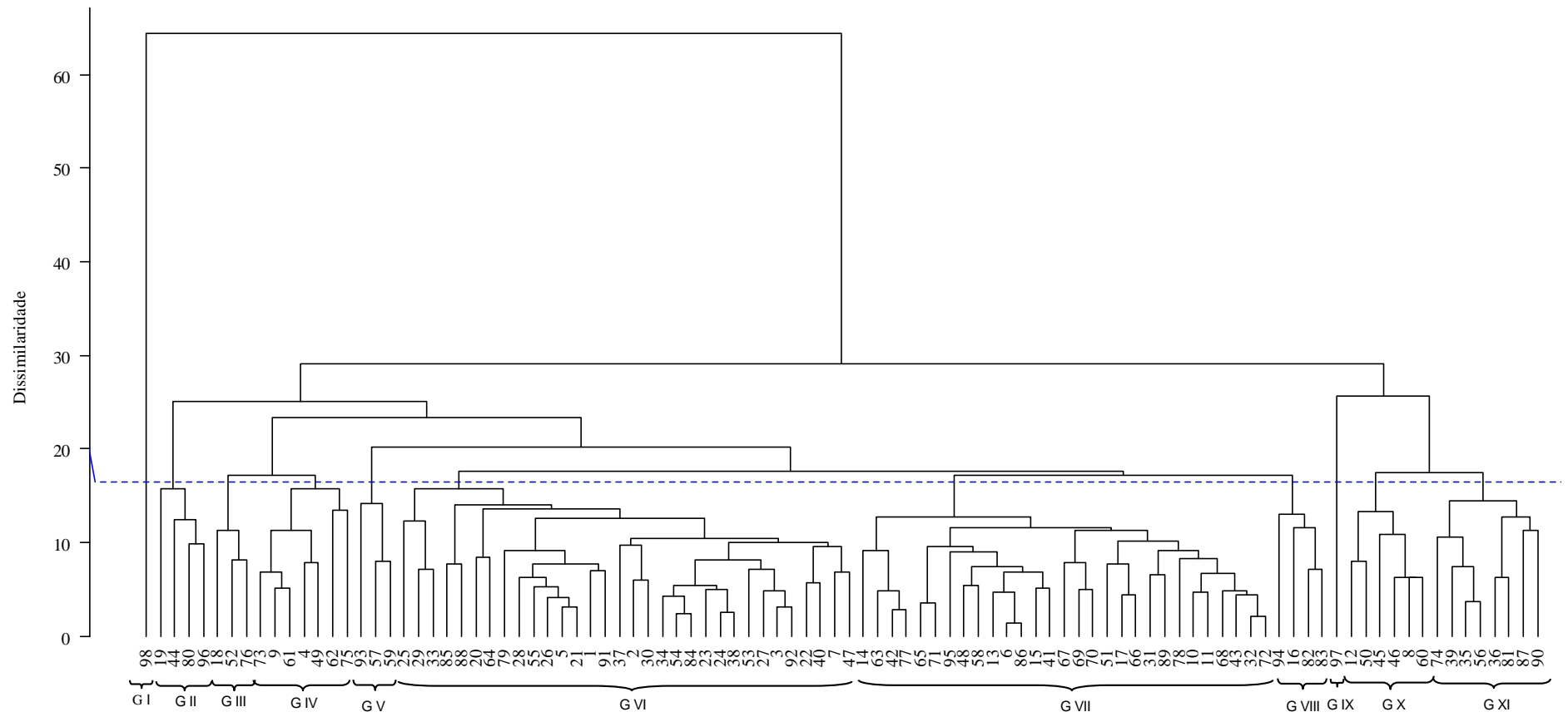


Figura 1 - Agrupamento dos 98 genótipos de milho (progênies e testemunhas) através do método UPGMA a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2). Ponta Grossa, 2014.

O grupo I foi composto apenas pelo tratamento 98 (híbrido AG 1051), considerado o genótipo mais dissimilar nesta análise. No grupo II foram agrupadas as progênies 19, 44, 80 e 96 (4,1%) e no grupo III as progênies 18, 52 e 76 (3,1%). No grupo IV foram alocadas 7 progênies de meios irmãos e no grupo V apenas 3 progênies. No grupo VI foram agrupadas a grande maioria das progênies (32) seguido do grupo VII com 29 progênies, os quais representam 62% dos genótipos de milho estudados. No G VIII foram alocadas as progênies 16, 82, 83 e 94 e no G IX somente a testemunha comercial variedade Cativerde 02. Nos grupos X e XI foram agrupadas 6 e 8 progênies, respectivamente (Tabela 8). Os resultados desta análise de agrupamento confirmam a maior distância genética das testemunhas comerciais AG 1051 e Cativerde 02, evidenciado a alta dissimilaridade genética desses genótipos em relação às progênies de meios irmãos avaliadas quanto a aptidão para produção de milho verde (Tabela 8).

Tabela 8 - Composição dos grupos de genótipos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2014.

Grupos	N	Genótipos															
I	1	98 (AG 1051)															
II	4	19	44	80	96												
III	3	18	52	76													
IV	7	4	9	49	61	62	73	75									
V	3	57	59	93													
VI	32	1	2	3	5	7	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	
		30	33	34	37	38	40	47	53	54	55	64	79	84	85	88	
		91	92														
VII	29	6	10	11	13	14	15	17	31	32	41	42	43	48	51	58	
		63	65	66	67	68	69	70	71	72	77	78	86	89	95		
VIII	4	16	82	83	94												
IX	1	97 (Cativerde 02)															
X	6	8	12	45	46	50	60										
XI	8	35	36	39	56	60	74	81	87								

(N) número de genótipos nos respectivos grupos.

Analisando as médias fenotípicas das 18 variáveis estudadas nos grupos gerados pelo método UPGMA, pode-se verificar que o híbrido AG 1051 (Grupo I) demonstrou ciclo (masculino e feminino) excessivamente longo, a menor estatura de planta (2,22 m) e a maior porcentagem de espigas comerciais empalhadas (63,65%) (Tabela 9). O grupo II constituído de 4 progênies de meios irmãos evidenciou maiores médias para o número de espigas empalhadas (48.915 espigas ha⁻¹) e para a massa fresca de grãos por espiga (104,96 g). Estas progênies também obtiveram a maior precocidade para o ciclo masculino (63,59 dias) e menor altura de inserção da espiga principal (1,25 m), características adaptativas de elevado interesse nos programas de melhoramento de milho. Adicionalmente, estas progênies

apresentaram médias favoráveis ao incremento das características REND, DE, PEC e DEC, as quais estão diretamente associadas ao aspecto comercial das espigas de milho verde. As progênies 18, 52 e 76 (Grupo III) destacaram-se por apresentarem alto rendimento de espigas empalhadas (15,29 t ha⁻¹), PE (321,73 g) e DE (6,15 CM), características extremamente favoráveis para a produção de espigas de milho verde para o mercado com palha (Tabela 9).

Tabela 9 - Desempenho médio das 18 variáveis fenotípicas para cada grupo de genótipos obtidos pelo Método de agrupamento UPGMA. Ponta Grossa, 2014.

Grupos	CM	CF	EST	IEP	NE	%EE	REND	PE	CE
I	72,83	78,00	2,22	1,44	46.050	63,65	13,24	292,91	22,65
II	63,59	67,79	2,27	1,25	48.915	51,41	14,87	304,86	22,79
III	66,17	68,89	2,27	1,38	47.273	55,87	15,29	321,73	24,07
IV	66,26	70,12	2,42	1,44	48.039	46,49	13,95	289,83	22,58
V	65,39	72,28	2,31	1,31	40.047	57,46	12,77	316,58	22,71
VI	66,59	70,50	2,35	1,40	47.691	53,40	14,41	301,11	23,72
VII	64,09	67,51	2,26	1,31	47.104	50,61	13,79	290,40	22,96
VIII	66,08	69,04	2,33	1,37	46.240	42,87	12,53	268,27	22,80
IX	71,67	76,00	2,47	1,60	37.530	44,33	10,27	273,33	24,95
X	69,08	73,86	2,47	1,52	46.623	52,49	14,06	301,61	23,58
XI	68,19	72,46	2,44	1,48	46.329	55,96	14,14	301,57	24,64

Continuação

Grupos	DE	NEC	%EC	RENDC	PEC	DEC	CEC	NFG	MFG
I	5,60	23.880	53,97	5,34	210,71	4,70	16,02	15,91	103,25
II	5,96	23.758	48,35	5,88	229,94	4,84	16,60	15,42	104,96
III	6,15	26.560	55,19	6,21	222,21	4,80	16,51	15,59	91,19
IV	5,70	25.447	51,96	6,12	225,64	4,82	16,84	15,56	101,63
V	5,86	22.013	53,06	5,33	230,14	4,85	16,76	14,60	101,02
VI	5,75	25.973	53,12	5,93	215,14	4,71	16,80	14,11	94,43
VII	5,64	26.754	55,28	6,16	217,15	4,68	16,87	14,24	94,45
VIII	5,49	26.803	55,18	5,63	196,23	4,45	17,15	13,99	76,46
IX	5,56	16.570	43,37	3,53	198,77	4,32	16,48	14,63	77,79
X	5,86	25.302	53,09	5,86	221,49	4,76	16,60	14,66	97,05
XI	5,66	29.363	61,02	6,78	214,10	4,55	17,31	14,13	89,73

(CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (RENDC) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

As 7 progênies de meios irmãos do grupo IV, evidenciaram desempenho favorável para o incremento das características NE e REND, associadas com o potencial para produção de espigas de milho verde empalhada. O grupo V, constituído pelas progênies 57, 59 e 93, destacou-se positivamente para as características PE (316,58 g), PEC (230,14 g) e DEC (4,85 cm). Possivelmente estas progênies possuem elevado número de alelos favoráveis para o incremento das características associadas ao aspecto comercial das espigas de milho verde (Tabela 9). Os grupos VI e VII, constituídos pela maioria das progênies de meios irmãos apresentaram alelos favoráveis para a precocidade e para o incremento no potencial de rendimento (NE, REND, NEC e RENDC), bem como para a melhoria do aspecto comercial das espigas de milho verde (CE, DE, CEC e DEC). As progênies 16, 82, 83 e 94 do G VIII, demonstraram precocidade produtiva e médias favoráveis para as características CEC, NE, REND, NEC e %EC (Tabela 9).

A variedade Cativerde 02 (G IX) demonstrou a maior estatura de planta (2,47 m) e inserção de espiga principal (1,60 m), bem como o pior desempenho para as variáveis NE, REND, NEC, %EC, RENDC e DEC. Apenas destacando-se entre os genótipos de milho para o maior comprimento de espiga empalhada (24,95 cm). No G X não houve destaque de progênies de meios irmãos para as características produtivas e comerciais de milho verde. Por outro lado, as progênies de milho que constituíram o grupo XI (35, 36, 39, 56, 60, 74, 81 e 87) apresentaram alto potencial para a produção de espigas de milho verde para o mercado sem palha, evidenciando elevada superioridade fenotípica para as características NEC (29.363 espigas ha⁻¹), %EC (61%), RENDC (6,78 t ha⁻¹) e CEC (17,31 cm) (Tabela 9).

A literatura indica que populações sob seleção com baixa divergência de genótipos reduz a probabilidade de ampliação da variabilidade genética favorável através da recombinação dos indivíduos selecionados (SOUZA SOBRINHO; RAMALHO; SOUZA, 2002). Assim os resultados obtidos neste trabalho, indicam que a recombinação entre os genótipos que compõem os grupos II, III, V e XI superiores e contrastantes para as características de maior interesse para a produção de milho verde, possibilitará a ampliação da variabilidade genética na população em estudo, bem como a possibilidade de seleção de progênies transgressivas para a maior aptidão para a produção de milho verde.

O coeficiente de correlação cofenética obtido a partir do agrupamento das progênies pelo método UPGMA foi de 0,65 e significativo pelo teste de Mantel ($p \leq 0,01$), indicando a boa representação das distâncias genéticas das progênies no dendrograma. Silva (2012) comparando diferentes métodos de agrupamento através da avaliação de cinco características em 89 acessos de alho, verificou que o coeficiente de correlação cofenética obtido a partir do método UPGMA foi de 0,76, próximo ao estimado no presente trabalho. Cargnelutti Filho e

Guadagnin (2011) ressaltam que o acréscimo no número de genótipos e das variáveis avaliadas provoca um decréscimo na consistência do padrão de agrupamento, reduzindo a magnitude do coeficiente de correlação cofenética.

A análise discriminante de Fisher aplicada aos grupos de genótipos de milho obtidos com o método UPGMA possibilitou detectar 14 classificações erradas, ou seja, 14,3% foi a taxa de erro aparente TEA (Tabela 10), sendo que nos grupos I, II, V, VIII e IX não foram encontradas classificações erradas. No grupo III, 100% das classificações foram incorretas, sendo a progênie 76 realocada para o grupo VI e as progênies 18 e 52 para o G VII. No grupo IV, das sete progênies inicialmente agrupadas, todas foram reinseridas no grupo VI. No grupo VI a TEA foi de apenas 3,1 %, onde apenas a progênie 79 foi realocada para o grupo VII. Da mesma forma, no G VII, apenas a progênie 89 foi agrupada erroneamente, sendo então transferida para o G VIII. No G X, das 6 progênies agrupadas, 5 permaneceram no grupo (83,3%), sendo a progênie 50 realocada para o G XI. E finalmente no G XI a progênie 35 foi transferida para o G VI (Tabela 10).

Tabela 10 - Porcentagem de classificações corretas (diagonal principal) e incorretas (na linha) de cada grupo com base nos resultados da análise discriminante de Fisher a partir do agrupamento de 98 tratamentos pelo método UPGMA. Ponta Grossa, 2014.

Grupos	Classificações										
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI
I	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
II	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
III	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	33,3	66,7	0,0	0,0	0,0	0,0
IV	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
V	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
VI	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	96,9	3,1	0,0	0,0	0,0	0,0
VII	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	96,6	3,4	0,0	0,0	0,0
VIII	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
IX	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0
X	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	83,3	16,7
XI	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	12,5	0,0	0,0	0,0	0,0	87,5

Taxa de Erro Aparente: 14,3% (14 classificações erradas)

A análise discriminante de Fisher possibilitou a realocação dos genótipos aos grupos corretos. Desta forma, os novos agrupamentos foram constituídos pelos respectivos genótipos: (G I) AG 1051, (G II) 19, 44, 80 e 96, (G V) 57, 59 e 93, (G VI) 1, 2, 3, 4, 5, 7, 9, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 33, 34, 35, 37, 38, 40, 47, 49, 50, 53, 54, 55, 61, 62, 64, 73, 75, 76, 84, 85, 88, 91 e 91, (G VII) 6, 10, 11, 13, 14, 15, 17, 18, 31, 32, 41, 42, 43, 48, 51, 52, 58, 63, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 77, 78, 79, 86 e 95, (G VIII) 16, 82, 83, 89 e 94, (G IX) 97 (Cativerde 02), (G X) 8, 12, 45, 46, 60 e (G XI) 36, 39, 50, 56, 74, 81, 87 e 90 (Figura 2).

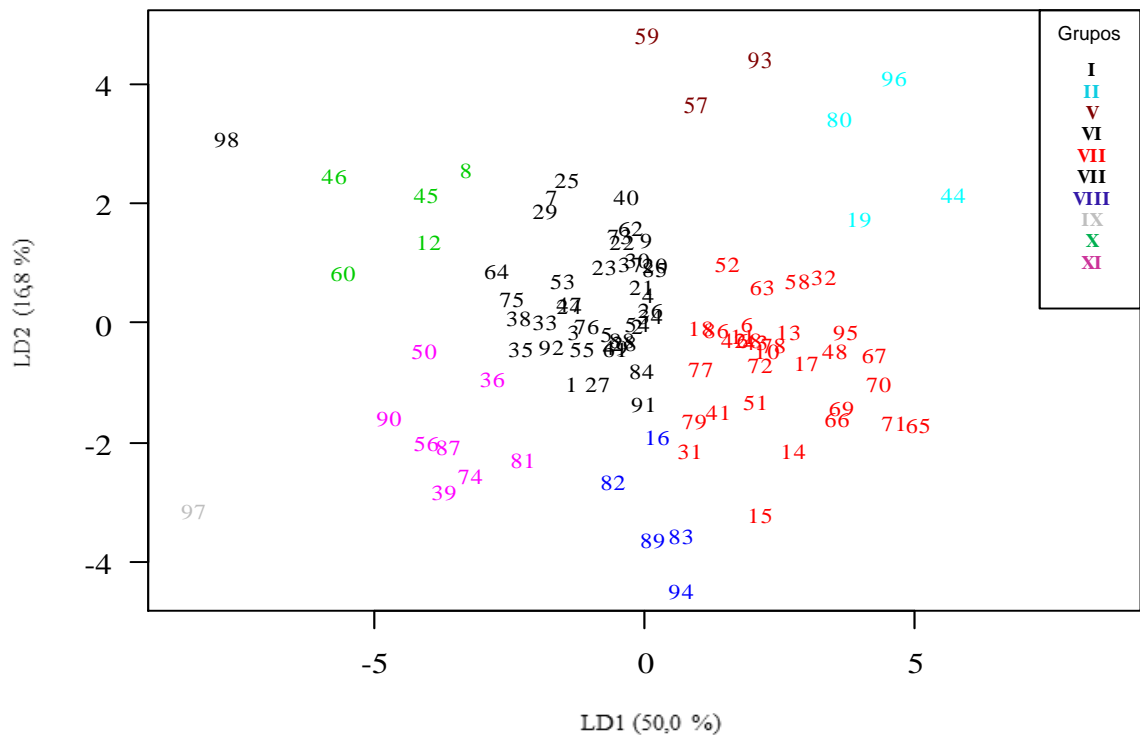


Figura 2 - Escores das duas primeiras funções discriminantes de Fisher (LD) aplicadas aos grupos obtidos com o Método UPGMA. Ponta Grossa, 2014.

5.3.3 Agrupamento de genótipos pelo Método de Otimização de Tocher

No agrupamento obtido pelo método de Otimização de Tocher a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis, os 98 genótipos avaliados para a produção de milho verde foram alocados em apenas 5 grupos (Tabela 11). O G I agrupou a grande maioria dos genótipos, ou seja, 81 progênies de meios irmãos (82,56%), no G II foram alocados 8 genótipos (7 progênies e a variedade Cativerde 02). No G III foram agrupadas 5 progênies (19, 44, 70, 93 e 96) e no G IV apenas 3 progênies (52, 62 e 75). No G V, o Método de Tocher evidenciou apenas o híbrido AG 1051 (98), confirmando a elevada divergência desse genótipo em relação às progênies de meios irmãos em estudo.

Tabela 11 - Composição dos grupos de genótipos a partir da análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2014.

Grupos	N	Genótipos												
		1	2	3	4	5	6	7	9	10	11	12	13	14
I	81	15	16	17	18	20	21	22	23	24	25	26	27	28
		29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41
		42	43	45	47	48	49	51	53	54	55	56	57	58
		59	61	63	64	65	66	67	68	69	71	72	73	76
		77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	88	89	91
		92	94	95										
II	8	8	46	50	60	74	87	90	97 (Cativerde 02)					
III	5	19	44	70	93	96								
IV	3	52	62	75										
V	1	98 (AG 1051)												

(N) número de genótipos nos respectivos grupos.

Analisando as médias fenotípicas das 18 variáveis nos grupos gerados pelo método de Otimização de Tocher, pode-se verificar que o grupo I constituído pelo maior número de progênies de meios irmãos demonstrou desempenho superior para as características REND (14,04 t ha⁻¹), NEC (26.430 espigas ha⁻¹) e RENDC (6,04 t ha⁻¹). Para as demais características as médias fenotípicas foram altamente favoráveis a seleção artificial para produção de milho verde (Tabela 12). O G II evidenciou um conjunto de 7 progênies de meios irmãos com maior estatura e altura de inserção da espiga principal, embora estas progênies de milho demonstraram médias favoráveis ao incremento das variáveis CE, %EC e CEC, as quais estão diretamente associadas ao aspecto comercial das espigas de milho verde. As progênies do G III evidenciaram precocidade para o ciclo (masculino e feminino), baixa estatura de planta e altura de inserção da espiga comercial, características de adaptação agrônoma bastante almejadas pelos programas de melhoramento de milho. Adicionalmente, este conjunto de progênies evidenciou desempenho fenotípico muito satisfatório para características relacionadas ao aspecto visual das espigas para comercialização (PE e DEC) bem como para o maior potencial produtivo de espigas comerciais através das variáveis PEC, DEC e MFG (Tabela 12).

As progênies 52, 62 e 75 (G IV) demonstraram o melhor desempenho agrônomo para o potencial de rendimento de espigas empalhadas (NE, REND e PE) e também para o rendimento de espigas comerciais com média de 6,38 t ha⁻¹ para o RENDC; 231,97 g para o PEC, 4,81 cm de DEC; 16,70 cm de CEC e 16,2 para o NFG (Tabela 12). Os resultados indicam que estas três progênies concentram o maior número de alelos favoráveis para o incremento no potencial de rendimento de espigas de milho verde. Em contrapartida, o híbrido AG 1051 (G V), demonstrou o pior desempenho para esta aptidão. Apenas destacando-se para a menor estatura (EST) e a melhor porcentagem de espigas comerciais

empalhadas, em função do número de ciclos de seleção para a redução do porte e uniformização comercial das espigas que sofreu durante o seu desenvolvimento.

Hallauer e Miranda Filho (1995) ressaltam que devem ser priorizados nos cruzamentos genótipos com médias elevadas e divergentes para as características de interesse. Nos casos de genótipos com produção intermediária e ampla diversidade genética e outros com alto potencial de produção e diversidade intermediária, os autores recomendam que a última opção seja prioritária para os esquemas de recombinação.

A recombinação entre as progênies do G III, com desempenho intermediário para as características relacionadas ao aspecto comercial das espigas, com aquelas do grupo G IV, superiores para o potencial de rendimento de espigas comerciais, possibilitará a ampliação da variabilidade genética nas progênies recombinadas pelo incremento da frequência dos alelos favoráveis para esta aptidão agrícola, bem como pela maior possibilidade de obter genótipos superiores para o maior número de características de interesse visando a produção de milho verde.

Tabela 12 - Desempenho médio das 18 variáveis fenotípicas para cada grupo de genótipos obtidos pelo Método de Otimização de Tocher. Ponta Grossa, 2014.

Grupos	CM	CF	EST	IEP	NE	%EE	REND	PE	CE
I	65,78	69,52	2,32	1,37	47.150	51,78	14,04	296,11	23,35
II	69,33	74,14	2,47	1,51	44.800	53,56	13,48	299,21	24,39
III	63,07	67,47	2,26	1,27	46.100	52,88	13,99	304,00	22,75
IV	66,61	70,50	2,31	1,40	49.460	51,17	14,95	302,61	23,35
V	72,83	78,00	2,22	1,44	46.050	63,64	13,23	292,91	22,65

Continuação									
Grupos	DE	NEC	%EC	RENDC	PEC	DEC	CEC	NFG	MFG
I	5,70	26.430	54,50	6,04	215,50	4,69	16,85	14,30	93,23
II	5,80	26.164	56,85	5,98	214,02	4,66	17,06	14,30	88,71
III	5,96	23.051	49,96	5,79	234,59	4,84	16,67	14,92	110,51
IV	5,93	25.661	51,44	6,38	231,97	4,81	16,70	16,20	103,90
V	5,60	23.877	53,97	5,34	210,34	4,70	16,02	15,91	103,25

(CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (RENDC) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

O coeficiente de correlação cofenética obtido pelo método de Tocher foi de 0,70, sendo significativo pelo teste de Mantel ($p \leq 0,01$). O resultado da análise discriminante de Fisher possibilitou detectar apenas 5 classificações erradas na análise de agrupamento, ou

seja, 5,1% foi a taxa de erro aparente (Tabela 13). No grupo I, das 81 progênies de meios irmãos inicialmente agrupadas, 79 (97,5%) foram corretamente classificadas, apenas as progênies 1 e 56 (2,5%) foram realocadas para o G II (Figura 3). No G II, 87,5% das classificações foram corretas, com apenas a progênie 8 reclassificada para o G I. No G III, a análise detectou TEA de 20 %, sendo a progênie 93 transferida para o G I. No G IV, composto pelas progênies 52, 62 e 75, apenas a 52 foi reagrupada no G I (Tabela 13).

Tabela 13 - Porcentagem de classificações corretas (diagonal principal) e incorretas (linha) de cada grupo com base nos resultados da análise discriminante de Fisher a partir do agrupamento de 98 tratamentos pelo Método de Otimização Tocher. Ponta Grossa, 2014.

Grupos	Classificações				
	I	II	III	IV	V
I	97,5	2,5	0,0	0,0	0,0
II	12,5	87,5	0,0	0,0	0,0
III	20,0	0,0	80,0	0,0	0,0
IV	33,3	0,0	0,0	66,6	0,0
V	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0

Taxa de Erro Aparente: 5,1% (5 classificações erradas)

Pela análise discriminante de Fisher foi possível estabelecer o melhor agrupamento dos genótipos de milho nos respectivos grupos gerados pelo Método de Otimização de Tocher. O novo agrupamento foi caracterizado pelas progênies: 2, 3, 4, 5, 6, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 47, 48, 49, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 71, 72, 73, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 88, 89, 91, 92, 93, 94 e 95 (G I); 1, 46, 50, 56, 60, 74, 87, 90 e 97-Cativerde 02 (G II); 19, 44, 70 e 96 (G III); 62 e 75 (G IV) e o híbrido AG 1051 (98) no G V (Figura 3).

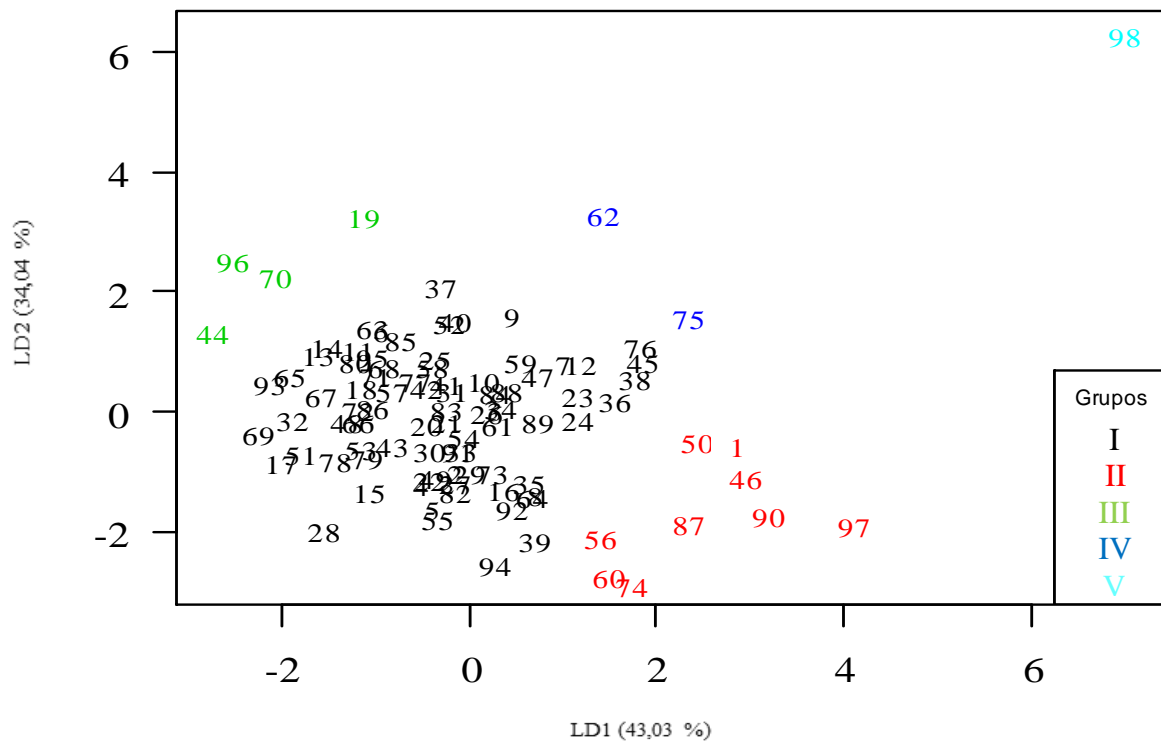


Figura 3 - Escores das duas primeiras funções discriminantes de Fisher (LD) aplicadas aos grupos obtidos pelo Método de Otimização de Tocher. Ponta Grossa, 2014.

Analisando as semelhanças nos resultados do agrupamento de genótipos de milho pelo Método Hierárquico (UPGMA) e de Otimização (Tocher), pode-se verificar que as duas metodologias de análise foram eficientes em identificar grupos de genótipos superiores e contrastantes para as características de maior interesse para a produção de milho verde. O método UPGMA apesar da maior taxa de erro aparente (14,3 %), foi mais sensível na diferenciação entre os genótipos de milho com a formação de onze grupos, comparado aos cinco grupos obtidos com o método de Tocher (TEA= 5,1%). Pelo método UPGMA, o híbrido AG 1051 e a variedade Cativerde 02 (testemunhas) foram agrupadas isoladamente nos grupos I e IX, respectivamente. Por outro lado, pelo método de Tocher, apenas o híbrido AG 1051 foi agrupado isoladamente, sendo a variedade Cativerde 02 ranqueada no G II, juntamente com mais 7 progênes de meios irmãos (Figura 3).

Importante destacar que não foram encontradas na literatura, resultados de agrupamento de progênes de meios irmãos avaliadas quanto à aptidão para produção de milho verde, via métodos hierárquicos e de Otimização. Neste sentido, os resultados obtidos neste trabalho através dos métodos UPGMA e Tocher, bem como o teste de consistência dos agrupamentos proporcionado pela análise discriminante de Fisher, podem servir como base para futuros trabalhos envolvendo o estudo da divergência genética entre progênes de meios

irmãos de milho, direcionando o processo de recombinação entre os genótipos mais divergentes e com maior frequência de alelos favoráveis para a produção de milho verde.

5.4 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Das 18 características fenotípicas mensuradas em 98 genótipos de milho (progênes de meios irmãos e testemunhas) a partir de dois experimentos de campo, foi possível após a análise de componentes principais a redução da dimensão das variáveis iniciais em três componentes principais (CP's), os quais explicaram 69,91% da variância fenotípica total das variáveis estudadas (Tabela 14).

Tabela 14 - Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa (λ_j %) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2014.

Componentes	λ_j	λ_j (%)	% Variância acumulada
CP1	6,04	33,54	33,54
CP2	4,00	22,23	55,77
CP3	2,55	14,14	69,91
CP4	1,85	10,30	80,21
CP5	0,81	4,52	84,73
CP6	0,70	3,88	88,62
CP7	0,58	3,20	91,82
CP8	0,47	2,63	94,45
CP9	0,37	2,05	96,49
CP10	0,21	1,17	97,66
CP11	0,19	1,08	98,75
CP12	0,12	0,68	99,42
CP13	0,05	0,30	99,73
CP14	0,03	0,17	99,90
CP15	0,02	0,09	100,00
CP16	0,00	0,00	100,00
CP17	0,00	0,00	100,00
CP18	0,00	0,00	100,00

A porcentagem da variância fenotípica acumulada nos três primeiros componentes principais é considerada adequada, levando-se em consideração o elevado número de características avaliadas, bem como o grande número de progênes de meios irmãos em avaliação sendo muito superior a diversos trabalhos relatados na literatura especializada (BARBOSA et al., 2005; DAHER et al., 1997; STRAPASSON; VENCOVSKY; BATISTA, 2000). De acordo com o percentual da variância explicada para cada componente pode-se

verificar que o primeiro, o segundo e o terceiro componente apresentaram autovalores estimados de 33,54; 22,23 e 14,14%, respectivamente (Tabela 14). A partir dos coeficientes dos autovetores é possível identificar quais variáveis foram mais importantes para a formação de cada componente principal. 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.

Os resultados dos autovetores no CP1 evidenciaram que as características RENDC (0,44), NEC (0,41), %EC (0,37), REND (0,31), PE (0,31) e %EE (0,28) foram positivamente associadas ao potencial de rendimento de espigas de milho verde e as que mais influenciaram na formação do CP1 (Tabela 15). Possivelmente, genótipos com maiores escores positivos no CP1 evidenciarão maior potencial produtivo de espigas de milho verde.

No CP2 os maiores coeficientes dos autovetores foram obtidos para as características produtivas NE (0,49), REND (0,36) e NEC (0,29) e para as variáveis PEC (- 0,36), MFG (- 0,32), PE (- 0,28) e NFG (- 0,25) relacionadas com o aspecto comercial das espigas de milho verde. Os sinais dos autovetores evidenciaram um contraste entre as características associadas ao potencial produtivo e ao aspecto comercial das espigas, indicando que os genótipos com maior potencial de rendimento serão aqueles com menor qualidade comercial das espigas, e vice-versa.

Para o CP3 as variáveis que evidenciaram maiores autovetores foram EST (- 0,51), IEP (- 0,50), CF (0,42) e CM (0,38), características adaptativas associadas à morfologia e fenologia da planta de milho (Tabela 15). Analisando os sinais dos autovetores neste componente principal observou-se contraste entre as variáveis morfológicas (EST e IEP) e as fenológicas (CM e CF), evidenciando que os genótipos mais precoces para ciclo feminino e masculino apresentarão maior porte de planta e maior altura de inserção da espiga principal. Estes resultados possivelmente devem-se a base genética das progênies de meios irmãos em estudo (milho crioulo), as quais foram selecionadas por dois ciclos de seleção recorrente para a redução do ciclo e para o aumento no potencial de rendimento de grãos (SOLDA, 2010).

Tabela 15 - Autovetores dos três primeiros componentes principais e a importância relativa de cada variável fenotípica para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2014.

Variáveis	CP1		CP2		CP3	
	Autovetor	%	Autovetor	%	Autovetor	%
CM (dias)	- 0,03	0,12	- 0,03	0,12	0,38	14,52
CF (dias)	- 0,13	1,69	- 0,07	0,45	0,42	17,64
EST (m)	0,14	2,02	- 0,00	0,00	- 0,51	25,91
IEP (m)	0,14	1,85	0,03	0,09	- 0,50	25,20
NE (espigas ha ⁻¹)	0,16	2,50	0,49	23,91	0,17	2,99
%EE (%)	0,28	7,56	- 0,19	3,65	0,13	1,61
REND (t ha ⁻¹)	0,31	9,73	0,36	12,89	0,19	3,53
PE (g)	0,31	9,49	- 0,28	7,95	0,01	0,02
CE (cm)	0,13	1,74	- 0,20	3,84	- 0,07	0,45
DE (cm)	0,20	3,84	- 0,12	1,37	- 0,03	0,12
NEC (espigas ha ⁻¹)	0,41	16,48	0,29	8,18	0,06	0,31
%EC (%)	0,37	13,40	- 0,06	0,35	- 0,11	1,21
REND (t ha ⁻¹)	0,44	19,45	0,17	2,76	0,11	1,23
PEC (g)	0,21	4,49	- 0,36	12,67	0,12	1,46
DEC (cm)	0,10	1,00	- 0,15	2,37	0,08	0,71
CEC (cm)	0,11	1,19	- 0,17	2,96	0,09	0,85
NFG (fileiras espiga ⁻¹)	0,08	0,69	- 0,25	6,15	0,12	1,51
MFG (g)	0,16	2,66	- 0,32	10,30	0,08	0,66

(%) importância relativa da variável para a formação do componente principal, (CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número total de espigas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espiga comercial, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (REND) rendimento de espiga comercial, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos e (MFG) massa fresca de grãos.

Para a seleção simultânea de caracteres fenotípicos diversos índices foram propostos ao longo dos últimos anos, sendo a eficiência variável de acordo com os objetivos do programa de melhoramento (ARNHOLD; SILVA, 2009; VILARINHO et al., 2012). Através dos resultados obtidos pela análise de componentes principais é possível a seleção de genótipos com base nos escores obtidos nos componentes com maior aptidão para um conjunto de variáveis fenotípicas de interesse (CERON ROJAS; SAHAGUN CASTELLANOS, 2005).

Para a seleção das melhores progênies de meios irmãos com aptidão para produção de milho verde, utilizou-se os resultados da análise de componentes principais, onde verificou-se que o CP1 atribuiu maiores pesos as características RENDC, NEC, %EC, REND, PE, %EE e PEC (Tabela 15), as quais refletem o potencial de rendimento de espigas bem as exigências do mercado consumidor de milho verde. Neste trabalho, foi utilizado os escores do CP1 para a

seleção das progênies de meios irmãos que reúnam simultaneamente desempenho superior para as 7 características. Dessa forma, foram selecionadas as progênies de meios irmãos: 18, 87, 74, 51, 45, 27, 55, 81, 78, 73, 75, 68, 23, 52, 03, 77, 25, 30, 90, 91, 96, 47, 31, 02, 67, 26, 35, 65, 57 e 63, que evidenciaram através da magnitude dos escores do CP1 a melhor aptidão para a produção de milho verde a partir do conjunto de progênies avaliadas (Figura 4). Evidencia-se que as testemunhas comerciais 97 (Cativerde 02) e 98 (AG 1051) demonstraram desempenho agrônômico inferior em relação ao conjunto de progênies selecionadas a partir dos escores do CP1, refletindo no melhor desempenho destas progênies para o potencial de rendimento de espigas de milho verde (Figura 4).

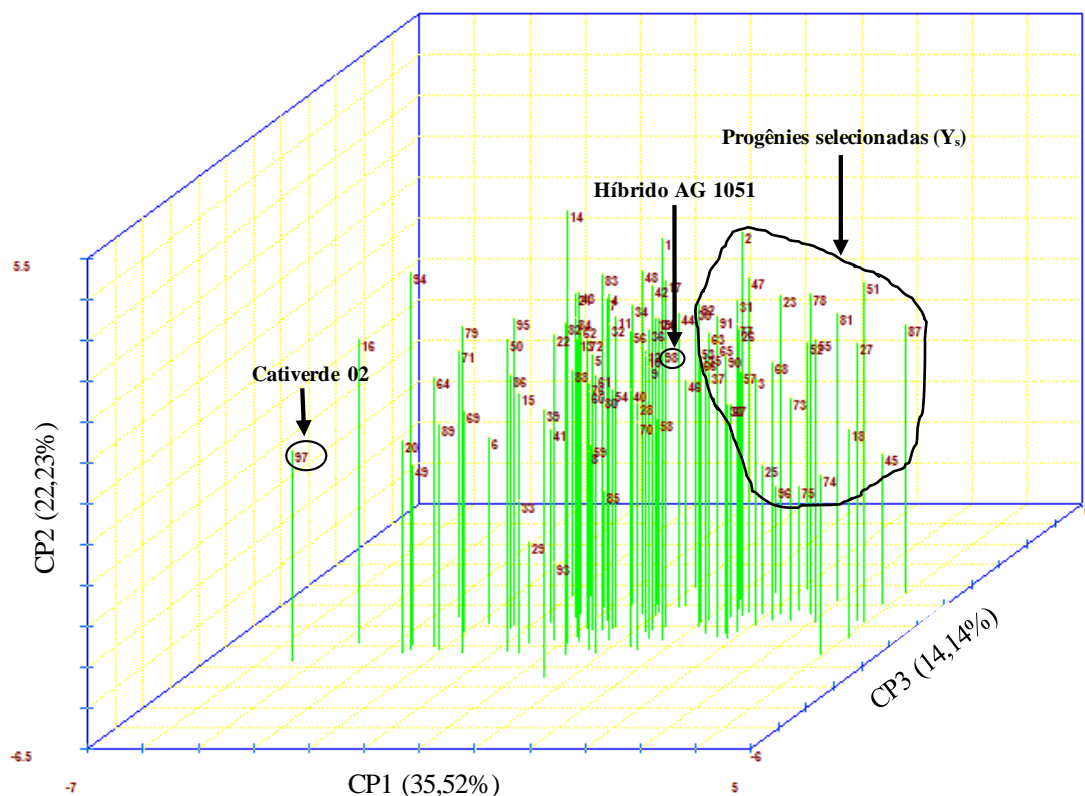


Figura 5 - Escores dos genótipos (progênies de meios irmãos e testemunhas) para os três primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2014.

DoVale; Fritsche-Neto e Silva (2011) visando selecionar híbridos comerciais com aptidão para produção de minimilho e milho verde, submeteram os dados de 15 variáveis fenotípicas a análise de fatores. Através dos autovetores obtidos, os autores verificaram que o segundo fator atribuiu maiores pesos ao número e à massa de espigas empalhadas de minimilho e milho verde, características de maior interesse para a seleção artificial. Através dos escores obtidos no segundo fator foi possível selecionar os híbridos triplos DKB 350, AG

6690 e o duplo DKB 747 como os mais promissores para a produção de minimilho e milho verde.

Na Tabela 16 são apresentadas as estimativas da herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2) e do ganho esperado com a seleção artificial (\widehat{GS} e $\widehat{GS} \%$) para as 18 variáveis fenotípicas avaliadas no conjunto de progênes de meios irmãos selecionadas a partir dos escores do CP1. Os resultados evidenciaram ganhos percentuais expressivos principalmente para aquelas variáveis associadas com o potencial de rendimento das espigas verdes como: rendimento de espigas comerciais (7,18%), número de espigas comerciais (6,56%), porcentagem de espigas comerciais empalhadas (4,37%), rendimento de espigas empalhadas (4,02%), porcentagem de espigas comerciais (3,63%) e peso de espiga empalhada (3,07%).

Os resultados alcançados neste trabalho permitem reiterar aqueles obtidos por Ceron Rojas e Sahagun Castellanos (2005), que as análises multivariadas permitem agrupar características altamente correlacionadas podendo reduzi-las a poucas variáveis com perda mínima de informação. Adicionalmente, possibilita a seleção de genótipos superiores a partir de um conjunto de variáveis fenotípicas, sem a necessidade de estabelecer previamente pesos econômicos as variáveis sob efeito da seleção.

Tabela 16 - Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênes de meios irmãos selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2014.

Parâmetros	CM	CF	EST	IEP	NE	%EE	REND	PE	CE
Y_0	65,90	69,77	2,33	1,38	47,070	52,04	14,07	297,25	23,39
Y_s	65,00	69,00	2,31	1,37	48,520	57,74	15,15	311,47	24,11
\hat{h}_a^2	0,62	0,56	0,51	0,54	0,41	0,40	0,52	0,64	0,75
\widehat{GS}	- 0,04	- 0,04	- 0,01	- 0,01	0,59	2,28	0,57	9,13	0,54
$\widehat{GS} \%$	- 0,07	- 0,06	- 0,28	- 0,42	1,26	4,37	4,02	3,07	2,31
Parâmetros	DE	NEC	%EC	RENDNC	PEC	DEC	CME	NFG	MFG
Y_0	5,73	26,310	54,48	6,06	217,07	4,70	16,86	14,40	94,25
Y_s	5,81	29,530	59,87	6,95	222,35	4,73	17,10	14,45	96,61
\hat{h}_a^2	0,19	0,54	0,37	0,49	0,75	0,35	0,37	0,89	0,60
\widehat{GS}	0,01	1,730	1,98	0,44	3,96	0,01	0,09	0,05	1,41
$\widehat{GS} \%$	0,27	6,56	3,63	7,18	1,83	0,21	0,52	0,35	1,49

Y_0 média original, Y_s média das progênes selecionadas, \hat{h}_a^2 herdabilidade no sentido amplo, \widehat{GS} ganho esperado com a seleção e $\widehat{GS} \%$ ganho esperado com a seleção em porcentagem, (CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (RENDNC) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.

6 CONCLUSÕES

Os resultados das características adaptativas, produtivas e comerciais, confirmam o elevado potencial genético da maioria das progênes de meios irmãos de milho em função da grande precocidade do ciclo, elevado rendimento e qualidade comercial das espigas de milho verde quando comparadas as testemunhas comerciais;

As estimativas dos parâmetros genéticos evidenciaram a existência de elevada variabilidade genética entre as progênes de meios irmãos para todas as características avaliadas, indicando possibilidade de ganho genético com a seleção artificial;

Os métodos de agrupamento UPGMA e Tocher foram eficazes na identificação e agrupamento de genótipos de milho mais similares a partir das características fenotípicas associadas à produção de milho verde. O método hierárquico UPGMA foi mais sensível que o de Otimização de Tocher pois possibilitou a formação do maior número de grupos de genótipos mais dissimilares geneticamente;

A recombinação entre as progênes de meios irmãos do G II e G III (precocidade, alto potencial produtivo e qualidade de espigas empalhadas) com aquelas do G V e G XI (alto potencial produtivo e qualidade de espigas comerciais despalhadas), a partir do agrupamento através do método UPGMA possibilitará a ampliação da variabilidade genética favorável à aptidão para produção de milho verde;

A análise de componentes principais (CP) possibilitou a redução do conjunto de 18 variáveis estudadas em três componentes principais explicando 70% da variância fenotípica total. O CP1 foi mais relacionado ao potencial produtivo de espigas de milho verde. O CP2 mais influenciado pelas características fenotípicas associadas à qualidade comercial das espigas e o CP3 em maior parte associado às características adaptativas dos genótipos de milho;

A magnitude dos autovetores do CP1 evidenciou que as características RENDC, NEC, %EC, REND, PE, %EE e PEC foram as mais importantes para a definição do potencial produtivo bem como para atender as exigências do mercado consumidor. Os resultados dos escores possibilitou a seleção de 30 progênes de meios irmãos de milho com características altamente favoráveis a seleção para esta aptidão.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, M. A. **Estabilidade em análise de agrupamento (cluster analysis)**. 2005, 62 f. Dissertação (Mestrado em Biometria), Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2005.
- ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, R. G.; SILVA, R. Produtividade de híbridos de milho verde experimentais e comerciais. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 24, n. 2, p. 69-75, abr./jun. 2008.
- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 381 p.
- ALVES, R. M. et al. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de Cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 7, p. 807-818, jul. 2003.
- ANDRADE, F. H. **Radiación y temperatura determinan los rendimientos máximos de maíz**. Balcarce, Argentina: Instituto Nacional de tecnologia agropecuária, 1992. 34 p. (Boletín Técnico, 106).
- ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population, ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 2, p. 174-182, mar./apr. 2008.
- ARAÚJO, P. M.; PATERNIANI, E. Melhoramento de populações. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento Genético de Plantas**. Londrina: 1 ed. UEL, 1999. p. 311-330.
- 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, dez. 2001.
- ARNHOLD, E.; SILVA, R. G. Eficiências relativas de índices de seleção considerando espécies vegetais e pesos econômicos iguais entre caracteres. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 25, p. 76-82, mai./jun. 2009.
- BARBOSA, L. et al. Avaliação de características de carcaça de suínos utilizando-se a análise dos componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 6, p. 2209-2217, nov./dez. 2005. (supl.).
- BARROSO, L. P.; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 151 p.
- BASF. Estação experimental de Ponta Grossa. **Dados meteorológicos**. Ponta Grossa, 2013.
- BERTINI, C. H. M. et al. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão caupi. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 04, p. 613-619, out/dez. 2010.

- BONOMO, P. et al. 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.
- BORDALLO, P. N. et al. Análise dialéctica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 123-127, jan./mar. 2005.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: UFV, 2009. 529 p.
- BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: Associação Brasileira de Estatística, 1990. 105 p.
- CANCELLIER, L. L. et al. 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, abr./jun. 2011.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J. P. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 9, p. 1503-1508, set. 2011.
- CARVALHO, H. W. L. et al. 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. et al. 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. Ciclos de seleção de progênies de meios irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 6, p. 803-809, jun. 2007.
- CASTRO, R. S.; SILVA, P. S. L.; CARDOSO, M. J. Baby corn, green corn, and dry corn yield of corn cultivars. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 31, n.1, p. 100-105, jan./mar. 2013.
- CERON-ROJAS, J. J.; SAHAGUN-CASTELLANOS, J. A selection index based on principal components. **Agrociência**, v. 39, n. 6, p. 667-677, nov./dec. 2005.
- COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, p. 360-367, 1949.
- CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, terceiro levantamento**. Publicação mensal, 72 p. dezembro, 2013. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_01_10_10_12_36_boletim_portugues_dezembro_2013.pdf>. Acesso em 12 dez. 2013.

CRUZ, Cosme D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990, 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382 p.

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

CRUZ, J. C. et al. **Produção de milho na agricultura familiar**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2011. 42 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 159). Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/905143/1/circ159.pdf>> Acesso em: 11 out. 2013.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO; I. A.; QUEIROZ, J. R. **Milho - Cultivares para 2013/2014**. Sete Lagoas: EMBRAPA milho e sorgo. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/>>. Acesso: 11 de out. 2013.

CURI, P. R. Análise de agrupamento: métodos sequenciais, aglomerativos e hierárquicos. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v. 35, n. 10, p. 1416-1429, 1983.

DAHER, R. F. et al. Seleção de caracteres morfológicos discriminantes em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 26, n. 2, p. 247-254, mar./abr. 1997.

DOERKSEN, T. K.; KANNENBERG, L. W. ; LEE, E. A. Effect of recurrent selection on combining ability in maize breeding populations. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 1652-1658, 2003.

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

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

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

- FALUBA, J. S. et al. 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, jun. 2010.
- FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. 2. ed. Guaíba: Agropecuária, 2004. 360 p.
- FERREIRA, D. F. **Estatística multivariada**. 1 ed. Lavras: UFLA, 2008. 662 p.
- FERREIRA, D. F. Sisvar: a computer statistical analysis system. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 6, p. 1039-1042, nov./dez. 2011.
- FERREIRA, R.; GARDINGO, J. R.; MATIELLO, R. R. Seleção de progênies de irmãos germanos destinadas à produção de milho verde. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 23-30, jan./fev. 2009.
- FIGUEIREDO SANTOS. M. et al. Responses to selection and changes in combining ability after three cycles of a modified reciprocal recurrent selection in maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 157, n. 1-2, p. 185-194, sep. 2007.
- FISHER, R. A. The use of multiple measurement in taxonomic problems. **Annals of Eugenics**, v.7, p.179-188, 1936.
- FONSECA, A. F. A. **Análise biométrica em café conilon (*Coffea canephora* Pierre)**. 1999, 115 f. Tese (Doutorado), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1999.
- FREITAS JÚNIOR, S. P. et al. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 1, p. 8-16, 2009.
- HALLAUER, A. R. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Critical Review of Plant Science**, v. 3, n. 1, p.1-34, 1985.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468 p
- HARLAN, J. R. **Crops and man**. 2nd ed. Madison: American Society of Agronomy, 1992. 284 p.
- HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 37, p. 134-145, 1945.
- IAPAR, Instituto Agronômico do Paraná. **Cartas climáticas do Paraná**. Disponível em:< <http://www.iapar.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=677>>. Acesso em 10 de Nov. de 2012.
- IVOGLO, M. G. et al. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 4, p. 823-831, out./dez. 2008.
- JENKINS, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 32, n. 1, p. 55-63, 1940.

- KIST, V. et al. Genetic potential of a maize population from Southern Brazil for the modified convergent–divergent selection scheme. **Euphytica**, Wageningen, v. 176, n. 1, p. 25-36, nov. 2010.
- LEDO, C. A. 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, nov./dez. 2003.
- MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences of India**, v. 12, p. 49-55, 1936.
- MANLY, B. F. J. **Métodos estatísticos multivariados**: uma introdução. 3 ed. Porto Alegre: Bookman, 2008. 229 p.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n.2, p. 209-220, feb. 1967.
- MATOS, E. H. D. S. F. **Cultivo do Milho Verde**. Brasília: Universidade Nacional de Brasília, 2007. 24 p.
- MATTA, F. P.; VIANA, J. M. S. Eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em populações de milho pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 3, p. 548-556, mai./jun. 2003.
- MEYER, A. S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análise de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. 2002, 106 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.
- MILLIGAN, G. W. N. A examination of the effect of six types of error perturbation on fifteen clustering algorithms. **Psychometrika**, Madison, v. 45, n. 3, p. 325-342, sep. 1980.
- MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of cluster in a data set. **Psychometrika**, Madison, v. 50, n. 2, p. 159-179, jun.1985.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants – Salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, jul. 2003.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, Oxford, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.
- MUNDSTOCK, C. M; SILVA, P. R. F. **Manejo da cultura do milho para altos rendimentos de grãos**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2005. 50 p.
- OLIVEIRA JR., L. F. G. et al. 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, jan./mar. 2006.

ORDAS, B. et al. Comparison of two methods of reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 7, p. 1183-1191, may. 2012.

PAIVA JUNIOR, M. C. D. et al. Desempenho de cultivares para a produção de milho verde em diferentes épocas e densidades de semeadura em Lavras-MG. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 5, p. 1235-1247, set./out. 2001.

PARENTONI, S. N. et al. Milho doce. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 14, n. 165, p. 17-22, 1990.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 7, n. 3, p. 212-216, may. 1967.

PATERNIANI, Ernesto. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.)**. 1968, 92 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1968.

PEREIRA FILHO, I. A. **O Cultivo do Milho verde**. Brasília: Embrapa Milho e Sorgo, 2002. 217 p.

PERIS, B. L.; HALLAUER, A. R. Comparison of half-sib and full-sib reciprocal recurrent selection and their modifications in simulated populations. **Maydica**, Bergamo, v. 50, n. 1, p. 25-37, jan./mar. 2005.

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

PINHO, L. et al. Qualidade de milho verde cultivado em sistemas de produção orgânico e convencional. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 7, n. 3, p. 279-290, 2008.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2011). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na Agropecuária**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2000. 472 p.

RAMALHO, M. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. Interação dos genótipos por ambientes. In: **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Universidade Federal de Goiania, 1993. p. 137-170.

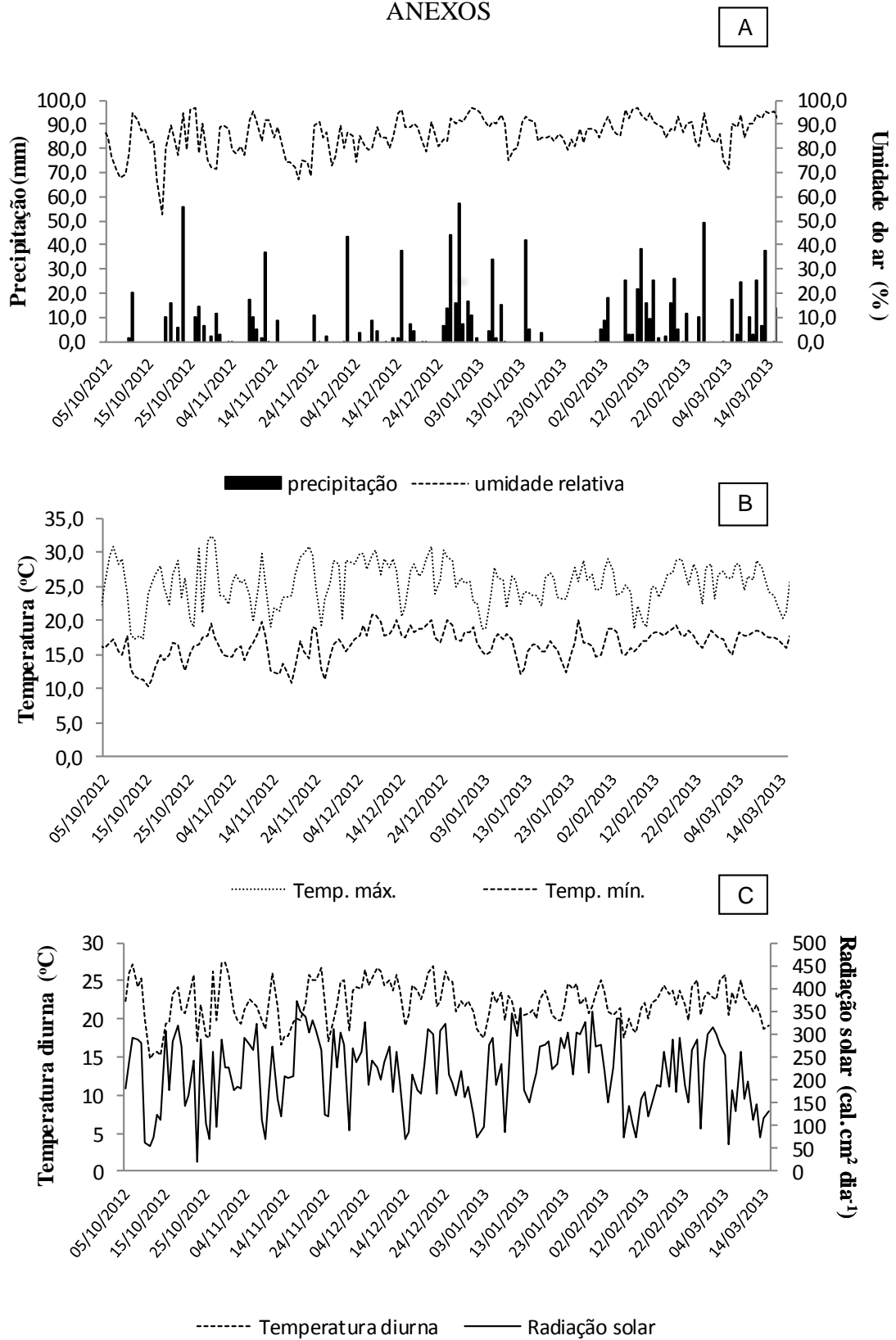
RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J.B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, n. 1-2, p. 23-29, jul. 2005.

RAO, N. K. S.; SWAMY, R. D.; CHACO, E. K. Differentiation of plantlets in hybrid embryo callus of pineapple. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 15, n. 3, p. 235-238, jul. 1981.

- REGAZZI, A. J. **Análise multivariada, notas de aula INF 766**. Viçosa: Departamento de Informática da Universidade Federal de Viçosa, v. 2, 2000.
- REIS, E. F. **Ganhos preditos e realizados por diferentes estratégias de seleção em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 2000, 120 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.
- ROCHA, D. R. D.; FILHO, D. F.; BARBOSA, J. C. Efeitos da densidade de plantas no rendimento comercial de espigas verdes de cultivares de milho. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 3, p. 392-397, jul./set. 2011.
- RODRIGUES, F. et al. Capacidade de combinação entre linhagens de milho visando à produção de milho verde. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 1, p. 75-84, abr./mar. 2009.
- RODRIGUES, F. et al. 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.
- RONZELLI JÚNIOR, P. **Melhoramento genético de plantas**. Curitiba: Embrapa Florestas, 1996. 219 p.
- ROTILI, E. A. et al. Divergência genética em genótipos de milho no Estado do Tocantins. **Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 43, n. 3, p. 516-521, jul./set. 2012.
- ROVARIS, S. R. S. et al. Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 4, p. 621-625, oct./dec. 2011.
- SANTOS, F. S. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 30, n. 5, p. 651-655, 2008. (Supl.)
- SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507-512, sep. 1974.
- SILVA, A. R. **Métodos de agrupamento: avaliação e aplicação ao estudo de divergência genética em acessos de alho**. 2012, 83 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.
- SILVA, A. R.; DIAS, C. T. S. A cophenetic correlation coefficient for Tocher's method. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 6, p. 589-596, jun. 2013.
- SILVA, P. S. L. et al. Effect of planting density on green ear yield of maize cultivars bred in different periods. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 2, p. 154-158, apr./jun. 2007.

- SILVA, M. G. M et al. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 1, p. 170-176, jan./fev. 2009.
- SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MONTEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina**, Londrina, v. 33, n. 2, p. 449-458, abr. 2012.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal Genetics and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.
- SOLDA, E. F. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em uma população base de milho crioulo**. 2010, 35 f. Monografia (Graduação em Agronomia), Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, 2010.
- SOUZA, A. R. R. et al. Predicting the genetic gain in the brazilian white maize landrace. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 1, p. 19-24, jan./fev. 2009.
- SOUZA SOBRINHO, F.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. de. Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 01, n. 01, p. 70-76, jan. 2002.
- STRAPASSON, E.; VENCOVSKY, R.; BATISTA, L. A. R. Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum sp.* por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 2, p. 373-381, mar./apr. 2000.
- SUDRÉ, C. P. et al. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 22-27, jan./mar. 2005.
- USDA, United States Department of Agriculture. World Corn Production, Consumption, and Stocks. 2013. Disponível em: < <http://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/>>. Acesso em 9 de nov. 2013.
- VALENTE, L. A. de L. Água na cultura do milho. In: Reunião Técnica Anual do Milho, 41, 1996, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo, EMBRAPA-CNTV, 1996. p. 224-231.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e Produção do Milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.
- VIEIRA, M. A. **Cultivares e população de plantas na produção de milho verde**. 2007, 95 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal), Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.
- VIEIRA, M. A. et al. Cultivares de milho e população de plantas que afetam a produtividade de espigas verdes. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 1, p. 81-86, jan./mar. 2010.
- VILARINHO, A. A. **A importância do melhoramento genético na cultura do milho**. Página Rural, 2012. Disponível em:<<http://www.paginarural.com.br/artigo/705/a-importancia-do-melhoramento-genetico-na-cultura-do-milho>>. Acesso em 01 de agosto 2012.

ANEXOS



Anexo 1 - Dados climáticos referentes aos dois experimentos. (A) precipitação e umidade relativa do ar, (B) temperatura máxima e mínima e (C) temperatura diurna e radiação solar. Ponta Grossa, 2014.

Fonte: BASF (2013).

Anexo 2 - Valores médios das variáveis ciclo masculino (CM), ciclo feminino (CF), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (IEP) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) para os tratamentos nos dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.

(Continua)

Tratamentos	1º experimento					2º experimento				
	CM	CF	EST	IEP	%EC	CM	CF	EST	IEP	%EC
1	70,00 c	71,00 d	2,47 a	1,47 b	76,14 a	64,33 c	69,33 b	2,38 b	1,35 c	42,88 a
2	69,00 c	70,33 d	2,29 b	1,39 c	65,55 b	63,67 c	66,00 c	2,48 a	1,42 b	39,36 a
3	68,67 c	72,33 c	2,30 b	1,37 c	75,59 a	65,00 c	69,00 b	2,53 a	1,58 a	40,53 a
4	70,00 c	73,00 c	2,48 a	1,50 a	71,60 a	61,33 e	65,67 c	2,42 b	1,46 b	29,00 b
5	69,00 c	75,00 c	2,34 a	1,39 c	71,13 a	62,67 d	67,33 c	2,38 b	1,40 b	32,10 b
6	67,67 d	70,67 d	2,26 b	1,24 c	66,47 b	62,67 d	65,00 c	2,25 c	1,36 c	24,10 b
7	68,67 c	76,33 b	2,39 a	1,42 b	57,55 b	64,33 c	67,67 c	2,40 b	1,48 b	30,97 b
8	73,67 a	78,33 b	2,55 a	1,48 a	65,18 b	65,00 c	71,00 a	2,41 b	1,48 b	38,82 a
9	68,67 c	70,67 d	2,43 a	1,42 b	65,46 b	63,00 d	66,33 c	2,46 a	1,43 b	40,86 a
10	68,33 c	72,33 c	2,29 b	1,41 b	77,20 a	60,33 e	62,67 c	2,18 c	1,17 d	35,50 b
11	67,00 d	69,67 d	2,22 b	1,34 c	70,05 a	61,33 e	65,67 c	2,41 b	1,37 c	24,75 b
12	70,33 c	75,00 c	2,44 a	1,56 a	63,51 b	67,00 b	69,00 b	2,47 a	1,56 a	28,10 b
13	64,67 e	66,00 e	2,20 b	1,22 c	75,30 a	63,33 d	65,67 c	2,37 b	1,44 b	34,37 b
14	64,67 e	66,67 e	2,27 b	1,33 c	72,40 a	61,33 e	66,67 c	2,31 c	1,37 c	40,29 a
15	65,67 e	68,33 e	2,16 b	1,26 c	77,30 a	63,33 d	67,33 c	2,22 c	1,33 c	33,50 b
16	67,67 d	69,33 d	2,30 b	1,30 c	60,50 b	67,33 b	71,00 a	2,37 b	1,36 c	37,49 b
17	64,67 e	66,00 e	2,24 b	1,30 c	72,96 a	64,00 c	67,00 c	2,35 b	1,36 c	34,63 b
18	64,00 e	65,00 e	2,25 b	1,35 c	76,49 a	65,00 c	69,00 b	2,48 a	1,53 a	50,74 a
19	65,33 e	66,33 e	2,20 b	1,17 c	61,84 b	64,00 c	69,00 b	2,44 b	1,49 b	24,45 b
20	66,33 d	69,00 d	2,41 a	1,41 b	53,84 b	64,33 c	71,67 a	2,41 b	1,47 b	33,43 b
21	68,67 c	71,33 d	2,39 a	1,37 c	56,79 b	64,67 c	70,67 b	2,23 c	1,28 c	37,88 b
22	71,33 b	73,33 c	2,61 a	1,60 a	64,80 b	61,33 e	67,33 c	2,22 c	1,28 c	35,45 b
23	70,33 c	74,33 c	2,46 a	1,50 a	82,34 a	63,00 d	67,33 c	2,24 c	1,30 c	44,45 a
24	70,67 c	73,67 c	2,25 b	1,40 b	78,09 a	65,00 c	70,00 b	2,42 b	1,36 c	35,29 b
25	66,00 e	71,00 d	2,27 b	1,39 c	72,40 a	67,67 b	73,00 a	2,45 b	1,47 b	26,53 b
26	66,67 d	69,67 d	2,25 b	1,31 c	68,73 b	64,67 c	70,33 b	2,38 b	1,37 c	42,57 a
27	67,00 d	68,67 d	2,41 a	1,41 b	70,24 a	65,67 c	70,33 b	2,36 b	1,46 b	53,88 a
28	66,00 e	70,33 d	2,30 b	1,26 c	68,37 b	64,67 c	71,00 a	2,54 a	1,59 a	42,10 a
29	70,33 c	73,00 c	2,35 a	1,45 b	67,64 b	63,67 c	69,33 b	2,49 a	1,47 b	21,25 b
30	68,67 c	69,00 d	2,46 a	1,43 b	69,82 a	63,00 d	68,00 c	2,44 b	1,42 b	41,93 a
31	68,67 c	69,67 d	2,34 a	1,40 b	80,24 a	63,33 d	66,33 c	2,23 c	1,31 c	45,91 a
32	68,67 c	72,33 c	2,25 b	1,36 c	75,40 a	60,00 e	64,33 c	2,28 c	1,19 d	35,15 b
33	68,33 c	72,67 c	2,27 b	1,37 c	57,05 b	65,33 c	70,33 b	2,50 a	1,61 a	37,39 b
34	69,33 c	71,00 d	2,23 b	1,32 c	65,89 b	66,33 b	71,67 a	2,29 c	1,38 c	36,58 b
35	71,00 b	76,00 b	2,35 a	1,44 b	73,91 a	62,33 d	68,33 c	2,50 a	1,47 b	45,55 a
36	69,67 c	73,33 c	2,17 b	1,31 c	68,08 b	68,00 b	72,67 a	2,36 b	1,51 b	45,77 a
37	68,33 c	70,00 d	2,27 b	1,37 c	73,20 a	65,00 c	69,00 b	2,27 c	1,31 c	27,09 b
38	72,00 b	77,00 b	2,37 a	1,41 b	74,07 a	66,00 b	68,67 b	2,18 c	1,27 d	35,24 b
39	68,33 c	70,67 d	2,43 a	1,43 b	68,97 b	66,67 b	70,33 b	2,62 a	1,62 a	46,63 a

(Continuação)

Tratamentos	1º experimento					2º experimento				
	CM	CF	EST	IEP	%EC	CM	CF	EST	IEP	%EC
40	69,00 c	72,33 c	2,43 a	1,43 b	77,38 a	62,33 d	66,33 c	2,39 b	1,49 b	35,99 b
41	65,67 e	67,67 e	2,33 b	1,34 c	78,14 a	64,33 c	69,33 b	2,10 c	1,22 d	31,62 b
42	67,67 d	72,00 c	2,31 b	1,36 c	79,80 a	60,67 e	65,67 c	2,30 c	1,33 c	38,82 a
43	65,00 e	70,33 d	2,27 b	1,29 c	77,25 a	63,33 d	66,67 c	2,30 c	1,37 c	40,90 a
44	65,67 e	67,67 e	2,24 b	1,23 c	73,51 a	60,00 e	64,00 c	2,21 c	1,14 d	26,67 b
45	73,33 a	77,67 b	2,38 a	1,55 a	79,06 a	63,67 c	68,67 b	2,40 b	1,35 c	48,28 a
46	75,00 a	81,33 a	2,36 a	1,54 a	69,77 a	66,33 b	71,33 a	2,52 a	1,46 b	35,50 b
47	69,00 c	71,33 d	2,35 a	1,51 a	66,77 b	64,00 c	70,00 b	2,28 c	1,41 b	38,80 a
48	67,33 d	69,33 d	2,25 b	1,34 c	74,77 a	60,67 e	66,00 c	2,26 c	1,24 d	31,16 b
49	69,33 c	72,67 c	2,41 a	1,52 a	59,81 b	62,67 d	69,00 b	2,33 b	1,38 c	24,95 b
50	70,33 c	74,67 c	2,38 a	1,57 a	69,10 b	65,33 c	70,33 b	2,54 a	1,61 a	33,25 b
51	65,67 e	68,00 e	2,23 b	1,32 c	79,02 a	62,33 d	65,67 c	2,44 b	1,45 b	40,88 a
52	69,00 c	71,00 d	2,24 b	1,35 c	74,58 a	63,67 c	67,00 c	2,16 c	1,31 c	27,82 b
53	71,33 b	72,33 c	2,31 b	1,37 c	71,12 a	64,67 c	67,67 c	2,41 b	1,41 b	29,99 b
54	69,00 c	70,67 d	2,26 b	1,35 c	70,38 a	64,67 c	69,00 b	2,37 b	1,36 c	48,25 a
55	68,67 c	72,33 c	2,30 b	1,37 c	79,20 a	64,00 c	68,33 c	2,38 b	1,41 b	48,30 a
56	70,00 c	73,00 c	2,48 a	1,50 a	81,08 a	66,33 b	71,33 a	2,45 b	1,52 a	38,17 b
57	69,00 c	75,00 c	2,34 a	1,39 c	76,16 a	63,33 d	69,00 b	2,24 c	1,21 d	38,59 a
58	67,67 d	70,67 d	2,26 b	1,24 c	65,21 b	61,33 e	67,33 c	2,20 c	1,24 d	45,50 a
59	68,67 c	76,33 b	2,39 a	1,42 b	70,67 a	65,00 c	73,67 a	2,16 c	1,18 d	34,84 b
60	73,67 a	78,33 b	2,55 a	1,48 a	63,19 b	65,33 c	70,67 b	2,62 a	1,62 a	43,26 a
61	68,67 c	70,67 d	2,43 a	1,42 b	74,62 a	63,67 c	68,33 c	2,49 a	1,47 b	41,56 a
62	68,33 c	72,33 c	2,29 b	1,41 b	63,72 b	63,33 d	69,33 b	2,43 b	1,44 b	23,67 b
63	67,00 d	69,67 d	2,22 b	1,34 c	69,30 a	60,67 e	66,67 c	2,33 b	1,37 c	36,95 b
64	70,33 c	75,00 c	2,44 a	1,56 a	56,54 b	65,00 c	71,33 a	2,38 b	1,37 c	39,04 a
65	64,67 e	66,00 e	2,20 b	1,22 c	82,77 a	61,00 e	64,00 c	2,23 c	1,18 d	42,58 a
66	64,67 e	66,67 e	2,27 b	1,33 c	69,46 a	61,67 e	66,00 c	2,24 c	1,38 c	41,93 a
67	65,67 e	68,33 e	2,16 b	1,26 c	83,76 a	59,33 e	66,00 c	2,27 c	1,28 c	32,40 b
68	67,67 d	69,33 d	2,30 b	1,30 c	80,04 a	62,00 d	67,33 c	2,29 c	1,31 c	45,66 a
69	64,67 e	66,00 e	2,24 b	1,30 c	65,02 b	61,33 e	65,67 c	2,19 c	1,22 d	23,93 b
70	64,00 e	65,00 e	2,25 b	1,35 c	70,17 a	60,00 e	66,00 c	2,09 c	1,20 d	39,54 a
71	65,33 e	66,33 e	2,20 b	1,17 c	70,88 a	62,33 d	66,33 c	2,14 c	1,17 d	32,27 b
72	66,33 d	69,00 d	2,41 a	1,41 b	66,08 b	62,33 d	67,33 c	2,14 c	1,24 d	39,68 a
73	68,67 c	71,33 d	2,39 a	1,37 c	67,08 b	64,67 c	69,00 b	2,56 a	1,44 b	46,32 a
74	71,33 b	73,33 c	2,61 a	1,60 a	80,80 a	64,33 c	69,67 b	2,60 a	1,53 a	49,67 a
75	70,33 c	74,33 c	2,46 a	1,50 a	64,35 b	65,00 c	69,00 b	2,33 b	1,45 b	54,48 a
76	70,67 c	73,67 c	2,25 b	1,40 b	68,78 b	64,67 c	67,67 c	2,20 c	1,34 c	32,74 b
77	66,00 e	71,00 d	2,27 b	1,39 c	69,93 a	61,67 e	66,33 c	2,44 b	1,41 b	47,20 a
78	66,67 d	69,67 d	2,25 b	1,31 c	73,28 a	63,33 d	66,67 c	2,39 b	1,33 c	57,16 a
79	67,00 d	68,67 d	2,41 a	1,41 b	65,42 b	62,00 d	66,67 c	2,34 b	1,33 c	22,36 b
80	66,00 e	70,33 d	2,30 b	1,26 c	59,67 b	62,33 d	68,00 c	2,26 c	1,21 d	35,29 b

(Conclusão)

Tratamentos	1º experimento					2º experimento				
	CM	CF	EST	IEP	%EC	CM	CF	EST	IEP	%EC
81	70,33 c	73,00 c	2,35 a	1,45 b	89,36 a	66,33 b	71,67 a	2,27 c	1,34 c	50,24 a
82	68,67 c	69,00 d	2,46 a	1,43 b	71,43 a	64,00 c	66,67 c	2,40 b	1,47 b	36,52 b
83	68,67 c	69,67 d	2,34 a	1,40 b	83,47 a	63,00 d	66,67 c	2,24 c	1,34 c	35,73 b
84	68,67 c	72,33 c	2,25 b	1,36 c	59,90 b	64,33 c	68,00 c	2,27 c	1,35 c	46,24 a
85	68,33 c	72,67 c	2,27 b	1,37 c	73,96 a	63,67 c	68,67 b	2,15 c	1,20 d	27,47 b
86	69,33 c	71,00 d	2,23 b	1,32 c	62,06 b	61,33 e	65,67 c	2,34 b	1,37 c	28,19 b
87	71,00 b	76,00 b	2,35 a	1,44 b	75,63 a	66,33 b	71,00 a	2,30 c	1,37 c	56,00 a
88	69,67 c	73,33 c	2,17 b	1,31 c	58,21 b	64,67 c	68,33 c	2,12 c	1,21 d	42,11 a
89	68,33 c	70,00 d	2,27 b	1,37 c	73,89 a	63,00 d	66,33 c	2,32 c	1,33 c	35,07 b
90	72,00 b	77,00 b	2,37 a	1,41 b	79,64 a	66,33 b	71,33 a	2,50 a	1,51 b	63,10 a
91	68,33 c	70,67 d	2,43 a	1,43 b	78,40 a	63,33 d	67,67 c	2,24 c	1,33 c	46,57 a
92	69,00 c	72,33 c	2,43 a	1,43 b	65,65 b	65,33 c	68,67 b	2,38 b	1,49 b	45,67 a
93	65,67 e	67,67 e	2,33 b	1,34 c	52,72 b	60,67 e	72,00 a	2,40 b	1,34 c	45,36 a
94	67,67 d	72,00 c	2,31 b	1,36 c	70,11 a	61,67 e	68,00 c	2,22 c	1,31 c	46,13 a
95	65,00 e	70,33 d	2,27 b	1,29 c	73,72 a	60,67 e	65,67 c	2,15 c	1,23 d	34,68 b
96	65,67 e	67,67 e	2,24 b	1,23 c	65,72 b	59,67 e	69,33 b	2,21 c	1,24 d	39,63 a
97 (V)	73,33 a	77,67 b	2,38 a	1,55 a	46,49 b	70,00 a	74,33 a	2,55 a	1,66 a	40,25 a
98 (H)	75,00 a	81,33 a	2,36 a	1,54 a	71,72 a	70,67 a	74,67 a	2,08 c	1,35 c	36,22 b

(V) Variedade Cativerde 02, (H) Híbrido AG 1051.

Anexo 3 - Valores médios das variáveis número de espigas empalhadas (NE), porcentagem de espigas comerciais empalhadas (%EE), rendimento de espigas empalhadas (REND), peso de espiga empalhada (PE), comprimento de espiga empalhada (CE), diâmetro de espiga empalhada (DE), número de espigas comerciais (NEC), rendimento de espigas comerciais (RENDC), peso de espiga comercial (PEC), diâmetro de espiga comercial (DEC), comprimento de espiga comercial (CEC), número de fileiras de grãos por espiga (NFG) e massa fresca de grãos por espiga (MFG) para os tratamentos avaliados nos dois experimentos. Ponta Grossa, 2014.

(Continua)

Tratamentos	NE	%EE	REND	PE	CE	DE	NEC	RENDC	PEC	DEC	CEC	NFG	MFG
1	52.630 a	50,17 b	15,46 a	290,64 b	24,18 b	5,63 a	32.410 a	6,62 a	193,52 d	4,46 b	16,70 b	13,56 e	75,41 b
2	58.240 a	49,36 b	17,22 a	295,18 b	23,19 c	5,36 a	30.700 a	7,00 a	216,36 b	4,91 a	16,66 b	14,21 d	92,19 b
3	48.250 a	57,80 a	14,64 a	301,65 a	22,53 c	5,82 a	28.750 a	6,86 a	224,50 b	4,75 a	17,89 a	14,07 d	102,98 a
4	53.360 a	37,60 b	14,79 a	273,81 b	21,39 c	5,46 a	28.270 a	6,77 a	224,28 b	4,93 a	16,41 b	14,97 c	96,56 a
5	46.780 a	50,66 b	14,14 a	299,58 a	24,33 b	5,54 a	25.100 b	5,66 b	212,01 c	4,59 b	17,04 a	13,82 e	89,64 b
6	41.910 b	48,75 b	11,97 b	285,00 b	22,54 c	5,67 a	19.490 b	4,69 b	226,80 b	4,73 a	16,75 b	14,86 c	103,05 a
7	54.580 a	47,95 b	15,83 a	287,48 b	23,36 c	5,58 a	24.370 b	5,66 b	215,90 b	4,75 a	16,07 b	14,77 c	101,37 a
8	40.940 b	53,19 a	12,74 b	306,92 a	23,80 b	6,38 a	22.660 b	5,17 b	215,22 b	4,70 a	16,53 b	14,62 c	90,86 b
9	50.680 a	50,38 b	14,50 a	288,30 b	22,12 c	5,71 a	26.070 b	6,02 b	220,15 b	4,89 a	16,61 b	15,18 c	106,22 a
10	47.030 a	52,05 a	13,47 b	285,24 b	23,31 c	5,63 a	26.800 a	6,17 a	217,85 b	5,13 a	16,42 b	14,06 d	100,98 a
11	52.630 a	50,28 b	15,04 a	284,20 b	23,63 c	5,65 a	25.590 b	5,82 b	216,55 b	4,68 b	16,69 b	14,19 d	100,81 a
12	52.390 a	50,82 b	15,52 a	296,09 b	22,90 c	5,98 a	24.360 b	5,67 b	220,31 b	4,76 a	16,43 b	14,72 c	103,81 a
13	47.030 a	47,68 b	13,57 b	286,17 b	21,25 c	5,58 a	26.560 a	5,78 b	217,22 b	4,68 b	16,50 b	14,70 c	94,33 b
14	54.100 a	41,58 b	14,46 a	261,71 b	22,60 c	5,32 a	31.920 a	6,70 a	194,18 d	4,36 b	16,47 b	14,37 d	86,26 b
15	40.210 b	41,22 b	11,72 b	284,59 b	22,43 c	5,60 a	24.370 b	5,66 b	218,71 b	4,59 b	17,46 a	14,33 d	89,48 b
16	42.400 b	41,05 b	11,21 b	262,46 b	22,07 c	5,83 a	21.440 b	4,23 b	187,18 d	4,51 b	17,05 a	13,93 e	74,04 b
17	51.410 a	51,27 b	15,53 a	298,96 a	22,82 c	5,60 a	29.000 a	6,40 a	208,83 c	4,72 a	16,94 a	14,21 d	81,65 b
18	45.810 b	60,24 a	15,84 a	343,55 a	24,33 b	6,02 a	29.730 a	7,22 a	228,04 b	4,70 a	16,79 b	15,62 b	96,36 a
19	54.820 a	50,65 b	15,81 a	289,21 b	22,62 c	6,28 a	23.390 b	5,92 b	219,13 b	4,70 a	16,32 b	15,50 b	100,51 a
20	41.420 b	49,94 b	11,80 b	287,37 b	21,76 c	5,55 a	18.030 b	3,90 b	205,20 c	4,90 a	17,48 a	13,95 e	91,12 b
21	50.680 a	52,96 a	14,67 a	289,65 b	24,40 b	5,62 a	24.610 b	5,37 b	205,28 c	4,57 b	16,59 b	13,54 e	87,26 b
22	48.490 a	46,17 b	14,17 a	290,24 b	21,21 c	5,72 a	24.120 b	5,54 b	218,19 b	4,74 a	16,46 b	14,00 d	90,50 b
23	50.930 a	56,29 a	15,22 a	298,82 a	23,15 c	5,71 a	32.410 a	7,36 a	213,55 c	4,88 a	16,34 b	14,40 d	92,71 b
24	48.250 a	49,92 b	14,13 a	290,71 b	23,05 c	5,78 a	28.020 a	6,37 a	212,17 c	4,66 b	16,68 b	14,56 c	90,35 b
25	44.840 b	67,51 a	15,41 a	343,82 a	26,14 a	6,09 a	22.910 b	5,57 b	225,57 b	4,73 a	17,12 a	14,74 c	100,35 a
26	50.200 a	58,68 a	15,55 a	308,52 a	24,61 b	5,49 a	28.270 a	6,53 a	219,99 b	4,66 b	17,00 a	14,42 d	93,48 b
27	51.660 a	56,19 a	16,14 a	312,79 a	24,40 b	5,97 a	32.650 a	7,42 a	224,04 b	4,78 a	17,79 a	14,29 d	95,83 a
28	43.860 b	57,84 a	13,98 a	312,24 a	25,05 a	5,75 a	25.830 b	6,09 a	216,32 b	4,39 b	16,93 a	13,49 e	91,24 b
29	38.990 b	53,32 a	11,84 b	304,06 a	23,87 b	6,04 a	17.300 b	4,33 b	235,24 a	5,23 a	16,64 b	14,03 d	110,91 a
30	48.000 a	58,00 a	14,73 a	306,53 a	23,52 c	5,73 a	26.800 a	6,55 a	228,98 b	5,06 a	16,60 b	13,90 e	109,05 a
31	48.490 a	61,38 a	14,28 a	291,15 b	23,20 c	5,55 a	31.920 a	7,27 a	211,78 c	4,58 b	17,11 a	13,54 e	88,66 b
32	46.790 a	51,72 b	13,93 a	296,22 b	22,59 c	5,91 a	26.320 a	5,89 b	209,47 c	4,64 b	16,56 b	13,66 e	87,77 b
33	39.230 b	54,19 a	11,99 b	302,50 a	25,19 a	6,30 a	19.740 b	4,55 b	219,96 b	4,75 a	16,33 b	14,43 d	94,07 b
34	49.460 a	46,85 b	14,30 a	288,21 b	22,59 c	6,25 a	25.830 b	5,85 b	210,15 c	4,73 a	16,94 a	14,15 d	86,96 b
35	47.760 a	53,54 a	14,33 a	297,27 b	24,26 b	5,57 a	29.480 a	6,97 a	220,05 b	4,54 b	16,97 a	13,98 d	98,46 a
36	45.080 b	53,11 a	14,05 a	306,77 a	23,59 c	5,76 a	27.290 a	6,00 b	200,21 d	4,43 b	17,26 a	14,66 c	81,52 b
37	49.470 a	50,74 b	14,49 a	292,14 b	22,50 c	5,74 a	25.100 b	6,42 a	239,61 a	4,77 a	16,94 a	14,25 d	125,54 a

(Continuação)

Tratamentos	NE	%EE	REND	PE	CE	DE	NEC	REND C	PEC	DEC	CME	NFG	MFG
38	49.470 a	49,36 b	14,41 a	289,75 b	23,76 b	5,60 a	28.020 a	6,58 a	220,79 b	4,58 b	16,90 a	14,85 c	97,15 a
39	42.640 b	58,25 a	12,77 b	297,25 b	25,81 a	5,52 a	26.070 b	5,50 b	197,16 d	4,37 b	16,84 b	13,60 e	81,38 b
40	45.570 b	55,21 a	13,88 a	305,15 a	21,86 c	5,77 a	25.830 b	6,00 b	217,64 b	4,73 a	15,84 b	14,91 c	98,96 a
41	39.230 b	53,86 a	11,88 b	295,99 b	23,52 c	5,42 a	22.660 b	5,50 b	223,42 b	4,53 b	16,80 b	14,50 d	96,88 a
42	49.950 a	52,35 a	14,73 a	293,53 b	23,24 c	5,57 a	29.970 a	6,38 a	200,88 c	4,55 b	16,73 b	14,38 d	83,13 b
43	48.000 a	51,05 b	13,99 a	293,32 b	23,15 c	5,76 a	28.020 a	5,73 b	191,53 c	4,71 a	16,43 b	13,18 e	78,67 b
44	52.630 a	45,69 b	15,51 a	295,17 b	23,00 c	6,04 a	26.320 a	6,08 a	221,45 b	4,88 a	16,23 b	14,78 c	104,47 a
45	44.840 b	66,26 a	14,72 a	327,81 a	24,90 a	6,01 a	29.490 a	6,92 a	241,49 a	4,82 a	17,01 a	15,04 c	110,06 a
46	46.540 a	56,03 a	14,40 a	309,18 a	24,19 b	5,71 a	25.590 b	5,91 b	219,86 b	4,89 a	16,68 b	14,78 c	90,95 b
47	54.090 a	58,40 a	16,61 a	303,33 a	23,47 c	5,66 a	29.480 a	6,69 a	215,19 b	4,72 a	16,56 b	14,43 d	90,79 b
48	52.630 a	42,07 b	14,75 a	278,57 b	22,04 c	5,56 a	28.270 a	6,76 a	225,79 b	4,71 a	16,71 b	14,52 d	91,07 b
49	40.210 b	36,23 b	11,31 b	277,49 b	22,11 c	5,78 a	18.520 b	4,52 b	223,96 b	4,81 a	17,10 a	15,35 b	99,19 a
50	48.490 a	42,00 b	13,30 b	275,65 b	21,76 c	5,44 a	24.610 b	5,68 b	211,09 c	4,84 a	16,27 b	14,59 c	90,23 b
51	55.800 a	52,57 a	17,09 a	306,25 a	24,25 b	5,73 a	33.870 a	8,23 a	230,13 b	4,70 a	16,94 a	14,23 d	100,38 a
52	51.170 a	55,94 a	16,62 a	322,46 a	24,32 b	6,45 a	27.050 a	6,41 a	223,54 b	4,84 a	16,41 b	15,75 b	92,88 b
53	49.220 a	53,09 a	15,67 a	317,00 a	23,70 b	5,82 a	25.830 b	6,02 b	218,84 b	4,56 b	17,12 a	13,90 e	101,74 a
54	41.910 b	52,57 a	12,84 b	303,48 a	22,62 c	5,83 a	25.830 b	5,82 b	214,51 b	4,62 b	16,72 b	14,31 d	88,51 b
55	48.490 a	57,97 a	15,77 a	322,52 a	25,48 a	5,85 a	31.680 a	7,25 a	214,45 b	4,69 a	16,77 b	13,46 e	96,49 a
56	47.030 a	52,87 a	13,75 a	286,48 b	23,92 b	5,39 a	29.730 a	6,62 a	208,57 c	4,47 b	16,99 a	13,80 e	86,91 b
57	45.570 b	56,49 a	14,93 a	328,00 a	23,20 c	5,92 a	26.320 a	6,29 a	222,08 b	4,67 b	16,73 b	14,45 d	97,03 a
58	42.640 b	51,34 b	12,83 b	296,23 b	23,20 c	5,69 a	24.610 b	6,27 a	237,81 a	4,78 a	16,58 b	15,34 b	103,27 a
59	38.260 b	59,48 a	11,88 b	306,53 a	22,23 c	5,82 a	21.690 b	5,04 b	222,91 b	4,85 a	16,93 a	14,63 c	93,81 b
60	46.540 a	46,66 b	13,70 b	293,98 b	23,95 b	5,66 a	25.100 b	5,83 b	220,97 b	4,57 b	16,69 b	14,19 d	96,39 a
61	45.810 b	48,67 b	13,32 b	288,12 b	22,67 c	5,79 a	27.290 a	5,99 b	207,67 c	4,56 b	16,87 b	15,14 c	89,73 b
62	53.610 a	42,91 b	14,78 a	274,95 b	22,13 c	5,55 a	23.640 b	5,57 b	222,37 b	4,65 b	16,62 b	16,65 a	102,15 a
63	50.680 a	51,59 b	15,60 a	305,08 a	23,79 b	5,83 a	28.020 a	6,47 a	213,99 c	4,74 a	16,47 b	15,29 b	97,96 a
64	43.370 b	44,69 b	12,50 b	286,39 b	22,54 c	5,74 a	21.200 b	4,43 b	198,83 d	4,67 b	16,69 b	13,82 e	87,06 b
65	46.300 b	52,33 a	13,85 a	295,21 b	23,18 c	5,55 a	30.220 a	7,10 a	219,78 b	4,65 b	17,19 a	14,63 c	97,40 a
66	47.520 a	56,00 a	14,62 a	305,03 a	22,44 c	5,54 a	27.290 a	6,51 a	223,44 b	4,93 a	17,72 a	14,45 d	86,95 b
67	44.590 b	62,39 a	14,07 a	312,30 a	24,23 b	5,83 a	26.560 a	6,40 a	227,95 b	4,83 a	17,21 a	13,93 e	94,16 b
68	48.000 a	58,77 a	14,66 a	311,27 a	24,63 b	6,04 a	29.240 a	6,85 a	218,58 b	4,61 b	17,00 a	13,57 e	99,71 a
69	43.860 b	42,65 b	12,23 b	275,39 b	22,66 c	5,61 a	20.230 b	4,61 b	226,10 b	4,85 a	17,15 a	13,87 e	104,47 a
70	43.620 b	54,86 a	12,96 b	294,85 b	22,88 c	5,79 a	24.370 b	6,00 b	229,51 b	4,74 a	16,93 a	13,93 e	113,97 a
71	42.400 b	44,59 b	11,47 b	265,62 b	21,89 c	5,37 a	23.150 b	5,23 b	211,02 c	4,65 b	16,82 b	14,66 c	90,15 b
72	47.030 a	50,02 b	13,68 b	288,85 b	22,90 c	5,59 a	25.340 b	5,97 b	215,84 b	4,65 b	16,71 b	13,72 e	95,60 a
73	48.980 a	54,93 a	15,50 a	315,73 a	24,05 b	5,78 a	28.020 a	6,84 a	231,03 b	4,91 a	17,20 a	15,40 b	100,89 a
74	43.860 b	63,85 a	13,62 b	302,77 a	25,09 a	6,00 a	30.220 a	7,59 a	232,41 a	4,86 a	18,12 a	14,18 d	100,29 a
75	43.620 b	54,69 a	13,47 b	310,42 a	23,61 c	5,81 a	26.320 a	7,16 a	250,00 a	4,96 a	17,08 a	16,22 a	116,69 a
76	44.840 b	51,43 b	13,42 b	299,18 a	23,56 c	5,98 a	22.900 b	5,01 b	215,06 b	4,86 a	16,33 b	15,39 b	84,34 b
77	51.410 a	52,55 a	15,53 a	300,10 a	24,16 b	5,66 a	30.460 a	7,00 a	215,39 b	4,55 b	17,01 a	14,76 c	97,85 a
78	50.680 a	52,13 a	15,34 a	301,81 a	22,03 c	5,75 a	33.140 a	7,89 a	223,91 b	4,66 b	17,52 a	13,79 e	95,49 a
79	49.950 a	49,76 b	14,21 a	283,44 b	24,96 a	5,47 a	21.930 b	4,59 b	198,10 c	4,51 b	16,58 b	13,47 e	86,06 b

(Conclusão)

Tratamentos	NE	%EE	REND	PE	CE	DE	NEC	REND C	PEC	DEC	CME	NFG	MFG
80	45.080 b	52,50 a	14,00 a	307,60 a	22,96 c	5,63 a	22.170 b	5,21 b	221,75 b	4,91 a	16,56 b	15,72 b	93,48 b
81	47.520 a	58,59 a	14,83 a	310,03 a	24,20 b	5,61 a	33.630 a	7,88 a	213,97 c	4,54 b	17,61 a	14,85 c	79,63 b
82	49.470 a	44,69 b	13,89 a	281,11 b	23,27 c	5,46 a	27.290 a	6,09 a	208,36 c	4,61 b	16,92 a	14,30 d	85,18 b
83	48.010 a	49,92 b	13,18 b	269,48 b	22,29 c	5,24 a	31.190 a	6,81 a	203,19 c	4,37 b	17,55 a	14,18 d	80,90 b
84	47.270 a	48,52 b	13,50 b	285,18 b	23,03 c	5,64 a	25.830 b	5,82 b	211,18 c	4,60 b	16,57 b	14,14 d	88,11 b
85	38.740 b	53,09 a	12,55 b	324,84 a	25,31 a	5,82 a	19.980 b	4,84 b	222,91 b	4,67 b	17,32 a	14,55 c	107,91 a
86	46.050 b	45,21 b	13,22 b	284,20 b	22,62 c	5,66 a	21.690 b	5,11 b	222,48 b	4,74 a	16,49 b	14,55 c	97,12 a
87	50.200 a	60,78 a	16,09 a	318,00 a	26,33 a	5,78 a	33.380 a	7,82 a	219,42 b	4,65 b	17,99 a	13,79 e	93,22 b
88	42.890 b	51,78 b	13,11 b	300,94 a	25,04 a	5,69 a	22.900 b	5,20 b	210,62 c	4,71 a	16,18 b	14,10 d	95,42 a
89	39.230 b	51,13 b	10,82 b	274,32 b	23,08 c	5,55 a	21.440 b	4,72 b	205,68 c	4,53 b	17,27 a	13,63 e	91,04 b
90	44.350 b	60,90 a	13,76 a	313,85 a	25,08 a	5,89 a	31.190 a	6,29 a	194,47 d	4,43 b	17,75 a	13,69 e	69,92 b
91	48.000 a	65,21 a	14,99 a	310,41 a	25,37 a	5,95 a	30.700 a	6,27 a	192,38 d	4,57 b	16,84 b	13,28 e	75,90 b
92	51.170 a	54,60 a	15,49 a	301,06 a	22,92 c	5,53 a	28.990 a	6,49 a	212,48 c	4,81 a	17,31 a	13,71 e	86,57 b
93	36.310 b	56,41 a	11,51 b	315,22 a	22,70 c	5,83 a	18.030 b	4,65 b	245,43 a	5,02 a	16,61 b	14,73 c	112,23 a
94	45.080 b	35,82 b	11,82 b	260,01 b	23,55 c	5,42 a	27.290 a	5,40 b	186,18 d	4,29 b	17,07 a	13,54 e	65,70 b
95	46.790 a	44,39 b	12,70 b	270,42 b	21,46 c	5,61 a	25.340 b	5,47 b	212,83 c	4,63 b	16,72 b	14,09 d	90,73 b
96	43.130 b	56,81 a	14,15 a	327,47 a	22,59 c	5,89 a	23.150 b	6,32 a	257,43 a	4,87 a	17,28 a	15,67 b	121,38 a
97 (V)	37.530 b	44,33 b	10,27 b	273,33 b	24,95 a	5,56 a	16.570 b	3,53 b	198,77 d	4,32 b	16,48 b	14,63 c	77,79 b
98 (H)	46.050 b	63,65 a	13,24 b	292,91 b	22,65 c	5,60 a	23.880 b	5,34 b	210,71 c	4,70 a	16,02 b	15,91 b	103,25 a

(V) Variedade Cativerde 02, (H) Híbrido AG 1051.

Anexo 4 - Resumo da análise de variância conjunta para as 18 variáveis fenotípicas avaliadas em 96 progênies de meios irmãos, em dois experimentos visando a aptidão para a produção de milho verde. Ponta Grossa, 2014.

Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	CM	CF	EST	IEP	NE	%EE	REND	PE	CE
Blocos (experimento)	4	974,20 **	670,58 **	0,37 **	0,23 **	251,02 **	2725,08 **	55,56 **	8767,93 **	14,91 **
Experimentos (E)	1	3244,25 **	1344,44 **	0,02	0,01	11183,24 **	161345,15 **	3734,48 **	388680,55 **	366,69 **
Progênies (P)	95	20,03 **	31,61 **	0,05 **	0,04 **	117,34 **	236,54 **	11,98 **	1634,32 **	7,60 **
P x E	95	7,55 **	13,98 **	0,02 **	0,02 **	69,04	142,04	5,75	585,81	1,90
Resíduo	380	1,77	3,81	0,01	0,01	56,44	110,59	4,72	589,32	1,78
Média		65,90	69,77	2,33	1,38	47,020	52,04	14,06	297,24	23,39
C.V.(%)		2,02	2,80	4,98	6,42	15,96	20,21	15,45	8,17	5,70

Continuação

Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	DE	NEC	%EC	RENDNC	PEC	DEC	CEC	NFG	MFG
Blocos (experimento)	4	1,39 **	927,49 **	2729,76 **	38,19 **	1620,29 **	0,17	2,33 **	1,48 **	638,44 *
Experimentos (E)	1	7,81 **	58604,94 **	150776,89 **	3386,66 **	16986,12 **	0,48 *	105,57 **	16,15 **	629,88
Progenies (P)	95	0,31	88,96 **	228,96 *	4,86 **	959,48 **	0,17 **	1,10 **	2,64 **	627,33 **
P x E	95	0,25	41,21	144,96	2,48	239,49	0,11	0,69	0,28	252,93
Resíduo	380	0,25	35,60	108,95	2,09	258,36	0,10	0,65	0,31	218,74
Média		5,72	26,301	54,48	6,05	217,06	4,70	16,86	14,39	94,24
C.V.(%)		8,73	22,68	19,16	23,86	7,41	6,73	4,78	3,87	15,69

**, * significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente. (CM) ciclo masculino, (CF) ciclo feminino, (EST) estatura de planta, (IEP) altura de inserção da espiga principal, (NE) número de espigas empalhadas, (%EE) porcentagem de espigas comerciais empalhadas, (REND) rendimento de espigas empalhadas, (PE) peso de espiga empalhada, (CE) comprimento de espiga empalhada, (DE) diâmetro de espiga empalhada, (NEC) número de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais, (RENDNC) rendimento de espigas comerciais, (PEC) peso de espiga comercial, (DEC) diâmetro de espiga comercial, (CEC) comprimento de espiga comercial, (NFG) número de fileiras de grãos por espiga e (MFG) massa fresca de grãos por espiga.