

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES E FORMAÇÃO DE GRUPOS
DIVERGENTES EM LINHAGENS DE MILHO**

**Marcela Bonafin Marconato
Engenheira Agrônoma**

2018

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES E FORMAÇÃO DE GRUPOS
DIVERGENTES EM LINHAGENS DE MILHO**

Marcela Bonafin Marconato

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro

Coorientadora: Prof^a Dr^a Fabíola Vitti Môro

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, *Campus* de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2018

M321a Marconato, Marcela Bonafin
Associação entre caracteres e formação de grupos divergentes em
linhagens de milho / Marcela Bonafin Marconato. -- Jaboticabal, 2018
iv, 40 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2018

Orientador: Gustavo Vitti Môro

Banca examinadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli, Viviane
Formice Vianna, Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira, Ivana Marino
Bárbaro Tomeli

Bibliografia

1. Agrupamento. 2. Análise multivariada. 3. Correlação. 4.
Melhoramento de plantas. 5. *Zea mays* L. I. Título. II. Jaboticabal-
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.15

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação
Diretoria Técnica de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES E FORMAÇÃO DE GRUPOS DIVERGENTES EM LINHAGENS DE MILHO

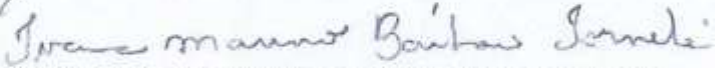
AUTORA: MARCELA BONAFIN MARCONATO

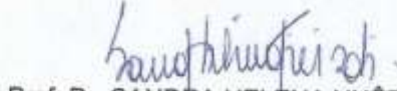
ORIENTADOR: GUSTAVO VITTI MÔRO

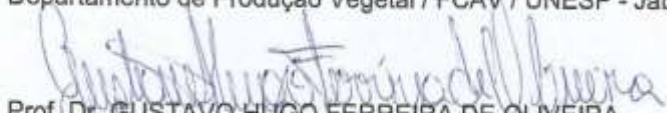
COORIENTADORA: FABIOLA VITTI MÔRO

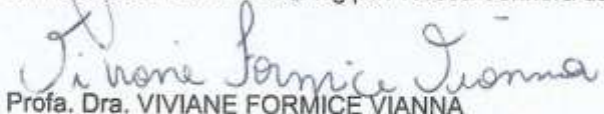
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Pesquisadora Dra. IVANA MARINO BÁRBARO TORNELI
APTA / Colina, SP


Prof. Dr. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Prof. Dr. GUSTAVO HUGO FERREIRA DE OLIVEIRA
Universidade Federal de Sergipe / Nossa Senhora da Glória/SE


Profa. Dra. VIVIANE FORMICE VIANNA
Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária / Unesp - FCAV - Jaboticabal

Jaboticabal, 29 de junho de 2018

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

Marcela Bonafin Marconato – nascida em 13 de julho de 1988 em Jaboticabal/SP. Ingressou, em 2007, no curso de Engenharia Agrônômica na Universidade Estadual Paulista – UNESP - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal (FCAV). Obteve o título de Engenheira Agrônoma em fevereiro de 2012. Em agosto de 2012, ingressou no curso de Pós-graduação, nível mestrado, em Agronomia, na área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista – UNESP - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal (FCAV), sendo bolsista CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), tendo como orientadora a Professora Dr^a Sandra Helena Unêda-Trevisoli, obtendo o título em Julho de 2014, trabalhando com germoplasma de soja. Ingressou no curso de Pós-graduação, nível doutorado, em Agronomia, na área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista – UNESP - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal (FCAV), em agosto de 2014, sendo bolsista CAPES e tendo como orientador o Professor Dr. Gustavo Vitti Môro, trabalhando com avaliação e caracterização de linhagens de milho.

“It’s always darkest before the dawn”

Florence Welch

DEDICO

À minha mãe Marilaine e as minhas tias Marileda e Mariza, as mulheres importantes na minha vida que sempre foram os pilares e os exemplos, e que de alguma forma contribuíram para minha formação acadêmica e pessoal.

OFEREÇO

À Maria Eduarda Chiaradia Furquim, sem você por perto nada teria acontecido.

AGRADECIMENTOS

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, *campus* de Jaboticabal, por toda a infraestrutura oferecida e a toda a minha formação acadêmica.

À Capes (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela concessão de bolsa de estudos de doutorado.

Ao meu orientador Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro, pelos ensinamentos, orientação e paciência nos últimos anos.

Aos membros da Comissão do Exame Geral de Qualificação, Prof. Dr. Rinaldo César de Paula e Prof^a. Dr^a Sandra Helena Unêda-Trevisoli, e aos membros da Banca Examinadora da Tese, Prof^a Dr^a Viviane Formice Vianna, Prof^a Dr^a Sandra Helena Unêda-Trevisoli, Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira e Dr^a Ivana Marino Bárbaro Torneli pela avaliação e contribuição para melhoria do artigo e da tese.

Aos docentes da FCAV por todo ensinamento e contribuição à minha formação.

Aos funcionários da FCAV e principalmente aos da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, por toda ajuda e apoio na condução dos experimentos de campo.

Aos amigos do Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Milho – NEGEMM, Camila Baptista do Amaral, Flávia Alves Marques da Siva, Sophia Mangussi Franchi Dutra, Rodolfo Buzinaro, Lucas Tadeu Mazza Revolti, Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira, Carlos Henrique Braz Giorgenon, Carlos Henrique Caprio, Kian Eghrari de Moraes, Luiz Eduardo Tihaqui Bertesselo, Élcio Hissagy Samecima Júnior. À Elba.

À Branca Rochidali, por toda paciência, carinho e salvamentos.

Aos amigos que me ouviram e me apoiaram de alguma forma.

À Maria Fernanda Conceição Miranda, Butina, pela amizade, risadas e apoio no início da Pós (*in memoriam*).

À minha prima Fernanda Maria de Carvalho (Crê), por todo apoio, amizade, por ser minha irmã mais velha desde sempre.

À Maria Eduarda Chiaradia Furquim, por todo apoio, paciência, carinho e amizade. Sem você não seria possível.

SUMÁRIO

| | |
|---|------------|
| RESUMO | iii |
| ABSTRACT | iv |
| CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS | 1 |
| 1. INTRODUÇÃO..... | 1 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA..... | 3 |
| 2.1. A cultura do milho e o melhoramento vegetal | 3 |
| 2.2. Grupos heteróticos..... | 4 |
| 2.3 Análise Multivariada..... | 5 |
| 2.3.1 Análise de Agrupamento | 5 |
| 2.3.1.1 Métodos Hierárquicos | 5 |
| 2.3.1.2 Métodos Não-hierárquicos | 6 |
| 2.4 Capacidade de combinação..... | 7 |
| 2.5 Análise de trilha | 8 |
| REFERÊNCIAS | 9 |
| CAPÍTULO 2. – CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE MILHO E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE LINHAGENS..... | 13 |
| 1. INTRODUÇÃO..... | 15 |
| 2. MATERIAL E MÉTODOS..... | 16 |
| 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 18 |
| 4. CONCLUSÕES..... | 24 |
| 5. REFERÊNCIAS | 24 |
| CAPÍTULO 3 – ANÁLISE MULTIVARIADA PARA CARACTERIZAÇÃO E FORMAÇÃO DE GRUPOS EM LINHAGENS DE MILHO | 27 |
| 1. INTRODUÇÃO..... | 29 |
| 2. MATERIAL E MÉTODOS..... | 30 |
| 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 31 |

| | |
|-----------------------|-----------|
| 4. CONCLUSÕES..... | 36 |
| 5. REFERÊNCIAS | 36 |
| APÊNDICE | 39 |

ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES E FORMAÇÃO DE GRUPOS DIVERGENTES EM LINHAGENS DE MILHO

RESUMO – A pesquisa teve como principais objetivos estudar a correlação entre caracteres, estimar a capacidade de combinação e discriminar grupos em linhagens de milho. Para isso, foram avaliadas três safras (2015/2016; 2016; 2016/2017), nas quais 85 linhagens de milho foram cruzadas com um testador de base ampla em *topcross*. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com duas repetições. Foram analisados os caracteres produtividade, prolificidade, altura de planta e de espiga, posição relativa de espiga, acamamento e quebramento. O programa computacional GENES foi utilizado para a realização das análises de variância individual e conjunta, bem como análise de trilha. Com o programa computacional Statsoft foram feitas duas análises multivariadas, uma de agrupamento hierárquico de Ward e outra de agrupamento não hierárquico de *K-means*. A partir dos resultados da análise de trilha, observou-se que nenhuma variável seria adequada para seleção indireta dos genótipos, sendo indicada a seleção pela produtividade. A capacidade geral de combinação para produtividade foi realizada e esta permitiu destacar genótipos superiores e com bom desempenho nas três safras. As análises multivariadas possibilitaram a separação dos genótipos em grupos distintos e foram complementares para direcionar a escolha dos cruzamentos mais divergentes.

Palavras-chave: agrupamento, análise multivariada, correlação, melhoramento de plantas, *Zea mays* L

ASSOCIATION OF TRAITS AND IDENTIFICATION OF DIVERGENT GROUPS IN MAIZE LINEAGES

ABSTRACT - The aim of this study was to evaluate the correlation between traits, estimate the combining ability and discriminate groups in maize lineages. For this, three harvest seasons (2015/2016, 2016, 2016/2017) were evaluated, in which 85 maize lineages were crossed with a broad genetic base tester by topcross. The experimental design was a randomized block design, with two replicates. The studied traits were grain yield, prolificacy, plant height and ear height, ear placement, lodging and breaking. The GENES software was used to perform individual and joint analysis of variance, as well as pathway analysis. The Statsoft software was used to perform two multivariate analysis, Ward hierarchical cluster analysis and K-means non-hierarchical cluster analysis. The results from pathway analysis revealed that no variable would be suitable for indirect selection of the genotypes, so that selection by the grain yield is indicated. The general combining ability for grain yield was obtained, highlighted the superior genotypes with good performances in the three harvest seasons. Multivariate analysis allowed the separation of the genotypes into distinct groups and were complementary to point out the most divergent crosses.

Keywords: clustering, multivariate analysis, correlation, plant breeding, *Zea mays* L

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

O milho constitui matéria-prima de diversos produtos e possui mais de 3.500 maneiras de utilização direta e indireta. É um grão utilizado para o consumo alimentar animal e humano, e também é componente na produção de óleo, álcool etílico e butílico, fármacos, herbicidas e inseticidas, entre outros (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO, 2015). Desta forma, é crescente a pressão exercida pelo mercado para que haja um aumento da produção deste produto.

Atualmente, o Brasil ocupa a terceira posição entre os maiores produtores de milho no mundo, perdendo somente para os Estados Unidos e China. Entretanto, o rendimento brasileiro deste grão é muito baixo, independentemente de algumas regiões brasileiras apresentarem valores de produtividade superiores à média nacional. E, apesar do aumento da produtividade nos últimos 31 anos, fatores como o tipo de produção, tecnologias empregadas e a dimensão do território nacional estão envolvidos nestes resultados (COELHO; CRUZ; PEREIRA FILHO, 2003).

A escolha adequada dos genitores consiste na etapa mais importante para a obtenção bem sucedida de combinações híbridas superiores, nos programas de melhoramento deste grão. Assim quanto maior a divergência entre os genitores, maior a variabilidade da população e maior a probabilidade de reagrupar alelos de interesse em combinações favoráveis (BARBIERI et al., 2005).

É importante que as relações genéticas existentes entre as características de interesse agrônomo sejam conhecidas para a obtenção do material genético desejado, que podem se associar em direções e magnitudes distintas (OLIVEIRA et al., 2013).

O conhecimento da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores é muito importante e bastante utilizado em diversas culturas, sendo um método de avaliação muito empregado em programas de melhoramento de milho. As estimativas dos efeitos da CGC concedem informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos e vem sendo utilizada para indicar genitores a serem utilizados em programas de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Existem diversas ferramentas que auxiliam a escolha de genitores com desempenho superior, uma vez que facilitam a identificação dos mesmos por meio da separação de genótipos em grupos onde exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos (HAIR et al., 2009).

Com isso, o presente trabalho tem como objetivo estudar a correlação entre caracteres, estimar a capacidade de combinação e discriminar grupos em linhagens de milho.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura do milho e o melhoramento vegetal

O milho (*Zea mays* L.) é mundialmente considerado uma das culturas agrícolas mais importantes. É utilizado na alimentação animal e humana, sendo também empregado como matéria-prima em diversos segmentos e produtos (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO, 2015).

A cultura do milho está entre os três grãos mais produzidos no mundo, apresentando o maior volume de produção (terceiro em área; primeiro em produção/produtividade). A safra de 2016/2017 alcançou o recorde mundial com mais de 1 bilhão de toneladas produzidas, no qual o Brasil ocupou o terceiro lugar com 9% da produção, sendo antecedido pela China (20%) e Estados Unidos (36%) (USDA, 2018). Na safra 2017/2018, a produção brasileira ultrapassou 97 milhões de toneladas, sendo 31% na primeira safra e 69% na segunda (CONAB, 2018).

O Brasil, mesmo sendo o terceiro maior produtor mundial deste grão, possui uma média de produtividade baixa quando comparada a outros países. Uma vez que na safra 2016/2017, os EUA alcançaram uma produtividade média de 10.960 kg/ha, enquanto a produtividade média brasileira foi de 5.560 kg/ha. Entretanto, a região Sul produziu um total de 6.583 kg/ha na safra de 2016/2017, enquanto a região Nordeste obteve um total de 2.557 kg/ha.

Segundo Coelho; Cruz e Pereira Filho (2003), apesar do aumento da produtividade nos últimos 31 anos, são encontrados diferentes níveis de produtividade no país devido à dimensão do território brasileiro com sua ampla diversidade de clima e solo, bem como o objetivo da produção do milho e as tecnologias empregadas.

O milho é uma espécie politépica e apresenta grande variabilidade genética devido às mudanças nas frequências gênicas ao longo das gerações. Um dos fatores que contribuem para estas mudanças é o processo de hibridação que favorece o desenvolvimento de novas raças (PATERNIANI; CAMPOS, 2005).

Nesse contexto, o objetivo dos programas de melhoramento consiste em obter populações superiores para produtividade e demais características agronômicas de

interesse. Com isso, buscam-se linhagens com elevada frequência de alelos favoráveis, que possam resultar em melhores híbridos (FORNASIERI FILHO, 2007)

2.2. Grupos heteróticos

Os programas de melhoramento exploram amplamente a heterose, que consiste no aumento da performance da progênie em comparação aos seus parentais (FLINT-GARCIA et al., 2009; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Os grupos heteróticos são formados por genótipos com composição genética similar que expressam alto nível de heterose quando cruzados com outros grupos compostos por outros genótipos. Desta forma, a formação e manutenção desses grupos é fundamental para a aquisição de melhores linhagens e híbridos (PATERNIANI; CAMPOS, 2005; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

A formação desses grupos permite o uso mais eficiente e adequado do germoplasma disponível. Com a alocação de linhagens de milho em grupos distintos, os cruzamentos podem ser direcionados, tornando o processo de melhoramento mais eficiente, principalmente para a obtenção de híbridos mais produtivos (PINTO; GARCIA; SOUZA JR., 2001).

A heterose está associada à divergência genética, na qual as análises de dissimilaridade genética podem ser úteis para a predição de cruzamentos com maior probabilidade de sucesso. Uma vez que o estudo da divergência auxilia na identificação de cruzamentos que otimizarão a heterose ao mesmo tempo que evitarão características indesejáveis (MIRANDA et al., 2003; CARGNELUTTI FILHO et al., 2008)

A divergência genética pode ser avaliada por meio de técnicas multivariadas ou processos preditivos. Por dispensarem a obtenção de híbridos, os métodos preditivos da divergência genética têm merecido confiável ênfase. Esses tomam por base diferenças entre características que possuem comportamento quantitativo, geralmente usando medida de dissimilaridade como as distâncias euclidianas ou de Mahalanobis (RAO, 1952).

A análise multivariada é composta por técnicas estatísticas que analisam múltiplas medidas sobre os objetos estudados de forma simultânea. Existem diversos

métodos matemáticos para realizar a análise multivariada e, dentre eles, cita-se a análise de agrupamento (HAIR et al., 2009)

2.3 Análise Multivariada

2.3.1 Análise de Agrupamento

Uma análise de agrupamento tem como finalidade classificar objetos em vários grupos baseado em alguma medida de similaridade entre eles, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (HAIR et al., 2009).

A similaridade é uma medida empírica de correspondência, ou semelhança entre os objetos, na qual três métodos se destacam para medi-la: medidas correlacionais, medidas de associação e medidas de distância, sendo essa última a mais empregada em análise de agrupamento. Após o cálculo da matriz de similaridade, é preciso escolher um algoritmo para separar os objetos em grupos. Os algoritmos mais usados podem ser divididos em: hierárquicos e não-hierárquicos (HAIR et al., 2009).

O uso associado entre os métodos hierárquicos e não-hierárquicos conferem maior segurança em discriminar os diferentes genótipos, como demonstrado por ELIAS et al. (2007); ZUIN et al. (2009) e SIMON; KAMADA; MOITEIRO (2012) cujos trabalhos indicam que diferentes métodos de agrupamento alocaram de maneira semelhante os híbridos em grupos com maior similaridade genética.

2.3.1.1 Métodos Hierárquicos

Os objetos são reunidos em diferentes grupos por meio de um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento de uma estrutura do tipo árvore ou dendrograma. Existem dois tipos de procedimentos hierárquicos de agrupamento, sendo eles denominados aglomerativos, no qual cada objeto inicia como seu próprio agrupamento; e divisivos, no qual todos os objetos começam em um agrupamento único e são divididos continuamente (HAIR et al., 2009; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014a)

Dentre os métodos aglomerativos mais comuns são: Ligação simples, ligação completa, ligação média, método centroide e método de Ward (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014a).

No método de Ward para a composição inicial de cada grupo consideram-se os objetos que possibilitam a menor soma de quadrados dos desvios (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014a). Em tal ferramenta, os agrupamentos são formados por um pequeno número de observações, uma vez que a soma de quadrados está diretamente relacionada com o número de observações envolvidas. Com isso, normalmente produz grupos com aproximadamente o mesmo número de observações (HAIR et al., 2009).

Os grupos heteróticos identificados por meio desta análise exploratória apontam quais são os grupos e os genótipos mais distantes entre si. Isso possibilita que os resultados sejam utilizados para direcionar os cruzamentos entre as linhagens mais divergentes e superiores para as características desejadas na obtenção de híbridos de interesse (SUDRÉ et al., 2005), além de otimizar a exploração da heterose (PINTO; GARCIA; SOUZA JR., 2001).

Ademais, o método de Ward é precursor dos métodos não-hierárquicos de agrupamento, uma vez que otimiza a divisão dos dados em um número determinado de grupos (JOHNSON; WICHERN, 2007).

2.3.1.2 Métodos Não-hierárquicos

Nos métodos não hierárquicos, o número de grupos (sementes de agrupamentos) a serem formados é determinado previamente ao teste para minimizar a variabilidade dentro do conjunto e maximizar a variabilidade entre (SNEATH; SOKAL, 1973; HAIR et al., 2009).

O número de grupos pode ser gerado a partir de observações sistemáticas da amostra ou pelo acaso. Assim como, podem ser escolhidas pelo pesquisador que se baseia em dados externos, como por exemplo, dados de outras análises multivariadas. (HAIR et al., 2009).

Existem três algoritmos de agrupamentos que podem ser utilizados após a definição das sementes. Estes são usualmente denominados *K-means* e, apesar de

serem semelhantes no modo em que designam as observação nos grupos, variam em relação ao nível em que cada observação pode ser designada novamente entre os grupos após a designação inicial (HAIR et al., 2009).

O uso de métodos não-hierárquicos são vantajosos uma vez que é possível analisar um extenso conjunto de dados e os resultados gerados apresentam menor susceptibilidade em relação à observações atípicas nos dados (JOHNSON; WICHERN, 2007; HAIR et al., 2009).

2.4 Capacidade de combinação

O conceito de capacidade de combinação foi descrito pela primeira vez por Sprague e Tatum em 1942, foram definidos dois tipos de capacidade de combinação, a capacidade específica de combinação (CEC) e a capacidade geral de combinação (CGC) e a principal diferença entre elas está no tipo de testador utilizado.

A CEC é estimada com um testador de base estreita, definida como o comportamento que conduz certas combinações a serem superiores ou inferiores em relação à performance média das linhagens consideradas, por meio da ação de genes não aditivos (genes dominantes ou efeitos epistáticos) (SPRAGUE; TATUM, 1942).

Para a estimar a CGC é utilizado um testador de base ampla, definida como a performance média das linhagens em suas combinações híbridas e está relacionada a quantidade de alelos favoráveis que a linhagem apresenta para determinada característica, sendo que, aquelas com valores elevados para a estimativa, deverão resultar em cruzamentos superiores (VENCOVSKY, 1987; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

As estimativas dos efeitos da CGC concedem informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos e vem sendo utilizada para indicar progenitores a serem utilizados em programas de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para a seleção foi estabelecido o uso de um testador de base ampla e, desta forma, são realizados cruzamentos dos genótipos de interesse com tais testadores (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

A baixa estimativa de CGC de um genitor, obtida a partir de suas populações híbridas, aponta que este não difere da média geral dos genitores da população. Em contrapartida, valores altos (positivos ou negativos) indicam que o genitor em questão é muito superior ou inferior aos demais genótipos. Com isso, tem-se que os melhores cruzamentos a serem propostos são entre progenitores com maior efeito de CGC (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.5 Análise de correlação

Para o melhoramento genético é de grande importância o conhecimento da associação entre os caracteres avaliados, principalmente para a seleção indireta, caso algum caráter de interesse apresente baixa herdabilidade e, ou, seja de difícil medição e identificação. A correlação simples ou de Pearson, permite avaliar a magnitude e o sentido das relações entre dois caracteres (CRUZ, 2006).

São três os tipos de correlação existente, fenotípica, genotípica ou ambiental. A correlação fenotípica pode ser mensurada a partir das medidas de dois caracteres, considerando um certo número de indivíduos. Esta correlação tem causas ambientais e genéticas. A correlação ambiental ocorre quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais. A principal causa da correlação genética é a pleiotropia, se dois caracteres exibirem correlação genética positiva, é possível ter ganhos para um deles por meio da seleção indireta do outro. A correlação genética é a única com uma natureza herdável, e dessa forma a mais importante nos programas de melhoramento. (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.5.1 Análise de trilha

A análise de trilha complementa a análise de correlação simples uma vez que corresponde ao estudo dos efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre uma variável principal, em que as estimativas são obtidas por uma equação de regressão, e as variáveis são previamente padronizadas. Ainda que a correlação seja uma característica intrínseca a duas variáveis em certa condição experimental, a

decomposição das mesmas depende do conjunto das variáveis estudadas e do conhecimento prévio do pesquisador de suas importâncias e possíveis inter-relações (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Consiste no estudo da decomposição do coeficiente de regressão, o que possibilita a avaliação se a relação entre duas variáveis é de causa e efeito ou determinada pela influência de outras variáveis. Tal análise pode ser realizada a partir de correlações fenotípicas, genotípicas ou ambientais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014b).

REFERÊNCIAS

BARBIERI, R. L.; LEITE, D. L.; CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**. v. 35, n. 2, p. 303-308, 2005.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P. dos; SOUZA, J. R. de; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v. 38, n. 8, p. 2138–2145, 2008.

COELHO, A. M.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. **Rendimento do milho no Brasil: chegamos ao máximo ?**. Potafos. v. 3, p. 1-12, 2003.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2017/2018 – Sétimo levantamento**. Brasília: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), 2018, p. 139.

CRUZ, C. D. Programa genes: estatística experimental e matrizes. Viçosa: UFV, 2006, 285p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Análise Dialética. In: **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Vol 1**. 4rd. ed. Viçosa: UFV, 2012. p.236-378.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Diversidade Genética. In: **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Vol 2**. 3rd. ed. Viçosa: UFV, 2014a. p. 358-435.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Multicolinearidade. In: **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Vol 2**. 3rd. ed. Viçosa:UFV, 2014b. p. 295-357.

ELIAS, H. T.; CELESTE, M.; VIDIGAL, G.; GONELA, A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. n. 1, p. 1443–1449, 2007.

FLINT-GARCIA, S. A.; BUCKLER, E. S.; TIFFIN, P.; ERSOZ, E.; SPRINGER, N. M. Heterosis Is Prevalent for Multiple Traits in Diverse Maize Germplasm. **PLoS ONE**, v. 4, n. 10, 2009.

FORNASIERI FILHO, D. **Melhoramento Genético e Cultivares**. In: FORNASIERI FILHO, D. Manual da Cultura do Milho. Jaboticabal, SP: FUNEP, 2007. cap. 5.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. Análise de Agrupamentos. In: **Análise Multivariada de Dados**. 6th. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. p. 688.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. Testers and Combining Ability. In: **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York, NY: Springer New York, 2010. p. 680.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. Clustering, Distance Methods and Ordination. In: **Applied Multivariate Statistical Analysis**. 6th. ed. Upper Saddle River: Pearson Prentice Hall, 2007. p. 794.

MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; VAGNO SOUZA, L.; GUIMARÃES, L. J. M.; VAZ DE MELO, A. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 38, n. 6, p. 681–688, 2003.

MÔRO, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Importância e Usos do Milho no Brasil**. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. Milho: do Plantio à Colheita. Viçosa -MG: Ed. UFV, 2015. cap. 1.

OLIVEIRA, O. M. S.; SILVA, J. F.; FERREIRA, F. M.; KLEHM, C. S.; BORGES, C. V. Associações genotípicas entre componentes de produção e caracteres agronômicos em feijão-caupi. **Revista Ciência Agronômica**. v. 44, n.4, p. 851-857, 2013.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento de espécies cultivadas. In: **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2ª ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 491–552.

PINTO, R. de M. C.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA JR., C. L. de. Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 3, p. 541–548, 2001.

RAO, C. R. Advanced statistical methods in biometric research. New York: J Willy, 1952. 390p.

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

SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W. H. Freeman and Company, 1973.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**. Madison: v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JR., A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1, p. 22–27, 2005.

USDA. United States Department of Agriculture. **World Agricultural Supply and Demand Estimates**, Washington, D.C.: USDA, 2018. Disponível em: <<http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>> Acesso em março 2018.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2ª ed. Campinas: Fundação Cargill, p. 137-214, 1987.

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

CAPÍTULO 2. –CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE MILHO E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE LINHAGENS

RESUMO - O objetivo do presente trabalho foi analisar a correlação entre os caracteres avaliados e avaliar a capacidade geral de combinação de linhagens de milho. Para isso os experimentos foram avaliados em três safras (2015/2016; 2016; 2016/2017), onde 85 linhagens de milho foram cruzadas com um testador de base ampla em *topcross*. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com duas repetições. Foram analisados os caracteres produtividade de grãos, prolificidade, altura de planta e altura de espiga, posição relativa de espiga, acamamento e quebramento. As correlações genótípicas encontradas foram positivas, porém baixas, não sendo eficientes para a realização da seleção indireta para produtividade, indicando que a seleção deve ser realizada a partir dos dados de produtividade. Com isso, determinada a capacidade de combinação para os genótipos utilizando somente os dados da produtividade. Os valores para capacidade geral de combinação, em relação à média das três safras, para a produtividade, variaram de – 2031 kg/ha (genótipo 9) até 1188 kg/ha (genótipo 36). Foram destacados os genótipos 2, 8, 34, 36, 41, 43, 52, 53, 54, 56, 60, 61, 63, 65, 71, 74, 76, 79, 82, 83 e 85 com valores bons e mais estáveis para capacidade geral de combinação e devem seguir em cruzamentos com outros testadores. O genótipo 74 destacou-se com valores superiores a 1000 kg/ha nas três safras, destacando-se como a melhor linhagem, podendo ser utilizada como testadora das outras linhagens, na busca por combinações superiores.

Palavras chave: análise de trilha, melhoramento de plantas, *topcross*, *Zea mays* L

CORRELATION BETWEEN MAIZE TRAITS AND COMBINING ABILITY OF LINEAGES

ABSTRACT - The aim of this study was to analyze the correlation between the evaluated traits and assess the combining ability (CA) of maize genotypes. For this, the experiments were evaluated in three harvest seasons (2015/2016, 2016, 2016/2017), where 85 maize lineages were crossed with a broad genetic base tester by topcross. The experimental design was a randomized block design, with two replicates. The analyzed traits were grain yield, prolificacy, plant height and ear height, ear placement, lodging and breaking. The genotypic correlations found were positive, but low, and were not efficient for indirect selection, indicating that selection should be performed from the grain yield data. Thus, the combining ability for the genotypes was evaluated using only the grain yield data. The values for CA, based on the average grain yield of the three harvest seasons varied from - 2031 kg/ha (genotype 9) to 1188 kg/ha (genotype 36). Genotypes 2, 8, 34, 36, 41, 43, 52, 53, 54, 56, 60, 61, 63, 65, 71, 74, 76, 79, 82, 83 and 85 were stood out for having good and stable CA values and should be crossed with other testers. Genotype 74 stood out with CA values higher than 1000 kg/ha in the three harvest seasons and was considered the best lineage. Therefore, it can be used to test other strains, in search for superior crosses.

Keywords: pathway analysis, plant breeding, topcross, *Zea mays* L

1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de milho têm como principal objetivo obter híbridos cada vez mais produtivos e para tal o processo depende da avaliação e seleção de linhagens. Para o desenvolvimento de híbridos é preciso selecionar o germoplasma que melhor atenda aos objetivos da pesquisa, para isso, é preciso avaliar o comportamento das linhagens em combinações híbridas e, desta forma, obter informações para direcionar os cruzamentos mais promissores (GAMA et al., 2003).

Uma das metodologias para obter informações sobre o potencial de futuros genitores e a identificação de grupos heteróticos, é o cruzamento *topcross*, no qual as linhagens são cruzadas com um testador comum (DAVIS, 1927). O objetivo do método é avaliar a superioridade relativa das linhagens em cruzamentos com testadores, por meio da capacidade de combinação das mesmas, eliminando aquelas com desempenho inferior e identificando as linhagens mais promissoras (NURMBERG; SOUZA; RIBEIRO, 2000).

São dois os tipos de capacidade de combinação, a capacidade específica de combinação (CEC) e a capacidade geral de combinação (CGC) e a principal diferença entre elas está no tipo de testador utilizado.

A CEC é estimada com um testador de base estreita, definida como o comportamento que conduz certas combinações a serem superiores ou inferiores em relação à performance média das linhagens consideradas (SPRAGUE; TATUM, 1942).

Para a estimar a CGC é utilizado um testador de base ampla, definida como a performance média das linhagens em suas combinações híbridas e está relacionada a quantidade de alelos favoráveis que a linhagem apresenta para determinada característica, sendo que, aquelas com valores elevados para a estimativa, deverão resultar em cruzamentos superiores (VENCOVSKY, 1987; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

O caráter produtividade de grãos é sem dúvida o mais importante em um programa de melhoramento, porém por possuir um complexo controle gênico e baixa herdabilidade, a seleção do mesmo pode ser difícil (ALLARD, 1971). Dessa forma, ter

conhecimento da correlação entre os caracteres avaliados pode ser importante para selecionar essa característica ou para usar a seleção indireta. Dentre o estudo das correlações, destaca-se a análise de trilha, uma vez que esta possibilita desdobrar as correlações em diretas e indiretas, e assim atestar se existe correlação de causa e efeito entre os caracteres primários e secundários e a variável principal (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi analisar a correlação entre os caracteres analisados e avaliar a capacidade geral de combinação de linhagens de milho.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 85 linhagens endogâmicas de milho, pertencentes à empresa Di Solo Sementes. Os genótipos estudados foram obtidos por cruzamento do tipo *topcross* das 85 linhagens com um testador de base ampla. Os cruzamentos foram realizados em lote isolado de despendoamento, na safra 2014/2015, usando-se a proporção de 4 linhas femininas de cada linhagem para 2 linhas masculinas do testador. Nas linhas femininas, o despendoamento manual foi realizado antes que estas liberassem pólen e, ao final do processo, efetuou-se a colheita e debulha manual das linhas femininas, com posterior identificação dos genótipos e armazenamento das sementes em câmara fria.

Com esses genótipos foram conduzidos três experimentos para avaliação dos mesmos, sendo instalados: na primeira safra 2015/2016 (15/16), segunda safra 2016 (16) e primeira safra 2016/2017 (16/17).

Os 85 genótipos foram avaliados na Fazenda Experimental de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP *campus* de Jaboticabal/SP, situada na latitude 21° 14' 05" e longitude 48° 17' 09" com altitude de 615 m. O clima, de acordo com a classificação de Köppen (1948), é do tipo Aw, tropical úmido, com estação chuvosa no verão e seca no inverno. O solo predominante é classificado como latossolo vermelho eutrófico.

Todos os experimentos foram semeados mecanicamente, com semeadora de parcelas após preparo convencional do solo. O manejo e os tratamentos culturais foram

realizados de acordo com as orientações técnicas, para a cultura do milho, fornecidos pela EMBRAPA (2010).

O delineamento foi o de blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela experimental foi composta por duas linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entre linhas e 0,33 m entre plantas, resultando em uma população aproximada de 60.000 plantas/ha.

As semeaduras dos experimentos ocorreram na segunda quinzena de novembro nas primeiras safras de 2015/2016 e 2016/2017, e na primeira quinzena de fevereiro na segunda safra de 2016.

Os caracteres agrônômicos avaliados foram: produtividade de grãos (PG), obtida por meio de pesagem dos grãos de cada parcela, com a umidade corrigida para 13% e convertida para quilogramas por hectare (kg/ha); prolificidade (PROL), obtida pela razão entre número de espigas colhidas em cada parcela e o estande; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), obtidas pela distância solo até a inserção da folha bandeira e da espiga principal, respectivamente, expresso em cm; posição relativa de espiga (PRE), obtida pela razão entre altura de planta e altura de inserção da espiga; e acamamento e quebramento (ACQ), obtido pela somatória por parcela de plantas acamadas (AC) e quebradas (Q), e posteriormente transformado em $\sqrt{x + 0,5}$. Para obtenção do acamamento foi feita a contagem do número de plantas com inclinação inferior a 45° em relação à vertical ou deitadas no solo na época da colheita e, para o quebramento, o número de plantas quebradas abaixo da espiga principal.

Foram realizadas análises de variância individual para cada safra de avaliação e análise de variância conjunta, considerando as variáveis genótipo e ambiente como fixos.

Após análise de variância conjunta, obtiveram-se as estimativas das correlações genóticas entre os caracteres avaliados. Com a matriz de correlação genotípica, foi realizado o diagnóstico de multicolineariedade, para verificar a inter-relação entre as variáveis de acordo com as indicações de Montgomery e Peck (1981) que testam a matriz de correlação por meio do número de condição (NC) da matriz que consiste na razão do maior pelo menor autovalor da matriz. Em presença de multicolinearidade moderada ($100 < NC < 1000$), ou severa ($NC > 1000$) os coeficientes estimados não são confiáveis, em função das elevadas variâncias

associadas nos seus estimadores torna-se difícil avaliar a influência sobre a variável principal, no entanto, em presença de multicolinearidade fraca ($NC < 100$) não há problema quanto a confiabilidade dos coeficientes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014; ENTRINGER et al., 2014).

Em seguida, a análise de trilha (WRIGHT, 1934) foi efetuada, utilizando a variável PG como principal e as demais como explicativas.

A capacidade geral de combinação (CGC) foi obtida com os dados de produtividade, em kg/ha, uma vez que este é o caráter agrônômico mais importante. Foram obtidas as CGC para cada safra e a média das três safras de avaliação. Para essa análise considerou-se o modelo estatístico para capacidade de combinação em *testcrosses*, descrito por Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010).

$$g_i = \bar{T}_i - \bar{T}$$

g_i = capacidade geral de combinação;

\bar{T}_i = média de cada genótipo;

\bar{T} = média geral dos genótipos;

As análises foram feitas utilizando o software GENES (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas análises de variância individuais, nas safras 2015/2016 e 2016, a maioria das variáveis apresentaram efeito significativo dos genótipos, com exceção das variáveis ACQ e PG, respectivamente. Por sua vez, na safra 2016/2017, houve efeito significativo dos genótipos para todas as variáveis. A significância indica que pelo menos um dos genótipos difere dos demais em relação aos caracteres avaliados (Tabela 1).

Na análise conjunta, verificou-se efeito significativo de ambiente para todas as variáveis estudadas, indicando a influência do mesmo e a diferença entre as três safras de avaliação. O mesmo foi confirmado em relação aos genótipos, indicando a diferença entre eles (Tabela 1).

Em relação a interação Genótipos x Ambientes, apenas as variáveis ACQ e PG apresentaram efeito significativo, indicando que a expressão dos genótipos para

essas características variam de acordo com o ambiente avaliado. Os coeficientes de variação (CV) variaram de 3,7 % (PRE) a 31,5 % (ACQ), indicando boa precisão experimental, de acordo com a classificação proposta por Fritsche-Neto et al. (2012), exceto para a variável ACQ. As variações apresentadas nos fenótipos, evidenciam que a suscetibilidade ao acamamento e ao quebraamento do colmo estão relacionados à herança quantitativa, sob forte influência ambiental, bem como pelo método de avaliação, como a contagem de plantas (GOMES et al., 2010), justificando o elevado valor para CV. Fatores abióticos, como chuva e vento também podem ser responsáveis pelo aumento de ACQ (ROBERTSON et al., 2016).

Tabela 1. Resumo das análises de variância individual e conjunta, com os quadrados médios e significâncias para caracteres agrônômicos em genótipos de milho.

| FV | GL | AP | AE | PRE | PROL | ACQ | PG |
|--------------|-----|--------------------|--------------------|----------|----------------------|----------------------|----------------------|
| 2015 / 2016 | | | | | | | |
| Genótipo | 84 | 153,3* | 91,0* | 0,0075* | 0,0412** | 0,4028 ^{NS} | 1292784* |
| Repetição | 1 | 1395,1 | 504,9 | 0,0002 | 0,1212 | 0,0009 | 1571524* |
| Erro | 84 | 98,9 | 50,2 | 0,0043 | 0,0222 | 0,0009 | 837328 |
| Máximo | | 243 | 151 | 2,02 | 1,89 | 2,5 | 8944 |
| Mínimo | | 160 | 93 | 1,56 | 0,9 | 0,5 | 3714 |
| Média | | 205 | 118 | 1,74 | 1,19 | 1,04 | 6810 |
| CV (%) | | 4,8 | 5,9 | 3,8 | 12,4 | 60,7 | 13,4 |
| 2016 | | | | | | | |
| Genótipo | 84 | 220,3** | 128,6** | 0,0115** | 0,0341* | 0,6222* | 942490 ^{NS} |
| Repetição | 1 | 720,6 | 609,9 | 0,0257 | 0,0071 | 0,3643 | 1331836 |
| Erro | 84 | 82,1 | 47,3 | 0,0051 | 0,0228 | 0,3828 | 712969 |
| Máximo | | 244 | 151 | 2,09 | 1,73 | 4,86 | 6141 |
| Mínimo | | 171 | 93 | 1,61 | 0,7 | 0,5 | 1800 |
| Média | | 206 | 116 | 1,77 | 1,12 | 2,99 | 4163 |
| CV (%) | | 4,4 | 5,9 | 4,0 | 13,5 | 20,6 | 20,3 |
| 2016 / 2017 | | | | | | | |
| Genótipo | 84 | 204,6** | 124,5** | 0,0065** | 0,0237** | 0,9883** | 2105729** |
| Repetição | 1 | 205,7 | 83,3 | 0,00004 | 0,0005 | 0,0656 | 610560 |
| Erro | 84 | 64,8 | 37,1 | 0,0025 | 0,0139 | 0,4607 | 700206 |
| Máximo | | 273 | 173 | 1,89 | 1,52 | 3,82 | 9710 |
| Mínimo | | 206 | 123 | 1,48 | 0,67 | 0,5 | 3906 |
| Média | | 240 | 144 | 1,67 | 1,05 | 2,07 | 6995 |
| CV (%) | | 3,3 | 4,2 | 3,0 | 11,2 | 32,7 | 12,0 |
| Conjunta | | | | | | | |
| Genótipo (G) | 84 | 444,2** | 259,8** | 0,0151** | 0,0572** | 0,8212** | 2435166** |
| Ambiente (A) | 2 | 68024** | 39577** | 0,4359** | 0,8737** | 161,5** | 853185337** |
| G*A | 168 | 66,9 ^{NS} | 42,1 ^{NS} | 0,0052** | 0,0209 ^{NS} | 0,5960** | 160090188* |
| Erro | 255 | 90,1 | 49,0 | 0,0040 | 0,0199 | 0,4124 | 192556201 |
| Média | | 217 | 126 | 1,73 | 1,12 | 2,04 | 5990 |
| CV (%) | | 4,4 | 5,5 | 3,7 | 12,5 | 31,5 | 14,5 |

Coeficientes de variação em % (CV), altura de planta (AP, em cm), altura de espiga (AE, em cm), posição relativa de espiga (PRE), prolificidade (PROL), Acamamento e Quebraamento (ACQ, somatória do número de plantas acamadas e quebradas/parcela) e produtividade de grãos (PG, em kg/ha). ^{NS}, * e **, não significativo, significativo a 5% e 1% pelo teste F, respectivamente. Máximo – valor máximo obtido dos caracteres. Mínimo – valor mínimo obtido dos caracteres.

Com o objetivo de viabilizar a análise de trilha, foi feito um diagnóstico de multicolineariedade com todas as variáveis, o resultado apresentou valor de $NC = 19859$, classificado como severo de acordo com as indicações de Montgomery e Peck (1981). O resultado também indicou que a variável de maior peso nos autovetores da matriz foi AE, foi realizado um novo diagnóstico sem essa variável, o que resultou em $NC = 4,05$, classificado como fraco. Portanto a variável AE foi excluída da análise de trilha.

Observando os resultados das correlações entre a variável principal (PG) com as demais, verificou-se que as correlações são baixas e positivas, exceto para PRE x PG e ACQ x PG que apresentaram correlações baixas e negativas (Tabela 2). Neste caso, os valores positivos para correlação demonstram a existência de uma relação diretamente proporcional, embora baixa, entre as variáveis analisadas (CARVALHO; LORENCETTI; BENIN, 2004).

Tabela 2. Estimativas das correlações genotípicas de Pearson entre as variáveis explicativas, AP, AE, PRE, PROL, ACQ e a variável principal PG, de 85 genótipos de milho conduzidos em 3 safras.

| | |
|-----------|--------|
| AP x PG | 0,31 |
| PRE x PG | -0,14 |
| PROL x PG | 0,43 |
| ACQ x PG | - 0,38 |

AP (altura de planta), AE (altura de inserção de espiga), PRE (posição relativa da espiga), PROL (prolificidade), ACQ (acamamento e quebramento) e PG (produtividade de grãos)

Posteriormente, com a análise de trilha foi possível desdobrar as correlações entre as variáveis explicativas e a variável principal, em efeitos diretos e indiretos (Tabela 3). As variáveis explicativas AP e PROL apresentaram maiores valores para correlações e para efeitos diretos positivos em relação a variável principal, PG, indicando que ambas possuem relação causa e efeito com a produtividade de grãos. As variáveis PRE e ACQ tiveram valores de correlação e efeitos diretos negativos. Quando genótipos apresentam altura relativa de espiga alta existe maior possibilidade de quebramento dessa planta, bem como um maior número de plantas acamadas, sendo ambos fatores associados com menor produtividade.

Resultados similares foram encontrados por Andrade e Miranda Filho (2008), que obtiveram correlações positivas entre PG x AP e PG x PROL, bem como por

Barros et al. (2010), que encontrou correlações positivas entre PG x AP e PG x PROL e baixa negativa para PG x ACQ e por Toebe e Cargnelutti Filho (2013), que encontraram valores de correlação baixos e alguns negativos para PRE x PG.

Desta forma, levando em consideração os resultados obtidos pela análise de trilha a partir das variáveis analisadas, nota-se que os caracteres não se apresentaram como eficientes para realizar a seleção indireta, sendo indicado realizar considerando a produtividade de grãos.

Tabela 3. Estimativas dos efeitos direto e indireto das variáveis explicativas AP, AE, PRE, PROL, ACQ e a variável básica PG

| Efeito | AP | PRE | PROL | ACQ |
|--|---------|----------|--------|-----------|
| Direto sobre PG | 0,2331 | -0,0024 | 0,3004 | - 0,3074 |
| Indireto via AP | | -0,0490 | 0,0527 | -0,0054 |
| Indireto via PRE | 0,0005 | | 0,0007 | 0,000008 |
| Indireto via PROL | 0, 0678 | - 0,0895 | | - 0,07156 |
| Indireto via ACQ | 0,0071 | 0,0009 | 0,0732 | |
| Coeficiente de determinação (R^2) = 0,32 | | | | |
| Efeito da variável residual ($\hat{p}\varepsilon$) = 0,83 | | | | |
| AP (altura de planta), AE (altura de inserção de espiga), PRE (posição relativa da espiga), PROL (prolificidade), ACQ (acamamento e quebramento) e PG (produtividade de grãos) | | | | |

Os valores para CGC, em relação à média das três safras, para a PG, variaram de – 2031 kg/ha (genótipo 9) até 1188 kg/ha (genótipo 36). Foram relevantes os genótipos 2, 34, 36, 41, 53, 54, 56, 60, 61, 65, 71, 74, 76, 82 e 83 com valores para CGC positivos para as três safras e médias superiores a 500 kg/ha, indicando que estes genótipos tiveram bom desempenho para os três ambientes. Os genótipos 8, 43, 52, 63, 79 e 85, apresentaram médias positivas acima de 450 kg/ha, porém, com pelo menos uma safra com valor negativo, não sendo adaptados a todos os ambientes. Considerando cada safra individualmente, na safra 2015/2016, destacaram-se os genótipos 52, 56 e 76 com valores de CGC de 1907 kg/ha, 1457 kg/ha e 1200 kg/ha, respectivamente. Na safra 2016, os genótipos superiores foram 79, 56 e 63, com 1379 kg/ha, 1173 kg/ha e 1133 kg/ha, respectivamente. E na safra 2016/2017, os genótipos com maiores valores para CGC foram 82, 8 e 36 com valores 2008 kg/ha, 1922 kg/ha e 1852 kg/ha, respectivamente (Tabela 4).

Machado et al. (2009) conduziram um experimento no estado de Minas Gerais, em que foram estudados 10 híbridos simples comerciais para a estabilidade das

capacidades de combinação. Neste trabalho, foi possível concluir que é possível selecionar genitores com estabilidade para a capacidade de combinação baseando-se em valores elevados para CGC. Portanto os genótipos 2, 8, 34, 36, 41, 43, 52, 53, 54, 56, 60, 61, 63, 65, 71, 74, 76, 79, 82, 83 e 85 devem ser selecionados para seguir em cruzamentos com mais testadores para obter informações da capacidade específica de combinação (CEC).

Segundo Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), as informações obtidas a partir da CGC indicam quais são os melhores genitores, uma vez que evidencia o comportamento médio de uma linhagem em combinações híbridas. Considerando tal informação e analisando os resultados obtidos pelas estimativas da CGC, nota-se que o genótipo 74 obteve valores de CGC superiores a 1000 kg/ha nas três safras, destacando-se como a melhor linhagem, podendo inclusive ser testadora das outras linhagens, na busca por cruzamentos e combinações superiores.

Tabela 4. Estimativas da capacidade geral de combinação para produtividade de grãos (PG), de 85 genótipos de milho. Safras 2015/2016, 2016, 2016/2017. Jaboticabal, SP.

| G | 15/ 16 | 16 | 16/ 17 | Média | G | 15/ 16 | 16 | 16/ 17 | Média |
|---------------|--------|------------|--------|-------|-------|--------|-------|--------|-------|
| kg/ha | | | | | kg/ha | | | | |
| 1 | 483 | -769 | 862 | 192 | 43 | 935 | -344 | 1476 | 689 |
| 2 | 647 | 66 | 1450 | 721 | 44 | 979 | -516 | -648 | -62 |
| 3 | -1284 | -277 | -978 | -846 | 45 | -1095 | -1201 | -1485 | -1260 |
| 4 | 315 | -367 | -121 | -58 | 46 | 246 | 497 | -1380 | -213 |
| 5 | -473 | 435 | 222 | 61 | 47 | -494 | -376 | 1422 | 184 |
| 6 | -27 | -394 | 42 | -126 | 48 | -240 | 185 | 68 | 4 |
| 7 | -113 | -205 | -1544 | -621 | 49 | 373 | -582 | -13 | -74 |
| 8 | -548 | 613 | 1922 | 662 | 50 | 186 | 473 | -271 | 129 |
| 9 | -2191 | -1005 | -2898 | -2031 | 51 | -809 | -253 | -2047 | -1036 |
| 10 | -2045 | -844 | -1988 | -1626 | 52 | 1907 | 613 | -574 | 649 |
| 11 | 647 | -330 | -321 | -1 | 53 | 251 | 861 | 984 | 699 |
| 12 | -972 | 463 | 179 | -110 | 54 | 578 | 1013 | 1092 | 895 |
| 13 | -28 | 140 | -1119 | -335 | 55 | -191 | 713 | -710 | -63 |
| 14 | 149 | 590 | -1514 | -258 | 56 | 1457 | 1173 | 636 | 1089 |
| 15 | 594 | -137 | 322 | 260 | 57 | 443 | 983 | -394 | 344 |
| 16 | -767 | -187 | 884 | -23 | 58 | 696 | 584 | -760 | 173 |
| 17 | -116 | -809 | -879 | -601 | 59 | -823 | -1014 | 250 | -529 |
| 18 | -227 | 312 | 316 | 134 | 60 | 340 | 583 | 760 | 561 |
| 19 | 24 | -474 | -821 | -424 | 61 | 347 | 783 | 1457 | 863 |
| 20 | -44 | 412 | -297 | 24 | 62 | -689 | -829 | -1733 | -1084 |
| 21 | 1180 | 202 | -589 | 264 | 63 | -154 | 1133 | 1361 | 780 |
| 22 | -13 | -166 | 777 | 208 | 64 | 694 | -17 | 536 | 404 |
| 23 | 48 | 764 | 410 | 407 | 65 | 802 | 318 | 758 | 626 |
| 24 | 104 | 433 | -434 | 34 | 66 | -677 | -658 | -717 | -684 |
| 25 | 458 | -204 | -406 | -51 | 67 | -962 | -321 | -1011 | -765 |
| 26 | -2455 | -1087 | -1051 | -1531 | 68 | -1312 | -165 | 126 | -450 |
| 27 | 1145 | -988 | -59 | 32 | 69 | 366 | 207 | -220 | 118 |
| 28 | -950 | 592 | 195 | -54 | 70 | 693 | -530 | -2209 | -682 |
| 29 | -230 | -473 | 804 | 33 | 71 | 518 | 1089 | 571 | 726 |
| 30 | -1228 | -1154 | 135 | -749 | 72 | 224 | -204 | -2066 | -682 |
| 31 | 406 | 405 | -1252 | -147 | 73 | -588 | -569 | -231 | -463 |
| 32 | -489 | -584 | 658 | -138 | 74 | 1166 | 1041 | 1231 | 1146 |
| 33 | -575 | -737 | 303 | -336 | 75 | -12 | -513 | 595 | 23 |
| 34 | 720 | 189 | 1763 | 890 | 76 | 1200 | 1091 | 267 | 852 |
| 35 | -403 | -20 | 913 | 163 | 77 | -280 | 306 | -17 | 3 |
| 36 | 989 | 722 | 1852 | 1188 | 78 | 96 | 41 | -297 | -54 |
| 37 | 1159 | -12 | 20 | 389 | 79 | 805 | 1379 | -38 | 715 |
| 38 | 417 | -91 | 422 | 249 | 80 | -659 | -78 | 153 | -195 |
| 39 | -930 | -1505 | -296 | -910 | 81 | -561 | -1187 | 587 | -387 |
| 40 | -465 | -1730 | -210 | -802 | 82 | 399 | 838 | 2008 | 1082 |
| 41 | 748 | 1046 | 15 | 603 | 83 | 607 | 44 | 861 | 504 |
| 42 | -171 | 280 | 421 | 177 | 84 | 104 | 55 | -188 | -10 |
| | | | | | 85 | -386 | 218 | 1659 | 497 |
| Média geral | | | | | | | | | |
| 2015 / 2016 | | 6810 kg/ha | | | | | | | |
| 2016 | | 4164 kg/ha | | | | | | | |
| 2016 / 2017 | | 6996 kg/ha | | | | | | | |
| G - genótipos | | | | | | | | | |

4. CONCLUSÕES

Os caracteres avaliados não foram eficientes para seleção indireta para produtividade, sendo indicado usar a produtividade.

Os genótipos 2, 8, 34, 36, 41, 43, 52, 53, 54, 56, 60, 61, 63, 65, 71, 74, 76, 79, 82, 83 e 85 apresentaram capacidade geral de combinação mais estáveis e devem seguir em cruzamentos com outros testadores.

A linhagem 74 apresentou melhor desempenho e pode ser usada como testadora.

5. REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher Ltda., p. 485, 1971.

ANDRADE, J. A. da C.; MIRANDA FILHO, J. B. QUANTITATIVE VARIATION IN THE TROPICAL MAIZE POPULATION , ESALQ-PB1. n. April, p. 174–182, 2008.

BARROS, L. B.; MARIA, R.; MOREIRA, P.; FERREIRA, J. M. Phenotypic , additive genetic and environment correlations of maize landraces populations in family farm systems. n. December, p. 685–691, 2010.

CARVALHO, F. I. F. de; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Ed. Universitária da UFPel, p. 142, 2004.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Multicolinearidade. In: **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3dr. ed. Viçosa: UFV, 2014. p. 295-357.

DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agricultural Experimental Station Annual Report**, p. 14-15, 1927.

EMBRAPA MILHO E SORGO - Sistema de produção - http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_7ed/1ISSN1679-012X. Versão Eletrônica - 7ª edição - Set/2010.

ENTRINGER, C. G.; SANTOS, D. A. H. P.; VETTORAZZI, F. C. J.; CUNHA, S. K.; PEREIRA, G. M. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, n. 3, p. 356-361, 2014.

FRITSCHÉ-NETO, R.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C. A.; MIRANDA, G. V.; REZENDE, L. M. Atualização da proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 34, n. 1, p. 99–101, 2012.

GAMA, E. E. G.; SANTOS, M. X.; FERRÃO, R. G.; MEIRELES, W.F.; PACHECO, C. A. P.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. Potencial genético de um sintético de milho de grão duro para a formação de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 615-619, 2003.

GOMES, L. S.; BRANDÃO, A. M.; DE BRITO, C. H.; DE MORAES, D. F.; LOPES, M. T. G. Resistência ao acamamento de plantas e ao quebramento do colmo em milho tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 2, p. 140–145, 2010.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. Testers and Combining Ability. In: **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York, NY: Springer New York, 2010. p. 680.

KOPPEN, W. **Climatologia: con un studio de los climas de la tierra**. México: Fondo de Cultura Económica, 1948, p. 478.

MACHADO, J. C.; SOUZA, J. C. De; RAMALHO, M. A. P.; LIMA, J. L. Stability of combining ability effects in maize hybrids. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 4, p. 494–498, 2009.

MONTGOMERY, D. C. , PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: Jonh Wiley & Sons, 1981.

NURMBERG, P. L.; SOUZA, J. C.; RIBEIRO, P. H. E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagem de milho em *top crosses*. **Revista Ceres**, v 47, n. 274, p. 683-696, 2000.

ROBERTSON, D. J.; LEE, S. Y.; JULIAS, M.; COOK, D. D. Maize stalk lodging: Flexural stiffness predicts strength. **Crop Science**, v. 56, n. 4, p. 1711–1718, 2016.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**. Madison: v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Não normalidade multivariada e multicolineariedade na análise de trilha em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 5, p. 466 - 477, 2013.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2ª ed. Campinas: Fundação Cargill, p. 137-214, 1987.

WRIGHT, S. The Method of Path Coefficients. **The Annals of mathematical statistics**, v. 5, n. 3, p. 161–215, 1934.

CAPÍTULO 3 – ANÁLISE MULTIVARIADA PARA CARACTERIZAÇÃO E FORMAÇÃO DE GRUPOS DIVERGENTES EM LINHAGENS DE MILHO

RESUMO - O presente trabalho objetivou verificar a eficiência de análises multivariadas para caracterização e formação de grupos divergentes com linhagens de milho. Para isso os experimentos foram avaliados em três safras (2015/2016; 2016; 2016/2017), onde 85 linhagens de milho foram cruzadas com um testador de base ampla em *topcross*. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com duas repetições. Foram analisados os caracteres produtividade, prolificidade, altura de planta e altura de espiga. Foram realizadas duas análises exploratórias multivariada, um agrupamento hierárquico e um não hierárquico. O dendrograma obtido na análise de agrupamento de Ward formou três grupos. Por sua vez, a análise de *K-means* foi utilizada para caracterização dos genótipos em relação aos caracteres avaliados. Observou-se que as análises multivariadas foram eficientes para discriminar e caracterizar os genótipos avaliados, contribuindo para a maior precisão no estudo de um conjunto de genótipos de interesse. Considerando os resultados obtidos, o grupo K2 foi o ideal e combinações promissoras podem ser originadas dos cruzamentos entre genótipos divergentes do grupo K1 x K2 e K1 x K3.

Palavras-chave: agrupamento, divergência genética, testador de base ampla, *Zea mays* L

MULTIVARIATE ANALYSIS FOR CHARACTERIZATION AND IDENTIFICATION OF DIVERGENT GROUPS IN MAIZE LINEAGES

ABSTRACT - The present study aimed to verify the efficiency of multivariate analyzes for characterization and formation of divergent groups with maize lineages. For this, the experiments were evaluated for three harvest seasons (2015/2016, 2016, 2016/2017), where 85 maize lineages were crossed with a broad genetic base tester by topcross. The experimental design was a randomized block design, with two replicates. The analyzed traits were grain yield, prolificacy, plant height and ear height. Two exploratory multivariate analyses were performed - a hierarchical and a non-hierarchical clustering analysis. The dendrogram obtained by the Ward cluster analysis formed three groups. In turn, K-means analysis was performed to characterize the genotypes based on the evaluated characters. The multivariate analyzes were efficient to discriminate and characterize the evaluated genotypes, contributing to a greater precision in the study of a set of genotypes of interest. Based on the results obtained, the K2 group was considered ideal and promising combinations may originate from the crosses between divergent genotypes of group K1 x K2 and K1 x K3.

Keywords: clustering, genetic divergence, broad genetic base tester, *Zea mays* L

1. INTRODUÇÃO

Um dos principais objetivos em um programa de melhoramento genético vegetal consiste em introduzir genótipos mais produtivos. A morfologia da planta de milho possibilita a realização de autofecundações e cruzamentos controlados, possibilitando a hibridação que explora a heterose no desenvolvimento de cultivares (PATERNIANI, 2001; BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Os grupos heteróticos são formados por genótipos com composição genética similar dentro do grupo. Essa similaridade genética pode estar associada a ancestrais comuns ou que parecem contribuir de maneira semelhante com cruzamentos de diferentes linhagens (BESPALHOK, GUERRA, OLIVEIRA, 2014). Quando populações de diferentes grupos heteróticos são cruzados, há aumento no nível de heterose, o que ressalta a importância para o estabelecimento e manutenção desses grupos para obtenção de melhores linhagens e híbridos (PATERNIANI; CAMPOS, 2005).

A separação de genótipos em grupos heteróticos pode ser realizada por meio de diversos métodos, tais como relações de *pedigree*, adaptabilidade e estabilidade, *topcrosses*, cruzamentos dialélicos, além de distância genética estimada com caracteres morfológicos e marcadores moleculares (BERTAN; CARVALHO; OLIVEIRA, 2007).

O *topcross* é um método para identificação de parentais com potencial elevado, pois testa de forma precisa e rápida um grande número de linhagens com um ou mais testadores de base ampla ou restrita (BERTAN; CARVALHO; OLIVEIRA, 2007).

Levando-se em consideração a necessidade de analisar diferentes variáveis, a análise multivariada permite estudar a relação entre os dados obtidos. Dentre as técnicas multivariadas utilizadas estão as análises de agrupamento, que possibilitam a identificação de grupos heteróticos. O objetivo dessas análises é maximizar a homogeneidade dentro e ao mesmo tempo maximizar a heterogeneidade entre os grupos (FREDDI; FERRAUDO; CENTURION, 2008; HAIR et al., 2009).

Diante do exposto, o objetivo do presente estudo foi verificar a eficiência de análises exploratórias para caracterização e formação de grupos divergentes com linhagens de milho.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 85 linhagens endogâmicas de milho, pertencentes à empresa Di Solo Sementes. Os genótipos estudados foram obtidos por cruzamento do tipo *topcross* das 85 linhagens com um testador de base ampla. Os cruzamentos foram realizados em lote isolado de despendoamento isolado, na safra 2014/2015, usando-se proporção de 4 linhas femininas de cada linhagem para 2 linhas masculinas do testador. Nas linhas femininas, o despendoamento manual foi realizado antes que estas liberassem pólen e, ao final do processo, efetuou-se a colheita e debulha manual das linhas femininas, com posterior identificação dos genótipos e armazenamento das sementes em câmara fria.

Com esses genótipos foram conduzidos três experimentos para avaliação dos mesmos, sendo instalados: na primeira safra 2015/2016 (15/16), segunda safra 2016 (16) e primeira safra 2016/2017 (16/17).

Os 85 genótipos foram avaliados na Fazenda Experimental de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP *campus* de Jaboticabal/SP, situada na latitude 21° 14' 05" e longitude 48° 17' 09" com altitude de 615 m. O clima, de acordo com a classificação de Köppen (1948), é do tipo Aw, tropical úmido, com estação chuvosa no verão e seca no inverno. O solo predominante é classificado como latossolo vermelho eutrófico.

Todos os experimentos foram semeados mecanicamente, com semeadora de parcelas após preparo convencional do solo. O manejo e os tratos culturais foram realizados de acordo com as orientações técnicas, para a cultura do milho, fornecidos pela EMBRAPA (2010).

O delineamento foi o de blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela experimental foi composta por duas linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entre linhas e 0,33 m entre plantas, resultando em uma população aproximada de 60.000 plantas/ha.

As semeaduras dos experimentos ocorreram na segunda quinzena de novembro nas primeiras safras de 2015/2016 e 2016/2017, e na primeira quinzena de fevereiro na segunda safra de 2016.

Os caracteres agronômicos avaliados foram: produtividade de grãos (PG), obtida por meio de pesagem dos grãos de cada parcela, com a umidade corrigida para 13% e convertida para quilogramas por hectare (kg/ha); prolificidade (PROL), obtida pela razão entre número de espigas colhidas em cada parcela e o estande; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), obtidas pela distância solo até a inserção da folha bandeira e da espiga principal, respectivamente, expresso em cm.

Para formar os grupos heteróticos, dois métodos estatísticos multivariados foram realizados, um agrupamento hierárquico e um não hierárquico, ambos feitos com a média de todas as variáveis avaliadas nos três experimentos para cada genótipo. Os dados dos 85 genótipos foram padronizados para que todas as variáveis obtivessem média (μ) nula e variância (σ^2) unitária.

A similaridade entre os genótipos foi medida pela distância Euclidiana e os grupos foram formados utilizando o algoritmo aglomerativo de Ward (1963). O resultado foi apresentado por um dendrograma.

Os genótipos também foram agrupados pelo método não hierárquico de *K-means*, que minimiza a variância dos genótipos dentro de cada grupo (HAIR et al., 2009).

Todas as análises foram feitas pelo software STATISTICA (STATSOFT, 2011).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ao realizar uma abordagem exploratória dos dados, por meio da técnica de agrupamento de Ward, foi obtido um dendrograma formado por três grupos na distância Euclidiana 15 (Figura 1). O primeiro grupo W1 possui 29 genótipos, o segundo grupo W2 é composto por 26 genótipos e o terceiro grupo, W3, possui 30 genótipos. O diagrama formado possibilita ver de forma gráfica a alocação dos genótipos em seus grupos, dessa forma é possível selecionar as linhagens mais divergentes entre e dentro dos grupos para direcionar os cruzamentos mais promissores.

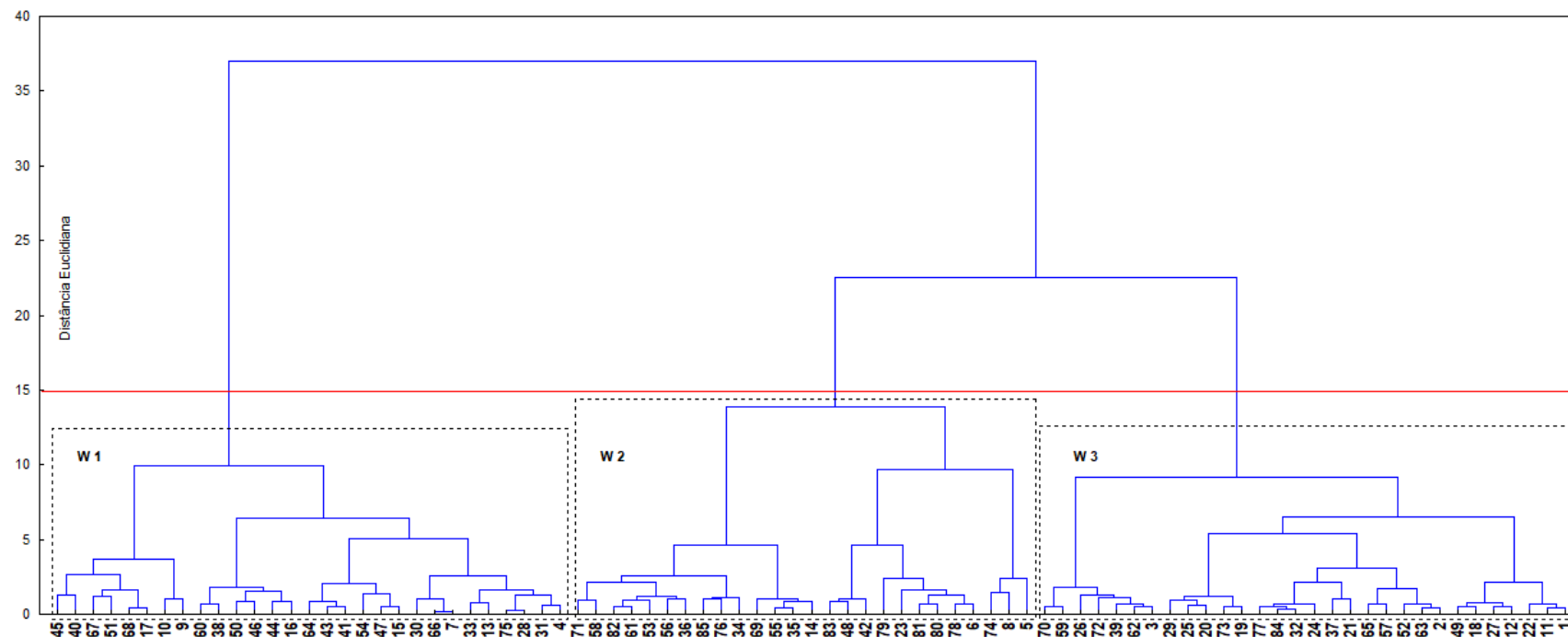


Figura 1. Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico utilizando a distância Euclidiana e o algoritmo de ligação entre os genótipos pelo método de Ward para as variáveis: produtividade de grãos (PG), prolificidade (PROL), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) de 85 genótipos de milho. A linha vermelha contínua indica a distância considerada para a formação dos três grupos demarcados por linhas tracejadas e identificados por W1, W2 e W3.

No agrupamento pelo método não hierárquico de *K-means* foi definido o número de grupos K , sendo $k = 3$, de acordo com os grupos formados no agrupamento hierárquico. Na Figura 2, a linha contínua no ponto zero do eixo “y” representa a média geral das variáveis padronizadas com $\mu = 0$ e $\sigma^2 = 1$. Essa análise possibilita a caracterização dos grupos de genótipos formados (Tabela 1, Figura 2).

O grupo K1, composto por 24 genótipos, apresentou todas as variáveis acima da média. O grupo K2, com 27 genótipos, apresentou as variáveis AP e AE abaixo da média e PROL e PG acima. E o grupo K3, constituído por 34 genótipos, apresentou todas as variáveis abaixo da média.

O grupo K1, teve os maiores valores para AP e AE, e sabe-se que plantas mais altas são mais propensas ao acamamento e quebramento, o que pode ocasionar perdas, levando a uma menor produtividade. O grupo K2, apresentou plantas com porte um pouco mais baixo, indicando menores perdas e maior PG, sendo considerado o grupo ideal entre os três. Os resultados indicam que combinações promissoras podem ser obtidas realizando cruzamentos entre as linhagens do grupo K1 e K2, uma vez que ambos possuem bons valores de PG e o cruzamento pode ocasionar na diminuição de AP do grupo K1. Já os cruzamentos entre as linhagens do grupo K1 e K3 podem diminuir AP das linhagens de K1 e elevar a PG das linhagens de K3.

Tabela 1. Médias não padronizadas dos grupos formados pela análise multivariada de *K-means* com 85 genótipos

| Grupos | Genótipos | N | PG | PROL | AP | AE |
|--------|--|----|------|------|-----|-----|
| K1 | 1,5, 6, 8, 11, 19, 20, 21, 23, 24, 25, 29, 32, 37, 52, 59, 70, 73, 74, 78, 79, 80, 81, 84 | 24 | 6053 | 1,14 | 228 | 133 |
| K2 | 2, 34, 35, 36, 38, 41, 42, 43, 48, 50, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 60, 61, 63, 65, 69, 71, 76, 77, 82, 83, 85 | 27 | 6529 | 1,19 | 216 | 126 |
| K3 | 3, 4, 7, 9, 10, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 22, 26, 27, 28, 30, 31, 33, 39, 40, 44, 45, 46, 47, 49, 51, 62, 64, 66, 67, 68, 72, 75 | 34 | 5516 | 1,07 | 212 | 122 |
| Média | | | 6032 | 1,13 | 218 | 127 |

N – número de genótipos por grupo; PG – produtividade de grãos (kg/ha); PROL – prolificidade; AP – Altura de planta (cm); AE – altura de inserção da espiga (cm)

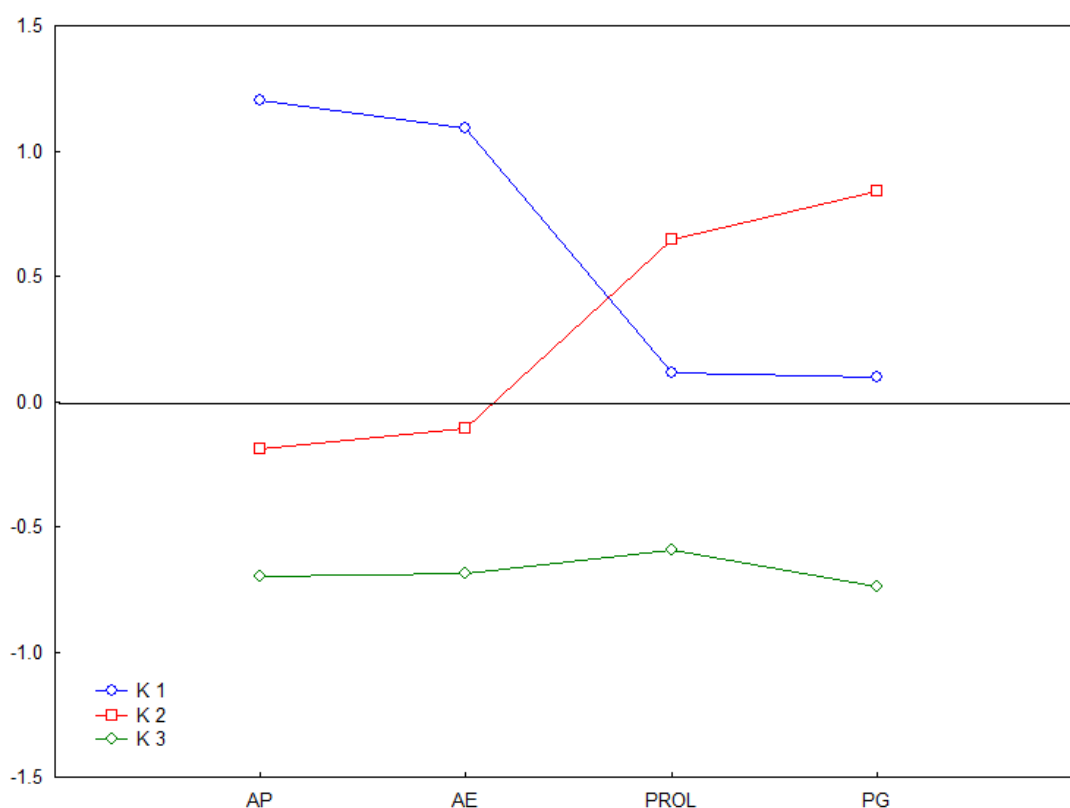


Figura 2. Gráfico bidimensional do perfil centroide de cada grupo formado pelo método de agrupamento não hierárquico de *K-means* com médias padronizadas para as variáveis: AP – altura de planta, AE – altura de espiga, PROL – prolificidade, PG – produtividade de grãos

Analisando as metodologias de agrupamento Ward e *K-means* em conjunto, foi possível observar a distribuição dos genótipos. Considerando o grupo K1, observa-se que 62,5 % dos seus genótipos foram alocados no grupo W2 e 37,5 % foram alocados no grupo W1. Em K2, possui 59,3 % dos seus genótipos em W2, 22,2 % no grupo W1 e 18,5% em W3 e o grupo K3, apresenta 67,7 % dos seus genótipos alocados no

grupo W1, 29,4 % em W3 e 2,9 % no grupo W2 (Figura 3). Com isso, verifica-se que ambos os métodos multivariados obtiveram considerada correspondência na alocação de genótipos, podendo ser considerados em conjunto. De acordo com Miranda et al. (2003), diferentes técnicas de classificação dos mesmos genótipos sejam com informações genealógicas, moleculares ou agronômicas, devem apresentar resultados similares se as classificações refletirem a verdadeira associação entre os valores genotípicos. O uso dos dois métodos multivariados confere maior segurança em discriminar genótipos avaliados à divergência genética. Simon, Kamada e Moiteiro (2012), utilizaram dois métodos multivariados para alocar genótipos, um hierárquico e um não hierárquico, ambos métodos alocaram de forma semelhante os genótipos em grupos com maior similaridade genética, o mesmo foi corroborado por outros autores (ELIAS et al., 2007; ANTONIO; BARELLI; GONÇALVES-VIDIGAL, 2009; ZUIN et al., 2009).

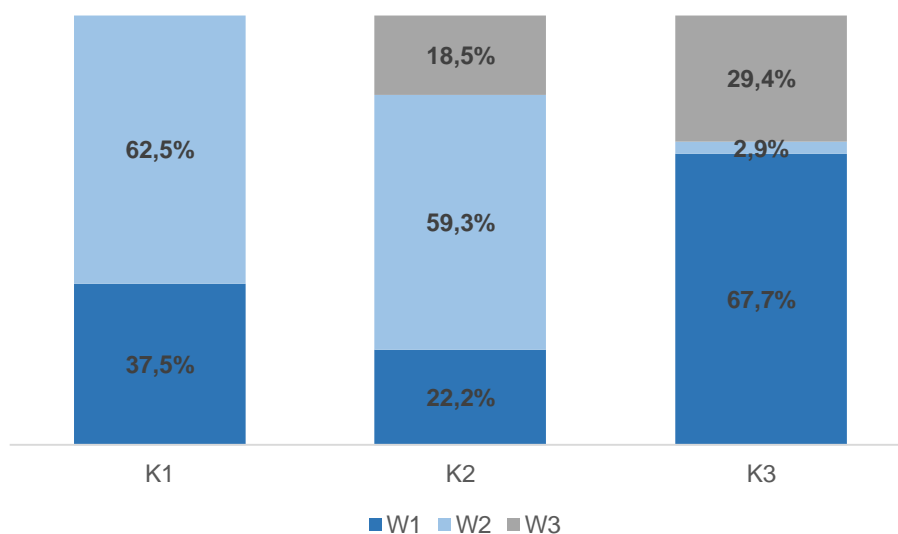


Figura 3. Gráfico evidenciando a porcentagem de genótipos alocados nos grupos formados por K-means em relação aos grupos formados pelo método de agrupamento de Ward.

No presente trabalho, o uso das análises de agrupamento hierárquico e não hierárquico foram ferramentas importantes e correspondentes na formação de grupos heteróticos, uma vez que os aspectos positivos de cada metodologia são utilizados para compensar os pontos negativos do outro. Neste contexto, os resultados obtidos pelo método hierárquico são refinados pelo método não hierárquico (HAIR et al., 2009).

Diante dos resultados obtidos, verificou-se que o método de Ward permitiu avaliar a similaridade entre os genótipos avaliados e, de forma complementar, o dendrograma gerado permitiu visualizar graficamente a distribuição dos mesmos, o que facilita o direcionamento dos cruzamentos. Já a análise de *K-means*, permitiu caracterizar os grupos formados de acordo com suas características agrônômicas. O uso em conjunto de ambas análises pode auxiliar na escolha dos cruzamentos mais divergentes.

4. CONCLUSÕES

As análises multivariadas de agrupamento de Ward e *K-means* foram eficientes para discriminar e caracterizar os genótipos avaliados.

O grupo K2 formado foi considerado ideal.

Combinações promissoras podem ser originadas dos cruzamentos entre os genótipos mais divergentes dos grupos K1 x K2 e K1 x K3.

5. REFERÊNCIAS

ANTONIO, M.; BARELLI, A.; GONÇALVES-VIDIGAL, C. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato. n. September 2016, 2009.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. De; OLIVEIRA, A. A. C. De. Parental Selection Strategies in Plant Breeding Programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 211–222, 2007.

BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Variedades Híbridas: Obtenção e Predição. In: **Melhoramento de Plantas**.2014. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%2015.pdf>>.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. de. Melhoramento Genético de plantas - Princípios e procedimentos. In: Lavras: UFLA, 2006. p. 17–24.

ELIAS, H. T.; CELESTE, M.; VIDIGAL, G.; GONELA, A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. n. 1, p. 1443–1449, 2007.

EMBRAPA MILHO E SORGO - Sistema de produção - http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_7ed/1ISSN1679-012X. Versão Eletrônica - 7ª edição - Set/2010.

FREDDI, O. da S.; FERRAUDO, A. S.; CENTURION, J. F. Análise multivariada na compactação de um latossolo vermelho cultivado com milho. **Revista Brasileira de Ciencia do Solo**, v. 32, n. 3, p. 953–961, 2008.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. Análise de Agrupamentos. In: **Análise Multivariada de Dados**. 6th. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. p. 688.

KOPPEN, W. **Climatologia: con un studio de los climas de la tierra**. México: Fondo de Cultura Econômica, 1948, p. 478.

MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; VAGNO SOUZA, L.; GUIMARÃES, L. J. M.; VAZ DE MELO, A. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 38, n. 6, p. 681–688, 2003.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento de espécies cultivadas. In: **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2ª ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 491–552.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Use of Heterosis in Maize Breeding : History , Methods and Perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 2, p. 159–178, 2001.

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

STATSOFT. **Statsoft - Software Statistica**, 2011. . Disponível em: <www.statsoft.com>.

WARD, J. H. Hierarchical Grouping to Optimize an Objective Function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, n. 301, p. 236–244, 1963. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/2282967>>.

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

APÊNDICE

APÊNDICE 1. Média dos genótipos em relação às variáveis estudadas considerando os três grupos discriminados por K-means.

| Grupo K1 | PG | PROL | AP | AE |
|-----------------|------|------|-----|-----|
| 1 | 6182 | 0,97 | 223 | 129 |
| 5 | 6051 | 1,01 | 241 | 146 |
| 6 | 5864 | 1,27 | 227 | 133 |
| 8 | 6652 | 1,12 | 240 | 145 |
| 11 | 5989 | 1,00 | 223 | 130 |
| 19 | 5566 | 1,10 | 229 | 136 |
| 20 | 6014 | 1,08 | 229 | 134 |
| 21 | 6254 | 1,02 | 228 | 129 |
| 23 | 6397 | 1,24 | 232 | 134 |
| 24 | 6024 | 1,11 | 226 | 126 |
| 25 | 5939 | 1,07 | 226 | 136 |
| 29 | 6023 | 1,06 | 223 | 132 |
| 32 | 5852 | 1,13 | 223 | 128 |
| 37 | 6379 | 1,12 | 230 | 129 |
| 52 | 6639 | 1,09 | 225 | 129 |
| 59 | 5461 | 1,07 | 225 | 129 |
| 70 | 5308 | 1,07 | 224 | 131 |
| 73 | 5527 | 1,07 | 227 | 134 |
| 74 | 7136 | 1,18 | 232 | 141 |
| 78 | 5936 | 1,32 | 224 | 134 |
| 79 | 6705 | 1,38 | 225 | 139 |
| 80 | 5795 | 1,32 | 233 | 137 |
| 81 | 5603 | 1,30 | 229 | 136 |
| 84 | 5980 | 1,15 | 222 | 128 |
| Média | 6053 | 1,14 | 228 | 133 |
| Grupo K2 | | | | |
| 2 | 6711 | 1,13 | 221 | 129 |
| 34 | 6880 | 1,27 | 209 | 128 |
| 35 | 6153 | 1,19 | 215 | 128 |
| 36 | 7178 | 1,17 | 222 | 130 |
| 38 | 6239 | 1,19 | 205 | 123 |
| 41 | 6593 | 1,10 | 213 | 121 |
| 42 | 6167 | 1,36 | 219 | 123 |
| 43 | 6679 | 1,13 | 209 | 121 |
| 48 | 5994 | 1,35 | 219 | 128 |
| 50 | 6119 | 1,20 | 213 | 118 |
| 53 | 6689 | 1,14 | 217 | 127 |
| 54 | 6885 | 1,05 | 216 | 118 |
| 55 | 5927 | 1,20 | 215 | 126 |
| 56 | 7079 | 1,16 | 222 | 123 |
| 57 | 6334 | 1,07 | 216 | 128 |
| 58 | 6163 | 1,23 | 221 | 126 |
| 60 | 6551 | 1,22 | 205 | 121 |
| 61 | 6853 | 1,22 | 217 | 128 |
| 63 | 6770 | 1,13 | 223 | 126 |
| 65 | 6616 | 1,09 | 217 | 130 |
| 69 | 6108 | 1,17 | 211 | 131 |
| 71 | 6716 | 1,23 | 225 | 126 |
| 76 | 6842 | 1,18 | 210 | 126 |
| 77 | 5993 | 1,11 | 220 | 127 |
| 82 | 7072 | 1,18 | 217 | 128 |
| 83 | 6494 | 1,33 | 221 | 129 |
| 85 | 6487 | 1,24 | 214 | 125 |
| Média | 6529 | 1,19 | 216 | 126 |

Continua...

Continuação Anexo 1

| Grupo K3 | | | | |
|----------|------|------|-----|------|
| 3 | 5144 | 1,07 | 223 | 126 |
| 4 | 5932 | 1,08 | 214 | 124 |
| 7 | 5369 | 1,10 | 213 | 124 |
| 9 | 3959 | 0,99 | 207 | 118 |
| 10 | 4364 | 1,03 | 205 | 113 |
| 12 | 5880 | 1,02 | 219 | 126 |
| 13 | 5655 | 1,01 | 217 | 118 |
| 14 | 5732 | 1,14 | 214 | 127 |
| 15 | 6250 | 1,03 | 215 | 120 |
| 16 | 5967 | 1,20 | 204 | 117 |
| 17 | 5889 | 1,06 | 203 | 119 |
| 18 | 6124 | 1,01 | 215 | 128 |
| 22 | 6198 | 0,99 | 220 | 127 |
| 26 | 4459 | 1,08 | 219 | 127 |
| 27 | 6022 | 1,03 | 216 | 125 |
| 28 | 5936 | 1,06 | 207 | 120 |
| 30 | 5241 | 1,01 | 211 | 125 |
| 31 | 5843 | 1,07 | 209 | 123 |
| 33 | 5654 | 1,08 | 214 | 120 |
| 39 | 5080 | 1,05 | 216 | 126 |
| 40 | 5188 | 1,16 | 211 | 120 |
| 44 | 5928 | 1,12 | 204 | 117 |
| 45 | 4730 | 1,19 | 202 | 118 |
| 46 | 5777 | 1,20 | 210 | 121 |
| 47 | 6174 | 1,01 | 213 | 117 |
| 49 | 5916 | 1,01 | 212 | 126 |
| 51 | 4954 | 1,01 | 209 | 118 |
| 62 | 4906 | 1,08 | 219 | 128 |
| 64 | 6394 | 1,07 | 207 | 121 |
| 66 | 5306 | 1,08 | 213 | 124 |
| 67 | 5225 | 1,08 | 209 | 112 |
| 68 | 5540 | 1,05 | 205 | 119 |
| 72 | 5308 | 1,07 | 216 | 131 |
| 75 | 6013 | 1,06 | 207 | 119/ |
| Média | 5516 | 1,07 | 212 | 122 |

PG – produtividade de grãos (kg/ha); PROL – prolificidade; AP – Altura de planta (cm); AE – altura de inserção da espiga (cm)