

AMALIO RAMÓN MENDOZA GONZÁLEZ

**BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO DO MILHO AMILÁCEO
NA REGIÃO ORIENTAL DO PARAGUAI**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

M539b
2014

Mendoza González, Amalio Ramón, 1983-
Biometria aplicada ao melhoramento do milho amiláceo na
região oriental do Paraguai / Amalio Ramón Mendoza González.
– Viçosa, MG, 2014.
x, 121f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui anexos.

Inclui apêndices.

Orientador: Cosme Damião Cruz.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Interação
genótipo-ambiente. 3. Diversidade genética. 4. Avati Morotô.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.15

AMALIO RAMÓN MENDOZA GONZÁLEZ

**BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO DO MILHO AMILÁCEO
NA REGIÃO ORIENTAL DO PARAGUAI**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae.

APROVADA: 10 de julho de 2014.

Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Coorientador)

Rodrigo Oliveira de Lima

Cosme Damião Cruz
(Orientador)

A mi hija Alba Lucero, la luz de mi vida y el motivo de mi lucha para la conclusión de este estudio,

A mi esposa Fatima, por el apoyo en los momentos difíciles y felices, con todo el amor y ternura,

A mis padres Eligio Mendoza y Marciana González, con todo el cariño y amor,

A mis hermanas María, Ninfa, Nancy que de algunas u otras maneras me apoyaron siempre y Salvadora (in memorian) por iluminarme siempre el camino correcto.

DEDICO.

AGRADECIMIENTOS

A Dios y la Virgencita Azul de Ca`acupe por la presencia en mi vida y por iluminar siempre mi camino.

A la Universidad Federal de Viçosa y al Programa de Pós-Graduación en Genética y Mejoramiento, por la oportunidad concedida.

Al IPTA (Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria), por la oportunidad de trabajo, crecimiento profesional y por la concesión de los datos utilizados para realización de este trabajo.

Al INBIO (Instituto de Biotecnología Agrícola), por el apoyo financiero.

Al Prof. Cosme Damião Cruz, por la orientación, enseñanza y apoyo en los momentos más importantes de mi carrera profesional.

A la Ing. Verónica Machado, por su ayuda para la realización de este proyecto y da la misma manera al Ing. Orlando Noldín y todos los técnicos del Programa de Investigación Maíz, Sorgo y Girasol, Juan Morel (Juanito), Rodolfo Schopfer, Mario Díaz, Victorio Báez y Rubén Viera; por la amistad y compañerismo, sin ustedes estos no sería posibles.

A los coorientadores, Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro y Prof. Moyses Nascimento, por el enorme ayuda en mi crecimiento académico e profesional.

A esposa e hija, por el amor, ternura y comprensión en los momentos difíciles, siempre fueron fundamentales para mi.

A mis padres, con el sudor de sus trabajos, siempre me ayudaron en todos lo que necesitaba y por la dedicación empleada en mi formación personal.

A todos los colegas del laboratorio de bioinformática, Angélica, Rafael, Ricardo, Vinicius, Haroldo, Isabela, Gabi, Gislâyne y Marciane que de algunas u otras maneras colaborados para la terminación de este trabajo. Gracias por sus amistades.

OBRIGADO.

BIOGRAFIA

AMALIO RAMÓN MENDOZA GONZÁLEZ, hijo de Eligio Mendoza y Marciana González. Nació el 11 de julio de 1983, en la ciudad de 25 de Diciembre, Departamento de San Pedro. Vivió con sus padres hasta 1998, siendo que, en este período, concluyó el estudio hasta el tercer curso de la educación básica, en cuyo periodo concluyó el tercer curso de la educación básica; al mismo tiempo de ayudar a sus padres para colaborar con el sustento de la familia, trabajando arduamente en la chacra.

En el año 1999 comenzó su estudio de bachillerato en la Escuela Agrícola de San Pedro en la ciudad de Santa Rosa del Aguaray – San Pedro, egresando en el año 2001 con el título de Bachiller Técnico Agropecuario.

En el año 2005, ingresó en la carrera de Ingeniería Agronómica en la Universidad Nacional de Asunción (UNA), San Pedro del Ycuamandyyu, San Pedro, la mismo fue concluida en el año 2010 donde Amalio Mendoza fue laureado con el título “Honor al Merito”.

En el año 2011 fue contratado por IPTA (Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria) para trabajar en el Campo Experimental de Choré dentro del Programa de Investigación Maíz, Sorgo y Girasol; en ese mismo año fue nombrado como Técnico Investigador en la misma Institución en la pertenece hasta la actualidad.

En el año 2012 fue nombrado como catedrático en la Universidad Nacional de Caaguazú, Choré, San Pedro, Paraguay, asimismo se desempeña como catedrático en otras Universidades Privadas de Choré.

En marzo de 2013 fue seleccionado por el programa de Pós-Graduación, Maestría Stricto Sensu, en Genética y Mejoramiento de la Universidad Federal de Viçosa. Sobre la orientación del profesor Cosme Damião Cruz, utilizando datos de experimentos realizados en el IPTA de Paraguay del área de mejoramiento de Maíz tipo amiláceo.

Amalio y su esposa Fátima, junto con sus hija Alba LUCERO, residen en la ciudad de Choré desde el año 2011.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
ABSTRACT.....	ix
Introdução Geral.....	1
Revisão de Literatura.....	4
Referências Bibliográficas.....	15
CAPÍTULO 1.....	21
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO TIPO AMILÁCEO EM RELAÇÃO A CARACTERÍSTICAS DO RENDIMENTO DE GRÃOS	21
RESUMO.....	22
ABSTRACT.....	23
Introdução.....	24
Material e Métodos.....	26
Resultados e Discussão.....	32
Conclusão.....	42
Referências Bibliográficas.....	43
CAPÍTULO 2.....	46
PARÂMETROS GENÉTICOS E ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES DE HÍBRIDOS DE MILHO TIPO AMILÁCEO	46
RESUMO.....	47
ABSTRACT.....	48

Introdução	49
Material e Métodos.....	51
Resultados e Discussão.....	58
Conclusão.....	71
Referências Bibliográficas.....	72
CAPÍTULO 3.....	75
ANÁLISES DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO TIPO AMILÁCEO	75
RESUMO.....	76
ABSTRACT.....	77
Introdução	78
Material e Métodos.....	80
Resultados e Discussão.....	89
Conclusão.....	112
Referências Bibliográficas.....	113
APÊNDICES.....	117

RESUMO

MENDOZA GONZÁLEZ, Amalio Ramón, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2014. **Biometria Aplicada ao Melhoramento do Milho Amiláceo na Região Oriental do Paraguai.** Orientador: Cosme Damião Cruz. Coorientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Moyses Nascimento.

A cultura de milho ocupa posição de destaque na atividade agropecuária no mundo, sendo umas das culturas mais estudadas na área de melhoramento genético, nem tanto assim para o caso de milho amiláceo. O milho amiláceo Avati Morotî constitui uns dos alimentos de maior importância para a população do Paraguai em especial à família camponesa do Paraguai e população em geral por ser parte constituinte de vários pratos típicos do país. Na maioria dos casos os produtores deste tipo de milho utilizam sementes de sua própria produção, geralmente provenientes de cultivares de baixa produtividade, suscetível à doenças e pragas e ciclo muito longo. Considerando as importâncias deste tipo de milho para a segurança alimentar, o IPTA (Instituto Paraguai de Tecnologia Agrária) trabalha na área de melhoramento para obter cultivares precoces, mais produtivas de baixo custo de aquisição para os pequenos produtores. O objetivo deste trabalho foi avaliar a existência de interação entre genótipos e ambientes e estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho amiláceo pelo método de Lin e Binns (1988); estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos, assim também as correlações simples, parciais e de trilha e estudar a divergência genética, assim também a contribuição relativa dos caracteres para diversidade genética pelo método de Singh (1981), para 49 genótipos de milho amiláceo, em três ambientes, na região Oriental do Paraguai. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições, com a parcela contendo 25 plantas. A análise de variância demonstrou diferenças significativas para todos os caracteres avaliados na localidade de Choré com nível de 1% de significância pelo teste F. No entanto, para a localidade de Capitan Miranda, a produtividade de grãos PG e aspecto da planta AP não foram significativos. A localidade Yjhovy o (PG) foi significativa aos 5%. A análise de variância conjunta mostrou uma interação significativa para híbridos por ambientes ao nível de 5 % de significância pelo teste F, para todos os caracteres, com exceção de floração masculina. A maioria das características apresentou interação do tipo complexa. A adaptabilidade e estabilidade

revelaram híbridos mais adaptados e estáveis, sendo também, os mais produtivos. Os híbridos 41e 24 foram que contiveram os menores valores de Pi geral. Em todos os locais, observou-se a existência de variabilidade genética para todas as características entre eles a produtividade a exceção do número de lagarta e espiga vazia . A PG correlacionou-se positivamente com a altura de planta e porcentagem de grãos para a localidade de Choré e Yjhovy, menor correlação positiva com PG foi obtida com diâmetro de espiga DE e comprimento de espiga CE. Os caracteres porcentagem de grãos Pg e comprimento de espiga CE são os que apresentaram maior efeito direto sobre a PG entre os componentes primários, e entre os componentes secundários foram altura de planta APL e prolificidade PROL, sendo os mais indicados para seleção indireta para PG. Em todos os locais, observou-se a existência de variabilidade genética entre os híbridos, sendo o genótipo 48 o mais divergentes entre eles. A partir do dendrograma de Vizinho mais próximo foram formados dois grupos para as localidades de Capitan Miranda e Choré, embora para Yjhovy foram formados três grupos e pelo método de UPGMA foram dois, três e quatro grupos para as localidades de Capitan Miranda, Chore e Yjhovy. Os caracteres floração masculina FM e altura de planta APl foram os que mais contribuíram para a divergência genética.

ABSTRACT

MENDOZA GONZÁLEZ, Amalio Ramón, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, July de 2014. **Applied Biometrics the Improvement of Maize Floury Zone in Eastern Paraguay.** Adviser: Cosme Damião Cruz. Co-advisers: Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Moyses Nascimento.

The corn crops occupies a prominent position in the agricultural activity in worldwide, being an of the most studied crops in the plant breeding, not so much for the case of corn starch. The corn starch Avati Morotô food is of greater importance for the Paraguayan peasant family and general public as source of typical food in several country regions. In most cases, the producers of this type of maize using seeds its own production of cultivars generally from low productivity, susceptible to disease, pests, and long cycle. Considering the importance of this type of corn for food security the Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA) is working in the plant breeding for to get early crops, being more productive and with low cost of ownership for small producers cultivars. The objective of this study was to evaluate the existence of interactions between genotypes and environments, and estimate the parameters of adaptability and stability of hybrids of corn starch by the method of Lin and Binns (1988); estimate genetic and phenotypic parameters as the simple correlations, partial and track, the genetic divergence and relative contribution of genetic diversity to characters by the method of Singh (1981) for 49 genotypes of corn starch in three environments in eastern Paraguay. The experimental design was a randomized block design with three replications, with plot containing 25 plants. The analysis of variance showed significant difference for all traits in the locality of Choré with 1% level of significance by F test for the location of Capitan Miranda; however, grain yield (GY) and plant aspect (AP) were not significant. The locality Yjhovy the (PG) was significant at 5%. The analysis of variance showed a significant interaction for genotype by environment at the 5% significance level for the F test, for all traits except male flowering. Most features of the showed interaction of complex type. The adaptability and stability proved more adaptable and stable hybrids, being also the most productive. The 41 and 24 materials were genotypes that contained the lowest values of P_i general. In all locations, there was a significant genetic variability for all traits, including

productivity the exception of the number of caterpillar (NL) and empty cobs (EV), the grain yield (GY) correlates positively with plant height and percentage of grains to the location of Choré and Yjhovy, lower positive correlation with GY were found with a diameter of cob (DE) and ear length (EC). Features percentage of grains (Pg) and ear length (EC) are those with the highest direct effect on PG between the primary components and secondary components were between plant height (APL) and prolificacy (PROL), the most indicated for indirect selection for grain yield. In all locations, there was a significant genetic variability among genotypes, with genotypes 48 the most divergent between them. From the dendrogram nearest neighbor two groups were formed for the localities Capitan Miranda and Choré, although for Yjhovy three groups were formed and the method of UPGMA were, three and four groups for the localities Capitan Miranda, Chore and Yjhovy, characters male flowering (FM) and plant height (APL) were the main contributors to genetic divergence.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O milho amiláceo (Avati Morotî ou Avati Chipa em idioma Guaraní) pertence ao germoplasma nativo muito utilizado em Paraguai, encontrando-se praticamente em todas as propriedades dos pequenos produtores, mais associado com outras culturas também de consumo humano. Segundo Censo (2009), a superfície de semeadura foi de 10.540, 9.474, 4.962 hectares no estado de San Pedro, Itapua e Canindeyú, respectivamente e a nível nacional de 80.759 hectares.

Texeira (2008) menciona que a raça Morotí aparentemente foi cultivada pelos indígenas. Desta forma, provavelmente ela tenha sido mantida no mesmo estágio do período precolombiano, uma vez que esta raça não foi alterada por influência dos povos que chegaram ao Brasil após o descobrimento. A mesma autora resalta que algumas raças indígenas eram cultivadas exclusivamente no Brasil e que outras também foram cultivadas em outros países. Os índios Guaranis cultivaram a raça Morotî no Paraguai, em parte na Bolívia e no Sudeste do Brasil. A etnia Caingang ocupou área que abrangiam desde o estado de São Paulo até o Uruguai e, nessa ampla faixa territorial, cultivou milhos. Já outras etnias ocuparam somente áreas do território Brasileiro, como é o caso do Tupi, que cultivavam milhos denominado Cateto ou Catete, variedades descritas pela primeira vez em 1819 e que foram possivelmente as primeiras variedades de milho cultivadas extensivamente no Brasil pelo homem branco.

A cor característica dos grãos do milho amiláceo é amarelo, com tonalidades mais escura ou mais clara na sua totalidade ou parte da espiga e a vezes com inserções de alguns grãos branco. Os grãos são de tamanho mediano, de forma redonda aplanada na ponta, contendo só amido no endosperma. O pericarpo em geral não tem cor, encontrando-se em alguns casos pericarpo de cor vermelha. A aleurona tem cor amarela e também em alguns casos sem cor. O endosperma é branco (Salhuma e Machado, 1999).

Este tipo de milho é semeado em grandes partes das propriedades de agricultores familiares da Região Oriental do Paraguai. Os materiais utilizados pelos produtores são os derivados da raça Morotî, geralmente de ciclo longo, suscetíveis a pragas, doenças e baixa produtividade, os quais são mantidos com semente própria extraídas de espigas sem um processo de seleção em planta, eventualmente por troca de semente entre os mesmos produtores ou compra de grãos disponíveis no mercado.

Com a falta de cultivares de milho amiláceo, disponíveis no mercado, seus baixos rendimentos, período produtivo maior que outras variedades de milho comum, época de plantio estreita, sincronização irregular entre o florescimento feminino e masculino (Machado, 1997) ainda é um dos maiores problemas enfrentados pelos produtores de milho amiláceo do Paraguai.

Entre os principais objetivos do melhoramento de milho tem-se o desenvolver e indicar linhagens que demonstrem bons parentais com características específicas entre macho e fêmea, em diversos ambientes e como resultado final, na redução de custo de produção de sementes dos híbridos.

Desde a década de 1990, dentro do Programa de Investigação de Milho do Instituto Paraguaio de Tecnologia Agrária (IPTA), vem se trabalhando no melhoramento desta cultura com objetivo de obter cultivares melhorada da raça Avati Morotî. Graças a isto foi liberado alguns cultivares originado de acessos nativos desta raça coletados no diferentes estados do país. Outras populações de Morotî seguem sendo submetidas a processos de melhoramento. Uma dela foi usada para realização deste trabalho.

Para liberar uma nova variedade em uma região determinada, é necessário conhecer a natureza e a magnitude da interação genótipo por ambiente (GxA), já que o melhorista tem dificuldades para selecionar os genótipos mais apropriados quando estes diferem em seu comportamento ao ser provado em diferentes ambientes (anos, locais, níveis tecnológicos, dentre outros). O valor de um fenótipo depende do genótipo, do ambiente e da interação de ambos. Se não existem interações GxA, as medidas diferencias entre os pares de genótipos, representados pelo fenótipo em diferentes ambientes, seria constante (Xie e Mosjidis, 1996) e consequentemente o processo de discriminação de um, em relação a outro genótipo, seria facilitada.

Estudos a respeito da interação genótipos x ambientes, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo diante das variações ambientais. Por isso, realizam-se análise de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2012).

Partindo da premissa de que adaptabilidade é um caráter herdável geneticamente pelas plantas por meio de seu processo evolutivo, e que seu valor relativo está determinado principalmente pelo grau de estabilidade e produtividade das variedades em diferentes ambientes, as implicações da interação genótipo x ambiente, no melhoramento de plantas, são muito importantes e merecem ser estudadas com detalhe.

Considerando principalmente o fato de que o milho é parte da dieta alimentícia da família camponesa, é muito importante assegurar sua disponibilidade em quantidade e qualidade durante o ano todo. Por isso é necessário ter materiais melhorados com ciclo precoce, que permitam um escape às condições de estresse hídrico que vem sendo registrado nas últimas safras, com ampla adaptabilidade e rendimento estáveis.

O presente trabalho propõe avaliar a existência de interação entre genótipos e ambientes e estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho amiláceo pelo método de Lin e Binns (1988); estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos, assim também as correlações simples, parciais e de trilha e estudar a divergência genética, assim também a contribuição relativa dos caracteres para diversidade genética pelo método de Singh (1981), para 49 genótipos de milho amiláceo, em três ambientes, na região Oriental do Paraguai.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Melhoramentos do milho

O sucesso dos híbridos do milho, para algumas características agronômicas, é resultado de efeito heterótico alcançado pelo cruzamento de linhagens que possuem boa capacidade combinatória (Hallauer e Miranda, 1981).

Ao se iniciar um programa de melhoramento de milho, varias decisões devem ser tomadas, dentre elas, a escolha da população que servirá de origem para a obtenção das linhagens que, quando cruzadas, resultem em híbridos mais produtivos e com melhores desempenho em características agronômicas (Paterniani, 1969).

O sucesso e a continuidade de qualquer programa de melhoramento dependem da escolha criteriosa de novos germoplasmas para incorporação aos trabalhos de seleção. A tendência da agricultura moderna é requerer materiais cada vez mais uniformes, desta forma, tem-se aumento da vulnerabilidade genética das cultivares às mudanças ambientais. O aumento na diversidade de ambientes explorados pela agricultura moderna e a pressão por geração de materiais mais aptos a produzir adequadamente sob as mais diversas condições de estresse gerou a necessidade de se ofertar um conjunto cada vez maior de cultivares melhorada para condições específicas. Desta forma, a necessidade de se introduzir novos germoplasmas e de se determinar o percentual de genes não adaptados que deve ser incorporado em variedades adaptadas de modo a garantir segurança e continuidade na geração de novos materiais.

2.2 Origem e evolução do milho

A verdadeira origem do milho ainda não foi completamente elucidada, porem existem muitos trabalhos indicando que o seu genitor seja *Zea mays* spp. mexicana ou *Zea mays* spp. *parviglumis* ambos conhecidos como teosintos (Paterniani e Campos, 1999; Serratos, 2009).

A mais antiga espiga de milho foi encontrada no vale do Tehucan, na região onde hoje se localiza o México, datada de 7.000 a.C. (CIB, 2006; González, 2008). Nesta região, são encontradas populações naturais das subespécies de milho, principalmente a duas subespécies mencionadas acima, que são as mais próximas do milho (Fleitas, 2001).

Entre as teorias de origem do milho, destacam-se três principais. A hipótese da “evolução divergente” de Watherwax (1935) e Randolph (1955), sugerindo que uma

planta selvagem originou o milho, os teosintes e o gênero *Tripsacum*, a partir de uma evolução divergente (Goodman, 1987; Fornasieri Filho, 2007). A segunda hipótese é do “milho como antepassado do teosinte”, sugerindo de que o teosinto foi originado do milho. A terceira hipótese, atualmente mais aceita, é a da “descendência do teosinte”, sugerindo que o milho se originou, unicamente, do teosinto por seleção feita pelo homem (Goodman, 1987; Fornasieri Filho, 2007).

De fato, ainda não existe nenhuma informação conclusiva a respeito da real origem do milho cultivado. As especulações são muitas e com vários enfoques diferentes, mas ainda não se pode afirmar que o milho evoluiu a partir deste ou daquela espécie e, talvez, isso nunca poderá ser feita. Por um lado, seus genitores possam estar extintos e, por outro, por que o milho pode ter se diferenciado tanto após da domesticação, que não é possível nenhuma relação direta com outra espécie. Mas o que se pode afirmar, que dentre as espécies mais próxima do milho cultivado, *Zea mays* spp. *parviglumis* é a mais relacionada. Mesmo que exista incerteza a origem desta espécie, não existe dúvida que o milho é uns dos cereais mais plantados e essencialmente americano (com origem no México), pois é neste continente que se encontram os seus parentes mais próximos (Paterniani e Campos, 1999).

Segundo Goodman (1978), as primeiras evidências do milho na América do Sul vêm de amostras arqueológicas encontradas no Peru, as evidências sugerem que o milho tenha sido cultivado nesta região desde o ano 2500 a. C.

A hipóteses de duas incursões distintas de milho para América do Sul é corroborada pelo trabalho de McClintock et al (1981) citado por Fleitas (2001). Em suas duas conclusões os autores discutem que a chegada do milho na América do Sul deve ter ocorrido através de duas frentes migratórias independentes (seja através de migrações humanas carregando este material, ou pela introdução de espécies e raças através de trocas, com limitado deslocamento humana). Eles afirmam ainda que a maioria das raças tradicionais atuais existentes na América do Sul foram evoluções ocorridas a partir delas.

Como a presença do milho se encontra ligada a presença do próprio homem, padrões culturais diferentes devem ter tido um papel fundamental na difusão e geração das raças do milho na América do Sul.

2.3 Raças de milho

A primeira descrição do milho data de 1528 e inúmeras referências à espécie foram efetuadas posteriormente. Considerando a origem, a morfologia e a dispersão geográfica, as raças de milho foram classificadas por Paterniani e Goodman (1978) em quatro grandes grupos: raças indígenas; raças comerciais antigas; raças comerciais recentes e raças exóticas. Neste item serão apresentadas somente as raças indígenas já que a raça Morotî pertence a este grupo.

As raças de milho classificadas como indígenas são: Pipoca Guarani; Morotî; Caingang; lenha; e Entrelaçado (Paterniani e Goodman, 1978; De Araujo e Nass, 2002). Destas raças somente serão descritas a raça Morotî que é o material em estudo. Segundo Machado (2014), os grãos são de tamanho mediano, de forma arredonda aplanada na ponta e o endosperma contendo só amido. O cor característico dos grãos é amarelo, com tonalidades mais obscuras ou mais claras na sua totalidade ou parte da espiga e às vezes com inserções de alguns grãos branco. O pericarpo na maioria não tem cor, encontrando-se em alguns grãos pericarpo de cor vermelho. A aleurona tem cor amarelo e também em alguns casos sem cor. O endosperma é branco.

No Paraguai os indígenas guaranis cultivavam o milho branco Avati ti e o farináceo Avati Morotî. Eles foram os primeiros em cultivá-lo no país e arraigado aos costumes, herdada destes povos até na atualidade. Segundo Pedri (2006); Felipim, (2001), os Tupi Guarani no Brasil foram os primeiros cultivadores desta raça.

Os guaranis chamam o milho de Avaty, em homenagem ao índio sacrificado, e jamais esquecem que o cereal provém do sacrifício de um amigo muito fiel. Segundo Cascudo (1954), a lenda guarani da origem do milho (*Zea mays*) envolve o sacrifício humano. Dois guerreiros procuravam inutilmente caça e pesca e desanimavam de encontrar alimento para a família, quando apareceu um enviado de Nhandeiará (o grande espírito) dizendo ser a luta entre os indígenas a solução única. O vencido seria sepultado ali mesmo, e de sua sepultura nasceria uma planta, que alimentaria a todos, dando de comer e beber. Lutaram os dois e sucumbiu Avati. De sua cova nasceu o milho, avati abati, no idioma guarani.

2.4 Milho híbrido

Após seu trabalho sobre endogamia e heterose em milho, Shull (1908) foi o primeiro que sugerir um método de melhoramento de milho visando a produção de híbrido (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

O trabalho de melhoramento com milho híbrido no Brasil teve início em 1932 no Instituto Agrônomico de Campinas – IAC, no estado de São Paulo, em 1935 na Universidade Federal de Viçosa, em Minas Gerais, sendo o Brasil o segundo país em adotar a produção de milho híbrido (Krug et al., 1943; Borém e Miranda, 2013). A generalização dos híbridos é, sem dúvida, uma notável contribuição para o avanço da Agricultura do país e do mundo, especialmente considerando-se o desenvolvimento de uma vigorosa e competitiva indústria de sementes (Paterniani, 1993; De Oliveira et al., 2012).

Os híbridos podem ser obtidos do cruzamento de duas linhagens endogâmicas ($P_1 \times P_2$), híbridos simples; de três linhas endogâmicas [$(P_1 \times P_2) \times P_3$], híbridos triplos; ou de quatro linhagens endogâmicas [$(P_1 \times P_2) \times (P_3 \times P_4)$], híbridos duplo. Além das linhagens endogâmicas podem-se utilizar cultivares de polinização aberta na obtenção dos híbridos (Miranda Filho e Viegas, 1987; Espinosa et al., 1995; Borém e Miranda, 2013).

Segundo Ferreira (2008), cerca de 48% do mercado é constituído por agricultores que, em sua grande maioria, adotam sistemas precários de controle de suas atividades. Em função do seu menor capital disponível, utilizam os híbridos duplos que exigem um baixo nível de tecnologia a ser empregado e são mais baratos (Pacheco et al., 2009; Borém e Miranda, 2013).

Trabalhos realizados na área de melhoramento de cultivares de milho revelam a tendência de superioridade média dos híbridos simples sobre os híbridos triplos e duplos (Emygdio et al., 2007). Outros trabalhos na área de estresse hídrico demonstram que os híbridos simples e duplos foram os que mostraram maior tolerância comparativamente ao híbrido triplo e a variedade, mencionado também que os híbridos simples e triplo apresentam desempenho superior aos demais genótipos, na condição sem déficit hídrico (Rufino et al., 2012). No entanto, alguns híbridos duplos demonstraram serem superiores a determinados híbridos simples e triplos, indicando não ser apropriado generalizar inferências acerca do potencial produtivo de diferentes híbridos de milho com base no tipo de cruzamento. As alternativas são estudos regionais com cultivares comerciais, que busquem selecionar genótipos que possuam ótimas condições de adaptabilidade e estabilidade antes da sua recomendação (Andrade et al., 2005; De Oliveira et al., 2012).

2.5 Interação Genótipo Ambiente (GxA)

O genótipo diz respeito a constituição genética do indivíduo, com relação aos caracteres considerados. Quando se reproduzem, os organismos repassam para seus descendentes os seus genes. O ambiente consiste no conjunto das circunstâncias ou condições sob as quais os organismos se desenvolvem e podem ser representadas por regiões, locais, épocas, anos, práticas culturais ou de manejo ou pela combinação de todas essas condições ao mesmo tempo.

O fenótipo é o resultado do efeito do genótipo, do ambiente e da interação destes fatores (GxA). Assim, o valor fenotípico do descendente é resultado do efeito do genótipo somado ao ambiente, aliado ao efeito da interação que influenciam conjuntamente na manifestação os caracteres dos indivíduos, tornando mais difícil a recomendação de cultivares (Vencovsky et al., 1990; Cruz et al., 2012).

A avaliação da interação (GxA) torna-se de grande importância no melhoramento, pois, no caso de sua existência, há possibilidade de o melhor genótipo em um ambiente não ser em outro. Esse fato influencia o ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade. Pela importância dessa interação GxA, cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e, ou, seu aproveitamento (Cruz et al., 2012).

A interação de (GxA) definida como a resposta diferencial dos genótipos à variação do ambiente, dificulta a seleção de genótipos amplamente adaptados. Além disso, essa interação pode inflacionar as estimativas de variância genética, resultando em superestimativas dos ganhos genéticos, esperados com a seleção e num menor êxito, dos programas de melhoramento (Duarte e Vencovsky, 1999).

Para diminuir o efeito da interação (GxA), a condução dos experimentos no maior número possível de locais e anos é necessária, para se avaliar a magnitude da interação e seu possível impacto sobre a seleção e a recomendação de cultivares. A fim de tomar essa recomendação a mais segura possível, é necessário um estudo detalhado acerca da adaptabilidade e da estabilidade das cultivares, assim como de seus caracteres importantes economicamente. Vários métodos estatísticos têm sido propostos e utilizados em aplicações e, a cada dia, novos procedimentos vêm sendo apresentados como objetivo de se interpretar melhor a interação GxA.

Para contornar os inconvenientes proporcionados pela interação genótipos x ambientes, recomenda-se a estratificação da região de adaptação da cultura em sub-regiões mais homogêneas. Entretanto, observa-se que, mesmo com esse procedimento, uma fração da interação ainda permanece, em razão da ocorrência de fatores incontroláveis dos ambientes, como temperatura, chuvas, etc., contra os quais a estratificação não oferece eficácia (Cruz et al., 2012).

Em termos experimentais, em que se dispõe de uma rede de ambientes para avaliação dos cultivares, é fundamental identificar se há, entre os ambientes disponíveis, padrões de similaridade de respostas de cultivares, de tal maneira que seja possível avaliar o grau de representatividade dos ensaios da faixa de adaptação da cultura, tomar decisões com relação a descartes de ambientes quando existem problemas técnicos ou escassez de recursos e identificar grupos de ambientes em que a interação possa ser não-significativa para o conjunto de genótipos disponíveis (Cruz et al., 2012).

A interação GxA ocorre quando há respostas diferenciais dos genótipos em relação à variação do ambiente. A existência da interação está associada a dois fatores. O primeiro, denominado simples, é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e o segundo denominado complexo, é dado pela falta de correlação entre genótipos. Apenas quando atribuída a esta última causa é que a interação proporcionará dificuldades no melhoramento.

A interação complexa indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, tornando mais difícil a seleção e, ou, sua recomendação (Cruz et al., 2012).

2.6 Adaptabilidade e Estabilidade

Estudos da interação genótipos x ambientes, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo diante das variações ambientais. Por tal objetivo, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientes, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2012).

As análises de adaptabilidade e estabilidade são, portanto, procedimentos estatísticos que permitem, de algum modo, identificar as cultivares de comportamento

mais estável e que respondem previsivelmente às variações ambientais. Algumas dessas análises permitem, também, dividir os efeitos da interação GxA em efeitos de genótipos e de ambientes, revelando a contribuição relativa de cada um para a interação total (Rocha, 2002). Assim, a estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica tem sido uma forma muito difundida, entre os melhoristas de plantas, de avaliar novos genótipos antes de sua recomendação como cultivares.

Na atualidade, há mais de uma dezena de metodologias de análises de adaptabilidade e estabilidade destinada a avaliação de um grupo de material genético. O modelo de Lin e Binns (1988) é uma alternativa aos métodos de regressão, permite a identificação de um ou mais genótipos com desempenho aproximado ao máximo em todos os ambientes testados. Esta metodologia estima o índice de estabilidade e adaptabilidade denominado P_i , que é o desvio da cultivar i em relação ao material que obteve o desempenho máximo em cada ambiente avaliado (Farias et al., 1997). Assim, quanto menor o valor obtido para P_i , mais adaptado será o material e, com isso, menor será também o desvio em torno da produtividade máxima em cada ambiente. Portanto, a maior estabilidade estará obrigatoriamente associada a maior produtividade (Lin e Binns, 1988).

A estimativa do P_i pode ser desdobrada em duas partes, sendo a primeira relativa ao desvio genético em relação ao máximo, ou seja, uma soma de quadrados de genótipos. Esta fração não é prejudicial ao trabalho do melhorista uma vez que não implica necessariamente em mudança na classificação dos genótipos. A segunda parte refere-se à interação GxA e pode afetar o ranqueamento dos materiais (Farias et al., 1997).

Desta forma, busca-se um material que apresente o menor P_i possível, e que a maior parte deste valor seja atribuída ao desvio genético.

$$P_i = \sum_{j=1}^a \left(\frac{X_{ij} - M_j}{2a} \right)^2$$

Em que P_i é o índice de superioridade da cultivar X_{ij} representa o rendimento do cultivar onde j e o ambiente M e a máxima resposta observada entre todos os cultivares em o ambiente a e a o número dos ambientes.

2.7 Parâmetros Genéticos e Associação entre Caracteres

Em programa de melhoramento de milho, a estimação e o conhecimento detalhado de parâmetros genéticos de populações constitui um ponto importante e merece grande atenção dos melhoristas possibilitando escolher, entre as populações disponíveis, aquelas que apresentam maior potencial, definido com maior segurança o método de seleção. A escolha da população base é de fundamental importância para o sucesso de qualquer programa de melhoramento (Hallauer e Miranda Filho, 1995; Faluba et al., 2010).

A estimativa de parâmetros genéticos é muito importante no melhoramento de plantas porque permite identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos de melhoramento para a obtenção de ganhos genéticos e manutenção da base genética adequada nas populações (Comstock e Robinson, 1948; Faluba et al., 2010).

Entre os principais parâmetros genéticos destacam-se os componentes de variância, obtidos por intermédio de delineamentos experimentais, que permitem estimar a variância genotípica a partir de dados fenotípicos observados. Conhecidas a estimativa da variância ambiental e genotípica, o geneticista poderá gerar informações de grande utilidade para a predição de ganhos e para alterações na estrutura e na potencialidade das populações em relação às diferentes caracteres avaliados (Cruz et al., 2012).

Outro parâmetro genético indispensável para o melhorista é a herdabilidade que, semelhante ao coeficiente de determinação genotípico, é determinante da proporção do ganho a ser obtido por determinada estratégia de seleção (Falconer, 1989). Devido à sua grande importância na predição de ganhos genéticos, é fundamental que ela seja a mais real possível, e traduza, de forma fidedigna, a contribuição tanto da variação genética quanto ambiental para a variação fenotípica total.

Os parâmetros componentes da variação fenotípica de uma dada característica podem ser estimados a partir da esperança de quadrados médios. Isto é, a partir de variância de dados experimentais ou amostrais, provenientes de ensaios com duas ou mais repetições (Vencovsky e Barriga, 1992) ou de amostras com informações de indivíduos. Após a obtenção dos quadrados médios, são estabelecidas as suas esperanças matemáticas de acordo com o modelo que rege o delineamento. Finalmente são resolvidas as equações resultantes. Esses resultados fornecem as estimativas dos

componentes de variação da população (Kempthorne, 1975). Segundo Cruz et al. (2012), um dos parâmetros genéticos mais importantes, além do estudo da herdabilidade e dos componentes de variância, é a correlação que expressa a associação linear entre os caracteres.

No programa de melhoramento, é fundamental o conhecimento da correlação existente entre os componentes primários da produção principalmente, quando, ao se realizar a seleção com base em um caráter, resultam alterações em outros caracteres de importância agrônômica correlacionados entre si (Santos e Vencovsky, 1986). A correlação genética é, em geral, explicada pelos efeitos aditivo e não-aditivos dos genes, afetando dois caracteres simultaneamente (Carvalho et al. 2004) em fenômeno denominado de pleiotropia, ou pela ligação fatorial entre estes genes. Portanto, o conhecimento do grau de associação existente entre caracteres agrônômicos é de grande importância para os melhoristas, principalmente porque a seleção sobre determinado caráter pode alterar o comportamento do outro.

De acordo Carvalho et al. (2002), a produtividade é um caractere complexa e resultante da expressão e associação de diferentes componentes. O conhecimento do grau dessa associação, por meio de estudos de correlações, possibilita identificar características que podem ser usadas como critérios de seleção indireta para produtividade.

Neste sentido, a análise de correlação entre caracteres de milho pode ser realizada com objetivo de encontrar caracteres que sejam mais relacionados com a produtividade de grãos. Entretanto, o estudo de correlações entre caracteres não permite, per se, tirar conclusões sobre relações de causa e efeito, ou seja, a correlação é apenas uma medida de associação linear entre dois caracteres. Pela importância de se conhecer as relações de causa e efeito, Wright (1921) desenvolveu a análise de trilha (“path analysis”), que tem por finalidade desdobrar as correlações entre cada par de variável, de um conjunto de efeitos diretos e indiretos. Dessa forma, é possível quantificar a influência direta de uma variável sobre a outra, independente das demais, no contexto de causa e efeito. Essa metodologia permite o estudo dos efeitos diretos e indiretos de algumas variáveis independentes sobre uma variável dependente (básica), cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão em que as variáveis são primeiramente padronizadas (Cruz et al., 2012).

2.8 Diversidade Genética

O processo inicial de avaliação da diversidade genética visa à identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação e recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos. A importância dos estudos sobre a divergência genética para o melhoramento reside no fato de que cruzamento envolvendo genitores geneticamente diferentes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico (Guimarães et al., 2007; Paterniani et al., 2008) e, também, maior variabilidade genética em gerações segregantes (Rao et al., 1981; Buzar et al., 2007; Cruz et al., 2011).

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade na população de trabalho. Melhoristas têm recomendado, para a formação de uma população base (ou população de melhoramento), o intercruzamento entre cultivares de desempenhos superiores e divergentes entre si (Rinaldi et al., 2007). Essa divergência pode ser avaliada a partir de características agronômicas, morfológicas, moleculares, entre outras (Falconer, 1981). As informações múltiplas de cada par de cultivares são expressas em medidas de dissimilaridade, que representam, em conjunto, a diversidade existente grupo de acessos estudados (Cruz et al., 2011).

A classificação em várias classes de uma população, com base ou algum critério de dissimilaridade, é a finalidade das análises de agrupamento, tendo-se como base a heterogeneidade entre grupos. Entretanto, algumas observações são questionáveis no processo de agrupamento, entre elas destaca-se o número definitivo de grupos e a topologia do agrupamento. Para elucidação destas questões, o que se faz usualmente é utilizar vários métodos de agrupamento, e por critérios de otimização, selecionar o mais conveniente. Basicamente, são duas etapas para a distinção entre indivíduos, sendo a primeira pelo estabelecimento da medida de similaridade entre os genótipos, e a segunda, com a adoção de técnicas de agrupamento, formado os grupos (Cruz et al., 2012).

Segundo Cargnelutti Filho et al. (2008), a medida de dissimilaridade e o método de agrupamento devem garantir ao melhorista segurança na seleção de genitores para os cruzamentos. Em caso de concordância de agrupamentos, a escolha do método deve recair naquele de simples execução e de fácil interpretação. No entanto, caso haja discordância entre os métodos, a escolha de genitores passa a depender do método utilizado, havendo a necessidade de escolha do mais eficiente.

Entre os métodos de agrupamento mais utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os hierárquicos e os de otimização (Paixão et al., 2008). Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore (Cruz et al., 2001). Entre os métodos de otimização, destaca-se o de Tocher.

Aliado ao estudo da divergência genética, há o emprego das técnicas sobre a importância relativa das características, que são de grande importância para os pesquisadores, vez que possibilita avaliar com segurança a respeito das características que poderão serem utilizadas em estudos de divergência genética.

3. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDRADE, J. A. C.; DOURADO, M. C.; CANDIDO, L. S. 2005. Estabilidade e caracterização fenotípica de híbridos experimentais e comerciais de milho em quatro épocas de plantio. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, Sete Lagoas, v. 4, n. 3, p. 390-403.
- ARAUJO, P. M. de; NASS, L. L. 2002. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. *Scientia Agricola*, v. 59, n. 3, p. 589-593.
- AVILA, A. V.; SANCHES, F. M. 1978. Correlación de métodos de ajuste para corrección por fallas em sorgo para grano. *Agrociência*, v. 31, p. 45-64.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. 2013. *Melhoramento de plantas*. 6 Ed. Viçosa, MG. UFV. 523p.
- BUZAR, A. G. R.; OLIVEIRA, V. R.; BOITEUX, L. S. 2007. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos. *Horticultura Brasileira*, v. 25, n. 4, p. 513 – 518.
- BUZAR, A. G. R.; OLIVEIRA, V. R.; BOITEUX, L. S. 2007. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos. *Horticultura Brasileira*, Brasília, DF, v. 25, n. 4, p. 527-532.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. 2007. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 42, p.17-24.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L.; JOST, E.; POERSCH, N. L. 2008. Tamanho de amostra de caracteres de cultivares de feijão. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 38, n. 3, p. 635 – 642.
- CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. 2004. Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal. Pelotas: UFPel. 142p.
- CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; CARDOSO, M. J.; SANTOS, M. X.; TABOSA, J. N.; SANTOS, M. D.; LIRA, M. A. 2002. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho em diferentes condições ambientais do Nordeste brasileiro. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v.1, p.75-82.
- CASCUDO, L. 1954. *Dicionário do folclore brasileiro*. 9. ed. Rio de Janeiro: Ediouro.

CIB (Conselho de Informações sobre Biotecnologia).2006. Tecnologia do campo à mesa. Comunicado técnico. São Paulo.

CENSO. 2009. Censo Agropecuario Nacional 2008. Volumen III. San Lorenzo, Paraguay. 408p.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. 1948). The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, 4:254-266.

CRUZ, C. D. 2001. Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística versão Windows. Viçosa – MG. UFV. 442p.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v. 1, 4 edição, Viçosa: UFV, 514p.

DA SILVA, G.2009.Desenvolvimento de marcadores moleculares para a caracterização do gene gametófito indeterminado (ig1) em genótipo de milho. Lavras. 48p. (Mestrado)- Universidade Federal de Lavras.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R.1999. Interação genótipos x ambientes : uma introdução à análise “AMMI”. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 60p. (Monografias, 9)

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

ESPINOSA, A.; TADEO, M.; DEL VALLE, A. M.1995. Estabilidad del rendimiento em híbridos de maíz por diferente orden de cruzas em la producción de semilla. *Agronomia Mesoamericana* 6: 98-103p.

FACOLNER, D. S. 1981. Introduction to quantitative genetics. 2. ed. London: Longman. 340p.

FALCONER, D. S. 1989. Introduction to quantitative genetics. 3rd ed. New York: Longman Scientific and Technical. 438 p.

FALUBA, J.; MIRANDA, G. V.; DEL LIMA, R. O.; SOUSA, L. de.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. 2010. Potencial genético da população de milho UFV7 para o melhoramento em Minas Gerais. *Ciência Rural Santa Maria*, v. 40, n. 6, p. 1250 – 1256.

- FARIAS, F.J.C.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, L.P. de; MOREIRA, J.A.N.; COSTA, J.N. 1997. Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método da regressão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.32, n.4, p.407-414.
- FELIPIM, A. 2001. O sistema agrícola guarani Mbyá e seus cultivares de milho: um estudo de caso na aldeia guarani na ilha do Cardoso, Município de Cananéia, SP. Piracicaba. 120p. (Mestrado)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade São Paulo.
- FERREIRA, E. 2008. Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em top crosses, em três locais do estado de São Paulo. Campinas, SP. 75p (Mestrado)- Instituto Agrônômico de Campinas.
- FLEITAS, F. O. 2001. Estudo Genético-Evolutivo de amostras modernas e arqueológicas de milho (*Zea mays mays* L.) e feijão (*Phaseolus vulgaris*, L.). Piracicaba. 125p. (Doutorado)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade São Paulo.
- FORNAESIERI FILHO, D.2007. Manual da cultura do milho. Jaboticabal: Funep, 576p.
- GONZALEZ, A. 2008. Maize: Prodigius plant. *IBEROFORUM Revista de Ciencias Sociales de la Universidad Iberoamericana*. Universidad Iberoamericana A.C., Año III, No 5. Ciudad de México. p. 1-18
- GOODMAN, M. 1978. Historia e origem do milho. In PATERNIANI, E. (Ed). Melhoramento e produção do milho no Brasil. Fundação Cargill. 650p.
- GOODMAN, M. M. 1987. História e origem do milho. In: Paterniani, E.; Viégas, G. P.(coord.) Melhoramento e produção de milho no Brasil. Campinas: Fundação Cargill. 2 ed. p. 3-38.
- GUIMARÃES, P.; PATERNIANI, M. E. A.; LURDES, R.; SOUZA, A. de.; LAORDA, P.; OLIVEIRA, K. 2007. Correlação de heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v. 42, n. 6, p. 811 – 816.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. 1981. Quantitative genetics in maize breeding . Ames: Iowa State University Press, 468 p.

- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. 1988. Quantitative genetics in maize breeding. 2. ed. Ames: Iowa State University Press. 468p.
- KEMPTHORNE, O. 1975. Design and Analysis of Experiments. New York: John Wiley. 631p.
- KRUG, C. A.; VIEGAS, G. P.; PAOLIERI, L. 1943. Híbridos comerciais de milho. *Bragantia*, Campinas, V. 3, n. 2, p. 367-552.
- LECLERG, EL. 1966. Significance of experimental design in plant breeding. In Frey, KJ. FREY (ed) Plant Breeding. A symposium held at Iowa State University. The ISU Press, Ames. p. 243-313.
- LIN, C.S.; BINNS, M.R. 1988. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. *Theoretical and Applied Genetics*, v.76, p.425-430.
- LIN, C.S.; BINNS, M.R. 1988. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, v.68, p.193-198.
- MACHADO, V. 1997. Evaluación de germoplasma de avati moroti. In: MAG (Ministerio de Agricultura y Ganadería, PY). DIA (Dirección de Investigación Agrícola). Informe anual: Cultivo de maíz: ciclo 1996/97. Capitán Miranda, PY. p. 24-26. (Programa de Investigación de Maíz, Sorgo y Girasol).
- MACHADO, V. 2013. Productividad y Adaptabilidad de cultivares de maíz harinoso Avati Morotí. *Investigación Agraria*. 15(2). 75-81p.
- MACHADO, V. 2014. Comunicación personal. INBIO, Capitán Miranda-Itapua.
- PATERNIANI, E. 1993. Métodos tradicionais de melhoramento de milho. In: BULL, L. T.; CANTARELLA, H. (Ed). *Cultura de milho: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba: Potafos, p. 22 – 43.
- PEDRI, M. 2006. A dinâmica do milho (*Zea mays* L.) nos agroecossistemas indígenas. Florianópolis-SC, 87p. (Mestrado)- Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina.
- MIRANDA FILHO, J. B.; VIEGAS, G. P. 1987. Milho híbrido. In PATERNIANI, E; VIEGAS, G. P. *Melhoramento e produção de milho*. Campinas: Fundação Cargill. 409p.
- OLIVEIRA, G. de; JUNIOR, E.; ARNHOLD, E. 2012. Comparação de tipos de cultivares de milho quanto ao rendimento de grãos. *Revista Caatinga*, Mossoró, v. 25, n. 2, p. 29-34.

PACHECO, C.; PARENTONI, S.; GUIMARÃES, P.; GAMA, E.; MEIRELLES, W.; FERREIRA, A.; CASELA, C.; DA SILVA, A.; GUIMARÃES, L.; DA ROCHA, L.; GARCIA, J.; DE CARVALHO, H.; PAES, M.; DA COSTA, R. 2009. BRS 2022: Híbrido Duplo de Milho. Comunicado técnico 174. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG.

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

PATERNIANI, E.; GOOMAM, M. M. 1978. Races of maize in Brazil and adjacent áreas. Mexico, International Maize and Wheat Improvement Center, 95p.

PATERNIANI, E. 1969. Melhoramento de populações de milho. *Ciência e cultura*, v. 21, p. 3-10

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P.; LURDERS, R. R.; GALLO, P.; DE SOUZA, A.; LA BORDA, P.; OLIVEIRA, K. 2008. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. *Bragantia*, v. 67, n. 3, p. 639 – 648.

RAO, N. K. S.; PANWAR, R. D.; CHACO, E. K. 1981. Differentiation of plantlets in hibrid embryo callus of pineapple. *Scientia Horticulturae*, Amsterdam, v. 15, p. 235 – 238.

RINALDI, D. A.; PIPOLO, V. C.; GERAGE, A. C.; RUAS, C.; FONSECA, N.; SOUZA, S. G. de.; GARBUGLIO, D. D. 2007. Correlação entre heterose e divergência genética estimadas por cruzamentos dialélicos e marcadores moleculares RAPD em populações de milho pipoca. *Bragantia*, v. 66, n. 2, p. 183 – 192.

RUFINO, C.; TAVARES, L.; VIEIRA, J.; DORR, C.; VILLELA, F.; BARROS, A. 2012. Desempenho de genótipos de milho submetidos ao déficit hídrico no estágio vegetativo. *Magistra*, Cruz das Almas-BA, v. 24, n. 3, p. 217-225.

SALHUNA, W. S.; MACHADO, V. 1999. Razas de maíz en Paraguay. Consideraciones en la Organización y Utilización de los recursos Genéticos de Maíz. Pub. 025. USDA, ARS- PIM, MAG, Paraguay. 143p.

SANTOS, J., VENCOVSKY, R. 1986. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ciência e Prática*, Lavras, v. 10, n. 3. p. 265- 272.

SERRATOS, S. A. 2009. El origen y la diversidad del maíz en el continente americano. Comunicado técnico. Universidad Autónoma de la ciudad de México, Col. del Valle, México.

TEXEIRA, F. F. 2008. Milho cultivado no Brasil e banco de germoplasma uma forma de classificação da variabilidade genética. Comunicado técnico 155. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG.

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

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. C. 1990. Uma avaliação do potencial de diferentes locais para a discriminação genotípica entre cultivares de milho (*Zea mays* L.). Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, v. 13, n. 2, p. 23- 334.

WRAIGHT, S. 1921. Correlation and causation. Journal of Agricultural Research. Washington. v. 20, n. 7, p. 557 – 585.

XIE, C.; MOSJIDIS, J. A. 1996. Selection of stable cultivars using phenotypic variances. Crop Sci. 36: 572 – 576.

CAPÍTULO 1

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO TIPO AMILÁCEO EM RELAÇÃO A CARACTERÍSTICAS DO RENDIMENTO DE GRÃOS

RESUMO

O milho é uma das principais espécies de cereais cultivadas no mundo devido sua importância na alimentação de animais e humanos. O milho, especificamente a raça amilácea, tem alta variabilidade genética que pode ser utilizada no melhoramento genético da cultura, sendo de grande importância para identificação de genótipos adaptados e estáveis nos ambientes. O objetivo deste trabalho foi estudar a interação entre genótipos e ambientes, e avaliar adaptabilidade e estabilidade de híbridos duplos de milho amiláceo avaliados em três locais da Região Oriental do Paraguai (Capitan Miranda - Estado de Itapúa, Choré - Estado de San Pedro e Yjhovy - Estado de Canindeyu). Os caracteres avaliados foram floração masculina (FM), altura de planta até o ápice da pendão APL, aspecto de planta e produtividade de grãos (PG). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições e parcelas contendo 25 plantas. A análise de variância demonstrou diferenças significativas para todos os caracteres avaliados na localidade de Choré com nível de 1% de significância pelo teste F. Para a localidade de Capitan Miranda, no entanto, a PG e AP não foram significativos. A localidade Yjhovy o PG foi significativa aos 5%. A análise de variância conjunta mostrou uma interação significativa para híbridos por ambientes ao nível de 5 % de significância pelo teste F, para todos os caracteres, com exceção FM. A significância na fonte de variação GxA para maioria das características avaliadas confirma a existência de interação genótipos por ambientes; a maioria das características (PG, AP, APL) revelou a maior parte da interação do tipo complexo, com apenas a floração masculina (FM) do tipo simples; e os genótipos mais adaptados e estáveis pelo método de Lin e Binns foram o híbrido 41 e 24 que contiveram os menores valores de P_i geral.

Palavras chaves: Adaptabilidade e estabilidade, interação genótipo ambiente, Avati Morotí, raças.

ABSTRACT

Corn is one of the principal cereal species grown worldwide and important in the diet of animals and humans. Specifically corn starch race has high genetic variability expressed in several existing varieties that can be used in plant breeding. Being of great importance for the identification of genotype adapted and stables in different environments. In this study, the aim was to evaluate the interactions between duple hybrids and environments, and estimate the parameters of adaptability and stability of genotypes of corn starch. Forty four double hybrids of corn starch from three environments of the locations of the Eastern Region of Paraguay (Capitan Miranda - State Itapúa, Choré State - San Pedro and Yjhovy State - Canindeyu). The features used were the male flowering, height to the tassel apex, plant aspect and yield. The experimental design was a randomized block design with three replications and plots containing 25 plants. The analysis of variance showed significant differences for all traits in the locality of Choré with 1% level of significance by F test, while the location of Capitan Miranda grain yield (GY) and plant aspect (AP) were not significant. In the locality Yjhovy, the (GY) was significant at 5 %. The analysis of variance showed a significant interaction for hybrids by environment at the 5 % significance level for the F test, for all traits except male flowering. A significant at the source variation in the GE interaction for most of the evaluated features confirms the existence of interaction between genotype and environment; most of the features (GY, AP, APL) showed the main interaction of complex type with only flowering the male (FM) of the simple type; and genotypes more adaptable and stable by the method of Lin and Binns were the hybrid 41 and 24 which contained the lowest values of Pi general.

Keywords: Adaptability and stability, Avati Morotí, race, genotype environment interaction.

1. INTRODUÇÃO

O milho amiláceo é um dos principais alimentos dos habitantes rurais do Paraguai. A produção é principalmente destinada ao consumo em forma de milho verde, grãos e fubá, principal componente dos diferentes pratos típicos do país.

Os produtores do milho amiláceo em sua maioria são pequenos agricultores com baixos níveis de instrução, escassa capacidade empresarial e limitado poder de negociação na cadeia produtiva do milho. O minifúndio é um fator que incide fortemente na falta de produção a maior escala; sem embargo a produção do milho para consumo, na sua forma verde ou fubá é a mais importante fonte de ingresso para os produtores deste tipo de milho no país.

O rendimento nacional proporcionado pelo pequeno produtor está entre 1062 e 2500 kg.ha⁻¹ (Censo, 2009). Isto se deve a fatores, tais como, uso de sementes de baixa qualidade, manejo inadequado e variedades de baixo valor genético com ciclo longo e produtividade baixa. Frente a esta situação que o IPTA (Instituto Paraguai de Tecnologia Agrícola) em parceria com INBIO (Instituto de Biotecnologia Agrícola) vem trabalhando para gerar variedades de maior produtividade e ciclo precoce para o pequeno e mediano produtor.

Normalmente as variedades utilizadas pelos pequenos produtores são derivadas de pouco processo de melhoramento ou introduzidas de outras localidades ou, ainda, de outros países sem um estudo prévio da adaptabilidade e da estabilidade. Em trabalhos realizados por Machado et al. (2004) e Machado (2013), foram mostrados a importância do estudo de adaptabilidade e estabilidade para o milho antes de serem liberadas as cultivares no Paraguai.

Uma etapa importante no programa de melhoramento da espécie refere-se à recomendação de cultivares. Entretanto, ao se testar genótipos em diferentes ambientes, poderá ocorrer interação entre os efeitos de genótipos e os de ambientes, de forma que um genótipo superior, em um determinado ambiente, poderá não ser em outro ambiente, dificultando sua recomendação. A interação genótipo por ambiente (GxA) tem inúmeras implicações para os programas de melhoramento. Em milho, ela influencia especialmente a etapa de avaliação de híbridos superiores para a indicação de cultivares. Assim, a avaliação de híbridos precisa ser conduzida em diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo, o que torna essa etapa uma das mais trabalhosas e onerosas (Ribeiro e De Almeida, 2011). Quando a interação GxA é significativa, três

estratégias podem ser adotadas para atenuar o seu efeito: i) identificar cultivares específicos para cada ambiente, o que geralmente é inviável devido ao custo; ii) identificar genótipos com baixos níveis de interação, sendo a estratificação de ambientes em sub-regiões mais homogêneas uma estratégia que facilita a seleção de genótipos; e iii) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica (Eberhart e Russel, 1966). Quando se dispõe de uma rede de ambientes para avaliação dos cultivares, é fundamental avaliar ainda o grau de representatividade dos ensaios da faixa de adaptação da cultura, pois permite tomar decisões com relação a descartes de ambientes quando existirem problemas técnicos ou escassez de recursos. Além disso, permite identificar grupos de ambientes em que os genótipos apresentam padrões similares de resposta às variações ambientais, visando maior sucesso na recomendação dos mesmos (Cruz et al., 2012).

A interação GxA pode ser dividida em duas partes. Uma de natureza simples, quando não ocorre alteração das posições relativas dos genótipos avaliados, dentro de um conjunto de ambientes, tomados dois a dois. A outra, chamada de complexa, ocorre quando a correlação entre o desempenho dos genótipos ao longo dos ambientes em estudo é baixa, o que faz com que a posição relativa dos genótipos seja alterada em virtude das diferentes respostas às variações ambientais (Robertson, 1959). Segundo Cruz (2001), este comportamento diferencial atribuído à interação GxA e sua existência exige do melhorista estudo detalhado do comportamento das cultivares, por meio da análise de adaptabilidade e estabilidade, para garantir maior segurança às indicações de cultivares.

Existem vários métodos para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos, que são complementares à análise individual e conjunta dos dados experimentais resultantes de ensaios realizados em uma série de ambientes (Cruz e Carneiro, 2003). Esses métodos devem ser empregados quando ocorre interação GxA (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2012).

Visando a recomendação de cultivares de milho para a região oriental do Paraguai, o IPTA usa redes de ensaios distribuídas em vários campos e centros de investigação do país. No presente trabalho, foram estudados três locais contrastantes e localizados em regiões com alta produção de milho, com o intuito de avaliar a interação GxA, o tipo de interação e o híbrido mais adaptado e estável para uma recomendação antes de sua liberação ao produtor.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Locais de experimentação

O estudo foi realizado em três localidades da Região Oriental do Paraguai, Capitan Miranda - Estado de Itapúa situado a 27° 13'12'' S e 55° 47'59' W com 200 msnm; Choré - Estado de San Pedro situado a 24° 11' 60' S e 56° 34'00'W com 250 msnm e Yjhovy – Estado de Canindeyu situado a 24° 15' S e 55° 60'W com 200 msnm. Esses locais são considerados ambientes contrastantes quanto às condições de solo López et al., (1995) e de clima Dinac (2014). Na Figura 1 estão apresentados os locais e estados em que foram avaliados os ensaios.

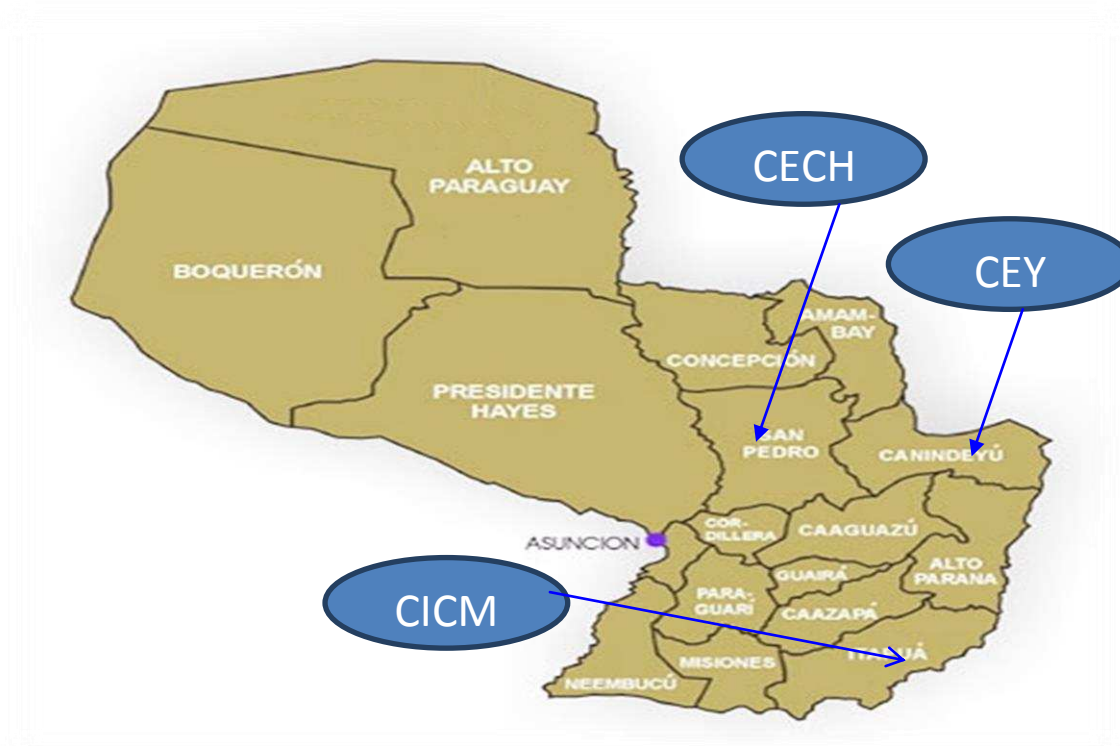


Figura 1: Estados e localidades da Região Oriental em que foram avaliados os ensaios. Paraguai. Biênio 2011/12.

2.2 Material genético

Foram utilizados 70 cruzamentos simples de diferentes origens, semeadas em duas fileiras de dez metros de comprimento, com separação de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. Com base na informação sobre o ciclo dos cruzamentos simples, foram selecionados quatro grupos de maturação e cada um deles semeados em forma escalonada permitindo o maior número de cruzamentos possível.

As polinizações foram realizadas entre os dias 02/02/2011 e 24/02/2011, obtendo-se um total de 145 híbridos duplos. A colheita dos materiais foi feita entre os períodos compreendidos do 05/05/2011 e 17/05/2011. A avaliação das características e pesagem dos grãos de todos os cruzamentos obtidos foi realizada entre os períodos do 07/05/2011 e 22/05/2011. Foram selecionados 132 híbridos duplos com suficientes sementes para serem avaliados em três localidades diferentes.

Tabela 1. Número de cruzamentos simples por grupo de maturação, data de semeadura e emergência de plântulas, na geração de cruzamentos duplos de Avati Moroti. Paraguai. Biênio 2011/2012.

Grupo de Maturação	Número de cruzamentos simples	Data	
		Semeadura	Emergência
Tardio	5	22/11/10	01/12/10
Intermediário	25	25/11/10	03/12/10
Precoce	26	29/11/10	05/12/10
Super-precoces	14	02/12/10	08-10/12/10

Para facilitar o manejo dos ensaios, os 132 cruzamentos foram divididos em três grupos de 44 híbridos cada um, de acordo com a precocidade, sendo o Grupo I, tardio, o Grupo II, Intermediário e Grupo III, Precoces. A cada grupo foi agregado cinco cultivares como testemunhas: a variedade experimental GVS 254; duas variedades do Programa de Investigação de Milho (PIM-IPTA), GV 252 e GV 253; e duas variedades comumente utilizadas por agricultores, AM Choré e AM San Juan Bautista.

Tabela 2. Descrição dos híbridos duplos e as testemunhas utilizadas no experimento. Paraguai. Biênio 2011/12.

Grupo III(Precoces)								
Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia	Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia	Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia
1	1	1 x 8	17	17	6 x 43	33	33	15 x 40
2	2	1 x 9	18	18	6 x 55	34	34	15 x 46
3	3	1 x 12	19	19	8 x 6	35	35	15 x 52
4	4	1 x 36	20	20	8 x 55	36	36	15 x 58
5	5	1 x 37	21	21	9 x 4	37	37	16 x 18
6	6	1 x 40	22	22	9 x 26	38	38	16 x 26
7	7	1 x 55	23	23	11 x 1	39	39	18 x 38
8	8	3 x 8	24	24	11 x 46	40	40	18 x 42
9	9	3 x 38	25	25	11 x 55	41	41	18 x 52
10	10	4 x 8	26	26	12 x 3	42	42	18 x 58
11	11	4 x 11	27	27	12 x 16	43	43	18 x 59
12	12	4 x 21	28	28	12 x 28	44	44	19 x 36
13	13	6 x 11	29	29	14 x 21	45	133	GV 252
14	14	6 x 12	30	30	14 x 42	46	134	GV 253
15	15	6 x 36	31	31	14 x 69	47	135	SINT 6
16	16	6 x 40	32	32	15 x 36	48	136	AMCHORÉ
						49	137	AMSJBTA

¹: Genótipo, ²: Entrada

Para este trabalho só foi considerado o grupo precoce.

2.3 Delineamento experimental

Foi considerado o delineamento de blocos casualizados com três repetições. O tamanho da unidade experimental foi uma fileira de 5,00 metros de comprimento, com separação de 0,90 metros entre fileiras e 0,20 metro entre plantas, ajustando assim uma população de 55555 plantas por hectare.

2.4 Avaliação Agronômica

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- **Florecimento masculina (FM):** data em que 50% das plantas na parcela útil emitem pólen, expresso em dias;
- **Altura de planta (APL):** média de três plantas, medido desde o nível do solo até o ápice da planta, realizado na maturidade fisiológica até o dia da colheita, expressado em centímetros;
- **Aspecto de planta (AP):** registrado com as plantas ainda verdes e com espigas totalmente formadas, qualificando-se pela uniformidade da altura de inserção das espigas e da planta; danos causados por insetos e doenças, plantas tombadas - quebradas em especial ao rendimento esperado de acordo ao tamanho e número de espigas na planta. Utilizou-se escala de 1 a 5, em que 1 é considerada melhor condição e 5 pior condição;
- **Produtividade de grãos (PG):** calculado usando o peso de grão obtido na parcela útil e a área da mesma parcela, expresso em quilogramas por hectares.

O rendimento foi ajustado a 13% de umidade. Para calcular o rendimento por hectare efetuou-se uma correção por população dentro de cada unidade experimental pela fórmula adaptada de Leclercg (1966):

$$P_{corregido} = P_{campo} \left[(42) - (0,3 * M) / (42 - M) \right]$$

em que:

M = número de plantas faltantes

E para a correção da umidade foi usado o métodos proposto por Avila e Sanches (1978):

$$P_{corregido} = P_{campo} \left[(100) - (\%U) / (100 - 13) \right]$$

em que:

U = umidade de grão.

2.5 Análises estatística

Os dados foram submetidos a análise de variância e as médias agrupadas pelo procedimento de agrupamento de Scott-Knott (Scott e Knott, 1974) em nível de 5 % de probabilidade.

2.5.1 Análise de variância individual

Inicialmente, os dados de cada ambiente, foram submetidos à análise de variância individual para todos os ambientes, visando detectar variabilidade entre os híbridos e a testemunhas, com base no modelo:

$$Y_{ik} = m + T_i + B_k + E_{ik}$$

em que:

Y_{ik} = valor observado do i-ésimo genótipo, no k-ésimo bloco;

m = média geral;

T_i = efeito do i-ésimo Tratamento T [genótipo G_i ($i = 1, 2, \dots, g$) ou testemunha t_i ($i = 1, 2, \dots, t$)];

B_k = efeito do bloco k ($k = 1, 2, \dots, r$); e

E_{ik} = erro aleatório.

Considerou-se ainda as pressuposições:

$$a) \sum_{i=1}^T T_i = 0; \sum_{i=1}^g G_i = 0; \sum_{i=1}^t t_i = 0;$$

$$b) B_k \sim NID(0, \sigma_b^2);$$

$$c) E_{ik} \sim NID(0, \sigma^2); e$$

d) B_k e E_{ik} são independentes.

O esquema da análise de variância, para cada ambiente, encontra-se no Quadro 1.

Quadro 1. Esquema da análise de variância individual e esperanças de quadrado médio

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Blocos	r-1	SQB	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Tratamentos	T-1	SQT	QMT	-
Híbridos	g-1	SQG	QMG	$\sigma^2 + r\phi_g$
Testemunhas	t-1	SQt	QMt	-
Hib vs Test	1	SQC	QMC	-
Resíduo	(r-1)(T-1)	SQR	QMR	σ^2

$$\phi_g = \sum_i G_i^2 / (g - 1)$$

2.5.2 Análise de variância conjunta

A análise conjunta foi realizada visando estimar o componente da interação genótipos x ambientes, conforme o modelo a seguir:

$$Y_{ijk} = m + T_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$$

Y_{ijk} = valor observado do i-ésimo genótipo, no j-ésimo ambiente e no k-ésimo bloco;

m = média geral;

T_i = efeito do i-ésimo Tratamento (Fixo) T [genótipo G_i ($i = 1, 2, \dots, g$) testemunha t_i ($i = 1, 2, \dots, t$)];

B/A_{jk} = efeito do bloco k dentro do ambiente j ($k = 1, 2, \dots, r$);

A_j = efeito do j-ésimo ambiente, ($j = 1, 2, \dots, a$);

TA_{ij} = efeito da interação do i-ésimo (Híbrido ou testemunha) com o j-ésimo ambiente; e

E_{ijk} = erro médio aleatório.

Pressuposições:

- Os T_i (ou G_i ou t_i) são de efeitos fixos;
- $B/A_{jk} \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;
- $A_j \sim \text{NID}(0, \sigma_a^2)$;
- $GA_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_{ga}^2)$;
- $E_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$; e
- B/A_{jk} , A_j , GA_{ij} , e E_{ijk} são independentes entre si.

O esquema da análise de variância conjunta e respectivas esperanças de quadrados médios encontram-se no Quadro 2.

Quadro 2. Esquemas da análise de variância conjuntos e respectivos esperanças de quadrados médios.

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
BLOCOS/AMB	a(r-1)	SQB	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_{b/a}^2$
TRATAMENTO	T-1	SQT	QMT	-
HIB	g-1	SQH	QMH	$\sigma^2 + r\alpha\sigma_{ga}^2 + ar\phi_T$
TEST	t-1	SQt	QMt	-
HIB vs TEST	1	SQC	QMC	-
AMBIENTES	a-1	SQA	QMA	$\sigma^2 + g\sigma_{b/a}^2 + gr\sigma_a^2$
TRAT x AMB	(T-1)(a-1)	SQTA	QMTA	-
HIB x AMB	(g-1)(a-1)	SQHA	QMHA	$\sigma^2 + r\alpha\sigma_{ga}^2$
TEST x AMB	(t-1)(a-1)	SQtA	QMtA	-
(HIB vs TEST)AMB	(a-1)	SQC	QMC	-
RESÍDUO	a(T-1)(r-1)	SQR	QMR	σ^2

$$\alpha = g/(g - 1)$$

$$\phi_g = \sum_i G_i^2 / (g - 1)$$

2.5.3 Decomposição da Interação em Parte Complexa

A decomposição da interação em parte complexa foi realizada segundo Cruz e Castoldi (1991). Essa decomposição estabelece que a parte complexa seja obtida pela expressão: $C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 \cdot Q_2}$, sendo Q_1 e Q_2 os quadrados médios dos genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e r a correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes.

2.5.4 Estimador da Estabilidade Genotípica - Método de Lin e Binns (1988)

Com os resultados, realizou-se posteriormente a análise de adaptabilidade e estabilidade fundamentada em estatística não paramétrica de Lin e Binns (1988) caracterizada pela expressão:

$$P_i = \sum_{j=1}^a \left(\frac{X_{ij} - M_j}{2a} \right)^2$$

Em que P_i é a estimativa de adaptabilidade e estabilidade do cultivar i , X_{ij} produtividade do i – cultivar no j – ésimo local, M é a máxima resposta observada entre todos os cultivares no local j e a o número dos ambientes.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o Programa Genes (Cruz, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise de variância individual

Na Tabela 3, são apresentados os resumos das análises de variância em cada ambiente, a média e o coeficiente de variação experimental (CV) para os caracteres avaliados. As análises evidenciaram boa precisão experimental, avaliada pelo CV (Pimentel-Gomes, 1990), com estimativas inferiores a 18,126 % para produtividade de grãos (Scapim et al., 1995).

Considerando a produtividade de grãos, observou-se que, na localidade de Choré e Yjhovy, houve diferença significativa ($P < 0,05$) entre os híbridos. O ensaio de Capitan Miranda não apresentou diferenças significativas para produtividade de grãos. A ausência de diferenças significativa entre os híbridos no ensaio de Capitan Miranda pode ter sido ocasionada devido ao estresse hídrico (Apêndice E), registrado nessa localidade, de forma que os híbridos apresentaram baixas produtividades. Os ensaios de Choré e Yjhovy apresentaram melhores condições ambientais, principalmente de solo, por se constituir campos experimentais recém implantados, para o desenvolvimento dos híbridos. Em relação ao contraste Híb vs Test, foram registrada diferença, com significância ($P < 0,01$), para as localidades de Capitan Miranda e Chore. Não foi detectada significância estatística para o contraste em Yjhovy, isto poderia ser devido a que o ensaio foi instalado em parcela de pouco uso com boa fertilidade e boas precipitações registradas durante o experimento permitindo assim desenvolvimento homogêneo para os tratamentos.

Para o variável aspecto de planta AP, observou-se que, na localidade de Choré e Yjhovy, houve diferença significativa ($P < 0,01$) entre os híbridos. O ensaio de Capitan Miranda foi novamente o que não apresentou diferenças significativas, essa falta de significância pode ter sido pelas condições desfavoráveis para este local. Por tanto para o contraste (Hib vs Test), foram significativos para todas a localidades.

Na variável floração masculina FM, foram significativo ($P < 0,01$) entre os híbridos e (Hib vs Test) para todas as localidades, demonstrando assim a existência de genótipo (híbridos) que poderia ser liberado visando precocidade deles.

Tabela 3. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação (CV) para produtividade de grãos (PG), aspecto de planta (AP), floração masculina (FM) e altura de planta (APL) avaliada em três locais. Paraguai. Biênio 2011/12.

FV	GL	CAPITAN MIRANDA				CHORE				YJHOVY			
		QM				QM				QM			
		PG	AP	FM	APL	PG	AP	FM	APL	PG	AP	FM	APL
BLOCO	2	773969,33	0,109	2,592	1,200,677	1,215,971,435	0,158	2,592	1,881,775	1,595,309,416	1,481	0,129	589,893
TRAT	48	413537,458**	0,621**	46,853**	211,812**	879300,849**	0,469**	41,841**	432,580**	1793461,014*	0,572**	24,973**	534,000**
HIB	43	273609,972ns	0,414ns	27,371**	200,563**	833596,285*	0,363**	19,761**	431,860**	1830427,964*	0,559**	14,172**	542,538**
TEST	4	527406,233*	0,308ns	23,833**	205,762ns	433680,1 ns	0,142ns	43,233**	377,434*	1422367,459ns	0,275ns	15,6 **	383,149*
Hib vs Test	1	5974944,256**	10,745**	976,636**	719,722**	4627080,083**	6,345**	985,693**	684,130*	1688256,359ns	2,313**	526,913**	770,287*
Resíduo	96	203491,48	0,282	2,571	87,849	477,669,303	0,184	3,849	138,135	1,040,632,528	0,21	2,789	139,945
M. Geral		2,488,667	2,565	68,02	237,569	4,096,503	2,184	58,918	283,654	6,213,982	2,394	66,85	272,669
M. Híbridos		2,556,629	2,473	67,151	236,823	4,156,311	2,114	58,045	282,926	6,250,107	2,352	66,212	271,897
M. Test		1890,6	3,367	75,667	244,133	3570,2	2,8	66,6	290,053	5,896,073	2,767	72,467	279,46
CV (%)		18,126	20,722	2,357	3,945	16,871	19,654	3,329	4,143	16,416	19,158	2,498	4,338

*, **, ns Significativo a 5% e 1% de probabilidade, e não significativo pelo teste de F, respectivamente.

Para a altura de planta APL, observou-se significância para todas as localidades entres os híbridos ($P < 0,01$). Para a fonte de variação (Hib vs Test) observou-se significância para as localidades de Chore ($P < 0,05$) e Yjhovy e para Capitan Miranda ($P < 0,01$), mostrando maior diferença entre os híbridos e as testemunhas na última localidade mencionada.

Em relação à produtividade de grãos nos ensaios verifica-se que houve grande variação, com valores extremos de $2488,667 \text{ kg.ha}^{-1}$, no ensaio de Capitan Miranda, até $6213,982 \text{ kg.ha}^{-1}$, no ensaio de Yjhovy. Esta variação deve-se, principalmente, às características dos ambientes nos quais os híbridos foram avaliados principalmente ao fator de fertilidade do solo tendo em vista que uma das localidades experimentais (Yjhovy) foi recentemente incluída na rede de experimentação constituindo-se, portanto, de um solo mais novo e fértil em termo de área agricultável. As médias de produtividade alcançadas pelos híbridos testados foram semelhantes às obtidas por Machado et al., (2002), para milho tipo amiláceo. Estes valores de produtividade foram muito superiores ao rendimento médio do cultivar Avati Morotô registrado no país ($2000\text{--}2500 \text{ kg.ha}^{-1}$) – Alvarez e Machado (1986). Isto significa que os híbridos avaliados têm elevado potencial produtivo e o desempenho deles depende grandemente dos ambientes em que foram avaliados.

Por outro lado, os valores da razão entre o maior e menor quadrado médio residual, em que se constata que estes não foram superiores a sete, obedecendo assim aos critérios de homogeneidade dos quadrados médios residuais para realização da análise de variância conjunta (Pimentel-Gomes, 1990).

3.2 Análise de variância conjunta

Na Tabela 4, são apresentados os resumos das análises de variância conjunta, a média e o coeficiente de variação experimental (CV) para os caracteres avaliados. As análises evidenciaram boa precisão experimental, dada as estimativas de CV com estimativas inferiores a 17,757% para produtividade de grãos (Pimentel-Gomes, 1990).

Observam-se na mesma tabela diferenças significativas 1% de probabilidade por meio do teste F, para todas as quatro características avaliadas, na fonte de variação híbrido, o que corrobora a existência de variabilidade detectada nas análises individuais. Para o fonte de variação (Hib vs Test) as variáveis PG e AP foram significativas a ($P < 0,05$), e para as variáveis de FM e APL foram significativo ($P < 0,01$) confirmando a existência de híbridos precoce e de porte mais baixo que as testemunhas.

TABELA 4. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação (CV) para produtividade de grãos (PG), aspecto de planta (AP), floração masculina (FM) e altura de planta (APL) avaliados em três ensaios de milho amiláceo. Paraguai. Biênio 2011/12.

FV	GL	QM			
		PG	AP	FM	APL
BLOCO/AMB	6	1195083,4	0,583	1,771	1224,115
TRAT	48	1567061,359 **	1,062 **	106,086 **	835,520 **
HIB	43	1407320,469 **	0,718 **	55,198 **	834,331 **
TEST	4	780354,412 ns	0,564 *	69,022 **	513,971 ns
HIB vs TEST	1	11582747,449 *	17,850*	2442,540 **	2172,852 **
AMBIENTES	2	513197203,220**	5,354 *	3604,744 **	85172,625**
TRAT x AMB	96	759618,981 *	0,299 *	3,790 ns	171,436 *
HIB x AMB	86	765156,876 *	0,309 *	3,053 ns	170,315 *
TEST x AMB	8	801549,690 ns	0,080 ns	6,822 *	226,187 ns
(HIB vs TEST) AMB	2	353766,624 ns	0,777 *	23,351 **	0,644 ns
RESIDUO	288	573931,1	0,226	3,069	121,976
Média		4266,384	2,381	64,596	264,631
Médias Híbridos		4321,0156	2,313	63,803	263,882
Médias Testemunhas		3785,624	2,978	71,578	271,215
CV (%)		17,757	19,953	2,712	4,173
Razão (>QMr/<QMr)		5,114	1,533	1,497	1,593

**, *, ns Significativo a 1 %, a 5 % de probabilidade e não significativo pelo teste de F, respectivamente.

Para a fonte de variação ambiente, houve diferenças significativas, em nível de 1 % de probabilidade, para todas as características avaliadas, o que indica variabilidade entre locais, fato importante para tornar o processo de indicação de genótipos superiores mais eficientes pressupondo que os locais envolvidos na experimentação sejam, de fato, representativos da região de cultivo e aptidão agrícola dos cultivares ou híbridos de milho. Essas diferenças significativas encontradas entre os ambientes podem ser explicadas pelas diferenças de solo e climáticas entre os locais dos ensaios e por pequenas diferenças de tratamentos culturais que possam ter ocorrido desde o preparo do solo até a colheita, além de outras intempéries que possam ter ocorrido durante o ciclo da cultura em cada localidade onde foram instalados os experimentos.

Todas as características, com exceção de floração masculina, revelaram diferenças significativas, em nível de 5 % de probabilidade pelo teste F, para a fonte de variação interação HIB x AMB. Resultados semelhantes foram obtidos por Gonçalves et al. (1999), Souza et al. (2002), e Cardoso et al. (2003). A significância verificada na fonte de variação interação HIB x AMB, mostra que houve diferença no comportamento dos genótipos, na manifestação ambiental, e que, de um local para outro, os híbridos mostraram manifestação fenotípica inconsistente perante as variações ambientais. O efeito desta interação tem sido estudado em todas as regiões dos países, tanto para os

diversos tipos de cultivares existentes no mercado, como para vários tipos de famílias obtidos na cultura do milho (Carvalho et al., 1992).

A significância da interação HIB x AMB adverte sobre a necessidade de se identificarem as cultivares com adaptação mais específica, ou que seja menos afetada pela variação dos ambientes. A interação ocorre quando há respostas diferenciadas dos genótipos em relação do ambiente (Cruz et al., 2012). Segundo Borém e Miranda (2013), a interação Genótipos x Ambientes, de maneira geral, constitui um importante fator e um desafio para melhoristas e agrônomos que atuam na recomendação de cultivares.

3.3 Agrupamentos de Médias

Na Tabela 5 estão apresentados estimativos das médias de quatro características avaliadas em 44 híbridos de milho amiláceo, juntamente com respectivos agrupamentos pelo procedimento de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade, e a médias das testemunhas para os ambientes Capitan Miranda, Choré e Yjhovy.

Para produção de grão PG foram formados um grupo na localidade de Choré e Capitan Miranda e dois grupos em Yjhovy. Os híbridos com média mais alta em Yjhovy foram 33, 17, 24 e 26; na localidade de Capitan Miranda, 31, 15, 28 e 35; e em Choré, 32, 31, 19 e 27. Também pode ser observar as medias das testemunhas que foram amplamente superados pela médias dos melhores híbridos para todas as localidades.

Pode se observar que somente o híbrido 31 foi superior nas localidades Capitan Miranda e Choré. Os piores híbridos para produção de grão foram o 5, 10 e 22 para a localidade de Yjhovy. Como nas demais localidades não houve diferença significativa, a média obtida para os mesmos híbridos também foram as mais baixas.

Para variável aspecto de planta AP, os híbridos 26, 33, 35 e 15; 41, 19, 27 e 32; 11, 43, 41 e 32 foram os que apresentaram menores valores para as localidades de Capitan Miranda, Choré e Yjhovy, respectivamente. Estes foram os híbridos que apresentaram melhores aspectos de planta. É válido ressaltar que nem sempre aquelas plantas de melhor aspecto foram as que apresentaram maior produtividade, uma vez que muitos fatores são considerados para o aspecto de planta. O híbrido 5 foi o que apresentou maior valor em todos os locais sendo o híbrido de menor PG. É importante destacar que a maioria das testemunhas apresentaram valores de AP alta a exceção do genótipo 47, que apresentou o menor valor, isso devido ao que o material é mais promissório.

Tabela 5. Agrupamento de Scott-Knott para produtividade de grãos (PG), aspecto de planta (AP), floração masculina (FM) e altura de planta (APL) avaliados em três ensaios de milho amilacéo. Paraguai. Biênio 2011/12.

GEN	CAPITAN MIRANDA					CHORÉ					YJHOVY													
	PG	AP	FM	APL		PG	AP	FM	APL		PG	AP	FM	APL										
1	2345,67	a	2,67	a	69,33	b	237,13	a	3802,00	a	2,83	a	58,67	b	267,10	b	5947,50	b	2,50	a	66,67	a	259,33	c
2	2635,67	a	2,67	a	66,00	c	247,77	a	3538,00	a	2,50	a	58,67	b	292,90	a	6912,60	a	2,83	a	65,00	b	266,43	c
3	2467,67	a	2,83	a	65,67	c	236,33	b	3764,00	a	2,33	a	58,00	b	287,77	a	5399,70	b	3,00	a	66,33	a	261,33	c
4	2635,33	a	2,50	a	68,33	b	229,03	b	4898,00	a	2,00	b	57,67	b	270,33	b	6405,80	a	2,00	b	66,00	a	241,77	c
5	1903,33	a	3,33	a	68,67	b	227,47	b	2807,33	a	2,83	a	60,67	a	264,23	b	4834,77	b	3,33	a	68,33	a	268,10	c
6	2629,00	a	2,67	a	71,33	a	232,67	b	4230,33	a	2,50	a	60,67	a	270,33	b	5859,37	b	2,67	a	68,67	a	272,30	b
7	2500,33	a	2,50	a	69,67	b	233,53	b	4121,67	a	2,33	a	60,67	a	288,23	a	5384,53	b	2,83	a	65,67	b	281,77	b
8	2241,00	a	3,17	a	67,67	b	236,00	b	4094,67	a	2,00	b	57,67	b	294,80	a	4378,93	b	2,50	a	66,67	a	276,20	b
9	2631,00	a	2,33	b	63,00	d	243,67	a	4290,00	a	2,33	a	55,33	c	285,53	a	5756,13	b	2,50	a	63,33	b	265,77	c
10	2421,33	a	2,33	b	63,67	d	233,90	b	3183,00	a	2,33	a	54,33	c	265,23	b	4632,03	b	2,50	a	63,33	b	256,43	c
11	2664,67	a	2,33	b	70,00	b	234,03	b	4624,67	a	2,17	a	61,00	a	288,33	a	6576,87	a	1,50	b	68,00	a	272,33	c
12	2422,67	a	2,67	a	68,33	b	225,57	b	4219,33	a	1,67	b	59,33	b	284,87	a	6066,03	b	2,00	b	67,33	a	261,53	c
13	2457,33	a	2,50	a	67,33	b	230,47	b	3952,67	a	2,00	b	59,00	b	275,80	b	5658,23	b	2,17	b	65,67	b	258,80	c
14	2358,33	a	2,33	b	63,33	d	232,00	b	3283,33	a	2,17	a	55,00	c	258,97	b	6788,20	a	2,33	a	63,00	b	258,37	c
15	3185,33	a	2,00	b	62,00	d	238,33	a	4192,33	a	2,50	a	54,33	c	263,77	b	6400,87	a	2,33	a	64,00	b	269,97	c
16	2303,67	a	2,83	a	72,00	a	239,80	a	4115,33	a	2,00	b	60,67	a	294,03	a	6962,03	a	2,00	b	69,33	a	287,37	b
17	2459,00	a	2,67	a	71,00	a	247,30	a	4490,33	a	1,67	b	60,33	a	300,70	a	7181,63	a	2,50	a	69,67	a	292,57	a
18	2438,00	a	3,00	a	70,00	b	255,53	a	4185,00	a	2,00	b	59,33	b	300,33	a	5176,93	b	3,00	a	68,00	a	304,43	a
19	2398,67	a	2,17	b	69,33	b	250,47	a	4998,67	a	1,83	b	59,33	b	307,00	a	6732,37	a	2,17	b	67,33	a	286,67	b
20	2605,33	a	2,83	a	71,33	a	240,47	a	3895,67	a	2,50	a	62,00	a	297,00	a	6709,37	a	3,00	a	68,33	a	300,33	b
21	2547,00	a	2,33	b	72,33	a	256,23	a	3809,33	a	2,00	b	63,00	a	305,57	a	6102,73	b	2,67	a	70,00	a	303,13	a
22	2316,33	a	2,67	a	72,67	a	229,20	b	3355,67	a	2,50	a	63,67	a	277,43	b	5662,60	b	2,17	b	71,00	a	276,90	b
23	2683,33	a	2,00	b	69,00	b	238,57	a	4659,33	a	1,67	b	58,33	b	294,10	a	6448,60	a	1,83	b	67,33	a	250,67	c
24	2498,67	a	2,67	a	69,33	b	242,63	a	4680,33	a	2,00	b	58,00	b	273,10	b	7343,70	a	2,50	a	68,00	a	281,67	b
25	2470,00	a	2,83	a	68,00	b	233,10	b	4205,67	a	1,83	b	57,33	b	270,53	b	6533,00	a	2,00	b	66,00	b	259,10	c
26	3123,67	a	1,33	b	64,67	c	244,57	a	3728,00	a	1,83	b	58,33	b	284,43	a	7327,40	a	2,33	a	65,33	b	258,13	c
27	2312,00	a	2,50	a	66,33	c	239,00	a	4940,67	a	1,50	b	55,33	c	285,53	a	6817,97	a	1,83	b	65,67	b	282,47	b
28	3101,00	a	2,33	b	66,00	c	238,67	a	3883,67	a	2,50	a	57,33	b	291,00	a	5974,97	b	2,33	a	64,00	b	275,77	b
29	2320,00	a	2,67	a	62,67	d	227,03	b	4011,00	a	2,00	b	53,67	c	268,33	b	5150,27	b	2,50	a	62,33	b	272,10	c
30	2837,33	a	2,50	a	62,67	d	245,33	a	3931,33	a	1,83	b	55,33	c	294,10	a	6300,57	a	2,83	a	63,00	b	265,53	c
31	3277,00	a	2,00	b	69,00	b	247,03	a	5150,00	a	2,33	a	59,33	b	292,23	a	5876,80	b	2,33	a	67,33	a	281,03	b
32	2940,00	a	2,00	b	65,67	c	239,10	a	5325,00	a	1,50	b	56,67	c	290,80	a	6380,23	a	1,83	b	64,00	b	269,00	c
33	2982,33	a	1,67	b	66,33	c	242,87	a	3970,33	a	2,50	a	55,67	c	281,10	b	7796,70	a	2,67	a	68,67	a	285,67	b
34	2597,33	a	2,67	a	64,67	c	226,67	b	4414,67	a	2,17	a	56,33	c	277,20	b	6487,33	a	2,00	b	64,00	b	272,10	c
35	3095,00	a	2,00	b	64,33	c	238,00	a	4085,33	a	2,17	a	58,67	b	282,23	a	5476,30	b	3,00	a	64,33	b	267,53	c
36	2352,33	a	2,50	a	61,67	d	231,10	b	3847,00	a	2,33	a	54,00	c	269,80	b	6460,13	a	2,33	a	63,00	b	266,10	c
37	2073,67	a	2,50	a	67,33	b	229,00	b	3600,67	a	2,33	a	58,00	b	276,43	b	6805,77	a	2,00	b	65,67	b	265,33	c
38	2406,33	a	2,33	b	64,67	c	236,43	b	4609,33	a	2,33	a	56,00	c	283,37	a	5898,77	b	2,50	a	65,33	b	263,90	c
39	2195,33	a	2,50	a	66,00	c	238,47	a	4178,00	a	2,33	a	57,33	b	289,23	a	6256,00	a	2,50	a	64,67	b	279,80	b
40	2647,67	a	2,17	b	61,67	d	232,33	b	4592,33	a	2,00	b	51,67	c	279,10	b	5585,10	b	2,67	a	63,33	b	263,33	c
41	2750,67	a	2,33	b	68,33	b	242,57	a	4842,00	a	1,33	b	60,33	a	292,87	a	7187,67	a	1,67	b	66,67	a	281,33	b
42	2211,67	a	2,83	a	69,00	b	224,77	b	4293,67	a	1,83	b	58,00	b	287,00	a	6822,57	a	2,17	b	68,33	a	259,10	c
43	2722,67	a	2,50	a	67,33	b	224,87	b	4104,33	a	1,67	b	59,33	b	276,13	b	7074,27	a	1,50	b	67,67	a	275,77	b
44	2327,00	a	2,67	a	67,00	b	221,23	b	3973,67	a	2,00	b	59,67	b	269,87	b	7271,40	a	1,67	b	67,00	a	266,23	c
45	2194,33	3,5	77		248				3782	2,83	70,33	305,56		5353,46	2,83	74,66	290,3							
46	2030,33	3,16	73,33	235,86					3648,33	3	60,66	291,33		7068,46	2,83	69,33	289,23							
47	2169,66	3	74,33	238,66					3375,33	2,66	67,66	278,9		5897,03	2,33	71,33	263,43							
48	1174	3,83	80	256,56					4015	3	69	279,46		5700,36	3,16	74,66	276,8							
49	1884,66	3,33	73,66	241,56					3030,33	2,5	65,33	295		5461,03	2,66	72,33	278,53							

Para FM os híbridos 40, 36, 30 e 29 foram os que apresentaram menor dia de florescimento em todos os locais. O 40 foi o de maior precocidade entre todos. Considerando a variável dia de florescimento, este apresentou valores médios de 51,67; 61,67 e 63,33 para as localidades de Choré, Capitan Miranda e Yjhovy, respectivamente, podendo esta variação estar relacionado à ubiquação geográfica e a variação de horas luz entre as localidades. Isso retrata que o fato de as condições entre os locais serem bem contrastantes entre si. É possível ver também que as testemunhas

foram os mais tardios que os híbridos mencionados mais acima, atingido assim o objetivo do programa que é obter cultivares mais precoce.

O comportamento dos híbridos para altura de planta APL foram diferentes para todos os ambientes avaliados, sendo os híbridos 44, 4, 43 e 12; 15, 5, 1 e 44; 4, 14, 13 e 1 para as localidades de Capitan Miranda, Choré e Yjhovy, respectivamente, o que apresentaram menores valores de altura. As maiores alturas de planta foram apresentados pelos híbridos 21 e 18 para todas as localidades. As testemunhas também foram os que apresentaram as maiores altura de planta.

3.4 Desdobramentos da Interação GxA em Partes Simples e Complexa

A existência de respostas diferenciadas de genótipos às variações ambientais tem sido frequentemente constatada. Essa interação, além de influenciar os ganhos genéticos, dificulta a recomendação para mais de um ambiente. Neste sentido, realizou-se procedimento para obtenção das estimativas da parte complexa das interações (% C), em diferentes híbridos de milho amiláceo avaliados em três ambientes. Foi constatada interação significativa na fonte de variação GxA para as características PG, AP e APL (Tabela 4). Apenas o caractere FM não expressou significância para esta fonte de variação.

Tabela 6. Estimativas das Interações Complexas (%C), para produtividade de grãos (PG), aspecto de planta (AP), floração masculina (FM) e altura de planta (APL) avaliados em três ensaios de milho amilacéo. Paraguai. Biênio 2011/12.

Características	Estimativas Percentuais das Interações Complexas ¹	Estimativas Percentuais das Interações Complexas ²
PG	62,014	55,270
AP	98,612	87,952
FM ³	63,099	19,289
APL	77,501	51,131

¹. Método de Robertson (1959); ². Método de Cruz e Castoldi (1991).

³. Efeito com interação GxA não significativa

Avaliando-se os dados da Tabela 6 nota-se que a maioria das características revelou interação complexa superior a 50%. Apenas a característica floração masculina apresentou valor inferior de 50% pelo método de Cruz e Castoldi (1991), o que é bastante coerente tendo em vista que, de fato, não houve manifestação da interação GxA para este caractere. Esses resultados foram similares aos obtidos por Garbuglio et al., (2007) e Ribeiro e Almeida (2011). A interação de tipo complexa indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, ou seja, haverá

genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, tornando mais difícil a seleção e/ou a recomendação destes (Cruz et al., 2012)

Nos resultados obtidos comprovam que a maior parte da interação foi do tipo complexas. Desse modo, as diferenças entre os ambientes, Capitan Miranda, Choré e Yjhovy foram suficientemente elevadas para o estabelecimento de programas de melhoramento próprios para cada ambiente (Tabela 6), considerando os caracteres estudados.

Segundo Carvalho et al. (2002), a seleção e a recomendação de genótipos mais produtivos são objetivos básicos dos programas de melhoramento genético de qualquer espécie cultivada. O processo de seleção é frequentemente, realizado pelo desempenho dos genótipos em diferentes ambientes. Contudo, a decisão de recomendação de novas cultivares normalmente é dificultada pela ocorrência da interação genótipos x ambientes.

3.5 Estatística Pi de Superioridade Genotípica (Lin e Binns, 1988)

Tendo em vista a ocorrência de interação híbridos x ambientes significativa torna-se necessário realizar estudos pormenorizado e detalhado do desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes. Pelas estimativas da estatística Pi, de Lin e Binns (1988), expostas na Tabela 7, verifica-se que os híbridos 41 e 24, respectivamente, foram os que contiveram os menores valores de Pi geral e maior média para PG, sendo desta forma, considerados os mais adaptados e estáveis.

A alta correlação entre média e a medida da estabilidade fenotípica é uma característica do método de Lins e Binns (1988), pois associa estabilidade com a capacidade dos genótipos de apresentar o menor desvio em relação ao máximo, em todos os ambientes do estudo. Essa é considerada a maior vantagem desse método, pois consegue identificar os genótipos mais estáveis sempre entre os mais produtivos, como observado também por Cargnelutti Filho et al. (2007) para produtividade grão na cultura de milho.

Se a seleção é baseada somente no Pi, um genótipo com adaptabilidade estreita, isto é, pobre em adaptabilidade geral, mas com boa adaptabilidade específica, poderá ser descartado. Para evitar esse tipo de problema os autores propuseram a decomposição do Pi em duas partes: a primeira seria atribuída ao desvio genético em relação ao máximo, isto é, uma soma de quadrados de genótipos; a segunda à parte da interação

Tabela 7. Estimativas dos parâmetros de estabilidade proposto por Lin e Binns (1988) para produtividade de grãos (PG), aspecto de planta (AP), floração masculina (FM) e altura de planta (APL) avaliados em três ensaios de milho amilacéo. Paraguai. Biênio 2011/12.

GEN	PG		GEN	AP		GEN	FM		GEN	APL	
	Média	Pi		Média	Pi		Média	Pi		Média	Pi
41	4926,78	146872,90	5	3,17	0,00	22	69,11	0,00	21	288,31	0,62
24	4840,90	204434,48	20	2,78	0,08	21	68,44	0,26	18	286,77	7,49
17	4776,99	256345,46	3	2,72	0,10	20	67,22	1,94	17	280,19	43,39
33	4916,46	320325,04	2	2,67	0,13	16	67,33	2,04	19	281,38	58,15
19	4709,90	335128,06	18	2,67	0,15	17	67,00	2,61	20	279,27	60,90
27	4690,21	339476,01	6	2,61	0,17	6	66,89	2,70	16	273,73	121,58
32	4881,74	353324,47	1	2,67	0,19	11	66,33	3,87	31	273,43	141,71
43	4633,76	386537,08	7	2,56	0,20	5	65,89	5,35	41	272,26	153,36
11	4622,07	392235,38	8	2,56	0,24	18	65,78	5,81	33	269,88	200,28
4	4646,38	421444,65	39	2,44	0,27	19	65,33	7,22	39	269,17	206,35
23	4597,09	435487,64	24	2,39	0,31	31	65,22	7,61	27	269,00	206,72
26	4726,36	465693,77	29	2,39	0,31	7	65,33	7,74	8	269,00	225,89
44	4524,02	500756,98	22	2,44	0,32	41	65,11	8,11	7	267,84	230,21
34	4499,78	500849,10	9	2,39	0,32	12	65,00	8,50	28	268,48	231,06
16	4460,34	517889,94	10	2,39	0,32	24	65,11	8,70	2	269,03	285,75
42	4442,63	524586,55	30	2,39	0,32	42	65,11	8,78	30	268,32	299,74
15	4592,84	539947,88	36	2,39	0,32	1	64,89	9,15	32	266,30	301,92
25	4402,89	583515,63	38	2,39	0,32	23	64,89	9,22	24	265,80	308,75
20	4403,46	612737,28	28	2,39	0,35	43	64,78	9,72	11	264,90	311,95
31	4767,93	619440,17	21	2,33	0,36	44	64,56	10,69	9	264,99	352,31
30	4356,41	729004,75	35	2,39	0,39	13	64,00	13,11	35	262,59	384,58
2	4362,09	731051,71	14	2,28	0,41	8	64,00	13,30	22	261,18	393,85
36	4219,82	804317,15	40	2,28	0,42	4	64,00	13,30	38	261,23	432,25
39	4209,78	809894,71	17	2,28	0,42	25	63,78	14,48	3	261,81	437,26
38	4304,81	812065,03	42	2,28	0,44	37	63,67	14,83	43	258,92	459,73
12	4236,01	824598,56	34	2,28	0,44	3	63,33	17,15	26	262,38	464,84
6	4239,57	895243,26	16	2,28	0,45	2	63,22	17,57	34	258,66	467,95
37	4160,03	900547,57	37	2,28	0,45	33	63,56	18,26	6	258,43	488,73
28	4319,88	904521,69	13	2,22	0,46	26	62,78	20,76	40	258,26	506,47
9	4225,71	942075,55	15	2,28	0,48	39	62,67	20,78	37	256,92	534,13
21	4153,02	949944,75	25	2,22	0,50	28	62,44	22,26	12	257,32	545,12
40	4275,03	970672,57	31	2,22	0,50	27	62,44	23,00	23	261,11	561,56
14	4143,29	1004903,91	4	2,17	0,53	35	62,44	23,15	15	257,36	562,91
1	4031,72	1101075,24	33	2,28	0,56	32	62,11	24,50	29	255,82	565,53
35	4218,88	1159025,60	12	2,11	0,60	38	62,00	25,81	42	256,96	574,21
13	4022,74	1188031,98	19	2,06	0,62	34	61,67	27,80	36	255,67	580,83
7	4002,18	1311628,38	44	2,11	0,65	9	60,56	36,94	13	255,02	619,96
3	3877,12	1472891,74	27	1,94	0,79	14	60,44	37,70	25	254,24	653,35
18	3933,31	1477783,06	11	2,00	0,80	10	60,44	37,81	5	253,27	662,77
22	3778,20	1559256,17	23	1,83	0,90	30	60,33	38,91	1	254,52	665,14
29	3827,09	1607675,73	43	1,89	0,90	15	60,11	41,65	44	252,44	677,19
8	3571,53	2378024,18	32	1,78	0,97	29	59,56	45,85	10	251,86	757,87
10	3412,12	2555907,43	26	1,83	1,00	36	59,56	46,41	14	249,78	836,10
5	3181,81	2833109,10	41	1,78	1,00	40	58,89	53,96	4	247,04	1001,90

genótipo x ambiente propriamente dita. A primeira parte indica paralelismo de resposta, isto é, a diferença em relação ao máximo é praticamente a mesma em todos os ambientes, não sendo, portanto, prejudicial ao melhorista. Dessa forma o valor de Pi per

se é um bom indicador de superioridade. Já na segunda parte ocorrem alterações na classificação dos genótipos. Nesse caso, o melhorista deve procurar aqueles locais de adaptação mais específica do genótipo. O ideal é que se tenha um genótipo com menor valor de P_i possível e que ao mesmo tempo grande parte desse P_i seja atribuída ao desvio genético (Lins e Binns, 1988).

Para o variável aspecto de planta AP, considerando o valor do P_i , foram o híbrido 41 e 32 de melhor comportamento, já que para a nota de AP foram considerado valores de menor a maior, sendo o menor média melhor e híbrido 41 apresentou menor média e maior P_i , concordando assim com o mais estável e de melhor aspecto de planta.

Considerando a floração masculina e altura de planta, os híbridos mais precoces não foram os mais produtivos e nem de menor porte. Considerando o objetivo do programa de obter híbridos estáveis, precoce e porte médio poder-se-ia dizer que selecionando o híbrido mais estável 41 poderia estar atingindo ao mencionado acima, já que a média de produção de híbrido 41 também foi a maior dentre as ultimas cultivares disponibilizados pelo IPTA, para este tipo de grão (Machado, 2013).

4. CONCLUSÕES

De forma sucinta:

- a) a significância na fonte de variação GxA para maioria das características avaliadas confirma a existência de interação genótipos por ambientes;
- b) a maioria das características (PG, AP, APL) revelou a maior parte da interação do tipo complexo, com apenas a floração masculina (FM) do tipo simples; e
- c) os genótipos mais adaptados e estáveis pelo método de Lin e Binns foram o híbrido 41 e 24.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS

- ALVAREZ, M.; MACHADO, V. 1986. El cultivo de maíz. Asunción, PY: MAG-Programa de Investigación de maíz. 25p. (Boletín de divulgación número 20).
- AVILA, A. V.; SANCHES, F. M. 1978. Correlación de métodos de ajuste para corrección por fallas em sorgo para grano. *Agrociência*, v. 31, p. 45-64.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. 2013. Melhoramento de plantas. 6 Ed. Viçosa, MG. UFV. 523p.
- CARBUGLIO, D.; GERAGE, A. C.; RAUJO, P. M. de; JUNIOR, N.; SHIOGA, P. 2007. Analise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 42, n. 2, p. 183-191.
- CARDOSO, M. J.; CARVALHO, H. W. L. de; DOS SANTOS, M. X.; LEAL, M. L. S.; DE OLIVEIRA, A. C. 2003. Desempenho de híbridos de milho na região meio-norte do Brasil. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v.2, n. 1, p. 43-45.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIROS, E. B.; GUADAGNIN, J. P. 2007. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. *Bragantia*, v. 66, p. 571-578.
- CARVALHO, H. W. L. de; MAGNAVACA, R.; LEAL, M. L. S. 1992. Estabilidade da produção de milho no Estado de Sergipe. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 37, n. 9, p. 1073-1082.
- CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; CARDOSO, M. J.; SANTOS, M. X.; TABOSA, J. N.; SANTOS, M. D.; LIRA, M. A. 2002. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho em diferentes condições ambientais do Nordeste brasileiro. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v.1, p.75-82.
- CENSO. 2008. Centro Agropecuário Nacional 2008. Volumes I, II e III. San Lorenzo, Paraguay. 408p.
- CRUZ, C. D. 2001. Programa Genes: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV. 648p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV. V.2.
- CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. 1991. Decomposição da interação genotípica x ambientes em partes simples e complexa. *Pesquisa Ceres*, v. 38, p. 422-430.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v. 1, 4 edição, Viçosa: UFV, 514p.

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.

DINAC, 2014. Dirección de Meteorología e Hidrología de la Dirección Nacional de Aeronáutica Civil (Paraguay). Disponible en <http://www.meteorologia.gov.py>.

EBERHART, S. A.; W. A. RUSSEL. 1966. Stability parameters for comparing varieties, *Crop. Sci.* 6: 36-40.

GONÇALVES, F. M.; DE CARVALHO, S.; RAMALHO, M. A.; CORREA, L. A. 1999. Importância das interações cultivares x locais e cultivares x anos na avaliação de milho na safrinha. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 34, n. 7, p. 1175-1181.

LECLERG, EL. 1966. Significance of experimental design in plant breeding. In Frey, KJ. FREY (ed) *Plant Breeding. A symposium held at Iowa State University*. The ISU Press, Ames. p. 243-313.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. 1988. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. *Theoretical and Applied Genetics*, v.76, p.425-430.

LÓPEZ, O. E; GONZÁLEZ, E; DE LLAMAS, P. A.; MOLINAS, A. S; FRANCO, E. S; GARCÍA, S.; RIOS, E. 1995. Reconocimiento de suelos y capacidad de uso de las tierras; Región Oriental. Paraguay. MAG /Dirección de Ordenamiento Ambiental. Proyecto de Racionalización del Uso de la Tierra. Convenio 3445 P.A– Banco Mundial. 28 p.

MACHADO, V. 2013. Productividad y Adaptabilidad de cultivares de maíz harinoso Avati Morotî. *Investigación Agraria*. 15(2). 75-81p.

MACHADO, V.; NOLDIN, O.; FLORENTIN, M. 2002. Habilidad combinatoria general y específica para rendimiento en una cruz dialélica entre 10 accesiones de maíz amiláceo Avati Morotî. In: Yáñez G., C. (ed). *Memórias XIX Reunión Latinoamericana de Maíz*. Portoviejo, Ecuador, Noviembre 03-08. 6p.

MACHADO, V.; QUINTANA, J. M.; NOLDIN, O.; FLORENTIN, M. 1999. Estabilidad del desempeño de cultivares comerciales de maíz bajo condiciones de época alternativa de siembra en Paraguay. In: *Memorias, XVIII Reunión Latinoamericana de Maíz*. Sete Lagoas, MG, Brasil, Agosto 22 – 27. p. 295 – 302.

- PIMENTEL-GOMES. 1990. Curso de estadística experimental. 13 ed. Piracicaba: Nobel, 450p.
- RIBEIRO, J. Z.; DE ALMEIDA, M. I. M. 2011. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira. Brasília, v. 46, n.8, p.875-883.
- ROBERTSON, A. 1959. Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations: biometrical genetic. New York: Pergamon Press.186p.
- SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G.; CRUZ, C. D. 1995. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para cultura de milho. Revista Agropecuaria Brasileira, Brasilia. v. 30, n. 5, p. 683 – 686.
- SCOTT, A.; KNOTT, M. 1974. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. Biometrics, Washington D.C., v.30, n.3, p.507-512.
- SOUZA, F. R. de; RIBEIRO, P. H.; VELOSO, C. A.; CORREA, L. A. 2002. Produtividade e estabilidade fenotípica de cultivares de milho em três municípios de Estado do Pará. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 37, n. 9, p. 1269-1274.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética. 496p.

CAPÍTULO 2

PARÂMETROS GENÉTICOS E ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES DE HÍBRIDOS DE MILHO TIPO AMILÁCEO

RESUMO

O peso de grãos é um dos componentes determinantes do rendimento de grãos de milho, que apresentam relações complexa e resultante da expressão e associação de diferentes componentes. O conhecimento dos parâmetros genéticos e da correlação entre caracteres pode ser primordial quando o objetivo é a seleção de um caráter com baixa herdabilidade. O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos, assim também as correlações simples, parciais e de trilha para 44 híbridos de milho amiláceo, em três ambientes, na região Oriental do Paraguai. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições, com a parcela contendo 25 plantas. Em todos os locais, observou-se a existência de variabilidade genética para todas as características, entre eles a produtividade a exceção do número de lagarta (NL) e espiga vazia (EV). A produtividade de grão (PG) correlaciona-se positivamente com a altura de planta e porcentagem de grãos para a localidade de Choré e Yjhovy, menor correlação positiva com PG foram encontrado com diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). Os caracteres porcentagem de grãos (Pg) e comprimento de espiga (CE) são os que apresentaram maior efeito direto sobre a PG entre os componentes primário e entre os componentes secundários foram altura de planta (APL) e prolificidade (PROL), sendo os mais indicados para seleção indireta para produtividade de grãos.

Palavras chaves: Herdabilidade, Correlação, Efeito direto e indireto, Melhoramento genético.

ABSTRACT

The grain weight is one of the key components on grain yield of maize because they have complex relationships resulting from the expression and association of different components. Knowledge of the genetic parameters and correlation between traits can be paramount when the goal is to select a character with low heritability. In this study, the aim was to estimate genetic and phenotypic parameters also the simple, partial and track correlations for 44 hybrids of starch maize in three environments in eastern Paraguay. The experimental design was a randomized block design with three replications, with plot containing 25 plants. In all locations, there was a significant genetic variability for all traits, including productivity the exception of caterpillar number (CN) and empty cobs (EV). The grain yield (GY) was positively correlated with plant height and percentage of grains to the location of Choré and Yjhovy, lower positive correlation with PG were found with a cob diameter (DE) and ear length (EC). The features such as percentage of grains (Pg) and ear length (EC) are those with the highest direct effect on PG between the primary components and in secondary components were between plant height (APL) and prolificacy (PROL), the most indicated for indirect selection for grain yield.

Keywords: Herdability, Correlation, Direct and Indirect Effect, Breeding Genetic.

1. INTRODUÇÃO

A modernização da agricultura no País, grande parte do germoplasma constituído pelas variedades tradicionais de milho foi substituída pelos cultivares modernos. O desenvolvimento de variedades de alta resposta fez com que os agricultores ficassem cada vez mais estimulados em obter grandes rendimentos mediante a busca de recursos energéticos externos à propriedade. Esta atitude por parte dos agricultores acabou inviabilizando o processo econômico de muitas propriedades agrícolas. Ao longo deste processo de adesão às novas tecnologias, muitos desses pequenos agricultores, habitantes de ambientes marginais (FAO, 2004), acabaram sendo excluídos dos programas de assistência técnica e pesquisa.

É importante mencionar que para uma parte significativa desses produtores rurais, o valor de um cultivar de milho não é definido apenas pelo rendimento de grãos, mas também pelo potencial de uso de outras partes da planta, como no caso de Avati Morotî para produção de fubá para a alimentação humana e a palha ou resto como forragem na alimentação animal.

O sistema de produção agrícola da região Oriental do Paraguai está baseado no sistema de agricultura familiar, onde ainda é possível encontrar pequenos agricultores que mantêm suas variedades locais, em geral, para o consumo na propriedade em alimentação humana e animal. A busca por alternativas, capazes de garantir a autonomia na produção de sementes, tem sido uma importante estratégia utilizada por estes agricultores. Diante dessa necessidade, que o IPTA (Instituto Paraguaio de Tecnologia Agrícola) em parceria com INBIO (Instituto de Biotecnologia Agrícola) vem trabalhando para gerar variedades de maior produtividade e ciclo precoce para o pequeno e mediano produtor.

O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, e, ou, tenha problemas de medição e identificação. A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população, é a fenotípica. Essa correlação tem causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas envolvem uma associação da natureza herdável, podendo, por conseguinte, ser utilizada na orientação de programas de melhoramento. Assim, em estudos genéticos é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres. Uma medida

mais informativa sobre a relação entre variáveis, que traduz melhor uma associação de causa e efeito, é o coeficiente de correlação parcial, que é estimado removendo-se os efeitos de outras variáveis sobre a associação estudada (Cruz et al., 2012).

O ambiente torna-se causa de correlação quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas variações de condições ambientais, sendo que valores negativos de correlação evidenciam que os ambientes favorecem uma característica em detrimento de outra e valores positivos de ambas foram beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais (Falconer, 1987).

As análises de correlação simples, apesar da grande utilidade dessas estimativas no entendimento dos caracteres complexos como a produtividade de grãos, estas não determinam a importância relativa das influências diretas e indiretas de outros caracteres componentes do rendimento de grãos (Furtado et al., 2002; Scapim et al., 2010; Rios et al., 2012). Por este motivo, estudos sobre o desdobramento do coeficiente de correlação são realizados por meio da análise de trilha, que consiste na determinação dos efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre uma variável básica, em que as estimativas dos efeitos são obtidas, por meio de equações de regressão. Portanto, esta análise permite avaliar o efeito sobre uma variável dependente (Y), de variáveis explicativas (X), de forma que as outras variáveis explicativas (X_i) não possuam influência sobre esse efeito (Wright, 1921).

Segundo Lopes et al. (2007), as correlações de causa e efeito com o peso de grãos (variáveis base) para cada tipo de híbrido de milho constituem-se em ferramenta importante para auxiliar os melhoristas na definição dos caracteres mais importantes na seleção e da inter-relação entre estes, de tal modo que permitam escolher quais as modificações genéticas que podem e devem ser realizadas para incrementar o rendimento de grãos.

Considerando que a promoção da agricultura familiar mediante o acesso a sementes de boa qualidade, suporte técnico e resultados de pesquisa, sejam essenciais para a diminuição dos índices de pobreza, entende-se que o cultivo de variedades locais melhoradas para estes agroecossistemas particulares, seja uma estratégia apropriada para estimular estes pequenos agricultores a conservarem este germoplasma em suas propriedades, para isso foram feitas com os objetivos de identificar a existência de variabilidade genética para todos os caracteres, correlações entre os caracteres e o efeito direto e indireto dos caracteres sobre a produtividade de grão.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Locais de experimentação

O estudo foi realizado em três localidades da Região Oriental do Paraguai, Capitan Miranda - Estado de Itapúa situado a 27° 13'12'' S e 55° 47'59' W com 200 msnm; Choré - Estado de San Pedro situado a 24° 11' 60' S e 56° 34'00'W com 250 msnm e Yjhovy – Estado de Canindeyú situado a 24° 15' S e 55° 60'W com 200 msnm. Esses locais são considerados ambientes contrastantes quanto às condições de solo López et al. (1995) e de clima Dinac (2014). Na Figura 1 estão apresentados os locais e estados em que foram avaliados os ensaios.

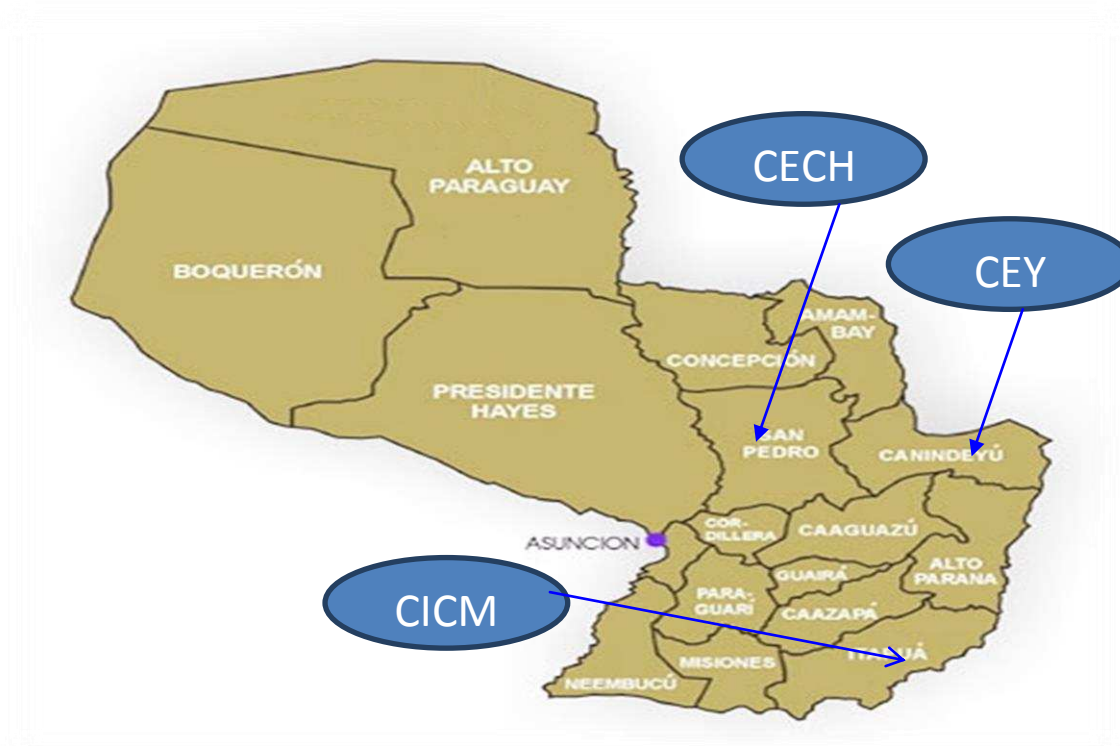


Figura 1: Estados e localidades da Região Oriental em que foram avaliados os ensaios. Paraguai. Biênio 2011/12.

2.2 Material genético

Foram utilizados 70 cruzamentos simples de diferentes origens, semeadas em duas fileiras de dez metros de comprimento, com separação de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. Com base na informação sobre o ciclo dos cruzamentos simples, foram selecionados quatro grupos de maturação e cada um deles semeados em forma escalonada permitindo o maior número de cruzamentos possível.

As polinizações foram realizadas entre os dias 02/02/2011 e 24/02/2011, obtendo-se um total de 145 híbridos duplos. A colheita dos materiais foi feita entre os períodos compreendidos do 05/05/2011 e 17/05/2011. A avaliação das características e pesagem dos grãos de todos os cruzamentos obtidos foi realizada entre os períodos do 07/05/2011 e 22/05/2011. Foram selecionados 132 híbridos duplos com suficientes sementes para serem avaliados em três localidades diferentes.

Tabela 1. Número de cruzamentos simples por grupo de maturação, data de semeadura e emergência de plântulas, na geração de cruzamentos duplos de Avati Moroti. Paraguai. Biênio 2011/2012.

Grupo de Maturação	Número de cruzamentos simples	Data	
		Semeadura	Emergência
Tardio	5	22/11/10	01/12/10
Intermediário	25	25/11/10	03/12/10
Precoce	26	29/11/10	05/12/10
Super-precoces	14	02/12/10	08-10/12/10

Para facilitar o manejo dos ensaios, os 132 cruzamentos foram divididos em três grupos de 44 híbridos cada um, de acordo com a precocidade, sendo o Grupo I, tardio, o Grupo II, Intermediário e Grupo III, Precoces. A cada grupo foi agregado cinco cultivares como testemunhas: a variedade experimental GVS 254; duas variedades do Programa de Investigação de Milho (PIM-IPTA), GV 252 e GV 253; e duas variedades comumente utilizadas por agricultores, AM Choré e AM San Juan Bautista.

Tabela 2. Descrição dos híbridos duplos e as testemunhas utilizadas no experimento. Paraguai. Biênio 2011/12.

Grupo III(Precoces)								
Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia	Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia	Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia
1	1	1 x 8	17	17	6 x 43	33	33	15 x 40
2	2	1 x 9	18	18	6 x 55	34	34	15 x 46
3	3	1 x 12	19	19	8 x 6	35	35	15 x 52
4	4	1 x 36	20	20	8 x 55	36	36	15 x 58
5	5	1 x 37	21	21	9 x 4	37	37	16 x 18
6	6	1 x 40	22	22	9 x 26	38	38	16 x 26
7	7	1 x 55	23	23	11 x 1	39	39	18 x 38
8	8	3 x 8	24	24	11 x 46	40	40	18 x 42
9	9	3 x 38	25	25	11 x 55	41	41	18 x 52
10	10	4 x 8	26	26	12 x 3	42	42	18 x 58
11	11	4 x 11	27	27	12 x 16	43	43	18 x 59
12	12	4 x 21	28	28	12 x 28	44	44	19 x 36
13	13	6 x 11	29	29	14 x 21	45	133	GV 252
14	14	6 x 12	30	30	14 x 42	46	134	GV 253
15	15	6 x 36	31	31	14 x 69	47	135	SINT 6
16	16	6 x 40	32	32	15 x 36	48	136	AMCHORÉ
						49	137	AMSJBTA

¹: Genótipo, ²: Entrada

Para este trabalho só foi considerado o grupo precoce.

2.3 Delineamento experimental

Foi considerado o delineamento de blocos casualizados com três repetições. O tamanho da unidade experimental foi uma fileira de 5,00 metros de comprimento, com separação de 0,90 metros entre fileiras e 0,20 metro entre plantas, ajustando assim uma população de 55555 plantas por hectare.

2.4 Avaliação Agronômica

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- **Plantas com Perfilhos (PERF):** Número de plantas com perfilhos na parcela útil, sem importar quantos perfilhos tem a planta, quando as plantas tenham seis a oito folhas, expressado em porcentagem. Para o análises estatístico os dados foram transformados pela fórmula $\sqrt{X + 1}$;
- **Plantas com ataque de Spodoptera frugiperda (NL):** Numero de plantas afetadas na parcela útil, quando as plantas tenham de quatro a oito folhas, expressado em porcentagem. No análises estatístico os dados foram transformados pela formula $\sqrt{X + 1}$;
- **Floração masculina (FM):** Data em que 50% das plantas na parcela útil emitem pólen, expressado em dias;
- **Altura de espiga (AE):** Média de três plantas, medida desde o nível do solo até o nó da espiga mais alta, realizada em algum momento e o entre o inicio da maturação fisiológica e a colheita, expressado em centímetros;
- **Altura de planta (APL):** A média de três plantas, medido desde o nível do solo até o ápice da planta, realizado em algum momento desde o inicio da matures fisiológica até o dia da colheita, expressado em centímetros;
- **Relação pendão/planta total (PP):** Obtido por regra de três simples. Indica o tamanho do pedúnculo e a panícula com relação ao tamanho total da planta, sendo preferível um tamanho de 20% o menor;
- **Índice de altura (IA):** obtido pela divisão entre altura ao nó da espiga e altura ao ápice do pendão. Indica a posição da espiga na planta, sendo preferível um índice igual ou menor a 0,50;
- **Aspecto de planta (AP):** Registrado quando as plantas ainda estavam verdes e com as espigas totalmente formadas, qualificando a uniformidade da altura de inserção das espigas e da planta, danos causados por insetos e doenças, plantas tombadas e

quebradas, e em especial ao rendimento esperado de acordo ao tamanho e numero de espigas na planta. Utilizando uma escala de 1 a 5, onde 1 é o melhor e 5 pior;

- **Índice de prolificidade (PROL):** Obtido pela divisão entre o número de espigas e o número de plantas na parcela útil. É igual a numero de espigas por planta;
- **Comprimento de espiga (CE):** Média de três espigas representativas da parcela útil, medida desde sua base até o ápice. Expressado em centímetros;
- **Diâmetro de espiga (DE):** Média das mesmas três espigas representativas da parcela útil, medida na parte mediana da espiga. Expressado em centímetros;
- **Número de fileiras de grãos (NF):** A média das mesmas três espigas representativas da parcela útil, contado na parte mediana da espiga;
- **Espiga apodrecida (EA):** Dos totais das espigas colhidas, numero de espigas apodrecidas por doenças, insetos ou outras causas, que estejam afeitados em 10 % ou mais, expressado em porcentagem. No analises estatístico os dados foram transformados pela formula $\sqrt{X + 1}$;
- **Espiga vazia (EV):** Dos totais das espigas colhidas, numero de espigas que apresentam falta de grãos em 25% ou mais da mesma. Nas analises estatísticas os dados foram transformados pela formula $\sqrt{X + 1}$;
- **Porcentagem de grãos (Pg):** É a diferenca entre o peso da espiga completa (grãos e sabugo) e o peso dos grãos, expressado em porcentagem;
- **Peso de 1000 grãos (P1000G):** Peso de 100 grãos multiplicados por 10, expressado em gramas; e
- **Produtividade de grãos (PG):** Para o cálculo, foi utilizado o peso do grão obtido na parcela útil e a área da parcela. Expresso em quilogramas por hectare.

O rendimento e o peso de 1000 grãos foram ajustados a 13% de umidade. Para calcular o rendimento por hectare efetuou-se uma correção para o estande de planta, por população, considerando a unidade experimental, por meio equação adaptada de Leclerg (1966):

$$P_{\text{corrigido}} = P_{\text{campo}} \left[(42) - \frac{(0,3 * M)}{(42 - M)} \right];$$

em que:

M = número de plantas faltantes

E para a correção da umidade foi usado o métodos proposto por Avila e Sanches (1978):

$$P_{\text{corrigido}} = P_{\text{campo}} \left[(100) - (\%U) / (100 - 13) \right];$$

em que:

U = umidade de grão

2.5 Análise Estatística

2.5.1 Análise de variância individual

Inicialmente, os dados de cada ambiente, foram submetidos à análise de variância individual para todos os ambientes, visando detectar variabilidade entre os híbridos e a testemunhas, com base no modelo:

$$Y_{ik} = m + T_i + B_k + E_{ik}$$

em que:

Y_{ik} = valor observado do i-ésimo genótipo, no k-ésimo bloco;

m = média geral;

T_i = efeito do i-ésimo Tratamento T [genótipo G_i ($i = 1, 2, \dots, g$) ou testemunha t_i ($i = 1, 2, \dots, t$)];

B_k = efeito do bloco k ($k = 1, 2, \dots, r$); e

E_{ik} = erro aleatório.

Considerou-se ainda as pressuposições:

$$a) \sum_{i=1}^r T_i = 0; \sum_{i=1}^g G_i = 0; \sum_{i=1}^t t_i = 0;$$

$$b) B_k \sim NID(0, \sigma_b^2);$$

$$c) E_{ik} \sim NID(0, \sigma^2); e$$

d) B_k e E_{ik} são independentes.

O esquema da análise de variância, para cada ambiente, encontra-se no Quadro 1.

Quadro 1. Esquema da análise de variância individual e esperanças de quadrado médio

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Blocos	r-1	SQB	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Tratamento	T-1	SQT	QMT	-
Híbrido	g-1	SQG	QMG	$\sigma^2 + r\phi_g$
Testemunha	t-1	SQt	QMt	-
Hib vs Test	1	SQC	QMC	-
Resíduo	(r-1)(T-1)	SQR	QMR	σ^2

$$\phi_g = \sum_i G_i^2 / (g - 1)$$

2.5.2 Estimadores de parâmetros genéticos e fenotípicos

Os estimadores dos componentes de variância para cada ambiente foram obtidos com base nas esperanças de quadrados médios apresentadas no Quadro 1, a saber:

$$\text{Variabilidade genotípica: } \hat{\phi}_g = \frac{QMG - QMR}{r};$$

$$\text{Variância fenotípica: } \hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{r};$$

$$\text{Variância residual: } \hat{\sigma}_e^2 = QMR$$

$$\text{Coeficiente de variação genético: } \hat{C}V_g(\%) = \left(100, \sqrt{\hat{\phi}_g / \bar{X}} \right);$$

$$\text{Coeficiente de determinação genotípico: } h^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{\hat{\sigma}_f^2};$$

$$\text{Índice de variação: } \hat{I}_v(\%) = 100 (CV_g / CV_e); \text{ e}$$

$$\text{Correlação intraclasse: } \hat{r} = V(g) / (V(g) + V(ga) + V(\text{RES}))$$

em que:

QMG = quadrado médio do genótipo;

QMR = quadrado médio do resíduo;

r = número de repetições,

2.5.3 Estimadores das correlações entre pares de características

As seguintes expressões foram utilizadas para o cálculo dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e ambiental (r_a) entre os pares de características (Cruz et al., 2012):

$$r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x QMT_y}}$$

$$r_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x QMR_y}}$$

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \hat{\sigma}_{gy}^2}}$$

sendo:

$$\hat{\sigma}_{gxy} = \frac{PMT_{xy} - PMR_{xy}}{r};$$

$$\hat{\sigma}_{gx}^2 = \frac{QMT_x - QMR_x}{r};$$

$$\hat{\sigma}_{gy}^2 = \frac{QMT_y - QMR_y}{r},$$

em que:

$\hat{\sigma}_{gxy}$: estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y; e

$\hat{\sigma}_{gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{gy}^2$: estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

2.5.4 Análise de trilha

A análise de trilha desenvolvida por Wright (1921) foi realizada após o diagnóstico de multicolinearidade na matriz de correlações fenotípicas pelo método de Montgomery e Peck (1981).

A análise de trilha consiste no desdobramento das correlações em efeito diretos e indiretos, permitindo medir a influencia direta de uma variável, independentemente das demais, sobre outras, onde a estimativas (coeficiente de trilha ou caminho) que quantificam esses efeitos são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas (Cruz et al., 2012). Essas estimativas são obtidas a partir do método de mínimos quadrados. Quando se considera um único modelo casual, a análise de trilha trata-se de uma análise de regressão linear múltipla padronizada.

A execução da análise de trilha é, em geral, realizadas em duas partes: i) construção de um diagrama de caminho embora, que não seja essencial para análise numérica, é muito útil para exibir graficamente o padrão de hipótese da relação de causa e efeito de um conjunto de variáveis, ou seja, estabelece uma relação de causa e efeito entre as variáveis, ii) decomposição das correlações observadas em um conjunto de coeficientes (coeficiente de caminho) que indica o efeito direto de uma variável hipoteticamente tomada como causa sobre uma variável tratado como um efeito.

Nas análises estatísticas foram realizadas utilizando o Programa Genes (Cruz, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Tabela 3 encontram-se as estimativas da variabilidade genotípica $\hat{\sigma}_g^2$, variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), variância associada a efeitos residuais ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de variação genético ($\hat{C}V_g$), coeficiente de determinação genotípico (h^2), Índice de variação $\hat{I}_v(\%)$; e Correlação intraclass $\hat{r}$, em híbridos de milho amiláceo, avaliados em três ambientes na região oriental do Paraguai.

O conhecimento destas estimativas permite ao melhorista suscitar subsídios de grande utilidade a respeito das diferentes características avaliadas nas populações com as quais se trabalha orientando quanto à estratégia mais apropriada de seleção e na predição de êxito em programas de melhoramento (Cruz et al., 2012). Dessa forma, a obtenção da estimativa da variância genética, coeficiente de variação genético, ganho genético esperado e coeficiente de determinação genotípica, se constituem em informações importantes para os programas de melhoramento (Da Silva et al., 2006; Faluba et al., 2010).

O caractere produtividade de grão (PG) apresentou baixa variância genotípica quando comparado com a variância fenotípica. A variável PG mostrou ser altamente influenciada pelo ambiente, apresentando baixos valores de coeficiente de determinação genotípica em todas as localidades, registrando-se em Capitan Miranda a estimativa de 25,63%, o menor dentre as três localidades. Segundo Da Silva et al. (2006), isto constitui evidência de baixa variabilidade genética disponível para esta característica, na população avaliada neste local específico. De acordo com Allard (1971), a produtividade de grãos é um caráter de baixa coeficiente de determinação genotípico e controle genético complexo, pois resulta da atuação do ambiente e de vários genes de pequeno efeito e da interação entres estes fatores. Por tanto, observando o parâmetro da variância ambiental para os caracteres PROL e IA, demonstram valores relativamente baixo demonstrando pouco efeito sobre os mesmo caracteres. Todas as características apresentaram estimativas das variâncias fenotípicas maiores que as da variância genotípicas (Tabela 3).

As estimativas dos parâmetros genéticos coeficiente de variação genético $\hat{C}V_g(\%)$, índice de variação $\hat{I}_v(\%)$ confirmaram a forte influência que os híbridos

sofreram pela variância ambiental no experimento para a maioria das características avaliadas nos três ambientes. Os valores observados para o coeficiente de variação genético $\hat{C}V_g(\%)$, de maneira geral, expressaram elevada variação. Na concepção de Rezende (2002), o coeficiente de variação genético, sendo uma estatística que é expressa em relação à média da população e das características, suas estimativas permite comparar os níveis de variabilidade presentes em diferentes populações, ambientes e características. Assim, o $\hat{C}V_g(\%)$, é um parâmetro relevante nos estudos de genética quantitativa, vez que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes características.

Reforçando a ideia de variabilidade, nas estimativas do coeficiente de variação genético $\hat{C}V_g(\%)$, observadas na Tabela 3, constata-se que os caracteres de maneira geral, apresentaram elevados valores de $\hat{C}V_g(\%)$, o que infere sobre ampla variação genética entre os materiais estudados, indicando a possibilidade de ganho a ser obtido com a seleção na maioria dos caracteres. Para índice de variação o destaque foram os caracteres DE, NF e FM essas características observaram valores próximos a 1,0 e maior que 1,0 no caso da FM para todos os locais, podendo-se considerar situação muito favorável para a seleção, em cada local. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a finalidade principal do $\hat{I}_v$ é indicar se os materiais genéticos em questão, numa dada fase de avaliação, se prestam à seleção.

Os caracteres EV e NL foram os mais afetados pelo ambiente em todas as localidades principalmente em Capitan Miranda e Choré, como pode se observar na Tabela 3 o caráter EV apresenta-se variabilidade genotípica igual a zero por o que a coeficiente de determinação genotípico também foi zero, estes pode se explicados pela condiciones climáticas desfavoráveis existentes durante a condução dos experimentos (seca ver Apêndice E).

As maiores estimativas de coeficiente de determinação genotípico, considerando com base na média dos híbridos, foram obtidos no caractere FM, em todos os locais, dentre dos locais, Capitan Miranda foi o que proporcionou a maior estimativa de coeficiente de determinação genotípico com 90,61 %. Em Choré e Yjhovy, as estimativas de coeficiente de determinação genotípico foram de 80,52% e 80,32%, respectivamente, indicando que deve esperar, proporcionalmente, menores ganhos com a seleção nestes locais. Este coeficiente de determinação genotípico

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos e residuais para características avaliadas nas localidades de Capitan Miranda, Choré e Yjhovy. Paraguai. Biênio 2011/2012.

Parâmetros	Capitan Miranda																
	Características ¹																
	PG	P1000G	Pg	PROL	AP	CE	DE	NF	EA	EV	NL	PERF	FM	AE	APL	PP	IA
$\hat{\sigma}_f^2$	91203,32	260,35	9,57	0,01	0,14	0,53	0,03	0,69	0,44	0,45	0,37	0,98	9,12	49,88	66,85	3,30	0,00
$\hat{\sigma}_e^2$	67830,49	129,86	4,58	0,01	0,09	0,42	0,01	0,21	0,42	0,46	0,33	0,40	0,86	20,95	29,28	1,33	0,00
$\hat{\sigma}_g$	23372,83 ^{ns}	130,49 ^{**}	4,99 ^{**}	0,00 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,02 ^{**}	0,48 ^{**}	0,02 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,58 ^{**}	8,27 ^{**}	28,93 ^{**}	37,57 ^{**}	1,97 ^{**}	0,01 ^{**}
h^2	25,63	50,12	52,09	0,00	31,86	20,46	70,17	69,86	3,93	0,00	11,27	59,65	90,61	57,99	56,20	59,72	57,63
$\hat{r}$	10,30	25,09	26,60	0,00	13,48	7,90	43,95	43,59	1,35	0,00	4,06	33,01	76,28	31,52	29,96	33,08	31,19
$\hat{C}V_g$	5,98	5,64	3,00	0,00	8,48	1,97	4,08	5,45	2,58	0,00	5,06	15,64	4,28	3,86	2,59	6,11	3,22
$\hat{I}_v$	0,34	0,58	0,60	0,00	0,39	0,29	0,89	0,88	0,12	0,00	0,21	0,70	1,79	0,68	0,65	0,70	0,67
Choré																	
$\hat{\sigma}_f^2$	277865,43	336,03	7,03	0,01	0,12	0,69	0,04	0,77	0,61	0,24	0,44	0,44	6,59	125,61	143,95	1,78	0,00
$\hat{\sigma}_e^2$	159223,10	177,05	4,28	0,01	0,06	0,32	0,01	0,28	0,41	0,33	0,44	0,38	1,28	34,91	46,05	1,36	0,00
$\hat{\sigma}_g$	118642,33 [*]	158,99 ^{**}	2,74 [*]	0,01 ^{ns}	0,06 ^{**}	0,37 ^{**}	0,03 ^{**}	0,49 ^{**}	0,20 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,06 ^{ns}	5,30 ^{**}	90,71 ^{**}	97,91 ^{**}	0,41 ^{ns}	0,01 ^{**}
h^2	42,70	47,31	39,03	19,05	49,32	53,69	68,37	63,66	33,40	0,00	0,00	13,13	80,52	72,21	68,01	23,24	61,27
$\hat{r}$	19,90	23,04	17,59	7,27	24,49	27,88	41,88	36,87	14,32	0,00	0,00	4,80	57,95	46,42	41,48	9,17	34,52
$\hat{C}V_g$	8,29	6,02	2,05	3,89	11,57	3,37	4,51	5,31	12,21	0,00	0,00	3,62	3,97	6,74	3,50	3,11	4,60
$\hat{I}_v$	0,50	0,55	0,46	0,28	0,57	0,62	0,85	0,76	0,41	0,00	0,00	0,22	1,17	0,93	0,84	0,32	0,73
Yjhovy																	
$\hat{\sigma}_f^2$	610142,65	297,55	6,51	0,02	0,19	1,50	0,03	0,43	0,86	0,32	0,08	0,78	4,72	133,32	180,85	3,95	0,00
$\hat{\sigma}_e^2$	346877,51	157,27	2,02	0,01	0,07	0,54	0,01	0,31	0,34	0,30	0,08	0,69	0,93	39,89	46,65	2,52	0,00
$\hat{\sigma}_g$	263265,15 [*]	140,28 ^{**}	4,49 ^{**}	0,01 ^{ns}	0,12 ^{**}	0,96 ^{**}	0,02 ^{**}	0,12 ^{ns}	0,51 ^{**}	0,02 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,09 ^{ns}	3,79 ^{**}	93,43 ^{**}	134,20 ^{**}	1,43 [*]	0,01 ^{**}
h^2	43,15	47,15	68,98	27,60	62,35	63,88	69,04	27,44	59,92	7,45	0,00	11,54	80,32	70,08	74,21	36,27	52,91
$\hat{r}$	20,19	22,92	42,57	11,28	35,57	37,09	42,64	11,20	33,26	2,61	0,00	4,17	57,64	43,84	48,95	15,95	27,25
$\hat{C}V_g$	8,21	4,71	2,60	5,85	14,49	4,82	3,54	2,64	18,68	5,95	0,00	7,63	2,94	6,81	4,26	6,45	3,83
$\hat{I}_v$	0,50	0,55	0,86	0,36	0,74	0,77	0,86	0,36	0,71	0,16	0,00	0,21	1,17	0,88	0,98	0,44	0,61

^{**}, ^{*}, ns Significativo a 1 %, a 5 % de probabilidade e não significativo pelo teste de F, respectivamente.

¹ PG: produção de grão; P1000G: peso de 1000 grãos; Pg: porcentagem de grãos; PROL: prolificidade; AP: aspecto de planta; CE: comprimento da espiga; DE: diâmetro da espiga; NF: número de fileira de grão; EA: espiga apodrecida; EV: espiga vazia; NL: número de lagarta; PERF: número perfilho; FM: floração masculina; AE: altura da espiga; APL: altura de planta; PP: relação pendão/planta total e IA: índice de altura.

considerado alto para FM, associadas com a variabilidade genética da população indicam eficiência da seleção para essa característica, o que proporcionará ganhos satisfatórios, em cada um dos locais. Os menores estimativos de coeficiente de determinação genotípico foram obtidos para a característica de PROL, em cada um dos locais avaliados. Em Capitan Miranda, o coeficiente de determinação genotípico obtida foi zero, e inferior em todas as demais. A capacidade de uma planta produzir mais de uma espiga por colmo é um importante componentes da produtividade. No entanto, esse não parece ser um dos melhores critérios para seleção destes híbridos duplos, em nenhum dos locais avaliados, pois sua baixa estimativa de coeficiente de determinação genotípico indica que a seleção direta, com base nesta característica, não tende a ser eficiente. Ainda, o caractere PROL não apresentou variabilidade genética significativa entre as médias dos híbridos, na localidade de Capitan Miranda.

3.2 Correlação entre caracteres

As estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas entre os caracteres produção de grão (PG), peso de 1000 grãos, (P1000G), porcentagem de grão (Pg), aspecto de planta (AP), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), espiga apodrecida (EA), número de fileiras de grãos (NF), perfilho (PERF), floração masculina (FM), altura de espiga (AE), altura de planta (APL), relação pendão/planta total (PP), índice de altura (IA) para os 44 híbridos de milho amiláceo, avaliados na localidades de Capitan Miranda, Choré e Yjhovy, estão apresentados na Tabela 4.

O conhecimento da correlação entre caracteres é importante, pois permite dimensionar a influência que a seleção em uma característica terá sobre outras, aparentemente independentes (Granatte et al., 2002). O caractere PG apresentou correlação fenotípica positiva com o caractere Pg, por tanto aqueles híbridos com maior porcentagem de grão esta diretamente relacionada com a probabilidade de ser o mais produtivo. Também os componentes primário CE e DE apresentaram correlações positivas, embora de valor reduzido sendo de maior valor para a localidade de chore com 0,38 e 0,39, respectivamente na correlação parcial. O caractere AP foi o que apresentou uma alta correlação negativa com PG, essa correlação pode se explicados, já que aqueles híbridos com maior nota para aspecto de planta deveriam de ser os de menor produção.

Correlação positiva também foram apresentada para APL com PG, ou seja, plantas mais altas foram os mais produtiva, resultados similares foram obtidos por Souza et al.

(2008), é válido resaltar que o ideal seria uma correlação negativa entre a produtividade de grãos e altura de planta e espiga, pois as cultivares de milho modernas tendem a apresentar altura de planta e de espiga inferior à obtida nestes híbridos. Características da raça Avati Morotí possuem plantas altas e espigas muito por encima da metade da planta (Machado, 2013). O caractere FM também apresentou correlação negativa entre PG para Choré, assim quanto maior for o número de dias para FM, menor será a produção das plantas dos híbridos, devido à falta de sincronia pendão/estilo-estigma, para que haja fecundação dos óvulos e positiva para Yjhovy porém correlação muito baixa, resultado similar também foi observado em trabalho de (Magalhães e Durães, 2002; Souza et al., 2008).

O caractere P1000G apresentou correlação positiva com o caractere DE. Desde modo, quanto maior é o diâmetro da espiga dos genótipos maior será o peso de mil grãos. Para o caractere CE essa correlação positiva foi muito baixa, e para o NF essa correlação foi negativa o que indica que genótipos com maior número de fileiras de grãos foram o que apresentaram menor peso de mil grãos. Correlações negativas também foram registradas entre P1000G e PERF o que indica que aqueles híbridos com maiores números de perfilho obteve menor peso de mil grãos. Segundo trabalho de Almeida et al. (1998) e Lopes et al. (2007) afirmam que os componentes do rendimento estão negativamente relacionados, ou seja, o aumento de um pode provocar decréscimo no outro.

O caráter porcentagem de grão Pg apresentou correlação positiva só para IA, tal correlação não é interessante, visto que plantas com espigas muito altas, são suscetíveis ao acamamento e quebramento. O Pg com outros caracteres foram praticamente negativos incluindo os componentes primários de rendimento como NF, CE e DE o que mostram que aumentando qualquer destes componentes há probabilidade de ser reduzida a porcentagem de grãos.

O caráter CE apresentou correlação negativa com DE, o que implica que híbridos com maior comprimento de espiga foram os que apresentaram menor diâmetro. Outros caracteres que apresentaram correlação negativa com CE foram EA, APL, PP; embora tenham sido pouco relacionados com comprimento de espiga. Entre CE e NF a correlação foi positiva de valor reduzido (0,04) na correlação parcial e sendo significativos somente para a localidade de chore. As maiores correlação positivas da

Tabela 4. Estimativas da correlação fenotípicas simples e parciais, para os experimentos realizados em Capitan Miranda, Choré e Yjhovy. Paraguai. Biênio 2011/12. Foram considerados caracteres significativos nas análises variância individuais (Apêndice A, B e C).

Correlação Fenotípica							Correlação Fenotípica						
Características ¹	Capitan Miranda		Choré		Yjhovy		Características ¹	Capitan Miranda		Choré		Yjhovy	
	Simples	Parcial	Simples	Parcial	Simples	Parcial		Simples	Parcial	Simples	Parcial	Simples	Parcial
PGxP1000G			0,18	0,06	0,06	0,09	APxIA			0,14	0,25	-0,31	0,15
PGxPg			0,51	0,59	0,35	0,37	CExDE			-0,03	-0,23	0,00	-0,11
PGxAP			-0,72	-0,48	-0,46	-0,29	CExEA					-0,07	-0,20
PGxCE			0,06	0,38	0,32	0,31	CExNF			0,10	0,04		
PGxDE			0,31	0,39	-0,06	0,20	CExFM			0,41	0,41	0,51	0,53
PGxEA					-0,46	0,00	CExAE			0,14	0,17	0,25	0,20
PGxNF			0,11	-0,18			CExAPL			0,30	-0,15	0,26	-0,21
PGxFM			-0,23	-0,14	0,22	0,02	CExPP					-0,07	0,01
PGxAE			0,26	-0,23	0,24	0,00	CExIA			-0,08	-0,19	0,13	-0,20
PGxAPL			0,36	0,29	0,11	0,03	DExEA					0,32	0,23
PGxPP					0,00	0,19	DExNF	0,48	0,50	0,48	0,49		
PGxIA			0,03	0,24	0,26	0,02	DExPERF	-0,14	0,10				
P1000GxPg	-0,28	-0,26	-0,28	-0,23	0,04	0,18	DExFM	-0,23	-0,19	-0,23	-0,15	-0,17	0,00
P1000GxAP			-0,19	-0,07	0,08	0,16	DExAE	0,05	-0,18	0,05	-0,06	-0,20	-0,29
P1000GxCE			0,09	0,12	-0,08	0,20	DExAPL	0,49	0,19	0,49	0,04	0,20	0,31
P1000GxDE	0,38	0,40	0,38	0,26	0,39	0,38	DExPP	-0,08	-0,28			0,24	0,12
P1000GxEA					-0,06	-0,17	DExIA	-0,35	0,15	-0,35	0,04	-0,49	0,26
P1000GxNF	-0,23	-0,53	-0,23	-0,49			EAxFM					0,06	0,33
P1000GxPERF	-0,23	-0,37					EAxAE					-0,14	0,24
P1000GxFM	-0,35	-0,35	-0,35	-0,24	-0,56	-0,41	EAxAPL					0,08	-0,28
P1000GxAE	-0,09	0,09	-0,09	0,04	-0,44	0,10	EAxPP					0,11	-0,21
P1000GxAPL	0,23	-0,03	0,23	0,00	-0,27	-0,11	EAxIA					-0,30	-0,26
P1000GxPP	0,26	0,49			0,39	0,00	NFxPERF	-0,04	-0,11				
P1000GxIA	-0,32	-0,06	-0,32	-0,04	-0,44	-0,11	NFxFM	0,24	0,04	0,24	0,08		

¹ PG: produtividade de grão; P1000G: peso de 1000 grãos; Pg: porcentagem de grãos; AP: aspecto de planta; CE: comprimento da espiga; DE: diâmetro da espiga; NF: número de fileira de grão; EA: espiga apodrecida; EV: espiga vazia; NL: número de lagarta; PERF: número perfilho; FM: floração masculina; AE: altura da espiga; APL: altura de planta; PP: relação pendão/planta total e IA: índice de altura.

Tabela 4 (Cont.). Estimativas da correlação fenotípicas simples e parciais, para os experimentos realizados em Capitan Miranda, Choré e Yjhovy. Paraguai. Biênio 2011/12. Foram considerados caracteres significativos nas análises variância individuais (Apêndice A, B e C).

Correlação Fenotípica							Correlação Fenotípica						
Características	Capitan Miranda		Choré		Yjhovy		Características	Capitan Miranda		Choré		Yjhovy	
	Simples	Parcial	Simples	Parcial	Simples	Parcial		Simples	Parcial	Simples	Parcial	Simples	Parcial
PgxAP			-0,40	-0,14	-0,35	0,10	NFxAE	0,34	0,00	0,34	-0,06		
PgxCE			-0,25	-0,18	-0,21	-0,41	NFxAFL	0,56	0,07	0,56	0,13		
PgxDE	-0,35	-0,16	-0,35	-0,45	-0,48	-0,35	NFxFA	-0,12	0,16	-0,03	0,06		
PgxEA					-0,37	-0,13	PERFxFM	0,05	-0,16				
PgxNF	-0,21	-0,08	-0,21	0,08			PERFxAE	-0,15	-0,04				
PgxPERF	0,08	-0,07					PERFxAPL	-0,15	0,04				
PgxFM	-0,19	-0,46	-0,19	-0,13	-0,05	0,19	PERFxPP	0,37	0,47				
PgxAE	0,04	-0,22	0,04	-0,09	-0,02	0,12	PERFxIA	-0,05	0,06				
PgxAPL	-0,30	0,23	-0,30	0,02	-0,31	-0,14	FMxAE	0,41	-0,17	0,41	-0,25	0,57	-0,14
PgxPP	-0,10	0,14			0,07	0,11	FMxAFL	0,18	0,21	0,18	0,28	0,47	0,18
PgxIA	0,30	0,27	0,30	0,10	0,27	-0,10	FMxPP	0,03	0,36			-0,34	0,07
APxCE			0,15	0,27	-0,05	0,17	FMxFA	0,37	0,23	0,37	0,29	0,44	0,16
APxDE			-0,30	0,01	0,33	-0,10	AExAPL	0,58	0,99	0,58	0,99	0,79	0,99
APxEA					0,81	0,78	AExPP	-0,45	-0,13			-0,61	0,11
APxNF			-0,11	-0,08			AExIA	0,74	0,99	0,74	0,99	0,80	0,99
APxFM			0,35	0,00	-0,06	-0,24	APLxPP	-0,08	0,10			-0,40	-0,15
APxAE			-0,08	-0,23	-0,06	-0,14	APLxFA	-0,12	-0,98	-0,12	-0,98	0,26	-0,99
APxAFL			-0,28	0,21	0,22	0,19	PPxFA	-0,47	0,05			-0,57	-0,15
APxPP					0,20	0,32							

¹ PG: produção de grão; P1000G: peso de 1000 grãos; Pg: porcentagem de grãos; AP: aspecto de planta; CE: comprimento da espiga; DE: diâmetro da espiga; NF: número de fileira de grão; EA: espiga apodrecida; EV: espiga vazia; NL: número de lagarta; PERF: número perfilho; FM: floração masculina; AE: altura da espiga; APL: altura de planta; PP: relação pendão/planta total e IA: índice de altura.

variável CE foram com os caracteres FM e AE, com valores de 0,53 e 0,20, respectivamente, na correlação parcial na localidade de Yjhovy.

O caráter DE apresentou correlação positiva com os caracteres EA, APL e NF, sendo assim diretamente relacionado, o mais importante seria correlação com o número de fileira de grãos por constituir se componentes principal do rendimento. Correlações negativas de DE foram registrada entre FM e AE.

Os caracteres AP e EA apresentaram correlação positiva e muito altas com valores de 0,81 e 0,78 na correlação simples e parcial, respectivamente, para a localidade Yjhovy, apresentando-se ainda não significativas nas demais localidades. Esta correlação mostra que o aspecto de planta esta diretamente relacionada com a espiga apodrecida o que confirmam que híbridos com maior nota apresentaram os piores aspectos de plantas. Outros caracteres como AE, NF e FM apresentaram correlação negativa mais são características de pouco significâncias relacionadas com aspecto de planta a exceção AE.

Correlação positiva de FM foram constatadas entre APL e IA, por tanto, quanto maior o número de dias para ocorrer o FM mais alta serão as plantas e o ponto a inserção das espigas, resultados similares foram obtidos por (Souza et al., 2002; Souza et al., 2008).

Maiores correlações positiva de AE foram constatadas entre APL e IA indicando que híbridos mais altos foram aqueles com ponto de inserção da espiga mais alto. Essa correlação é comum em populações de milho e está associado como desenvolvimento e arquitetura do milho como ressaltado por muitos autores (Fancelli et al., 2000; Souza et al., 2002; Souza et al., 2008).

3.3 Análise de trilha

Havendo multicolinearidade em níveis de considerados moderados a severos, entre um conjunto de variáveis explicativas, torna-se difícil avaliar a sua influência sobre a resposta na variável principal, e ignorar os seus efeitos pode provocar resultados danosos ou absurdos (Cruz, 2006). Dessa forma, foram feito primeiro um analise de multicolinearidade nos caracteres da matriz de correlação fenotípica.

Na Tabela 5 são apresentadas as estimativas dos efeitos diretos e indiretos sobre a variável dependente produção de grãos (PG), e as independentes primárias porcentagens de grão (Pg), peso de mil grãos (P1000G), diâmetro de espiga (DE),

comprimento de espiga (CE) e números de fileiras de grãos (NF); e secundárias floração masculina (FM), altura de planta (APL), aspecto de planta (AP), espiga vazia (EV) e prolificidade (PROL) para a localidade de Capitan Miranda.

Avaliando os componentes primários sobre a variável principal PG, nota-se que a maior magnitude de efeito direto em sentido favorável foi de porcentagem de grãos (Pg). Com isto, o Pg indica ser o melhor caractere secundário para a seleção indireta para produtividade de grão. Segundo Cruz et al. (2012), a seleção simultânea de caracteres com ênfase nos efeitos diretos, cujas magnitudes são altas, pode resultar em ganhos na variável principal. Todos os outros caracteres primários também apresentaram efeitos direto positivos com a produtividade de grão, sendo o DE e CE que apresentaram maiores aporte, resultados similares foram obtidos por Lopes et al., (2007). Os maiores aportes positivos observados em DE e CE foram por via indireta de P1000G e assim, também os maiores aportes positivos para P1000G foram via indireta de DE e CE, estes resultados também foram encontrados no trabalho de Lopes et al. (2007). Nota-se também que todos os outros caracteres apresentaram efeito indireto negativo sobre Pg, indicando que um aumento nessas características pode influenciar negativamente a porcentagem de grão.

Os componentes secundários que apresentaram maiores efeitos direto sobre a PG foram altura de planta e prolificidade. Rangel et al. (2011) trabalhando com milho pipoca obtiveram maiores efeitos direto de altura de planta com PG. A floração masculina apresentou efeito direto favorável, porem de baixa magnitude, tendo sido observado ainda que o efeito total dessa característica foi negativo, indicando influencia indireta das outras características sobre a PG. Os caracteres AP e EV apresentaram efeito direto negativo, indicando que um aumento nessas características pode influenciar negativamente a PG.

Conforme relatam Cruz et al. (2012) os componentes secundários geralmente são características menos complexas, possuem maiores herdabilidades e, em alguns casos, são mais simples de serem mensurados. Neste trabalho nem em todas as variáveis secundárias apresentaram maiores herdabilidade.

Tabela 5. Estimativa dos efeitos diretos e indiretos sobre a variável dependente produção de grãos (PG), e as independentes primárias porcentagens de grão (Pg), peso de mil grãos (P1000G), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e números de fileiras de grãos (NF); e secundárias floração masculina (FM), altura de planta (APL), aspecto de planta (AP), espiga vazia (EV) e prolificidade (PROL) para a localidade de Capitan Miranda. Paraguai. Biênio 2011/12.

Efeitos	Variáveis Primárias				
	Pg	P1000G	DE	CE	NF
Direto sobre PG	0,820	0,217	0,484	0,244	0,070
Indireto via Pg		-0,231	-0,287	-0,202	-0,173
Indireto via P1000G	-0,061		0,082	0,020	-0,049
Indireto via DE	-0,170	0,183		-0,012	0,233
Indireto via CE	-0,060	0,022	-0,006		0,025
Indireto via NF	-0,015	-0,016	0,034	0,007	
Total	0,514	0,175	0,306	0,057	0,105
R ²	0,629				
Efeito Residual	0,609				
	Variáveis Secundárias				
	FM	APL	AP	EV	PROL
Direto sobre PG	0,005	0,236	-0,532	-0,309	0,196
Indireto via FM		0,001	0,002	0,001	0,000
Indireto via APL	0,042		-0,066	0,025	0,011
Indireto via AP	-0,185	0,150		-0,239	-0,035
Indireto via EV	-0,089	-0,033	-0,139		0,029
Indireto via PROL	-0,007	0,009	0,013	-0,018	
Total	-0,234	0,362	-0,723	-0,539	0,201
R ²	0,675				
Efeito Residual	0,570				

Na Tabela 6 são apresentadas as estimativas dos efeitos diretos e indiretos sobre a variável dependente produção de grãos (PG), e as independentes primárias porcentagens de grão (Pg), peso de mil grãos (P1000G), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e números de fileiras de grãos (NF); e secundárias floração masculina (FM), altura de planta (APL), aspecto de planta (AP), espiga vazia (EV) e prolificidade (PROL) para a localidade de Choré.

Avaliando os componentes primários sobre a variável principal PG, nota-se novamente que a maior magnitude de efeito direto em sentido favorável foi de porcentagem de grãos Pg. Com isto, o Pg indica ser o melhor caractere secundário para a seleção indireta para produtividade de grão, todos os outros caracteres primários também apresentaram efeitos direto positivos com a produtividade de grão, sendo CE e NF os que apresentaram maiores valores. Ivanovic e Rosic (1985), verificaram a

existência de elevado efeitos de variáveis de componentes de rendimento sobre a variável produtividade de grãos, em milho, os maiores efeitos positivos observados em CE e NF foram via indireta por DE e P1000G, respectivamente, já, como houve efeito indireto negativo no Pg, P1000G e CE, a correlação total entre NF e produtividade de grãos foi baixa. Resultados similares foram obtidos por Balbinot et al. (2005) trabalhando com variedades de polinização aberta. Nota-se também que todos os outros caracteres apresentaram efeito indireto negativo com o Pg a exceção do P1000G, indicando que um aumento nessas características pode influenciar negativamente o porcentagem de grão.

Tabela 6. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos sobre a variável dependente produção de grãos (PG), e as independentes primárias porcentagens de grão (Pg), peso de mil grãos (P1000G), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e números de fileiras de grãos (NF); e secundárias floração masculina (FM), altura de planta (APL), aspecto de planta (AP), espiga vazia (EV) e prolificidade (PROL) para a localidade de Choré. Paraguai. Biênio 2011/12.

Efeitos	Variáveis Primárias				
	Pg	P1000G	DE	CE	NF
Direto sobre PG	0,571	0,121	0,069	0,541	0,407
Indireto via Pg		0,113	-0,165	-0,114	-0,205
Indireto via P1000G	0,024		0,044	0,002	-0,033
Indireto via DE	-0,020	0,025		-0,007	0,031
Indireto via CE	-0,108	0,007	-0,053		-0,018
Indireto via NF	-0,146	-0,110	0,184	-0,013	
Total	0,321	0,156	0,079	0,408	0,183
R ²	0,502				
Efeito Residual	0,705				
	Variáveis Secundárias				
	FM	APL	AP	EV	PROL
Direto sobre PG	-0,298	0,389	-0,283	-0,132	0,439
Indireto via FM		-0,116	-0,012	-0,038	-0,059
Indireto via APL	0,152		-0,138	-0,007	0,009
Indireto via AP	-0,011	0,100		0,002	0,087
Indireto via EV	-0,017	0,002	0,001		-0,020
Indireto via PROL	0,087	0,011	-0,135	0,066	
Total	-0,087	0,386	-0,567	-0,108	0,457
R ²	0,551				
Efeito Residual	0,670				

Os componentes secundários que apresentaram maiores efeitos direto sobre a PG foram, altura de planta e prolificidade. Nesta localidade a floração masculina apresentou

efeito direto negativo, tendo sido observado ainda que o efeito total dessa característica foi negativo, indicando influencia indireta das outras características sobre a PG, a consequência desse efeito já foi explicadas no item anterior. Os caracteres AP e EV apresentaram efeito direto negativo, indicando que um aumento nessas características pode influenciar negativamente a PG.

Na Tabela 7 são apresentadas as estimativas dos efeitos diretos e indiretos sobre a variável dependente produção de grãos (PG), e as independentes primárias porcentagens de grão (Pg), peso de mil grãos (P1000G), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e números de fileiras de grãos (NF); e secundárias floração masculina (FM), altura de planta (APL), aspecto de planta (AP), espiga vazia (EV) e prolificidade (PROL) para a localidade de Yjhovy.

Avaliando os componentes primários sobre a variável principal PG, nota-se novamente que a maior magnitude de efeito direto em sentido favorável foi de porcentagem de grãos Pg. Com isto, o Pg indica ser o melhor caractere secundário para a seleção indireta para produtividade de grão. Todos os outros caracteres primários também apresentaram efeitos direto positivos a exceção P1000G e NF com a produtividade de grão, sendo o CE e DE que apresentaram maiores aporte positivos. O diâmetro de espiga apresentou efeito direto favorável, porem de baixa magnitude, tendo sido observado ainda que o efeito total dessa característica fosse negativo, indicando influencia indireta das outras características sobre a PG. O P1000G foi negativo com a PG, mas apresentou alto valor positivo via indireta com DE e NF. Nota-se também que todos os outros caracteres apresentaram efeito indireto negativo com o Pg a exceção do P1000G, indicando que um aumento nessas características pode influenciar negativamente o porcentagem de grão.

Os componentes secundários que apresentaram maiores efeitos direto sobre a PG foram, altura de planta e prolificidade resultados similares em Avati Morotô foram obtidos por Machado et al. (2004). Nesta localidade a Prol apresentou maior valor de correlação com a variável PG (0,577), sendo o componente mais associado à produtividade. Resultados similares foram encontrados em trabalhos realizados por Machado (2013), para Avati Morotô. Os caracteres AP e EV apresentaram efeito direto negativo, indicando que um aumento nessas características pode influenciar negativamente a PG.

Tabela 7. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos sobre a variável dependente produção de grãos (PG), e as independentes primárias porcentagens de grão (Pg), peso de mil grãos (P1000G), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e números de fileiras de grãos (NF); e secundárias floração masculina (FM), altura de planta (APL), aspecto de planta (AP), espiga vazia (EV) e prolificidade (PROL) para a localidade de Yjhovy. Paraguai. Biênio 2011/12.

Efeitos	Variáveis Primárias				
	Pg	P1000G	DE	CE	NF
Direto sobre PG	0,563	-0,103	0,321	0,455	-0,144
Indireto via Pg		0,021	-0,271	-0,121	-0,157
Indireto via P1000G	-0,004		-0,041	0,009	0,037
Indireto via DE	-0,154	0,126		0,000	0,162
Indireto via CE	-0,098	-0,039	0,000		0,061
Indireto via NF	0,040	0,051	-0,073	-0,019	
Total	0,347	0,056	-0,064	0,324	-0,041
R ²	0,322				
Efeito Residual	0,823				
	Variáveis Secundárias				
	FM	APL	AP	EV	PROL
Direto sobre PG	0,102	0,123	-0,206	-0,208	0,577
Indireto via FM		0,048	-0,006	0,000	0,009
Indireto via APL	0,058		0,027	0,013	0,002
Indireto via AP	0,012	-0,045		-0,056	0,080
Indireto via EV	-0,001	-0,023	-0,056		0,001
Indireto via PROL	0,050	0,011	-0,223	-0,002	
Total	0,221	0,114	-0,464	-0,253	0,669
R ²	0,570				
Efeito Residual	0,655				

Segundo trabalho realizado por Machado (2013), com Avati Morotô os caracteres de interesse principal que devem ser priorizados no processo seletivo são os pesos de 100 grãos e hectolitro, número de espiga por planta, porcentagem de grãos e número de fileira de grãos na espiga. Um segundo caractere a ser considerado e que tem forte associação com rendimento é a prolificidade.

4. CONCLUSÃO

De forma sucinta:

- a) Conclui-se a existência de considerável quantidade de variabilidade genética para todas as características, entre eles a produtividade, a exceção do número de lagarta (NL) e espiga vazia (EV) para ser explorado em futuros programas de melhoramento genético de milho amiláceo;
- b) A produtividade de grão (PG) correlaciona-se positivamente com a altura de planta e porcentagem de grãos para a localidade de Choré e Yjhovy; e
- c) Os caracteres porcentagem de grãos (Pg) e comprimento de espiga (CE) são os que apresentaram maior efeito direto sobre a PG entre os componentes primários e entre os componentes secundários foram altura de planta (APL) e prolificidade (PROL).

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R. W. 1971. Princípios do melhoramento genético de plantas. São Paulo: Edgard Bluecher. 381p.
- ALMEIDA, M. L.; MUNDSTOCK, C. M.; SANGOI, L. 1998. Conceito de ideotipo e seu uso no aumento do rendimento potencial de cereais. *Ciência Rural*. v. 28, n. 2, p. 325 – 332.
- AVILA, A. V.; SANCHES, F. M. 1978. Correlación de métodos de ajuste para corrección por fallas em sorgo para grano. *Agrociência*. v. 31, p. 45-64.
- BALBINOT JR., A. A.; BACKES, R. L.; ALVES, A. C.; OGLIARI, J. B.; FONSECA, J. A. da. 2005. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. *Revista Brasileira Agrociência*. Pelotas. v. 11, n. 2, p. 161 – 166.
- CRUZ, C. D. 2006. Programa GENES, Estatística experimental e matrizes. Ed. UFV, Viçosa – MG. 285p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v. 1. 4 edição. Viçosa: UFV. 514p.
- 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.
- DA SILVA, R.; LIMA, M.; GALLO, P.; PATERNIANI, M. E.; SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C.; MORAIS, C. de. 2006. Estimativas de parâmetros genéticos em uma população de milho e potencial para programas de melhoramento. *Revista Blociência*. Taubaté. v. 12, n. 3-4, p. 115 – 121.
- DINAC, 2014. Dirección de Meteorología e Hidrología de la Dirección Nacional de Aeronáutica Civil (Paraguay). Disponible en <http://www.meteorologia.gov.py>.
- FALCONER, D. S. 1987. Introdução à Genética quantitativa. Viçosa. MG: UFV. 279p.
- FALUBA, J.; MIRANDA, G.; LIMA, R. de; SOUZA, L. de; DEBEN, E.; OLIVEIRA, A. M. 2010. 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.
- FAO. 2004. Agricultural Production Indices. The State of the World's Plant Genetic Resource for Food and Agriculture. Disponível em: <http://faostat.fao.org/faostat>. Acesso em: 10 de maio 2014.
- FARNELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. 2000. Ecofisiologia e fenologia. In: Fancelli, A. L. (Ed.) Produção de milho. 1 ed. Guaíba – SP: Agropecuária. 360p.

- FURTADO, M. R.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. 2002. Análise de trilha do rendimento do feijoeiro e seus componentes primários em monocultivo e em consórcio com a cultura do milho. *Ciência Rural*. Santa Maria. v. 32, n. 2, p. 217 – 220.
- GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. 2002. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília. v.37, n.7, p.1001-1008.
- IVANOVIC, M.; ROSIC, K. 1985. Path coefficient analysis for three stalk traits and grain yield in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*. Bergamo. v. 30, p. 233 – 239.
- LECLERG, E.L. 1966. Significance of experimental design in plant breeding. In Frey, KJ. FREY (ed) *Plant Breeding. A symposium held at Iowa State University*. The ISU Press. Ames. p. 243-313.
- LOPES, S. J.; LÚCIO, A. D.; STORCK, L.; DAMO, H.; BRUM, B.; DOS SANTOS, V. J. 2007. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. *Ciencia Rural*. Santa Catarina. v. 37, n. 6, p. 1536 – 1542.
- MACHADO, V. 2013. Productividad y Adaptabilidad de cultivares de maíz harinoso Avati Morotî. *Investigación Agraria*. 15(2). 75-81p.
- MACHADO, V.; NOLDIN, O.; FLORENTIN, M. 2004. Correlacion entre rendimiento y caracteres de planta y mazorca en accesiones de maíz amiláceo Avatí Morotî en Paraguay. In: MAG/SSEA/DIA/Centro Regional de Investigación Agrícola. *Memorias. Jornadas Técnicas. Cincuentenario del CRIA*. 30 nov – 1 dic 2004. Capitán Miranda. Paraguay. p. 123 – 128.
- MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. 2002. Cultivo do milho. germinação e emergência. Comunicado Técnico 39. Ministério da Agricultura, pecuária e abastecimento. Sete Lagoas. MG.
- MONTGOMERY E PECK. 1981. *Introduction to linear regression analysis*. New York : J. Wiley. 504p.
- RANGEL, R. M.; AMARAL JÚNIOR, A.; FLEITAS JÚNIOR, S. 2011. Associação entre características agronômicas e capacidade de expansão em população de milho pipoca sob seleção recorrente. *Ciência Agrotec.* Lavras. v. 35, n. 2, p. 225 – 233.
- RIOS, S. A.; BORÉM, A.; GUIMARÃES, P. E.; PAES, M. C. 2012. Análise de trilha para carotenoides em milho. *Ver. Ceres*. Viçosa. v. 59, n. 3, p. 360 – 373.
- SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIEIRA, R. A.; PINTO, R. J. B.; CONRADO, T. V. 2010. Correlations between the stability and

adaptability statistics of popcorn cultivars. *Euphytica*. Wageningen. v. 174, p. 209 – 218.

SOUZA, A. R.; MIRANDA, G.; PEREIRA, M.; FERRER, P. 2008. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. *Caatinga* (Mossoró. Brasil). v. 21, n. 4, p. 183 – 190.

SOUZA, F. R. de; RIBEIRO, P. H.; VELOSO, C. A.; CARRÊA, L. A. 2002. Produtividade e estabilidade fenotípica de cultivares de milho em três municípios do Estado do Pará. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. v. 37, n. 9, p. 1269 – 1274.

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

WRAIGHT, S. 1921. Correlation and causation. *Journal of Agricultural Research*. Washington. v. 20, n. 7, p. 557 – 585.

CAPÍTULO 3
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO TIPO
AMILÁCEO

RESUMO

A determinação da divergência genética em cultivares de milho dentro de um programa de melhoramento genético é muito importante para se conhecer o potencial que os materiais possuem em sua utilização per se e para extração de linhagens com maior divergência possível. Os melhoristas têm utilizado a avaliação de divergência genética para a seleção de genitores que apresentam altos valores para as características desejadas e complementaridade gênica, expresso pela diversidade, com outros potenciais genitores. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética para fins de melhoramento, a influência ambiental e a contribuição relativa dos caracteres para diversidade genética, pelo método de Singh (1981), para 49 genótipos de milho amiláceo, em três ambientes, na região Oriental do Paraguai. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições, com a parcela contendo 25 plantas. Em todos os locais, observou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos, sendo o híbrido 48 o mais divergentes entre eles. Houve concordância do padrão de agrupamento por diferentes métodos. A partir do dendrograma de vizinho mais próximo foram formados dois grupos para as localidades de Capitan Miranda e Choré, mas para Yjhovy foram formados três grupos. Pelo método de UPGMA foram formados dois, três e quatro grupos para as localidades de Capitan Miranda, Chore e Yjhovy. Houve concordância entre as localidades em relação à expressão da diversidade, com correlação significativa entre as medidas de dissimilaridade. De maneira geral, os caracteres floração masculina (FM) e altura de planta (APL) foram os que mais contribuíram para a divergência genética.

Palavras chaves: Variabilidade, Milho amiláceo, Estimativa, UPGMA, Melhoramento.

ABSTRACT

Determination of genetic diversity in maize cultivars in a breeding program is a very important feature for knowing the potential that materials have on their use for the extraction of strains with possible divergence. The breeders have been using the evaluation of genetic diversity for the selection of parents that have high values for the desired features and more divergent cultivars. The aim of this study was to estimate the genetic divergence, so is the relative contribution of genetic diversity to characters by the method of Singh (1981) for 49 genotypes of maize starch in three environments in eastern Paraguay. The experimental design was a randomized block design with three replications, with plot containing 25 plants. In all locations, there was a significant genetic variability among genotypes, with hybrid 48 the most divergent between them. From the dendrogram using the method of nearest neighbor two groups were formed in the villages Capitan Miranda and Choré, although for Yjhovy three groups were created. In the unweighted average linkage (UPGMA) of the method were, three and four groups for the localities Capitan Miranda, Chore and Yjhovy, Characters male flowering (FM) and plant height (APL) were the main contributors to the divergence gene.

Key words: Variability, corn starch, estimate, UPGMA, improvement.

1. INTRODUÇÃO

O milho é uma cultura muito importante economicamente, representando o segundo cereal mais consumido pela humanidade, além de constituir em indispensável matéria-prima de diversificados complexos agroindustriais (Fancelle e Dourado Neto, 2000; Magalhães et al., 2002; Miura et al., 2013). Por esta razão, há intenso investimento na área de melhoramento genético do milho, tanto no desenvolvimento de variedades altamente produtivas quanto na exploração da heterose manifestada em híbridos com excelentes características agronômicas.

O desenvolvimento de novos cultivares de milho, bem adaptados e de alta produtividade é de suma importância para se incrementar o atividade agrícola diversificada, principalmente no caso de Avati Morotô cujas características é de menor produtividade comparando com outros tipos de milho.

A divergência genética pode ser avaliada por meio de técnicas multivariada ou por processos preditivos. Por dispensarem a obtenção de híbridos, os métodos preditivos da divergência genética têm merecido considerável ênfase. Estes tomam por bases diferenças entre características que possuem medida de dissimilaridade como por exemplo a distância euclidiana ou de Mahalanobis (Cruz et al., 2011).

Segundo Cruz et al. (2012), a divergência genética é importante para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilita o monitoramento de bancos de germoplasmas, pois gera informações úteis para preservação e uso dos acessos.

A análise de agrupamento, geralmente associada a estudos da diversidade genética, tem por finalidade reunir genitores (ou qualquer outro tipo de unidade amostral) em vários grupos, de modo que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos, minimizando a variação dentro e maximizando a variância entre os grupos, ou ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos. O processo de agrupamento envolve basicamente duas etapas. A primeira relaciona-se com estimação de uma medida de proximidade entre os progenitores e a segunda, com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (Cruz et al., 2012).

Os métodos de agrupamento facilitam a avaliação da diversidade genética, quando o número de indivíduos envolvidos no estudo é relativamente grande, o que

torna extremamente difícil o reconhecimento de grupos homogêneos através do exame visual das estimativas. Para facilitar este estudo, utilizam-se os métodos de aglomeração, que podem ser hierárquicos ou de otimização (CRUZ et al., 2011).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número de grupos. Para este caso, Cruz et al. (2012) apresentam algumas formas distintas de representar a estrutura de agrupamento com base na distância entre os pares de genótipos, das quais destacamos três delas: i) utilizando a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo, denominado método da distância média (UPGMA); ii) utilizando a menor distância existente entre um par de genótipos, denominado de método do vizinho mais próximo ou da ligação simples e iii) utilizando a maior distância encontrada entre um par de genótipos, denominado de método do vizinho mais distante ou ligação completa. Cabe ao pesquisador adotar àquela que melhor represente a estrutura de agrupamento esperada com base no seu conjunto de dados.

No estudo da diversidade genética de uma população são utilizados caracteres de várias naturezas destacando os agrônômicos e os morfológicos que, por sua vez, são submetidos às técnicas biométricas multivariadas, permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (Cruz et al., 2012). A ausência de informação tem dificultado a formação de grupos heteróticos adequados na utilização em programas de melhoramento, visando à obtenção das melhores combinações híbridas e/ou proporcionando maior variabilidade nas futuras populações de extração de linhagens. Com isso, objetivou-se com este trabalho avaliar a divergência genética entre 49 genótipos (híbridos duplos e testemunhas comerciais) de milho amiláceo sob diferentes condições edafoclimáticas na região oriental do Paraguai, na safra 2011/2012.

Também foi investigada a consistência do agrupamento por diferentes técnicas de agrupamento e a influência das diferenças edafoclimáticas das localidades estudadas sobre o padrão de agrupamento e sobre a importância relativa dos caracteres na diversidade mensurada.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Locais de experimentação

O estudo foi realizado em três localidades da Região Oriental do Paraguai, Capitan Miranda - Estado de Itapúa situado a 27° 13'12'' S e 55° 47'59' W com 200 msnm; Choré - Estado de San Pedro situado a 24° 11' 60' S e 56° 34'00'W com 250 msnm e Yjhovy – Estado de Canindeyú situado a 24° 15' S e 55° 60'W com 200 msnm. Esses locais são considerados ambientes contrastantes quanto às condições de solo López et al. (1995) e de clima Dinac (2014). Na Figura 1 estão apresentados os locais e estados em que foram avaliados os ensaios.

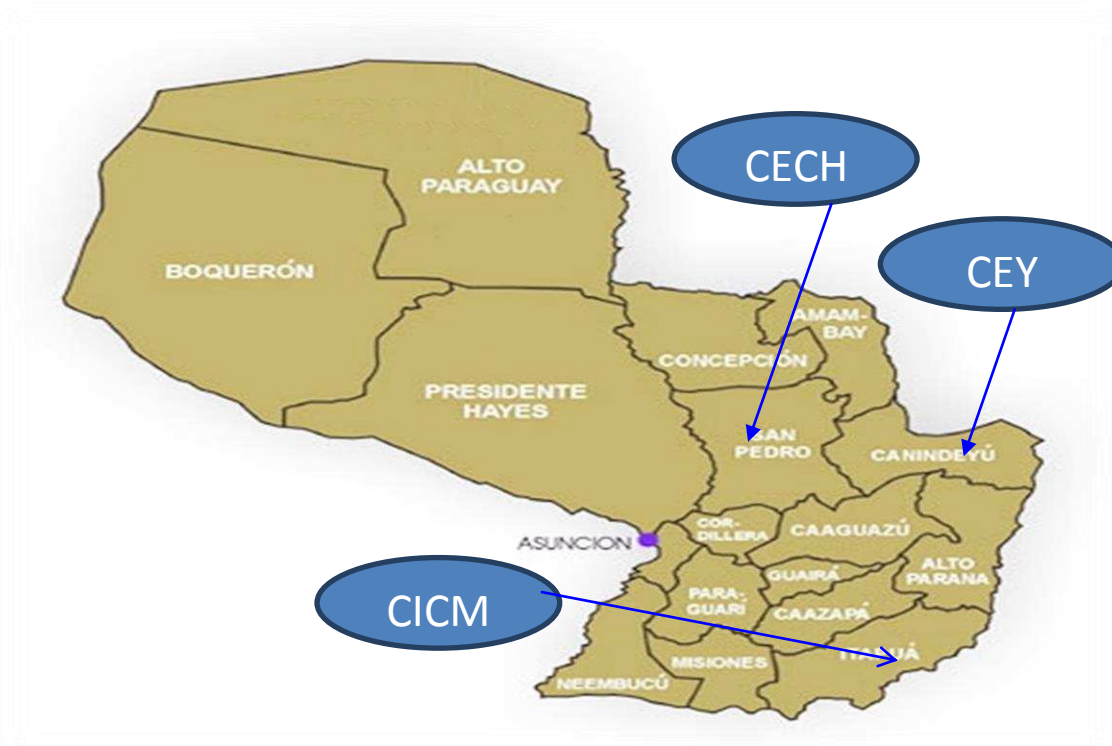


Figura 1: Estados e localidades da Região Oriental em que foram avaliados os ensaios. Paraguai. Biênio 2011/12.

2.5 Material genético

Foram utilizados 70 cruzamentos simples de diferentes origens, semeadas em duas fileiras de dez metros de comprimento, com separação de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. Com base na informação sobre o ciclo dos cruzamentos simples, foram selecionados quatro grupos de maturação e cada um deles semeados em forma escalonada permitindo o maior número de cruzamentos possível.

As polinizações foram realizadas entre os dias 02/02/2011 e 24/02/2011, obtendo-se um total de 145 híbridos duplos. A colheita dos materiais foi feita entre os períodos compreendidos do 05/05/2011 e 17/05/2011. A avaliação das características e pesagem dos grãos de todos os cruzamentos obtidos foi realizada entre os períodos do 07/05/2011 e 22/05/2011. Foram selecionados 132 híbridos duplos com suficientes sementes para serem avaliados em três localidades diferentes.

Tabela 1. Número de cruzamentos simples por grupo de maturação, data de semeadura e emergência de plântulas, na geração de cruzamentos duplos de Avati Moroti. Paraguai. Biênio 2011/2012.

Grupo de Maturação	Número de cruzamentos simples	Data	
		Semeadura	Emergência
Tardio	5	22/11/10	01/12/10
Intermediário	25	25/11/10	03/12/10
Precoce	26	29/11/10	05/12/10
Super-precoces	14	02/12/10	08-10/12/10

Para facilitar o manejo dos ensaios, os 132 cruzamentos foram divididos em três grupos de 44 híbridos cada um, de acordo com a precocidade, sendo o Grupo I, tardio, o Grupo II, Intermediário e Grupo III, Precoces. A cada grupo foi agregado cinco cultivares como testemunhas: a variedade experimental GVS 254; duas variedades do Programa de Investigação de Milho (PIM-IPTA), GV 252 e GV 253; e duas variedades comumente utilizadas por agricultores, AM Choré e AM San Juan Bautista.

Tabela 2. Descrição dos híbridos duplos e as testemunhas utilizadas no experimento. Paraguai. Biênio 2011/12.

Grupo III(Precoces)								
Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia	Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia	Gen ¹ .	Ent ² .	Genealogia
1	1	1 x 8	17	17	6 x 43	33	33	15 x 40
2	2	1 x 9	18	18	6 x 55	34	34	15 x 46
3	3	1 x 12	19	19	8 x 6	35	35	15 x 52
4	4	1 x 36	20	20	8 x 55	36	36	15 x 58
5	5	1 x 37	21	21	9 x 4	37	37	16 x 18
6	6	1 x 40	22	22	9 x 26	38	38	16 x 26
7	7	1 x 55	23	23	11 x 1	39	39	18 x 38
8	8	3 x 8	24	24	11 x 46	40	40	18 x 42
9	9	3 x 38	25	25	11 x 55	41	41	18 x 52
10	10	4 x 8	26	26	12 x 3	42	42	18 x 58
11	11	4 x 11	27	27	12 x 16	43	43	18 x 59
12	12	4 x 21	28	28	12 x 28	44	44	19 x 36
13	13	6 x 11	29	29	14 x 21	45	133	GV 252
14	14	6 x 12	30	30	14 x 42	46	134	GV 253
15	15	6 x 36	31	31	14 x 69	47	135	SINT 6
16	16	6 x 40	32	32	15 x 36	48	136	AMCHORÉ
						49	137	AMSJBTA

¹: Genótipo, ²: Entrada

Para este trabalho só foi considerado o grupo precoce.

2.6 Delineamento experimental

Foi considerado o delineamento de blocos casualizados com três repetições. O tamanho da unidade experimental foi uma fileira de 5,00 metros de comprimento, com separação de 0,90 metros entre fileiras e 0,20 metro entre plantas, ajustando assim uma população de 55555 plantas por hectare.

2.7 Avaliação Agronômica

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- **Plantas com Perfilhos (PERF):** Número de plantas com perfilhos na parcela útil, sem importar quantos perfilhos tem a planta, quando as plantas tenham seis a oito folhas, expressado em porcentagem. Para o análises estatístico os dados foram transformados pela fórmula $\sqrt{X + 1}$;
- **Plantas com ataque de Spodoptera frugiperda (NL):** Numero de plantas afetadas na parcela útil, quando as plantas tenham de quatro a oito folhas, expressado em porcentagem. No análises estatístico os dados foram transformados pela formula $\sqrt{X + 1}$;
- **Floração masculina (FM):** Data em que 50% das plantas na parcela útil emitem pólen, expressado em dias;
- **Altura de espiga (AE):** Média de três plantas, medida desde o nível do solo até o nó da espiga mais alta, realizada em algum momento e o entre o inicio da maturação fisiológica e a colheita, expressado em centímetros;
- **Altura de planta (APL):** A média de três plantas, medido desde o nível do solo até o ápice da planta, realizado em algum momento desde o inicio da matures fisiológica até o dia da colheita, expressado em centímetros;
- **Relação pendão/planta total (PP):** Obtido por regra de três simples. Indica o tamanho do pedúnculo e a panícula com relação ao tamanho total da planta, sendo preferível um tamanho de 20% o menor;
- **Índice de altura (IA):** obtido pela divisão entre altura ao nó da espiga e altura ao ápice do pendão. Indica a posição da espiga na planta, sendo preferível um índice igual ou menor a 0,50;
- **Aspecto de planta (AP):** Registrado quando as plantas ainda estavam verdes e com as espigas totalmente formadas, qualificando a uniformidade da altura de inserção das espigas e da planta, danos causados por insetos e doenças, plantas tombadas e

quebradas, e em especial ao rendimento esperado de acordo ao tamanho e numero de espigas na planta. Utilizando uma escala de 1 a 5, onde 1 é o melhor e 5 pior;

- **Índice de prolificidade (PROL):** Obtido pela divisão entre o número de espigas e o número de plantas na parcela útil. É igual a numero de espigas por planta;
- **Comprimento de espiga (CE):** Média de três espigas representativas da parcela útil, medida desde sua base até o ápice. Expressado em centímetros;
- **Diâmetro de espiga (DE):** Média das mesmas três espigas representativas da parcela útil, medida na parte mediana da espiga. Expressado em centímetros;
- **Número de fileiras de grãos (NF):** A média das mesmas três espigas representativas da parcela útil, contado na parte mediana da espiga;
- **Espiga apodrecida (EA):** Dos totais das espigas colhidas, numero de espigas apodrecidas por doenças, insetos ou outras causas, que estejam afeitados em 10 % ou mais, expressado em porcentagem. No analises estatístico os dados foram transformados pela formula $\sqrt{X + 1}$;
- **Espiga vazia (EV):** Dos totais das espigas colhidas, numero de espigas que apresentam falta de grãos em 25% ou mais da mesma. Nas analises estatísticas os dados foram transformados pela formula $\sqrt{X + 1}$;
- **Porcentagem de grãos (Pg):** É a diferenca entre o peso da espiga completa (grãos e sabugo) e o peso dos grãos, expressado em porcentagem;
- **Peso de 1000 grãos (P1000G):** Peso de 100 grãos multiplicados por 10, expressado em gramas; e
- **Produtividade de grãos (PG):** Para o cálculo, foi utilizado o peso do grão obtido na parcela útil e a área da parcela. Expresso em quilogramas por hectare.

O rendimento e o peso de 1000 grãos foram ajustados a 13% de umidade. Para calcular o rendimento por hectare efetuou-se uma correção para o estande de planta, por população, considerando a unidade experimental, por meio equação adaptada de Leclerg (1966):

$$P_{\text{corrigido}} = P_{\text{campo}} \left[(42) - \frac{(0,3 * M)}{(42 - M)} \right];$$

em que:

M = número de plantas faltantes

E para a correção da umidade foi usado o métodos proposto por Avila e Sanches (1978):

$$P_{\text{corrigido}} = P_{\text{campo}} \left[(100) - (\%U) / (100 - 13) \right];$$

em que:

U = umidade de grão

2.5 Análises Estatísticas

2.5.1 Análise de variância individual

Inicialmente, os dados de cada ambiente foram submetidos à análise de variância individual, visando detectar variabilidade entre os híbridos e a testemunhas, de acordo com o modelo:

$$Y_{ik} = m + T_i + B_k + E_{ik}$$

em que:

Y_{ik} = valor observado do i-ésimo genótipo, no k-ésimo bloco;

m = média geral;

T_i = efeito do i-ésimo Tratamento T [genótipo G_i ($i = 1, 2, \dots, g$) ou testemunha t_i ($i = 1, 2, \dots, t$)];

B_k = efeito do bloco k ($k = 1, 2, \dots, r$); e

E_{ik} = erro aleatório.

Considerou-se ainda as pressuposições:

$$a) \sum_{i=1}^T T_i = 0; \sum_{i=1}^g G_i = 0; \sum_{i=1}^t t_i = 0;$$

$$b) B_k \sim NID(0, \sigma_b^2);$$

$$c) E_{ik} \sim NID(0, \sigma^2); e$$

d) B_k e E_{ik} são independentes.

O esquema da análise de variância, para cada ambiente, encontra-se no Quadro 1.

Quadro 1. Esquema da análise de variância individual e esperanças de quadrado médio

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Blocos	r-1	SQB	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Tratamento	T-1	SQT	QMT	-
Híbrido	g-1	SQG	QMG	$\sigma^2 + r\phi_g$
Testemunha	t-1	SQt	QMt	-
Hib vs Test	1	SQC	QMC	-
Resíduo	(r-1)(T-1)	SQR	QMR	σ^2

$$\phi_g = \sum_i G_i^2 / (g - 1)$$

2.5.2 Análises de diversidade genética

No estudo da divergência genética entre os híbridos utilizou-se a distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2), como medida de dissimilaridade e, para delimitação dos grupos, utilizou-se o método de UPGMA e vizinho mais próximo.

Foi realizado também o estudo da importância relativa dos caracteres na predição da divergência genética, com base no método proposto por Singh (1981).

2.5.3 Distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2)

Para estimar a divergência genética pela distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2) é necessário levar em consideração a covariância residual entre as características. Assim, D_{ii}^2 pode ser estimada a partir dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (matriz de dispersão) ou a partir dos dados transformados, via condensação pivotal aplicada à matriz de dispersão.

Para o estudo da diversidade genética entre híbridos, a estimativa de D_{ii}^2 foi obtida por meio de:

$$D_{ii}^2 = \delta' \Sigma^{-1} \delta$$

em que:

Σ : matriz de covariâncias (v x v) que expressa a matriz de dispersão entre as variáveis originais e v representa o número de variáveis consideradas na análise.

$$\delta' = [d_1 d_2 \dots d_n]; \text{ e}$$

$$d_j = X_{ij} - X_{i'j}; \text{ diferença entre genitores i e i' em relação à média da j-ésima variável.}$$

2.5.4 Método de agrupamento vizinho mais próximo (Single Linkage)

Este método consiste, inicialmente, em obter a matriz de distância (dissimilaridade) entre os genótipos representativos dos potenciais genitores que deverão ser utilizados no inter cruzamento para a formação de uma população base de

melhoramento genético. São identificados os dois genitores mais similares (menor distância entre eles) os quais são reunidos em um grupo inicial. A seguir, é calculada a distância daquele primeiro grupo em relação aos demais indivíduos (ou genitores). A distância entre um grupo e um indivíduo é fornecida pela expressão (Manly, 1994).

$$D_{(ab)c} = \min (d_{ac} ; d_{bc})$$

ou seja, a distância entre o grupo constituído pelos indivíduos, a e b, e o indivíduo c, é fornecida pelo menor elemento do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos (ac) e (bc).

2.5.5 Método de agrupamento UPGMA (“Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages”)

O método de UPGMA é baseado em distâncias genéticas, que considera a similaridade geral no agrupamento das unidades taxonômicas. No método UPGMA, para o cálculo dos valores médios atribui-se sempre o mesmo peso aos dois elementos que estão sendo integrados. Como cada membro adicionado ao agrupamento tem o mesmo peso, isso traz como efeito que os últimos elementos a se integrarem tem maior influência que os primeiros.

Para calcular a distância de um novo grupo para todos os outros grupos, é necessário computá-las como um peso médio da distância de seus componentes:

$$D_{(ab)c} = \text{média} (d_{ac} ; d_{bc}) = (d_{ac} + d_{bc})/2$$

2.5.6 Estabelecimento de corte no dendrograma

A determinação do ponto de corte do dendrograma foi baseada na metodologia de Mojena (1977), abaixo:

$$PC = \hat{\mu}_{\alpha} + k\hat{\sigma}_{\alpha},$$

em que:

PC é o ponto de corte

$\hat{\mu}_{\alpha}$ a média dos níveis de fusão que são estabelecidos em cada um dos g-1 passos do processo de agrupamento;

k constante arbitrária estabelecida de acordo com sugestão de Miligan e Cooper (1985), que corresponde ao valor de 1,25; e

$\hat{\sigma}_{\alpha}$ é o desvio padrão dos níveis de fusão.

2.5.7 Importância relativa das características na divergência genética

Identificam-se as características de menor importância para a divergência genética entre o grupo de genitores avaliados como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação são de maior magnitude, em valor absoluto, pois estas são responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível.

Para definir a importância relativa das características na divergência genética foi utilizada a metodologia de Singh (1981), onde a distancia entre dois genótipos pela distancia de Mahalanobis é expressa como seguir:

$$D_{ii'}^2 = \sum W_{jj'} d_j d_{j'}$$

em que:

$W_{jj'}$ = elemento da matriz Σ^{-1}

Assim, a estimativa da distância entre um par de genótipos, denotado por m , pode ser realizada partindo de uma matriz $v \times v$, cujos elementos medem a distribuição de cada variável para aquela distância.

O total de colunas dessa matriz é dado por $S_{m1}, S_{m2}, \dots, S_{mp}$, em que m é em par de genótipos de uma população com g genótipos, tendo $g(g-1)/2 = q$ pares de genótipos. Desde modo a expressão anterior pode ser expressa como a seguir:

$$D_{ii'}^2 = D_m^2 = \sum S_{mj}$$

Uma comparação entre os diferentes valores de S_{m1} para determinado m mostrará contribuição das diferentes características X_j , para determinação de $D_{ii'}^2$.

Os valores de $D_{ii'}^2$, entre os prováveis pares de genótipos podem ser somados, obtendo-se o valor total da divergência genética, expressa como a seguir:

$$\sum_j \sum D_{ii'}^2 = \sum D_m^2 = \sum \sum S_j$$

S_j = valor total sob todos os n valores para a característica X_j

Os v valores de S_j oferecem adequada importância relativa das diferentes características na expressão da divergência total. A importância relativa da característica j para o estudo de divergência genética pode ser estimada e representada por valores percentuais de S_j conforme a seguir:

$$\frac{S_j}{\sum \sum D_{ii'}^2}$$

2.5.8 Teste de Mantel

O teste desenvolvido por Mantel (1967) permite comparar duas matrizes simétricas, e é dado por:

$$Z_m = \sum_i \sum_j n_{ij} g_{ij}$$

onde n_{ij} e g_{ij} são os elementos das matrizes N e G a serem comparadas. O único requisito é que as duas matrizes sejam independentes. A associação ou correlação entre as duas matrizes é testada por permutações aleatórias de seus elementos. A cada permutação um valor Z_m é calculado. Como Z_m mantém uma relação monotônica com o r de Pearson, o Teste de Mantel é um procedimento para testar a significância da matriz de correlação entre as duas matrizes (Manly, 1991; Diniz-Filho, 1998; Rodrigues et al., 2002).

O teste de Mantel foi baseado em 1000 simulações para se testar a significância das correlações matriciais. Nas análises estatísticas foram realizadas utilizando o Programa Genes (Cruz, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Dissimilaridade genética avaliada pela distancia generalizada de Mahalanobis entre híbridos de milho

Na Tabela 3 são apresentadas as medidas de dissimilaridades médias (DMM) e relação das 49 genótipos de milho amiláceo mais e menos similares com base nas distancias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 17 características morfo-agronômicas para a localidade de Capitan Miranda.

O conhecimento da divergência genética fornecem parâmetros para escolha de genitores que, ao serem cruzados, possibilitam maior efeito heterótico na progênie, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (; Miranda et al., 2003; Paixão et al., 2008; Paterniani et al., 2008; Cruz et al., 2012).

Para se obter o milho híbrido se parte do princípio das linhagens puras, as quais são cruzadas entre si, dando como resultado a semente híbrida, que é utilizada nos plantios comerciais. O milho híbrido, como ocorre com todos os híbridos em geral, só tem alto vigor e produtividade na primeira geração, de modo que é necessário estabelecer um ciclo recorrente para se obter nova semente híbrida todos os anos. Nesta etapa de extração de novas linhagens é necessário estabelecer compostos, resultantes do cruzamento de bons genitores que reúnam a qualidade de bom desempenho individual, ampla diversidade genética e boa capacidade combinatória.

Entre as decisões que os melhoristas de plantas tomam constantemente, uma das mais importantes é a escolha de populações para um programa de seleção, deve ser a mais acertada, uma vez que escolha inadequada de população implicará em perda do tempo e dos recursos destinados ao melhoramento (Moro et al., 2007; Fuzatto, 2002 citado por Rotili et al., 2012).

Os genótipos 48, 40, 36, 15 e 45 destacaram-se como as menos similares entre as 49 genótipos, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): com valores de 247,1; 162,6; 157,4; 156,1 e 154,2, respectivamente. O genótipo 48 destacou-se como uma das mais dissimilares de todas, com DMM igual a 247,1, estando envolvido a em 42 das 49 distâncias registradas. O segundo genótipo que colaborou para as mais dissimilares foi 45, estando envolvido em 27 das 49 distancias registradas.

Tabela 3. Medidas de dissimilaridades médias (DMM) e relação das 49 genótipos de milho amiláceo mais e menos similares com base nas distancias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 17 características morfo-agronômicas para a localidade de Capitan Miranda, Paraguai. Biênio 2011/12.

HIBRIDOS	Menos similares					Mais similares				
	Híbridos				Médias	Híbridos				Médias
1	48	15	14	36	66,3	4	31	2	37	9,8
2	48	45	21	47	82,3	4	38	1	3	10,4
3	48	45	47	43	91,6	8	2	27	28	11,2
4	48	45	21	15	68,8	1	42	2	7	8,9
5	48	40	15	39	78,4	12	25	7	6	15,3
6	48	40	15	29	76,3	7	11	23	24	12,4
7	48	45	40	15	63,6	23	6	11	27	9,5
8	48	45	15	14	72	3	7	17	1	12,2
9	48	45	47	49	113,8	35	30	32	2	13,9
10	48	45	49	21	129,5	36	15	29	40	12
11	48	40	15	45	78	23	7	6	20	11,4
12	48	45	21	19	84,4	43	41	44	5	11,1
13	48	45	21	49	106,4	28	32	34	35	16,5
14	48	45	21	49	145,3	29	10	36	13	15,8
15	48	45	21	47	156,1	10	30	35	40	17,9
16	48	15	36	40	70,7	7	4	1	46	12,8
17	48	40	29	36	75,5	46	31	8	16	12,6
18	40	36	15	14	85,1	17	16	19	1	19,2
19	48	40	43	29	89,2	18	17	21	46	22
20	40	15	48	36	87,7	24	23	11	22	12,1
21	29	40	14	15	114,6	17	19	46	11	23,5
22	15	40	36	29	88,7	20	23	16	11	16,5
23	48	45	15	40	67,6	7	11	24	33	8,8
24	48	15	40	36	73,2	20	23	1	6	11,3
25	48	15	39	19	90,6	5	12	43	22	18,2
26	48	45	21	47	95,8	33	27	28	23	16,2
27	48	45	47	21	80	33	7	38	2	11
28	48	45	21	47	95,5	35	13	3	27	12,5
29	48	45	21	49	152,4	40	35	10	34	12
30	48	45	47	49	132,6	35	9	10	40	14
31	48	29	36	14	75,9	1	17	33	4	13,2
32	48	45	49	21	101	9	42	4	13	15,7
33	48	45	47	49	79,9	27	23	26	7	10,7
34	48	45	47	49	140,9	35	29	13	40	15,4
35	48	45	47	49	125,4	28	34	40	29	11,2
36	48	45	49	47	157,4	10	14	40	29	14,5
37	48	45	43	25	89,2	1	27	4	2	14,1
38	48	45	21	47	103	2	27	39	4	12,9
39	48	45	25	47	96,2	38	27	1	37	17,7
40	48	45	47	49	162,6	29	35	10	30	12,7
41	48	15	19	45	78	12	23	44	24	13,4
42	48	15	21	19	78,6	44	4	32	24	11,7
43	48	21	19	15	104,4	12	44	25	5	14,9
44	48	45	21	19	102,6	42	12	43	41	12
45	40	36	29	15	154,2	49	47	46	17	24,7
46	40	29	15	36	85,1	17	49	16	7	14,1
47	40	15	36	29	111,9	49	45	22	20	21,8
48	40	15	36	29	247,1	45	49	47	18	54,2
49	40	29	36	34	111,9	46	17	45	47	17,8

Existem vários trabalhos na literatura que relatam que quanto maior a divergência genética entre os parentais maior será a heterose e, consequentemente,

maior a produtividade (Melo et al., 2001); ou para extração de linhagens endogâmicas (Simon et al., 2012).

Apesar de o genótipo 48 mostrar-se como uma das mais divergentes em relação às demais, deve-se ter cuidado para elegê-lo em um programa de melhoramento, por apresentar características desfavoráveis, como baixo potencial de produção, elevado altura de planta e ciclo muito longo, entanto, o fato de dois genitores serem divergentes não implica superioridade de seus híbridos. Por outro lado, o híbrido 15 se apresenta com grande potencial e, portanto, tem-se grande interesse do ponto de vista de seu aproveitamento nos programas de melhoramento, pois foi um dos híbridos com medias de produção mais alta (Tabela 5 do Capítulo 1).

Os híbridos duplos mais similares na localidade de Capitan Miranda foram 1, 7, 23, 2 e 4 sendo os híbridos 4 e 23 os mais similares, com DMM de 8,9 e 8,8, respectivamente, em razão de ter exibido a menor distância média entre os pares de distâncias estimadas (Tabela 3). O híbrido 4, apesar de ter apresentado baixa diversidade genética, tem grande interesse do ponto de vista de seu aproveitamento nos programa de melhoramento, pois apresenta características como produção media alta e baixa altura de planta.

Na Tabela 4 são apresentadas as medidas de dissimilaridades médias (DMM) e relação das 49 genótipos de milho amiláceo, mais e menos similares, com base nas distancias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 17 características morfo-agronômicas para a localidade de Choré. Nesta localidade os genótipos 45, 48, 10, 40 e 29 destacaram-se como os menos similares entre os 49 genótipos, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): com valores de 148,6; 143,4; 122,3; 116,5 e 105,7, respectivamente. O genótipo 45 destacou-se como um dos mais dissimilares de todas, com DMM igual a 148,6, estando envolvido em 39 das 49 distâncias registradas. O segundo genótipo foi 48, com DMM igual 143,4, sendo o que mais colaborou para as dissimilares estando envolvido em 42 das 49 distancias registradas.

Tabela 4. Medidas de dissimilaridades médias (DMM) e relação das 49 genótipos de milho amiláceo mais e menos similares com base nas distancias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 17 características morfo-agronômicas para a localidade de Choré. Paraguai. Biênio 2011/12.

HIBRIDOS	Menos similares					Mais similares				
	Híbridos				Médias	Híbridos				Médias
1	45	48	44	10	68,6	3	46	4	7	18,9
2	45	48	10	47	55,8	3	18	7	30	10,7
3	45	48	44	49	63	38	2	8	39	7,3
4	45	48	49	47	63,1	43	42	37	26	15,3
5	45	48	19	49	55,8	22	2	35	6	13,4
6	45	48	10	44	50,6	20	7	11	28	10,4
7	45	10	48	44	55	20	46	3	6	8,6
8	48	45	44	10	73	3	39	38	7	9,8
9	45	48	49	47	83,1	33	36	3	38	10,5
10	48	45	21	19	122,3	29	36	14	25	18,9
11	48	10	40	36	57,7	20	6	7	41	12,6
12	48	45	14	10	54,2	7	43	24	6	13,8
13	45	48	47	15	65,5	43	27	30	2	17,7
14	48	45	49	47	103,3	36	29	38	40	14,4
15	48	45	44	21	92,1	38	36	14	34	21,9
16	45	48	44	10	75,5	35	18	39	3	15,6
17	10	44	48	14	69,8	19	20	7	21	9
18	48	45	10	44	65,1	3	32	2	20	11,7
19	10	44	48	25	75,4	17	20	31	18	9,9
20	10	44	36	40	57,2	7	11	6	19	8,5
21	10	15	40	29	71,9	20	17	7	18	12,7
22	40	45	10	15	59,5	5	47	43	44	17
23	45	48	47	10	65	32	42	41	24	10,6
24	45	48	14	49	65,2	25	42	23	12	12
25	45	48	19	49	83,8	42	24	43	44	10,1
26	48	45	47	44	61,8	3	43	2	38	11,2
27	48	45	47	49	81,5	28	30	32	26	12,6
28	48	45	44	47	70,2	39	38	27	30	9,6
29	45	48	47	49	105,7	36	40	10	30	12,3
30	48	45	47	49	82,6	39	27	28	2	11
31	10	44	45	48	66,8	19	20	7	17	11,3
32	45	48	47	49	73,5	23	18	27	34	12
33	48	45	49	47	78,5	38	3	9	2	10
34	45	48	47	44	85,2	35	38	37	32	13,8
35	45	48	44	49	63,7	39	34	16	38	12,1
36	45	48	49	19	101,9	9	29	14	33	11,9
37	45	48	47	49	74,7	43	34	3	35	14,5
38	48	45	44	49	74,7	39	3	33	28	7,8
39	48	45	44	47	70,5	38	28	3	8	7,5
40	45	48	47	49	116,5	29	30	38	34	13,7
41	45	10	48	15	67,4	23	11	42	43	15,1
42	45	48	19	47	65	25	23	43	44	9,6
43	45	48	47	19	57,1	4	26	42	37	10,5
44	45	19	48	15	85,4	42	25	22	43	15,9
45	10	40	29	36	148,6	49	20	48	21	41,6
46	48	10	45	44	59,2	7	3	20	8	12,3
47	40	10	29	14	77,8	22	7	5	6	26,3
48	10	40	14	29	143,4	45	22	21	20	43,8
49	36	10	40	14	79,1	20	11	13	7	23,1

Apesar dos genótipos 48 e 45 e 10 mostrarem-se como aqueles mais divergentes em relação aos demais, deve-se ter cuidado para elegê-los em um programa de melhoramento, por apresentar características desfavoráveis, como baixo potencial de produção, elevada altura de planta e ciclo muito longo. Por outro lado, sobre o híbrido 40 se possa ter grande interesse do ponto de vista de seu aproveitamento nos programas

de melhoramento uma vez que foi um dos híbridos que apresentou menor dia de florescimento masculino (Tabela 5 do Capítulo 1).

Deve-se preferir, para fins de formação de compostos, cruzamentos entre populações ou genótipos que apresentaram altas médias e divergência ampla nas características de interesse. No entanto, se houver a necessidade de ser optar entre uma população com média de produção intermediária e ampla diversidade, ou outra com alta produção e diversidade intermédia, deve-se preferir esta última. O trabalho dispensando para aumentar a produção nesta população, com a finalidade de alcançar níveis produtivos de determinada população com média alta, não é compensador, apesar dos maiores ganhos genéticos nos primeiros ciclos de seleção. Assim, o potencial de melhoramento das cultivares foi determinado pelas altas médias das características agrônômicas mais importantes e a posição das cultivares em diferentes grupos obtidos da divergência genética (Hallauer e Miranda Filho, 1981).

Os híbridos mais similares na localidade de Choré foram 3, 39, 38, 7 e 17 sendo os híbridos 3 e 39 os mais similares, com DMM de 7,3 e 7,5, respectivamente, em razão de ter exibido a menor distância média entre os pares de distâncias estimadas (Tabela 4). O híbrido 39 apesar de ter apresentado baixa diversidade genética, se destaca e, certamente, possa se ter grande interesse do ponto de vista de seu aproveitamento nos programa de melhoramento, pois apresenta características como produção media alta, Segundo Ferreira et al. (1995) e Paterniani et al. (2008) é preciso selecionar genitores superiores, pois a utilização de somente genitores contrastantes não é garantia de sucesso no programa de melhoramento.

Na Tabela 5 são apresentadas as medidas de dissimilaridades médias (DMM) e relação das 49 genótipos de milho amiláceo mais e menos similares com base nas distancias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 17 características morfo-agronômicas para a localidade de Yjhovy.

Na localidade de Yjhovy, os genótipos 48, 29, 45, 10 e 4 se destacaram como os menos similares entre os 49 genótipos com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): com valores de 119,8; 107,4; 98,4; 89,4 e 88,5, respectivamente. O genótipo 48 destacou-se como um dos mais dissimilares de todos, com DMM igual a 119,8, estando envolvido em 36 das 49 distâncias registradas. O segundo genótipo que

colaborou para os maiores valores de dissimilares foi o híbrido 29, estando envolvido em 35 das 49 distancias registradas.

Tabela 5. Medidas de dissimilaridades médias (DMM) e relação das 49 genótipos de milho amiláceo mais e menos similares com base nas distancias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 17 características morfo-agronômicas para a localidade de Yjhovy, Paraguai. Biênio 2011/12.

HIBRIDOS	Menos similares					Mais similares				
	Híbridos				Médias	Híbridos				Médias
1	48	45	8	29	56,8	38	26	3	37	12,5
2	48	45	8	22	71,4	38	26	1	37	13,8
3	48	45	29	4	51,1	37	1	38	6	13,7
4	45	48	18	31	88,5	1	12	26	44	19,7
5	48	31	45	17	59,9	6	28	35	7	17,9
6	48	4	29	31	40,5	24	11	41	7	11,5
7	48	45	4	31	60,4	28	6	9	27	12,4
8	48	4	2	45	71,2	11	6	19	7	22,3
9	48	45	17	49	60,3	30	40	32	28	7,5
10	48	45	17	21	89,4	14	40	29	28	12,9
11	48	29	2	45	55,2	6	41	12	23	12,7
12	48	45	29	15	52,1	44	26	23	32	10,3
13	31	48	17	45	68,7	25	32	42	9	13,6
14	48	45	49	21	80,5	36	34	28	40	8,1
15	48	45	22	21	79,4	38	40	28	35	15,5
16	29	10	4	15	52,9	49	41	44	12	16,5
17	29	4	10	13	77,1	21	20	19	18	12,7
18	4	29	10	14	71,3	21	20	46	17	10,8
19	29	48	4	10	63,3	17	11	18	31	14,6
20	29	10	4	14	61,8	18	21	17	46	10,3
21	29	4	10	15	72,7	18	20	17	46	9,7
22	29	10	15	36	64,8	6	24	43	20	18,2
23	48	45	18	31	56,8	12	32	11	25	13,7
24	29	15	45	48	55,4	6	12	41	20	13,5
25	45	48	17	31	66,2	42	32	13	43	10
26	48	45	18	21	62,3	38	37	12	28	10,1
27	48	45	31	22	64,7	28	39	14	35	10,3
28	48	45	22	49	63,6	9	27	14	7	8,8
29	48	45	17	49	107,4	40	10	14	39	13,9
30	48	45	17	49	66,8	9	39	36	40	8,1
31	4	29	13	10	74,8	19	3	17	41	22,3
32	48	45	17	31	64,9	9	25	34	13	9,8
33	48	4	8	45	56,7	6	27	39	37	16,7
34	48	45	49	18	74,2	14	40	36	32	9,1
35	48	45	22	4	70,7	39	14	28	40	9,3
36	48	45	17	18	79,1	14	40	30	34	8,4
37	48	45	18	8	57,9	38	26	39	36	9,4
38	48	45	21	49	57,9	40	37	26	1	8,6
39	48	45	4	49	58,1	35	30	37	27	8,9
40	48	45	49	17	74,7	38	9	36	34	8,1
41	48	29	45	4	48,6	11	44	6	12	11,7
42	8	45	15	18	52,9	25	43	23	13	12,1
43	31	45	48	8	59,9	42	32	25	12	12
44	29	45	48	15	59,4	12	41	32	43	11,6
45	29	4	36	10	98,2	49	48	46	21	19,7
46	4	29	10	36	61,3	21	20	18	17	14
47	31	17	8	19	56,5	42	16	6	49	20,2
48	29	10	15	36	119,8	45	49	22	21	27,5
49	29	10	4	14	69	45	21	16	46	15,1

Os híbridos mais similares na localidade de Yjhovy foram 9, 14, 30, 40 e 36 sendo que o híbrido 9 destacou-se por ser o mais similar com DMM igual a 7,5, em

razão de ter exibido a menor distância média entre os pares de distâncias estimadas (Tabela 5). Deve também ser observados os híbridos 14, 30 e 40 que apresentaram valores de DMM baixo e igual a 8,1.

Para cada ambiente houve diferentes genótipos mais divergentes, porém quando considerados todos os locais conjuntamente os genótipos 48 e 45 destacaram-se como os mais divergentes entre todos avaliados (híbridos ou variedades testemunhas). Vários fatores influenciam na divergência genética dos materiais, sendo que as condições edafoclimáticas dos ambientes estudados são bastante peculiares e diversificadas, se tornando importante na expressão individual do genótipo para cada características e na divergência genéticas entre os eles.

3.2 Método de agrupamento vizinho mais próximo (Single Linkage)

Uma análise global do padrão do relacionamento e do padrão de agrupamento pode ser realizada por meio do uso de critérios preconizados nos diferentes métodos de agrupamento. O método hierárquico de ligação simples por vizinho mais próximo, propões que o agrupamento dos genótipos possa ser estabelecido pela inspeção na matriz de dissimilaridade e a reunião daqueles mais próximos formar o grupo inicial e os subsequentes (Cruz et al., 2012). Este método tem restrição de uso nos casos em que a variabilidade é restrita pois trabalha com níveis de fusão bem reduzidos, mas tem a vantagem de manter um padrão de agrupamento não elipsoide, evitando que genótipos muito divergentes venha pertencer a uma mesma ramificação do dendrograma.

Na Figura 1 são apresentados os grupos formados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, para a localidade de Capitan Miranda.

A partir do dendrograma representativos das populações de 49 genótipos de milho amiláceo (Figura 1), utilizando a linha de corte proposto por Mojena (1977), foi possível identificar a formação de dois grupos. O genótipo 48 foi o mais divergente formando o primeiro grupo, divergido do segundo grupo, formado a partir do híbrido 19, seguido dos demais genótipos. De acordo com Vieira et al. (2005) grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que tais indivíduos sejam mais divergentes em relação aos demais,

Na Figura 2 são apresentados os grupos formados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, para a localidade de Choré.

O dendrograma apresentado na Figura 2 demonstra a existência de divergência genética igual nos genótipos com a localidade de Capitan Miranda, onde novamente genótipo 48 foi o mais divergente formando o primeiro grupo, divergindo do segundo grupo, formado a partir do híbrido 19, seguido dos demais genótipos.

Segundo Bertan et al. (2006), a análise de agrupamento tem por finalidade reunir por critério de classificação, os genitores (ou qualquer outro tipo de unidade amostral) em vários grupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

Espera-se que genótipos constantes em um mesmo grupo de similaridade, quando cruzados entre se, exibam pouca heterose, recomendando-se, então, a realização de cruzamentos entre genótipos de grupos distintos, a fim de se obter maior ganho.

Na Figura 3 são apresentados os grupos formados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, para a localidade de Yjhovy.

A partir do dendrograma representativos das populações de 49 genótipos de milho amiláceo (Figura 3), utilizando a linha de corte proposto por Mojena (1977), foi possível identificar a formação de três grupos. O híbrido 8 foi o mais divergente formando o primeiro grupo, divergido do restante do segundo grupo, formado a partir do genótipo 48, seguido do outro grupo.

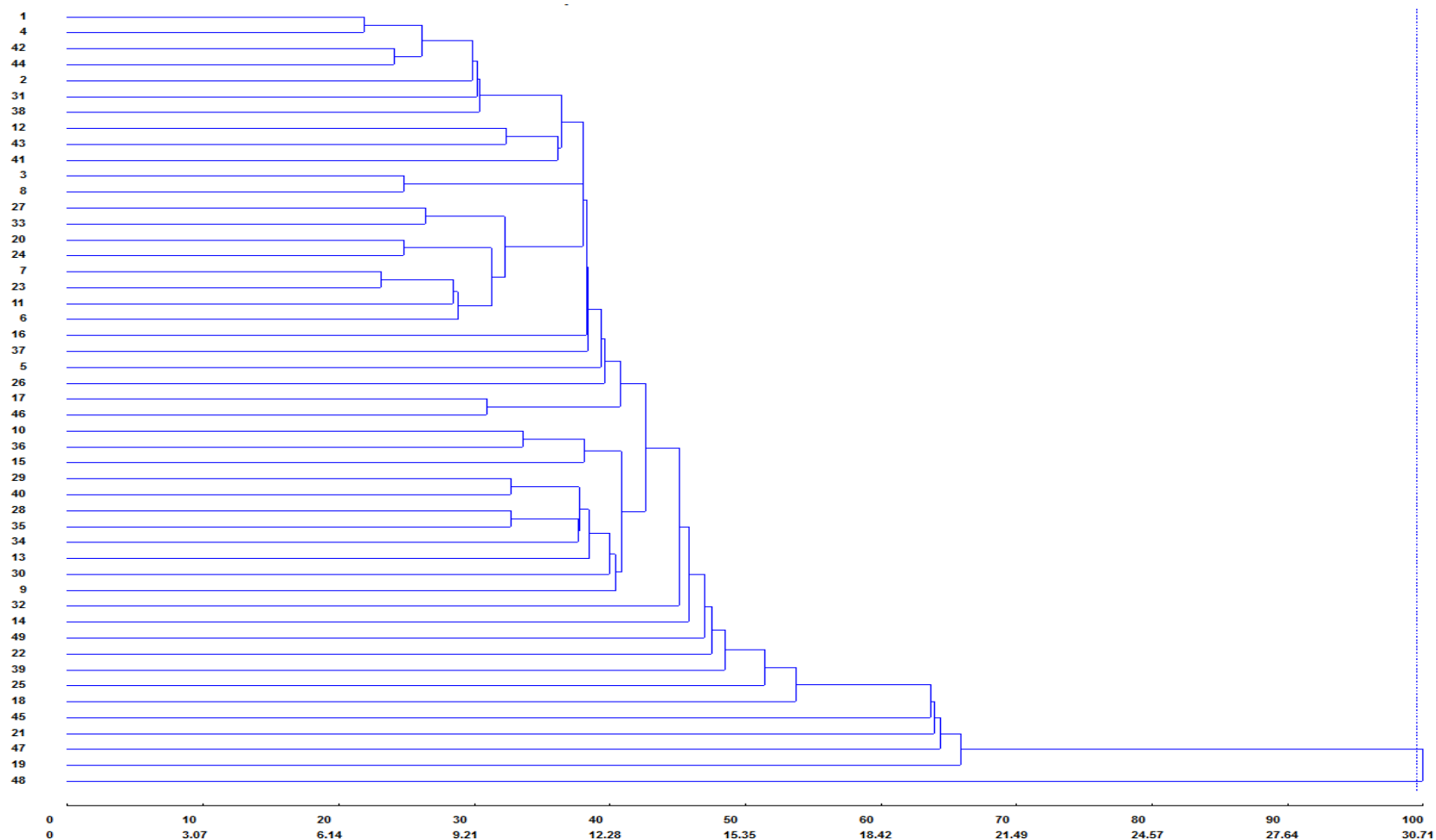


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 49 genótipos de milho amiláceo, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, em ensaios realizados em Capitan Miranda, Paraguai. Biênio 2011/12.

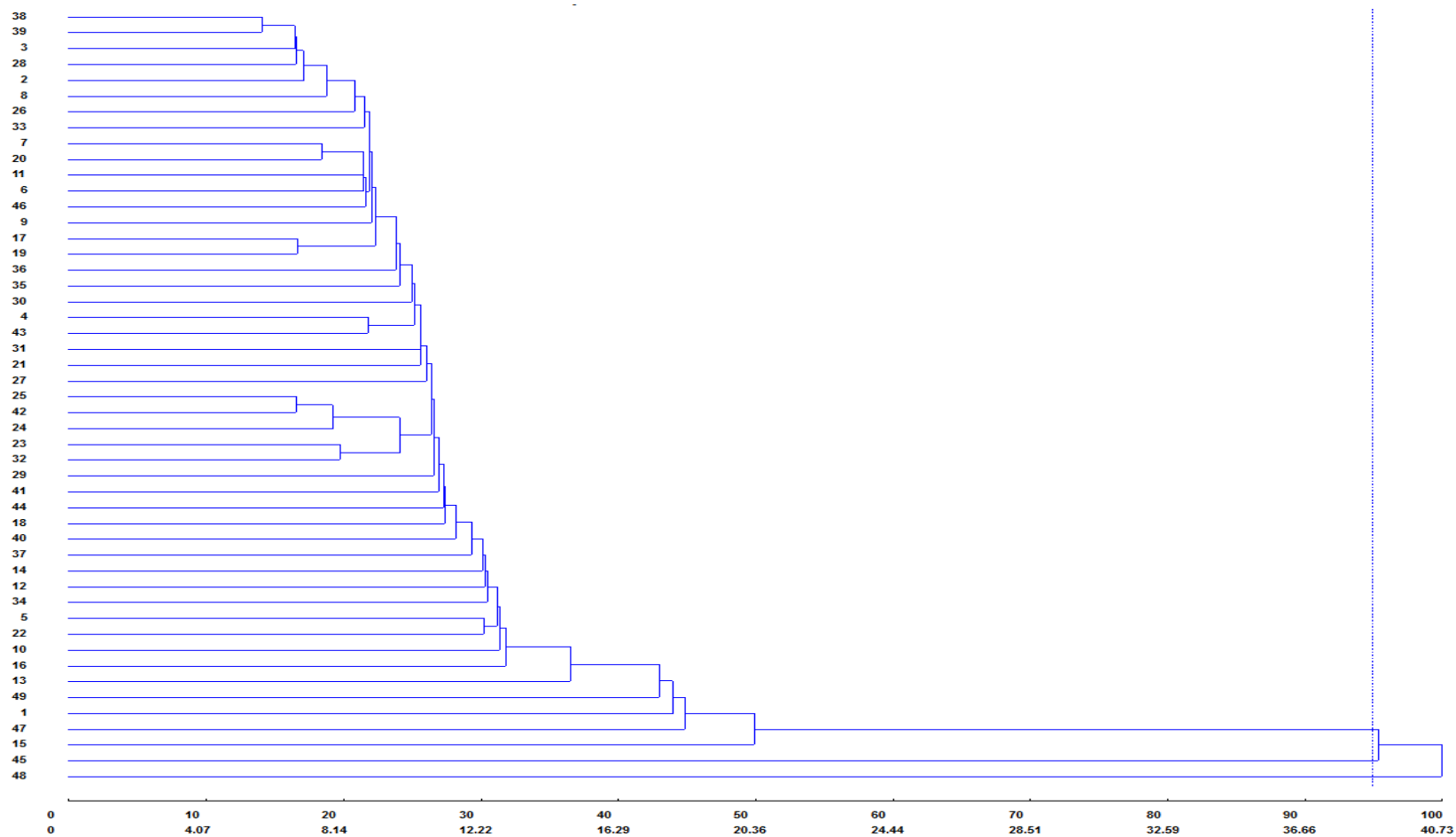


Figura 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 49 genótipos de milho amiláceo, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, em ensaios realizados em Choré. Paraguai. Biênio 2011/12.

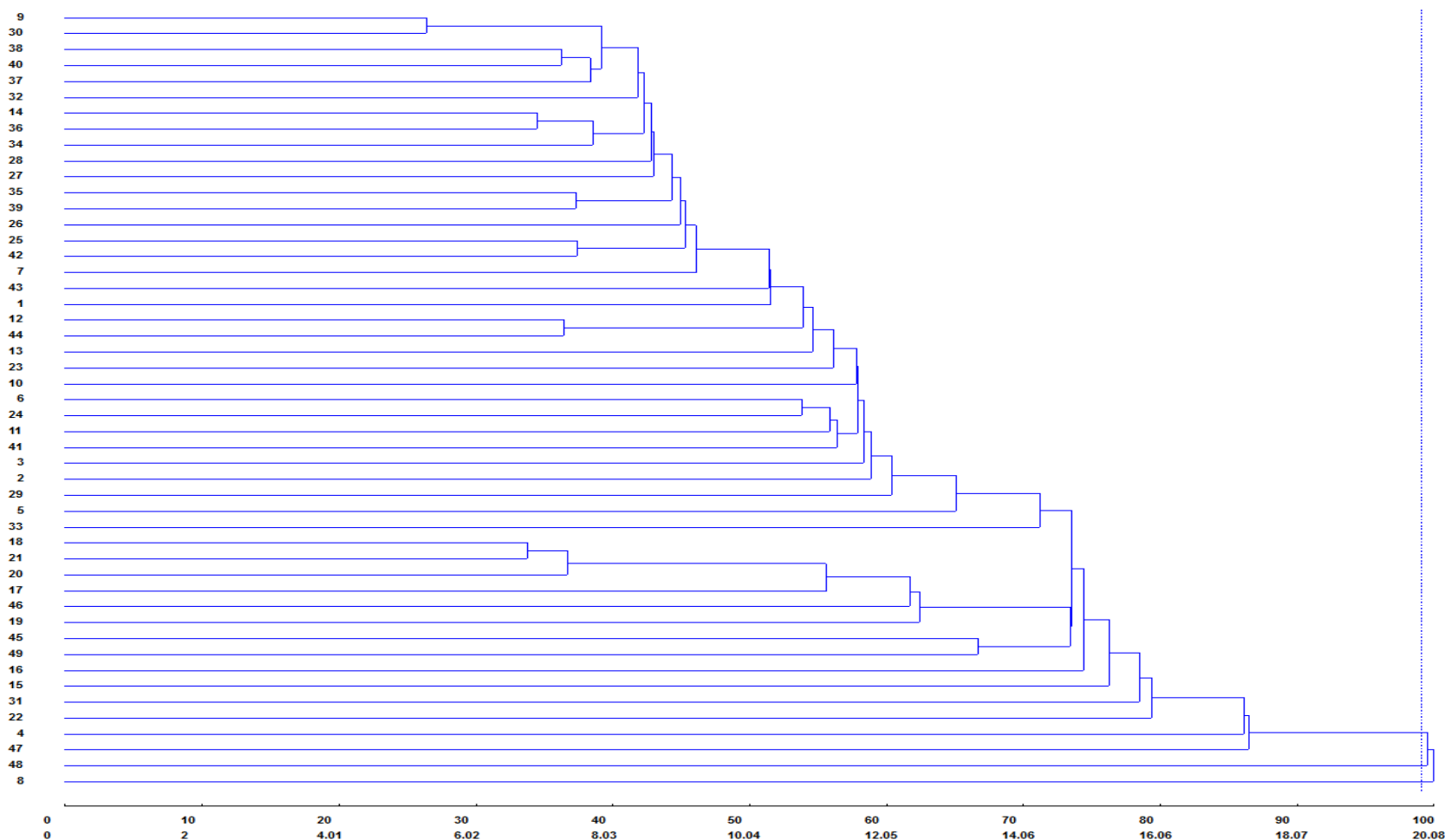


Figura 3. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 49 genótipos de milho amiláceo, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, em ensaios realizados em Yjhovy. Paraguai. Biênio 2011/12.

3.3 Método de agrupamento UPGMA (“Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages”)

Os 49 genótipos de milho amiláceo foram também agrupadas pelo método hierárquico UPGMA, cujo dendrograma ou diagrama em forma de árvore encontra-se na figura 4 para a localidade de Capitan Miranda.

Essa metodologia apresentou resultados similares aos observados pelo método de vizinho mais próximo. Pelos princípios estatísticos espera-se que o agrupamento UPGMA explore melhor a diversidade entre os genótipos, uma vez que trabalha com nível de fusão mais elevado porém tem a desvantagem de apresentar padrão de agrupamento elipsoide que, muitas vezes, permite que genótipos muito divergentes possa está numa mesma ramificação de um dendrograma. Também, em um contexto estatístico, o método UPGMA pode ser vantajoso por apresentar maior coeficiente de correlação cofenético que mede o grau de associação entre as distâncias originais e aquelas representadas graficamente no dendrograma.

Adotando o critério do método UPGMA, pode-se constatar correspondência perfeita entre os grupos formados pelo método vizinho mais próximo (Figura 1) e os grupos exibidos pelo método de UPGMA. Assim o primeiro grupo do método UPGMA, foi composto pelo mesmo genótipo constituinte do grupo primeiro do método de vizinho mais próximo, fato que também tem sido observado por outros autores (Elias et al., 2007; Zuin et al., 2009 e Simon et al., 2012). Um mesmo padrão de agrupamento obtido por diferentes técnicas, ou critério, demonstra a consistência dos resultados e ratifica a informação sobre as similaridades (ou dissimilaridades) obtidas.

Na Figura 5 são apresentados os grupos formados, obtidos pela método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, para a localidade de Choré. A partir do dendrograma representativos das populações de 49 genótipos de milho amiláceo (Figura 5), utilizando a linha de corte proposto por Mojena (1977), foi possível identificar a formação de três grupos. O genótipo 48 foi o mais divergente formando o primeiro grupo, divergindo do restante do segundo grupo, formado a partir dos genótipos 49 e 45, seguido do outro grupo com os demais genótipos.

Na Figura 6 é apresentado o padrão de agrupamento obtidos pela método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, para a localidade de Yjhovy. A partir do dendrograma representativos das populações de 49 genótipos de milho amiláceo (Figura 6), utilizando a linha de corte proposto por Mojena (1977), foi possível identificar a formação de quatro grupos. Agrupando-se no primeiro grupo, como os menos divergentes oito genótipos, divergindo do restante do segundo grupo, formado a partir do genótipo 48, seguido do demais grupos. Também se pode observar que um grupo foi formado pelo genótipo quatro.

A utilização de genitores similares reduz as chances de se obter progressos com a seleção, pois se perde tempo como as hibridações e na condução de populações segregantes, em condições de campo, com pouca probabilidade de darem origem a uma nova cultivar com características competitivas para um mercado cada vez mais exigente, Por isso, faz-se necessário avaliar a diversidade genética, pois as chances de se obter populações segregantes com variabilidade superior serão maiores quanto mais distantes geneticamente e complementares forem os genitores.

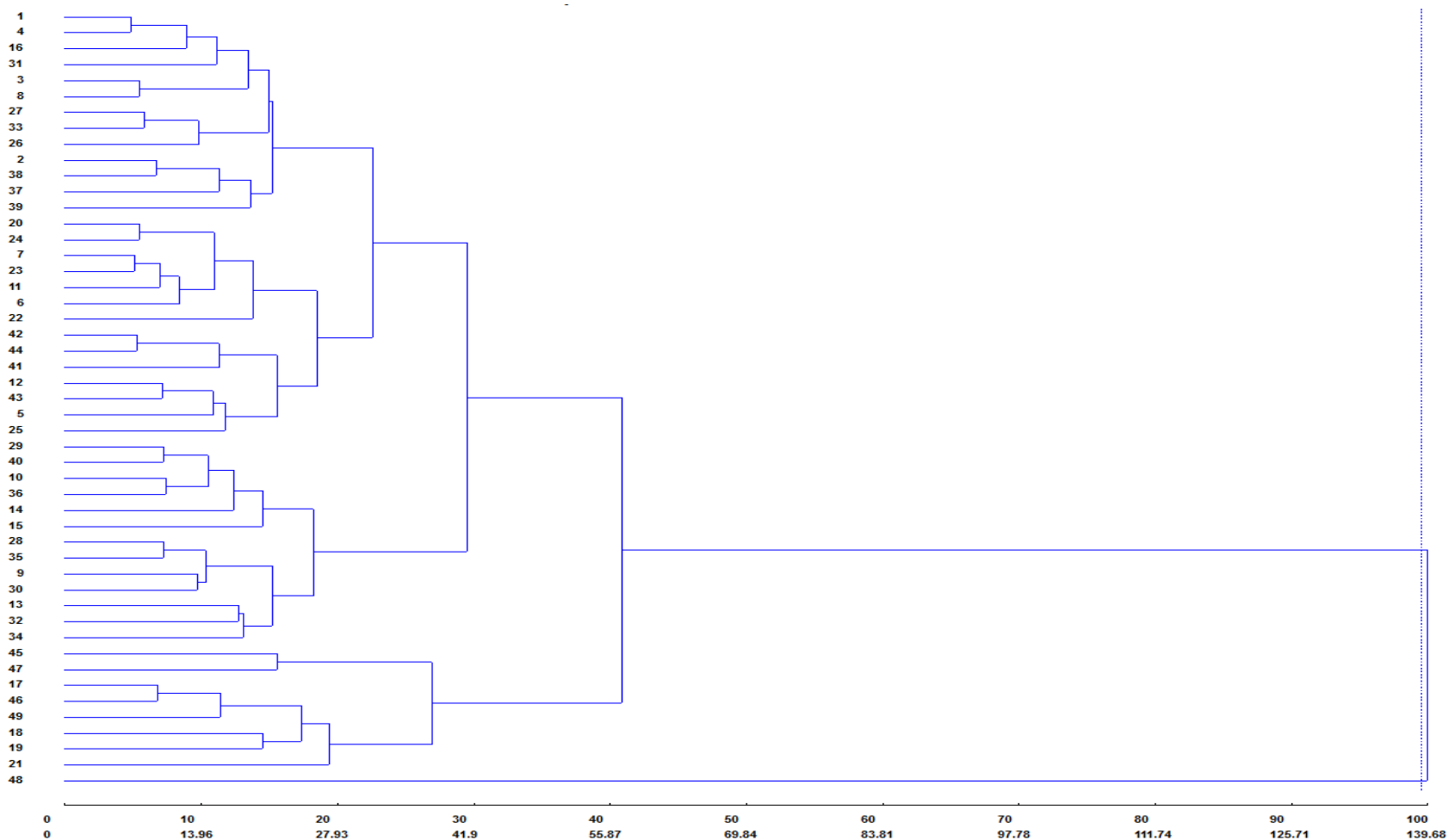


Figura 4. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 49 genótipos de milho amiláceo, obtidos pelo método UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, em ensaios realizados em Capitan Miranda, Paraguai. Biênio 2011/12.

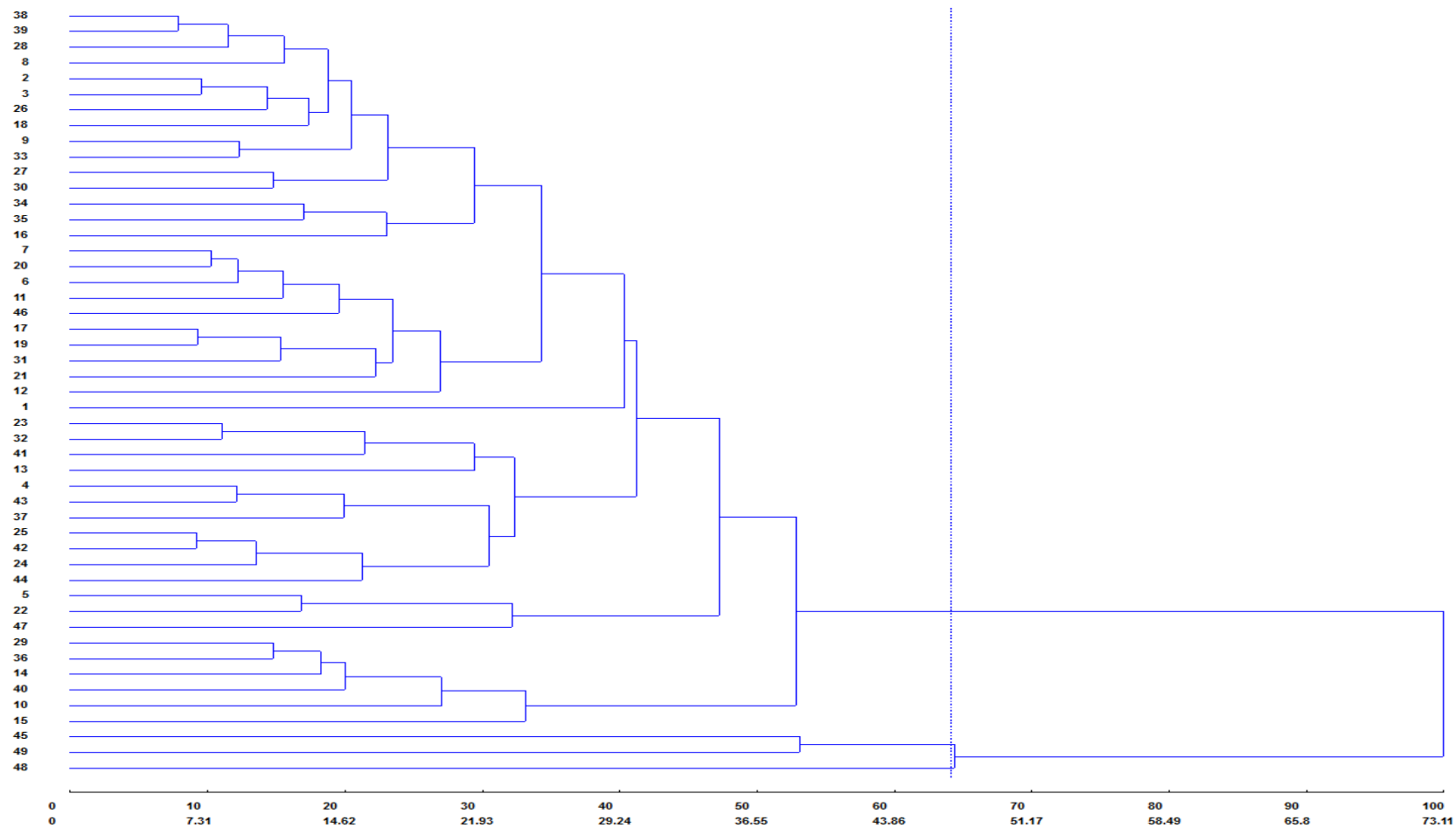


Figura 5. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 49 genótipos de milho amiláceo, obtidos pelo método UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, em ensaios realizados em Choré, Paraguai. Biênio 2011/12.

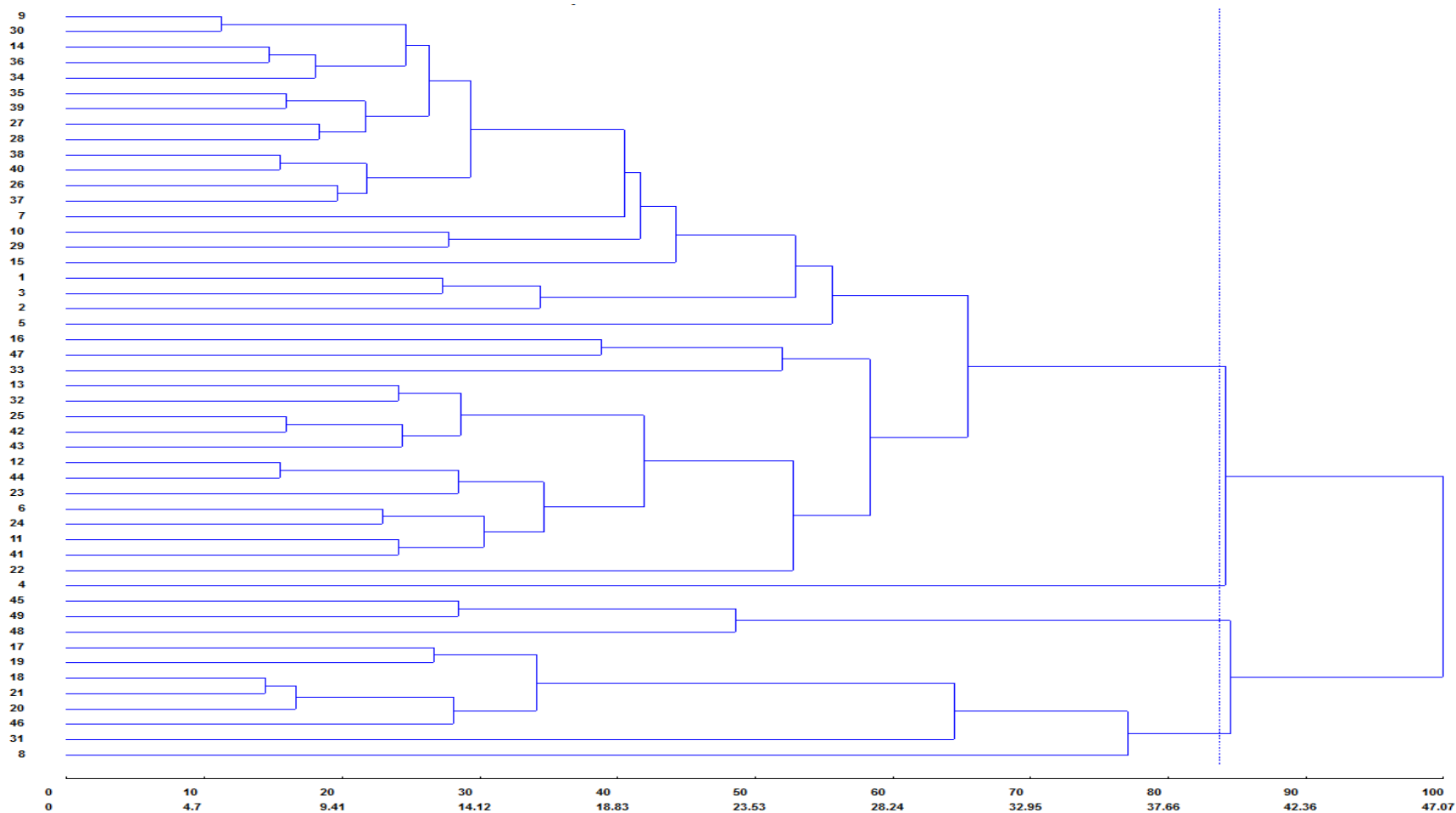


Figura 6. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 49 genótipos de milho amiláceo, obtidos pelo método UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, em ensaios realizados em Yjhovy, Paraguai. Biênio 2011/12

3.4 Importância relativa das características na divergência genética pela metodologia de Singh (1981)

Conforme Alves et al. (2003), o grande interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres reside na possibilidade de se descartarem características que contribuem pouco para discriminação do material avaliado, reduzindo dessa forma, mão de obra, tempo e custo despendidos na experimentação.

Na Tabela 6 está apresentada a contribuição relativa para a diversidade genética dos 17 caracteres dos 49 genótipos avaliados na localidade de Capitan Miranda. As características de menor importância em estudos de divergência genética são aquelas relativamente invariantes entre os indivíduos estudados, apresentam instabilidade com a mudança das condições experimentais ou são redundantes, por estar relacionadas com outras características. O interesse na avaliação de um menor número de variáveis, que contribuem pouco para a discriminação dos materiais avaliados, possibilita a economia de tempo, economia de mão de obra, tanto na tomada de dados quanto na experimentação, além de reduzir os custos em análises futuras (Cruz et al., 2012).

Para a localidade de Capitan Miranda as características que mais contribuíram para a divergência genética foram FM e Pg, com valores de 36,26 e 10,42%, respectivamente. Por outro lado, as características que apresentaram menor contribuição foram APL e PG, com valores de 0,10 e 0,78%, respectivamente. Estes dados concordam com os encontrados por Paixão et al. (2008) que analisaram a divergência genética em populações de milho e constataram que a características mais importantes no melhoramento, que é a produtividade de grãos, contribuiu em menor proporção na determinação da divergência genética. Trabalho realizado por Simon et al. (2012) também revelaram que altura de planta e de espigas foram as que menos contribuíram para a diversidade genética em milho.

O método de Singh (1981), baseado em D^2 de Mahalanobis, considera de menor importância características que expressam menor variabilidade ou maior redundância. Sugere-se por tanto, que seja descartada, em estudos futuros, a variável altura de planta (Tabela 6) que apresentou menor contribuição para a divergência.

Tabela 6. Contribuição relativa dos caracteres para diversidade genética pelo método de Singh (1981) distância generalizada de Mahalanobis para a localidade de Capitan Miranda, Paraguai. Biênio 2011/12.

Características ¹	S,j	Valor em %
PG	401,33	0,78
P1000G	1718,52	3,35
Pg	5345,74	10,42
PROL	788,52	1,54
AP	1236,80	2,41
CE	1203,18	2,35
DE	3353,48	6,54
NF	3236,13	6,31
EA	950,68	1,85
EV	949,40	1,85
NL	904,74	1,76
PERF	3366,32	6,56
FM	18597,49	36,26
AE	1860,82	3,63
APL	49,58	0,10
PP	2286,40	4,46
IA	5042,33	9,83

¹ PG: produção de grão; P1000G: peso de 1000 grãos; Pg: porcentagem de grãos; PROL: prolificidade; AP: aspecto de planta; CE: comprimento da espiga; DE: diâmetro da espiga; NF: número de fileira de grão; EA: espiga apodrecida; EV: espiga vazia; NL: número de lagarta; PERF: número perfilho; FM: floração masculina; AE: altura da espiga; APL: altura de planta; PP: relação pendão/planta total e IA: índice de altura.

Segundo Miranda et al. (2003), as características dispensáveis em estudo de divergência genética são aquelas com poucas variações entre as cultivares ou redundantes por estarem correlacionadas com outras características, como é o caso das variáveis altura de planta e de espigas normalmente mensuradas em programas de melhoramento de milho.

Na Tabela 7 estão apresentados os valores de estatísticas que permitem a avaliação da contribuição relativa, para a diversidade genética, dos 17 caracteres em estudos com 49 genótipos avaliados na localidade de Choré.

Tabela 7. Contribuição relativa dos caracteres para diversidade genética pelo método de Singh (1981) distância generalizada de Mahalanobis para a localidade de Choré. Paraguai. Biênio 2011/12.

Características ¹	S,j	Valor em %
PG	2778,77	6,28
P1000G	2233,82	5,05
Pg	1650,24	3,73
PROL	1297,68	2,94
AP	1776,24	4,02
CE	1608,38	3,64
DE	2379,89	5,38
NF	1998,96	4,52
EA	1340,21	3,03
EV	868,46	1,96
NL	938,65	2,12
PERF	1690,12	3,82
FM	10272,29	23,23
AE	1892,25	4,28
APL	6520,82	14,75
PP	2149,59	4,86
IA	2817,57	6,37

¹ PG: produção de grão; P1000G: peso de 1000 grãos; Pg: porcentagem de grãos; PROL: prolificidade; AP: aspecto de planta; CE: comprimento da espiga; DE: diâmetro da espiga; NF: número de fileira de grão; EA: espiga apodrecida; EV: espiga vazia; NL: número de lagarta; PERF: número perfilho; FM: floração masculina; AE: altura da espiga; APL: altura de planta; PP: relação pendão/planta total e IA: índice de altura.

Para a localidade de Choré as características que mais contribuíram para a divergência genética foram FM e APL, com valores de 23,23 e 14,75%, respectivamente. Os caracteres que apresentaram menores contribuição foram EV e NL, com valores de 1,96 e 2,12%, respectivamente. Estes dados concordam com os encontrados por Datto et al. (2010) e Paixão et al. (2008) que analisaram a divergência genética em populações de milho e constataram que o caractere altura de planta foi que mais contribuiu na determinação da divergência genética. Entretanto, resultados obtidos por Rotili et al. (2012) revelam que PG foi o que menos contribuiu em seu estudo da divergência genética no Estado de Tocantins. Segundo Dotto et al. (2010) a identificação da influência de cada característica na divergência genética entre cultivares é importante no direcionamento dos programas de melhoramento na obtenção de cultivares mais produtivas.

Tabela 8. Contribuição relativa dos caracteres para diversidade genética pelo método de Singh (1981) distância generalizada de Mahalanobis para a localidade de Yjhovy. Paraguai. Biênio 2011/12.

Características ¹	S,j	Valor em %
PG	2525,03	6,37
P1000G	1820,89	4,59
Pg	3609,28	9,10
PROL	2014,61	5,08
AP	1826,08	4,61
CE	2867,78	7,23
DE	2751,96	6,94
NF	1239,15	3,13
EA	1756,68	4,43
EV	1290,22	3,25
NL	980,60	2,47
PERF	833,50	2,10
FM	7921,45	19,98
AE	1687,27	4,26
APL	3776,31	9,52
PP	1359,43	3,43
IA	1386,61	3,50

¹ PG: produção de grão; P1000G: peso de 1000 grãos; Pg: porcentagem de grãos; PROL: prolificidade; AP: aspecto de planta; CE: comprimento da espiga; DE: diâmetro da espiga; NF: número de fileira de grão; EA: espiga apodrecida; EV: espiga vazia; NL: número de lagarta; PERF: número perfilho; FM: floração masculina; AE: altura da espiga; APL: altura de planta; PP: relação pendão/planta total e IA: índice de altura.

Na Tabela 8 são apresentados os valores da estatística S de Singh (1981) que expressam a contribuição relativa, para a diversidade genética, dos 17 caracteres dos 49 genótipos avaliados na localidade de Yjhovy. Os resultados obtidos para a localidade de Yjhovy foram similares àqueles já apresentados para análise da localidade de Choré. Assim, as características que mais contribuiu para a divergência genética foram FM e APL, embora com valores diferentes de 19,98 e 9,52%, respectivamente. As características que apresentaram menor contribuição foram NL e PERF, com valores de 2,47 e 2,10%, respectivamente. Estes dados concordam com os encontrados por Paixão et al. (2008); Datto et al. (2010) e Prado et al. (2012) que analisaram a divergência genética em populações de milho e constataram que a características altura de planta foi que mais contribuiu na determinação da divergência genética e não assim, pelo obtidos por Rotili et al. (2012) que contribuiu foi a PG estudando divergência genética no Estado de Tocantins. Em trabalho de estudo de diversidade genética em linhagens de

milho realizados por Carvalho et al. (2011) relatou-se o numero de lagarta como menos importante para estudo de diversidade.

3.4 Correlação entre medidas de dissimilaridade - Teste de Mantel (1967)

Neste estudo a dissimilaridade entre 44 híbridos foi quantificada em três ambientes que podem influenciar o padrão de agrupamento alterando a expressão fenotípica dos diferentes genótipos em relação aos diferentes caracteres. O padrão global da diversidade e o grau de concordância foi avaliado e apresentado graficamente por meio da dispersão das medidas de diversidade e correlação, respectivamente.

Dadas as particularidades do conjunto de medidas de dissimilaridade, em cada matriz representativa de uma localidade, a estatística de Mantel (1967) foi utilizada a fim de se testar a significância da associação (Smouse et al., 1986; Manly, 1991). Mil permutas foram utilizadas para se testar a significância das correlações entre as medidas de dissimilaridade.

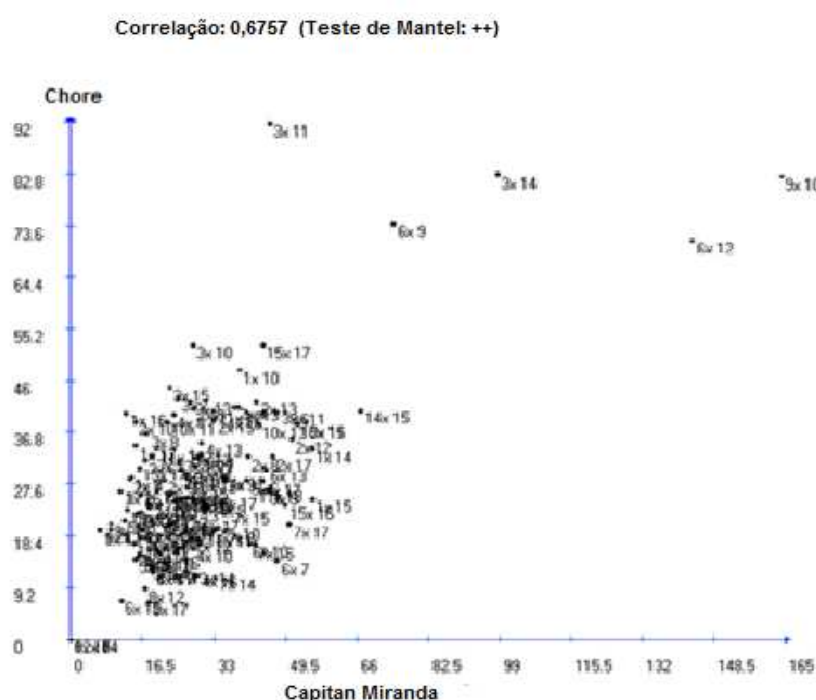


Figura 7. Dispersão das medidas de dissimilaridade representativas dos elementos das matrizes D^2 estimadas nas localidades de Capitán Miranda e Choré. Paraguai. Biênio. 2011/12.

Na Figura 7 são apresentados o padrão de dissimilaridade e o grau de correlação entre as dissimilaridades, de pares de genótipos, estabelecidos em matrizes estimadas nas localidades de Capitan Miranda e de Choré.

O valor de correlação entre estas duas matrizes foi de 0,6757 sendo significativa por meio do teste de Mantel (1967) e indicando que os genótipos foram agrupados de forma bastante semelhante. Estes resultados indicaram que os genótipos expressaram suas características também de forma semelhante nestas duas localidades. Valores superiores que 0,6 indicam a consistência do agrupamento (Mantel, 1967). Na Figura 7 também pode ser observados que os genótipos mais divergentes foram 9x10 e 6x12 em ambas as localidades.

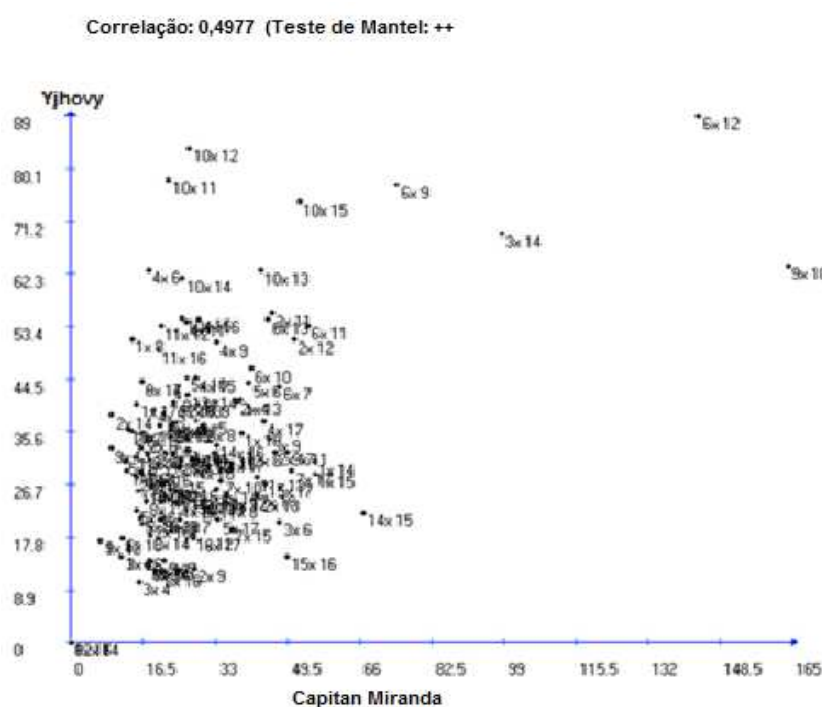


Figura 8. Dispersão das medidas de dissimilaridade representativas dos elementos das matrizes D^2 estimadas nas localidades de Capitan Miranda e Yjhovy, Paraguai. Biênio, 2011/12.

Na figura 8 é apresentada a correlação e a dispersão das medidas de dissimilaridade representativas dos elementos das matrizes D^2 estimadas nas localidades de Capitan Miranda e Yjhovy, sendo a significância da correlação estabelecida pelo teste de Mantel. O valor de correlação entre estas duas matrizes, representativas da dispersão genética nestas localidades, foi de 0,4977, sendo significativo pelo teste de

Mantel (1967), porém de menor magnitude que correlação obtida entre Choré e Capitan Miranda, que indicam maior interação genótipos x pares de localidades.

Na Figura 8 pode ser observados, em que os genótipos 6x12 e 9x10 foram os mais divergentes em ambas localidades (Yjhovy e Capitan Miranda). Também merece destaque a influência ambiental, em especial sobre o genótipo 10, que em varias combinações (10 x 12, 10 x 11e 10 x 15) apresentou grande diversidade em Yjhovy e reduzida diversidade em Capitan Miranda.

Na figura 9 é apresentada a dispersão gráfica das dissimilaridades estabelecidas entre pares de genótipos e a estimativa da correlação entre estas medidas, considerando as localidades de Choré e Yjhovy. O valor de correlação entre os elementos (dissimilaridade) destas duas matrizes foi de 0,5293 sendo significativo pelo teste de Mantel (1967). Nesta figura pode ser observados que os genótipos mais divergentes foram 3x11; 9x10; 3x14; 6x9 e 6;12. Novamente merece destaque a influência ambiental, em especial sobre o genótipo 10, que nas mesmas combinações citadas anteriormente (10 x 12, 10 x 11e 10 x 15) apresentou grande diversidade em Yjhovy e reduzida diversidade em Choré.

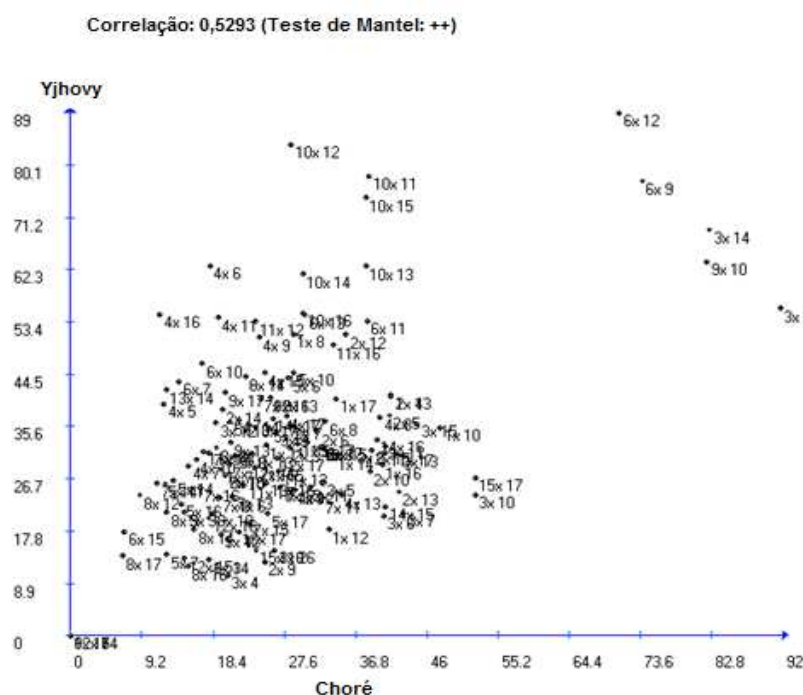


Figura 9. Dispersão das medidas de dissimilaridade representativas dos elementos das matrizes D^2 estimadas nas localidades de Choré e Yjhovy. Paraguai. Biênio, 2011/12.

4. CONCLUSÃO

a) Em todos as três localidades observou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos, sendo o genótipo 48 o mais divergentes entre eles;

b) Métodos de agrupamento diferentes foram concordantes em expressar o padrão de agrupamento existente entre os genótipos nas diferentes localidades. Pelo dendrograma, obtido pelo método do vizinho mais próximo, foram formados dois grupos para as localidades de Capitan Mirando e Choré, embora para Yjhovy foram formados três grupos. Pelo método de UPGMA foram dois, três e quatro grupos para as localidades de Capitan Miranda, Chore e Yjhovy; e

c) Localidades diferentes foram concordantes em expressar a diversidade entre os genótipos estudados. O maior impacto ambiental foi verificado quando se consideraram as localidades Capitan Miranda e Yjhovy, porém com correlação significativa entre as medidas de dissimilaridade ($r = 0,49$)

c) De maneira geral, os caracteres floração masculina (FM) e altura de planta (APL) foram os que mais contribuíram para a divergência genética.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. F.; CRUZ, E. D.; FIGUEIRA, A. 2003. Seleção de descritores botânica agrônômica para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 38, n. 07, p. 807 – 818.
- AVILA, A. V.; SANCHES, F. M. 1978. Correlación de métodos de ajuste para corrección por fallas em sorgo para grano, *Agrociência*, v. 31, p. 45-64.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. de.; OLIVEIRA, A. C. de.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G. de.; SHIMIDT, D. A. M.; VALERIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. 2006. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrociência*, v. 12, n. 03, p. 279 – 286.
- CARVALHO, E. V. de.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, M. A.; CAPPELLESSO, R. B.; VAZ DE MELO, A. 2011. Desempenho agrônômico e divergência genética na seleção de linhagens S₅ de milho. *Biosci. J.*, Uberlândia, v. 27, n. 5, p. 794 – 797.
- CRUZ, C. D. 2001. Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística versão Windows. Viçosa – MG. UFV. 442p.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F.; PESSONI, L. A. 2011. *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema. 620p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. 2012. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v. 1. 4 edição. Viçosa: UFV. 514p.
- 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.
- DENIZ-FILHO, J. A. F. 1998. *Análise de autocorrelação espacial: inferências microevolutivas e aplicações em genética de populações*. Serie monografias, Sociedade Brasileira de Genética. Ribeirão Preto (no prelo).
- DINAC, 2014. Dirección de Meteorología e Hidrología de la Dirección Nacional de Aeronáutica Civil (Paraguay). Disponible en <http://www.meteorologia.gov.py>.
- DOTTO, M. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; MELO, A. V. de.; CARVALHO, E. V. de. 2010. Divergência genética entre cultivares comercial de milho em baixas altitudes no Toncantins, sagra 2007/2008. *Revista Ciência Agropecuária*, v. 41, n. 4, p. 630 – 637.

- ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. 2007. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão preto em Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443 – 1449.
- FACELLI, A. L.; DOURADO-NETO, D. 2000. *Produção de milho*. 2. Ed. Guaíba: Agropecuária. 360p.
- FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de.; DOS SANTOS, M. X.; RAMALHO, M. A. P. 1995. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v. 30, n. 9, p. 1189 – 1194.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. 1981. *Quantitative genetic in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press. 468p.
- HALLAUER, A. R.; RUSSEL, W. A.; LAMKEY, K. R. 1988. *Corn Breeding*. In: SPRAGUE, G. F.; DULLEU, J. W. (Ed). *Corn and corn improvement*. 3. Ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA. p. 565 – 607.
- LECLERG, EL. 1966. Significance of experimental design in plant breeding. In Frey, KJ, FREY (ed) *Plant Breeding. A symposium held at Iowa State University*. The ISU Press. Ames, p. 243-313.
- LÓPEZ, O. E; GONZÁLEZ, E; DE LLAMAS, P. A.; MOLINAS, A. S; FRANCO, E. S; GARCÍA, S.; RIOS, E. 1995. Reconocimiento de suelos y capacidad de uso de las tierras; Región Oriental. Paraguay. MAG /Dirección de Ordenamiento Ambiental. Proyecto de Racionalización del Uso de la Tierra. Convenio 3445 P.A– Banco Mundial. 28 p.
- MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; CARNERIO, N. P.; PAIVA, E. 2002. *Fisiologia do milho*. 1. ed. Sete Lagoas: Circular Técnica, Embrapa Milho e Sorgo. 23p.
- MANLY, B. F. J. 1991. *Randomization and Monte Carlo Methods in Biology*. London: Chapman & Hall. 281p.
- MANLY, B. F. J. *Multivariate statistical methods*. London: Chapman and Hall, 1994. 215p.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, v. 27, p. 209 – 220.
- MELO, W. M. C.; PINHO, R. G. V.; FERREIRA, D. F. 2001. Capacidade combinatória e divergência genética em híbridos comerciais de milho. *Ciência Agrotécnica*, v. 25, n. 04, p. 821 – 830.

- MILIGAN, G. W.; COOPER, M. C. 1985. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. *Psychometrika*, 50. p.159 – 179.
- MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R.; GODOY, C.; SOUZA, L.; GUIMARÃES, L. J.; MELO, A. de. 2003. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v. 38, n. 6, p. 681 – 688.
- MIURA, J.; CANDIDO, L. S.; DAVIDE, L. M.; DA SILVA, P. C.; DA SILVA, N. K.; LEITE, N. R.; DOS SANTOS, A. 2013. Divergência genética em milho a partir de caracteres morfo-agronômicos. XII Seminário Nacional de milho safrinha. 26 a 28 de Novembro de 2013 – Dourado, MS.
- MOJEMA, R. 1977. Hierarchical grouping methods and stopping rules: An evaluation. *The computer Journal*. v. 20, p. 359 – 363.
- MORO, J. R.; SILVEIRA, F. T.; CARGNELUTTI, A. F. 2007. Dissimilaridade genética em sessenta e quatro linhagens de milho avaliadas para resistência ao complexo enfezamento. *Revista de Biologia Ciências da Terra, Campina Grande*, v. 7, p. 153 - 160.
- MUMM, R. H.; HUBERT, L. J.; DUDLEY, J. W. 1994. A classification of 148 U. S. maize inbreds – II: validation of cluster analysis based on RFLPs. *Crop Science*, Madison, v. 34, p. 852 – 865.
- PAIXÃO, S.; CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P.; MADALENA, J. A.; PEREIRA, R. 2008. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de alagoas. *Caatinga (Mossoró, Brasil)*, v. 21, n. 4, p. 191 – 195.
- PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P.; LURDERS, R. R.; GALLO, P.; DE SOUZA, A.; LA BORDA, P.; OLIVEIRA, K. 2008. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. *Bragantia*, v. 67, n. 3, p. 639 – 648.
- PRADO, W. S.; CARLESSO, A.; MAEDA, A. K. M.; TAKESHITA, R. F. P.; ESTEVÃO, W. L.; ESTEVÃO, M. L.; SHIROTA, L. Y. 2012. Devergencia genética entre híbridos de milho por meio de análise multivariada. XXIX CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO – Águas de Lindóia – 26 a 30 de agosto de 2012. p. 3078 – 3084.
- RAO, R. C. 1952. *Advanced statistical methods in biometrical research*. New York: John Willey and Sons.390p.

- RODRIGUES, L.S.; ANTUNES, I.F.; TEIXEIRA, M.G. 2002. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.37, n.9, p.1275-1284.
- ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J.; CARVALHO, E. V. de. 2012. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, v. 43, n. 3, p. 516 – 521.
- SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. 2012. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 33, n. 2, p. 449 – 458.
- SINGH, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. v. 41, n. 02, p. 237 – 245.
- SMOUSE, P. E.; LONG, J. G.; SOKAL, R. R. 1986. Multiple regression and correlation extensions of the Mantel test of matrix correspondence. *Systematic Zoology* New York, v. 35, p. 627 – 632.
- VIEIRA, E. A.; FIALHO, J.; FALEIRO, F. G.; FUKUDA, W. M.; JUNQUEIRA, N. R. 2005. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11. Campo Grande: Embrapa.
- ZUIN, G. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; VIGIGAL, M. C. G.; COIMBRA, G. K. 2009. Divergência genética entre acessos de mandioca de mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 30, n. 1, p. 21, 30.

APÊNDICES

APÊNDICE A. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação de análises de variância conjunta, avaliados em três ensaios de milho amiláceo. Paraguai. Biênio 2011/12.

FV	GL	QM																
		PG	P1000G	Pg	PROL	AP	CE	DE	NF	EA	EV	NL	PERF	FM	AE	APL	PP	IA
BLOCO/AMB	6	1195083.395	1933.147	3.667	0.016	0.583	2.947	0.032	1.14	3.819	1.347	1.117	1.665	1.771	461.783	1224.115	12.363	0.002
TRAT	48	1567061.359**	1578.186 **	70.542**	0.053**	1.062**	5.583**	0.241**	4.055**	3.833 **	2.333**	0.952ns	4.274**	106.086 **	900.812**	835.520**	15.404**	0.006**
HIB	43	1407320.469**	1723.668 **	45.357**	0.051**	0.718**	5.590**	0.236**	4.179**	3.742 **	1.008ns	0.932ns	3.940**	55.198 **	679.720**	834.331**	13.827**	0.005**
TEST	4	780354.412ns	128.440ns	23.611ns	0.074ns	0.564*	5.912ns	0.344**	3.473*	3.591 *	6.045**	0.792ns	6.729ns	69.022 **	1265.343ns	513.971ns	18.798ns	0.007ns
HIB vs TEST	1	11582747.449*	1121.435 *	1341.234ns	0.080ns	17.850*	3.944ns	0.003ns	1.048ns	8.714ns	44.473**	2.407ns	8.819ns	2442.540**	8949.622ns	2172.852**	69.628ns	0.061ns
AMBIENTES	2	513197203.220**	104507.346**	2638.347**	1.403**	5.354*	559.453**	6.265**	8.691*	87.554**	226.424**	1704.426**	277.810**	3604.744**	484.004ns	85172.625**	719.515**	0.286**
TRAT x AMB	96	759618.981*	443.839ns	15.483*	0.026ns	0.299*	1.779*	0.031ns	0.738ns	0.978ns	0.964ns	0.908ns	1.506ns	3.790ns	154.602**	171.436*	7.310*	0.001ns
HIB x AMB	86	765156.876*	479.058ns	11.980ns	0.026ns	0.309*	1.277ns	0.031ns	0.747ns	0.992ns	1.002ns	0.870ns	1.324ns	3.053ns	123.356ns	170.315*	6.628ns	0.001ns
TEST x AMB	8	801549.690ns	167.104ns	18.912ns	0.030ns	0.080ns	3.029*	0.014ns	0.773ns	0.881ns	0.762ns	1.489ns	2.285ns	6.822 *	391.076**	226.187ns	13.815**	0.003**
(HIB vs TEST)AMB	2	353766.624ns	36.409ns	152.395**	0.022ns	0.777*	18.379**	0.112*	0.181ns	0.746ns	0.153ns	0.189ne	6.256*	23.351 **	552.290**	0.644ns	10.595ns	0.006**
RESIDUO	288	573931.103	464.169	10.888	0.027	0.226	1.2795	0.031	0.801	1.174	1.08	0.855	1.464	3.069	95.751	121.976	5.21	0.001
Média		4266.384	220.515	78.347	1.19	2.381	18.373	3.75	13.002	4.261	2.965	5.592	5.191	64.596	142.407	264.631	20.603	0.541
CV (/)		17.757	9.77	4.211	13.819	19.953	6.156	4.674	6.881	25.431	35.105	16.53	23.305	2.712	6.871	4.173	11.07	5.714

*, **, ns Significativo a 5% e 1% de probabilidade, e não significativo pelo teste de F, respectivamente.

APÊNDICE B. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação de análises de variância individual, avaliados na localidade de Capitan Miranda, ensaio de milho amiláceo. Paraguai. Biênio 2011/12.

FV	GL	QM																
		PG	P1000G	Pg	PROL	AP	CE	DE	NF	EA	EV	NL	PERF	FM	AE	APL	PP	IA
BLOCO	2	773969.333	2707.921	0.75	0.018	0.109	2.803	0.054	1.654	6.911	0.877	0.413	1.711	2.592	853.673	1200.677	2.923	0.002
TRAT	48	413537.458**	729.684**	55.147**	0.009ns	0.621**	1.722ns	0.098**	1.975**	1.255ns	1.709ns	1.183ns	3.594**	46.853**	172.256**	211.812**	9.271**	0.002**
Hib	43	273609.972ns	781.052**	28.710**	0.009ns	0.414ns	1.578ns	0.093**	2.063**	1.325ns	1.341ns	1.113ns	2.941**	27.371**	149.629**	200.563**	9.911**	0.002**
TEST	4	527406.233*	188.082ns	40.041*	0.014ns	0.308ns	1.26ns	0.172**	1.493ns	0.208ns	2.887ns	1.925ns	6.571**	23.833**	228.572**	205.762ns	2.122ns	0.001ns
Hib vs Test	1	5974944.256**	687.276ns	1252.373**	0.001ns	10.745**	9.784**	0.003ns	0.116ns	2.450ns	12.792**	1.243ns	19.740**	976.636**	919.962**	719.722**	10.355ns	0.004*
Resíduo	96	203491.479	389.569	13.755	0.01	0.282	1.255	0.028	0.622	1.272	1.369	0.988	1.187	2.571	62.853	87.849	3.992	0.001
Média		2488.667	201.681	73.465	1.1	2.565	16.565	3.621	12.737	5.15	4.311	4.006	5.013	68.02	140.312	237.569	22.901	0.59
CV (/)		18.126	9.786	5.048	9.193	20.722	6.762	4.607	6.191	21.904	27.145	24.808	21.731	2.357	5.65	3.945	8.724	4.771

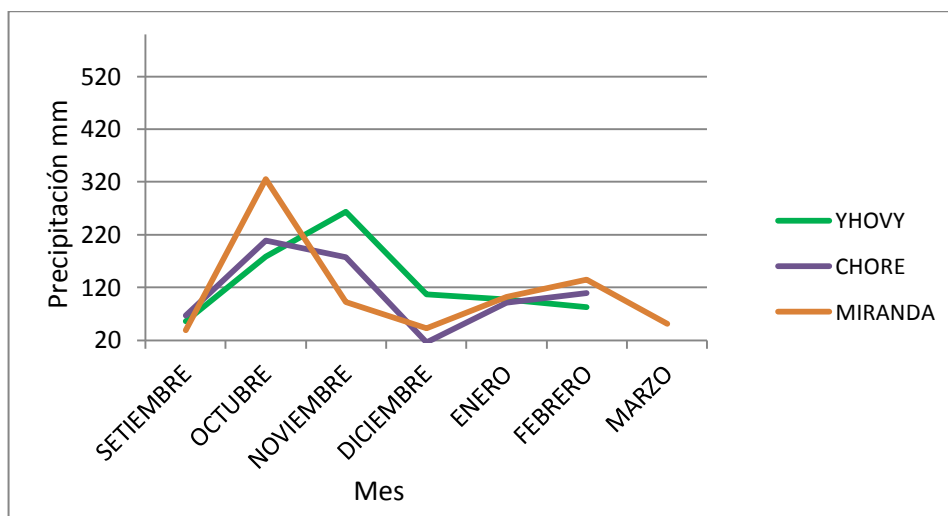
APÊNDICE C. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação de análises de variância individual, avaliados na localidade de Choré, ensaio de milho amiláceo. Paraguai. Biênio 2011/12.

FV	GL	QM																
		PG	P1000G	Pg	PROL	AP	CE	DE	NF	EA	EV	NL	PERF	FM	AE	APL	PP	IA
BLOCO	2	1215971.435	2425.733	7.936	0.02	0.158	0.135	0.02	1.324	0.856	1.413	2.936	0.4	2.592	157.866	1881.775	5.41	0.001
TRAT	48	879300.849**	920.634*	24.625**	0.034ns	0.469**	2.194**	0.119**	2.320**	2.074*	1.120ns	1.311ns	1.338ns	41.841**	571.400**	432.580**	8.876**	0.004**
Hib	43	833596.285*	1008.091**	21.076*	0.033ns	0.363**	2.072**	0.119**	2.320**	1.830ns	0.710ns	1.324ns	1.312ns	19.761**	376.835**	431.860**	5.326ns	0.002**
TEST	4	433680.1ns	139.757ns	16.488ns	0.053ns	0.142ns	3.746**	0.131*	2.872*	3.484*	2.436 ns	1.456ns	1.612ns	43.233**	1314.156**	377.434*	30.919**	0.011**
Hib vs Test	1	4627080.083**	283.475ns	209.753**	0.033ns	6.345**	1.258ns	0.063ns	0.123ns	6.912*	13.510**	0.156ns	1.370ns	985.693**	5966.687**	684.130*	73.323**	0.047**
Resíduo	96	477669.303	531.136	12.85	0.026	0.184	0.959	0.037	0.843	1.219	0.991	1.329	1.139	3.849	104.718	138.135	4.089	0.001
Média		4096.503	208.839	80.51	1.176	2.184	18.112	3.641	13.214	3.77	1.867	3.27	6.647	58.918	143.46	283.654	20.422	0.506
CV (/)		16.871	11.035	4.452	13.822	19.654	5.408	5.326	6.949	29.284	53.313	35.255	16.061	3.329	7.133	4.143	9.901	6.258

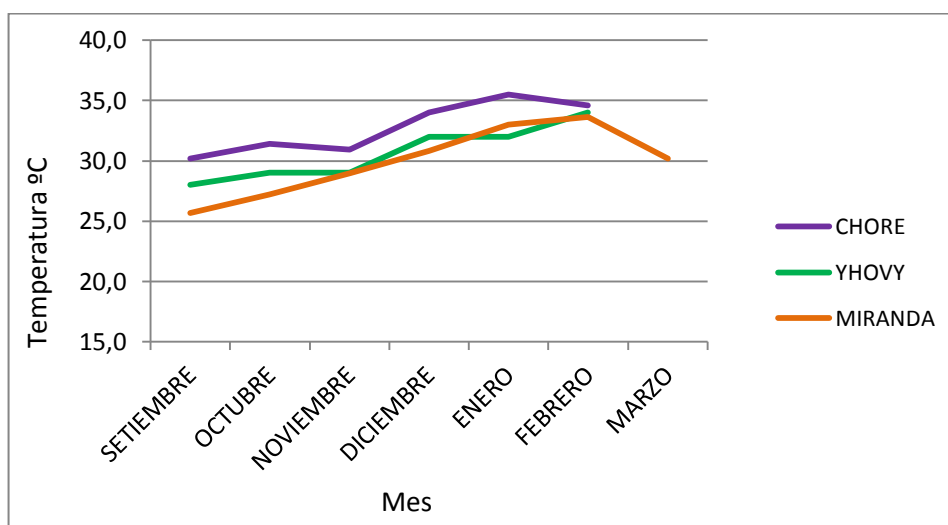
APÊNDICE D. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação de análises de variância individual, avaliados na localidade de Yjhovy, ensaio de milho amiláceo. Paraguai. Biênio 2011/12.

FV	GL	QM																
		PG	P1000G	Pg	PROL	AP	CE	DE	NF	EA	EV	NL	PERF	FM	AE	APL	PP	IA
BLOCO	2	1595309.416	665.787	2.315	0.009	1.481	5.903	0.02	0.442	3.689	1.75	0.003	2.884	0.129	373.811	589.893	28.757	0.002
TRAT	48	1793461.014*	815.547*	21.736**	0.063ns	0.572**	5.226**	0.086**	1.235ns	2.460**	1.432*	0.272ns	2.355ns	24.973**	466.358**	534.000**	11.877*	0.002**
Hib	43	1830427.964*	892.641**	19.530**	0.061ns	0.559**	4.496**	0.086**	1.291ns	2.572**	0.959ns	0.235ns	2.334ns	14.172**	399.967**	542.538**	11.847*	0.002**
TEST	4	1422367.459ns	134.808ns	4.908ns	0.069ns	0.275ns	6.964**	0.068*	0.656ns	1.661ns	2.245*	0.391ns	3.117ns	15.6**	504.767**	383.149*	13.387ns	0.002ns
Hib vs Test	1	1688256.359ns	223.501ns	183.898**	0.091ns	2.313**	29.660**	0.161*	1.172ns	0.844ns	18.476**	1.386 *	0.221ns	526.913**	3167.554**	770.287*	7.139*	0.021**
Residuo	96	1040632.528	471.801	6.059	0.044	0.21	1.624	0.027	0.937	1.031	0.888	0.247	2.065	2.789	119.683	139.945	7.549	0.001
Média		6213.982	251.024	81.064	1.294	2.394	20.441	3.988	13.055	3.862	2.715	9.501	3.915	66.85	143.449	272.669	18.487	0.525
CV (/)		16.416	8.653	3.036	16.299	19.158	6.234	4.098	7.413	26.29	34.718	5.23	36.706	2.498	7.626	4.338	14.862	6.215

APÊNDICE E. Dados Climáticos (Precipitações e Temperaturas) registrados durante o desenvolvimento do experimento. Paraguai. Biênio 2011/12.



Fonte: Programa de Investigación Maíz, Sorgo y Girasol. IPTA – Paraguay.



Fonte: Programa de Investigación Maíz, Sorgo y Girasol. IPTA – Paraguay.