



UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS – UFGD
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICA E AMBIENTAIS – FCBA
CURSO DE BIOTECNOLOGIA

JÉSSICA DE CARVALHO MARTELLI MIURA

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES PARCIALMENTE
ENDOGÂMICAS DE MILHO DE SAFRA OUTONO-INVERNO

Dourados/MS

2014



UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS – UFGD
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICA E AMBIENTAIS – FCBA
CURSO DE BIOTECNOLOGIA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES PARCIALMENTE
ENDOGÂMICAS DE MILHO DE SAFRA OUTONO-INVERNO**

Jéssica de Carvalho Martelli Miura

Orientadora: Prof^a.Dr^a. Liliam Silvia Candido

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado a Faculdade de Ciências
Biológicas e Ambientais para a obtenção
do título de Bacharel em Biotecnologia.

Dourados/MS

2014

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

M685a Miura, Jéssica de Carvalho Martelli

Divergência genética em progênies parcialmente endogâmicas de milho de safra outono-inverna. / Jéssica de Carvalho Martelli Miura – Dourados: UFGD, 2014.

28f. il.; (Gráficos e tabelas)

Orientadora: Profa. Dra. Liliam Silvia Candido.

Monografia (Graduação em Biotecnologia) FCBA, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais – Universidade Federal da Grande Dourados.

1. *Zea Mays* L. 2. Análise multivariada. 3. Distância genética. I. Título.

CDD – 633.15

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central – UFGD.

JÉSSICA DE CARVALHO MARTELLI MIURA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES PARCIALMENTE
ENDOGÂMICAS DE MILHO DE SAFRA OUTONO-INVERNO**

Trabalho de Conclusão de Curso aprovado como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Biotecnologia na Universidade Federal da Grande Dourados, pela comissão formada por:

Prof^a. Dr^a. Liliam Silvia Candido

(Orientadora)

UFGD-FCBA

Prof^a. Dr^a. Livia Maria Chamma Davide

(Membro da banca)

UFGD-FCA

Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves

(Membro da banca)

UFGD-FCA

Dourados/MS

2014

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus que permitiu tudo isso acontecer ao longo de minha vida.

Agradeço em especial a minha família por ter lutado junto comigo para me proporcionar esta oportunidade. Sem eles com certeza eu não conseguiria realizar esta etapa de minha vida.

A todos os professores do curso, em especial a minha orientadora Prof^a. Dr^a. Liliam Silvia Candido que compartilhou seus conhecimentos comigo com paciência, dedicação e pelo incentivo que a mim foi dado.

Ao Grupo de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal, ao qual sem o apoio este trabalho não seria possível.

Muito obrigada aos membros avaliadores da banca, Prof^a. Dr^a. Lívia Maria Chamma Davide e Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves, que gentilmente compartilharam suas experiências contribuindo em meus conhecimentos.

E a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para a minha formação, meus sinceros agradecimentos.

“Se queres vencer o mundo inteiro, vence-te a ti mesmo.”

(Fiódor Dostoiévski)

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVIÃO DE LITERATURA	3
2.1. A cultura do Milho	3
2.1.1. Origem e Classificação botânica	3
2.1.2. Importância Econômica	4
2.1.3. Safra outono-inverno	5
2.2. Divergência Genética	7
2.2.1. Importância da Divergência Genética na Produção de Híbridos	7
2.2.2. Análise da Divergência Genética por Técnicas Multivariadas	8
2.2.3. Medidas de Dissimilaridade e Métodos de Agrupamento	9
3. MATERIAL E MÉTODOS	12
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	14
5. CONCLUSÕES	20
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	21

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Resumo da análise de variância para dez características avaliadas em 40 progênies de milho. Dourados, MS, 2013. 14
- Tabela 2.** Agrupamento de 40 progênies de milho pelo método de otimização de Tocher. Dourados, MS, 2013. 15
- Tabela 3.** Contribuição relativa das características para a diversidade de 40 progênies S₂ de milho, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Dourados, MS, 2013. 18

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Dispersão de escores de 40 progênies de milho em relação a duas variáveis canônicas (VC1, VC2), tendo como base a avaliação de características morfo-agronômicas. Dourados, MS, 2013. 16
- Figura 2.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre as 40 progênies estudadas, obtidas pela ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Correlação cofenética (0,77). Dourados, MS, 2013. 17

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO DE SAFRA OUTONO-INVERNO

RESUMO

Em um programa de melhoramento genético de milho que vise a produção de híbridos é fundamental que se conheça a divergência genética entre os genótipos da população. Pois assim, é possível obter os parâmetros necessários para escolha de genitores que, ao serem cruzados, possibilitem maior efeito heterótico na geração resultante. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética baseada em medidas de dissimilaridade, aferida por características morfo-agronômicas, de progênies de milho avaliadas na safra outono-inverno, no município de Dourados-MS, visando à identificação de genótipos promissores para utilização em programa de melhoramento. O experimento foi conduzido na safra outono-inverno/2013, em área experimental da Universidade Federal da Grande Dourados. Foram avaliadas 40 progênies S_2 de milho em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições. Para o estudo de divergência genética, foram utilizados os métodos de agrupamento de Tocher e hierárquico da distância média (UPGMA) e a análise baseada em variáveis canônicas, todos fundamentados na distância generalizada de Mahalanobis, como medida de dissimilaridade. Existe variabilidade genética entre as progênies, de acordo com as características morfo-agronômicas avaliadas. Os métodos de agrupamentos foram eficientes em representar a distância genética entre as progênies avaliadas e foram parcialmente concordantes formando grupos similares. As progênies 34, 12 e 35 são as mais promissoras para incremento de variabilidade genética, e indicadas para cruzamentos com as demais progênies avaliadas, para maximizar a heterose. A produtividade e a massa de cem grãos foram as características que mais contribuíram para a divergência entre as progênies.

Palavras-chave: *Zea Mays* L.; distância genética; agrupamento.

1) INTRODUÇÃO

O milho, *Zea mays* L., em função do seu potencial produtivo e valor nutritivo, constitui-se em um dos mais importantes cereais cultivados e consumidos no mundo. Devido sua multiplicidade de aplicações, tanto na alimentação humana quanto animal, assume relevante papel socioeconômico, além de constituir-se em indispensável matéria-prima de diversificados complexos agroindustriais (FANCELLI e DOURADO NETO, 2000).

O milho também se destaca como sendo uma das principais culturas agrícolas Brasileira. No Mato Grosso do Sul, o plantio do milho de segunda safra tem sido a principal opção no período de outono/inverno e representa a segunda maior cultura de grãos do estado. Dessa forma, a safra do milho outono-inverno tornou-se uma importante alternativa econômica para o estado, sobretudo nas regiões sul e sudoeste. De acordo com a CONAB (2014), a produtividade média da última safra outono-inverno no Mato Grosso do Sul foi cerca de 5.000 kg ha⁻¹, bem próximo à média nacional de 5.136 kg ha⁻¹.

O desenvolvimento de novas cultivares de milho de alta produtividade é de suma importância para se incrementar o rendimento da atividade agrícola, juntamente com a adaptabilidade ao clima. Sabe-se que existem diferenças edafoclimáticas entre as épocas da safra primavera-verão e safra outono-inverno, de modo que uma cultivar, dificilmente é a melhor em ambas as condições de cultivo (VON PINHO et al.; 2003). Assim, a inclusão de um programa de melhoramento genético da cultura, que vise à obtenção de cultivares adaptadas às condições da safra outono-inverno no estado do Mato Grosso do Sul é importante para o incremento da produção de grãos.

No início de um trabalho de melhoramento genético é fundamental que se conheça a divergência genética entre os genótipos da população. Estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética existente entre os genótipos da população de trabalho, uma vez que isso possibilita a quantificação da variabilidade, além de fornecer parâmetros para escolha de genitores que, ao serem cruzados, possibilitem maior efeito heterótico na geração resultante, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (BUZAR et al., 2007; PAIXÃO et al., 2008).

Basicamente existem duas maneiras de se inferir sobre a divergência genética de genótipos de uma população. Citam-se as análises dialélicas, nas quais são necessários os cruzamentos entre os genitores e sua posterior avaliação e as análises preditivas, utilizando análise multivariada, que têm por base as diferenças morfológicas, de qualidade nutricional, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os indivíduos (CRUZ et al.; 2014).

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética, tem se tornado comum entre os melhoristas de plantas, em diferentes espécies, como é o caso do melhoramento do feijão (ELIAS et al., 2007; BONETT et al., 2006), da aveia (KUREK et al., 2002; LORENCETTI et al., 2006), do pimentão (OLIVEIRA et al., 1998), da mandioca-de-mesa (ZUIN et al., 2009), bem como do milho (FUZATTO et al., 2002; MORO et al., 2007; CARDOSO et al., 2009; SIMON et al.; 2012).

Diversas medidas de dissimilaridade têm sido propostas para a quantificação das distâncias entre genótipos, sendo, contudo, a distância generalizada de Mahalanobis a mais utilizada quando se dispõem de experimentos com repetições. Esta se diferencia das demais técnicas por levar em consideração as correlações entre os caracteres avaliados (CRUZ et al.; 2014).

Utilizando a distância generalizada de Mahalanobis é possível por meio dos métodos de agrupamento, conhecer os genótipos mais próximos e os mais distantes dentro de uma população, e com isso planejar o cruzamento entre genitores. Os métodos de agrupamento mais utilizados são os de otimização como o de Tocher e o hierárquico, a exemplo do método da ligação média entre grupos (UPGMA) (CRUZ et al., 2011; KHATTREE e NAIK, 2000; BUSSAB et al., 1990).

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética baseada em medidas de dissimilaridade, aferida por caracteres morfo-agronômicos de 40 progênies S_2 avaliadas na safra outono-inverno no município de Dourados, MS.

2) REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1) A cultura do Milho

2.1.1) Origem e Classificação Botânica

O milho é uma planta herbácea, monóica, possuindo os dois sexos na mesma planta em inflorescências diferentes e anual, ou seja, completa o ciclo entre quatro e cinco meses (PONS e BRESOLIN,1981). É considerada também uma planta alógama realizando praticamente 100% de reprodução cruzada, na natureza (PATERNIANI e CAMPOS, 1999).

Dentro da classificação botânica, o milho é uma gramínea da família Poaceae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L. É taxonomicamente identificado como *Zea mays* L. spp *mays*, para distinguir do seu parente silvestre mais próximo, o teosinto, ambos com $2n = 2x = 20$ cromossomos (PATERNIANI e CAMPOS, 1999).

O milho não é um cereal nativo do Brasil, sendo o México e a Guatemala considerados os seus centros de origem. Foi no vale do Tehucan, onde hoje se localiza o México, que foi encontrada a mais antiga espiga de milho, datada de 7.000 a.C. O Teosinto, também chamado pelos maias de “alimento dos deuses”, deu origem ao milho que conhecemos hoje, por meio de um processo de seleção artificial, ou seja realizado pelo homem, sendo ainda encontrado na América Central (MANGELSDORF, 1974; LERAYER, 2006).

A domesticação do milho foi dada ao decorrer do tempo pelo homem, por meio de seleção visual no campo, priorizando características como produtividade, resistência a doenças e capacidade de adaptação, dentre outras, dando assim origem às variedades que são hoje conhecidas (PATERNIANI, 1993; RANERE et al., 2009).

Atualmente, o milho possui grande importância mundial, e é objeto de estudos de cientistas em várias partes do mundo. Este cereal é um dos principais temas pesquisados na área de melhoramento genético e biotecnologia vegetal (LERAYER, 2006).

2.1.2) Importância Econômica

O milho *Zea mays* L., é considerado como uma das principais culturas agrícolas Brasileira. Em função do seu potencial produtivo e valor nutritivo, constitui-se em um dos mais importantes cereais cultivados e consumidos no mundo. Os maiores consumidores de milho no Brasil são os criadores de aves, para corte e postura, e de suínos, que utilizam o milho para a produção de ração (IBGE, 2014). Estima-se que este cereal responde por 70% do volume utilizado na alimentação animal (DEMARCHI, 2009). Na alimentação humana milho também é consumido *in natura*, como milho verde, ou também como subproduto, utilizado como matéria prima na fabricação de pães, farinha e massas (PINAZZA e ALIMANDRO, 1998).

No entanto, seu uso não se restringe apenas à indústria alimentícia, o milho também é indispensável matéria-prima de diversificados complexos agroindustriais, é utilizado na produção de elementos espessantes e colantes, além da produção de óleos. A Europa e os Estados Unidos têm utilizado a cultura para produção de etanol (MASIERO e LOPES, 2008) (PINAZZA e ALIMANDRO, 1998) (FANCELLI e DOURADO NETO, 2000).

Os Estados Unidos têm se mantido no primeiro lugar no ranking da produção mundial de milho, responsável por 353,7 milhões de toneladas da produção mundial, no ano de 2013. Na 2ª posição vem a China com 218,5 milhões de toneladas produzidas. O Brasil aparece na 3ª colocação, com 79,3 milhões de toneladas produzidos, no ano de 2013 (DEAGRO-FIESP, 2014).

No estado de Mato Grosso do Sul, essa cultura assume grande importância, sendo a segunda maior cultura de grãos do estado e a principal opção de plantio do período outono-inverno. Dessa forma, o milho de outono-inverno constitui uma importante atividade com alta renda econômica para o estado, sobretudo nas regiões sul e sudoeste (CONAB, 2014; LOURENÇÃO et al.; 2009). De acordo com a CONAB (2014), a produtividade média do milho de safra outono-inverno no estado foi cerca de 5.000 kg ha⁻¹, bem próximo a média nacional de 5.136 kg ha⁻¹.

2.1.3) Safra Outono-Inverno

Conceitua-se como milho de safra outono-inverno, ou também comumente chamado de “safrinha”, o milho de sequeiro, cultivado esporaneamente, de janeiro a abril, em sucessão de uma cultura de primavera-verão, e mesmo plantado nas entrelinhas da própria cultura do milho da safra normal, depois que este atingia a maturação fisiológica. A região centro-sul brasileira é a que mais se destaca no cultivo do milho outono-inverno, envolvendo basicamente os estados do Paraná, São Paulo, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais. No entanto, o cultivo também ocorre nas regiões norte e nordeste do país (CONAB, 2014; GERAGE e BIANCO, 1990; DUARTE, 2001).

Inicialmente esta atividade era realizada com pouca tecnologia, e era vista como de risco ao ponto de vista econômico devido a sua baixa produtividade. Entretanto, por ser produzido com custos muito reduzidos e haver melhores condições de comercialização, passado o auge da oferta da safra produzida em período normal, o milho de safra outono-inverno era interessante para o pequeno produtor, que conseguia retorno econômico satisfatório. As atividades do milho de safra outono-inverno resumiam-se em semeadura e colheita, muitas vezes utilizando-se de grãos provenientes da segunda geração dos híbridos que eram colhidos na safra normal, aproveitava-se também a adubação residual, e eventualmente utilizava-se de controle mecânico para cuidados com plantas daninhas (GERAGE e BIANCO, 1990).

O cultivo do milho outono-inverno também apresentava a vantagem de manter o solo coberto durante o inverno e fornecer a palha essencial para a implantação do sistema de plantio direto. Assim, novos produtores foram aderindo ao seu cultivo (TSUNECHIRO, 1998).

A partir das experiências pioneiras, o sistema de cultivo que inicialmente era vista como uma atividade de risco, realizado em condições climáticas desfavoráveis e com pouca tecnologia, cresceu e estendeu-se a outras regiões. Os principais fatores que explicam os aumentos sucessivos da área de plantio do milho outono-inverno são: possibilidade do uso racional dos fatores de produção (terra, máquinas, equipamentos e mão de obra em período ocioso do ano); bons preços do cereal; menor custo de produção e falta de alternativas

mais seguras e rentáveis para a época. Assim, o milho outono-inverno se tornou componente fundamental das cadeias produtivas que têm na produção e no consumo um item importante a seu favor. Sua produção nos dias de hoje, em algumas regiões, já é igualada com a da safra de primavera-verão (GERAGE e BIANCO, 1990; CONAB 2014; TSUNECHIRO e ARIAS, 1997).

É importante salientar que o sucesso do cultivo do milho outono-inverno é altamente dependente da escolha correta das cultivares a serem empregadas, considerando ciclo e adaptação a esse período de cultivo, a época de plantio para que evite períodos de déficit hídrico e de baixas temperaturas, combinados com boas práticas de manejo (FORSTHOFER et al., 2006; CRUZ e PEREIRA FILHO, 2006; VON-PINHO et al., 2002). Também é necessário que seja feito o acompanhamento das previsões climáticas durante o período de cultivo, para auxílio nas tomadas de decisões (GUILIONI et al., 1997; ISMAIL e HALL, 1999).

Por isso, avanços realizados na área de melhoramento genético são importantes para viabilizar o lançamento de novos híbridos, que sejam tolerantes aos estresses encontrados na época de safra outono-inverno, como o déficit hídrico e as baixas temperaturas, e também quando a maturidade do florescimento, diferentes quanto à duração do subperíodo. Para regiões com alta incidência de geadas são indicadas as cultivares de ciclo superprecoce, como alternativa mais segura para reduzir perdas, uma vez que a ocorrência de geadas no período de enchimento de grãos tem efeito negativo direto na produtividade. Assim, esse tipo de cultivar entra como opção para os produtores, possibilitando maior opção de escolha, visando tirar proveito do escalonamento das épocas de semeadura e conseqüentemente diminuir os riscos do plantio (RAUPP, 2007).

2.2) Divergência Genética

2.2.1) Importância da Divergência Genética na Produção de Híbridos

Por volta de 1909, o botânico e geneticista norte-americano George Harrison Shull, descobriu o fenômeno da heterose, realizando experimentos de autofecundação em plantas de milho e depois realizando o cruzamento entre as linhagens obtidas, via autofecundação. Dessa forma, Shull criou o primeiro esquema de produção de sementes híbridas (MIRANDA FILHO e VIÉGAS, 1978).

A descoberta e a consolidação do milho híbrido estão entre as maiores contribuições do melhoramento vegetal para a sociedade, uma vez que contribuiu para expressivos aumentos na produtividade de grãos desta espécie, em todo o mundo (SOUZA SOBRINHO et al.; 2002).

Segundo Gorgulho e Miranda (2001) a síntese de híbridos é um processo que consiste na combinação de linhagens divergentes, visando às melhores combinações possíveis. Através de cruzamentos, busca-se a melhor expressão fenotípica de um determinado genótipo (MARQUES JÚNIOR e PEREIRA, 2001). Portanto, conhecer as linhagens, sua qualidade *per se* e a que grupo heterótico pertencem, são informações importantes para o desenvolvimento de um novo híbrido, para que o melhorista poupe tempo na busca de melhores combinações que maximize a heterose do híbrido (CRUZ et al., 2014).

Em um programa de obtenção de híbridos, basicamente são quatro as etapas envolvidas: a escolha das populações de trabalho; a obtenção de linhagens; a avaliação da capacidade de combinação e o teste extensivo das combinações híbridas obtidas. De todas essas etapas, a escolha das populações a serem autofecundadas é de fundamental importância, pois todo o sucesso do programa dependerá dela (PATERNIANI e CAMPOS, 2004).

A divergência genética e a capacidade de combinação podem ser usadas para a escolha de genitores e híbridos potencialmente superiores. Os valores genéticos dos genitores e das combinações híbridas presentes em um

dialelo são efetuados sobre a natureza dos efeitos gênicos envolvidos na determinação da característica sob análise, revelando informações importantes para o planejamento de programas de melhoramento quanto à estratégia de seleção e escolha dos seus métodos (RAMALHO et al., 1993). Assim, antes dos cruzamentos, Falconer e Mackay (1996) recomendam que sejam efetuadas medidas de divergência genética, as quais auxiliam o melhorista na identificação das combinações mais promissoras, que permitem recuperar linhagens avançadas superiores.

2.2.2) Análise da Divergência Genética por Técnicas Multivariadas

A avaliação da divergência genética tem sido feita por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, ou por processos preditivos, os quais baseiam-se nas diferenças morfológicas, fisiológicas e agrônômicas dos genitores (CRUZ et al., 2014). Segundo Machado (1999), a utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética tem-se tornado comum entre os melhoristas de plantas. Entre essas técnicas, as mais empregadas são a análise por componentes principais, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; a análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos com repetições; e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada.

Os métodos preditivos de diversidade genética têm sido bastante utilizados, sobretudo pelo fato de que, ao se basearem em diferenças morfológicas, fisiológicas e moleculares dos genótipos, dispensam a obtenção das combinações híbridas entre eles, o que é vantajoso, especialmente quando o número de genitores, cuja diversidade se deseja conhecer é elevado (CARVALHO et al., 2003). Por esses métodos as informações múltiplas de cada cultivar são expressas em medidas de dissimilaridade, que representam a diversidade existente no conjunto de acessos estudados (CRUZ, 1990).

2.2.3) Medidas de Dissimilaridade e Métodos de Agrupamento

Um critério que quantifique a distância entre dois objetos é entendido como medida de dissimilaridade e, logo, quanto menores os valores destas medidas, mais similares são os objetos comparados. Um grande número de distâncias tem sido proposto e usado em análise de agrupamento e, segundo Mingoti (2005), cada uma delas produz um determinado tipo de agrupamento.

As medidas de dissimilaridade para caracteres quantitativos mais utilizados nos estudos genéticos são a distância euclidiana, o quadrado da distância euclidiana, a distância euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis. Esta última apresenta a vantagem de levar em consideração a magnitude das variâncias e covariâncias residuais que existem entre os caracteres mensurados, possíveis de serem estimadas a partir de informações de genótipos avaliados em delineamentos experimentais (Mahalanobis, 1936).

Outros tipos de medidas de dissimilaridade, inclusive para caracteres qualitativos binários e multicategóricos, podem ser encontrados na literatura (CRUZ et al., 2011; KHATTREE e NAIK, 2000; BUSSAB et al., 1990). A técnica multivariada de análise de agrupamento é uma maneira de se obter grupos homogêneos, por um esquema que possibilite reunir os indivíduos em um determinado número de grupos, de modo que exista grande homogeneidade dentro de cada grupo e heterogeneidade entre eles (JOHNSON e WICHERN, 1999; CRUZ et al., 2014). Manly (2008) comenta que a ideia de uma análise de agrupamento é utilizar os valores das variáveis para planejar um esquema para agrupar os objetos em classes de modo que objetos similares estejam na mesma classe, sendo que o número de classes não é usualmente conhecido.

Muitos algoritmos estão disponíveis na literatura para análise de agrupamento, os quais se distinguem pelo tipo de resultado e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre as entidades. No entanto, de acordo com Bussab et al., (1990), a escolha de um particular algoritmo de agrupamento exige o conhecimento de suas propriedades, aliado aos objetivos da pesquisa. Cruz et al., (2011) salientam que dos métodos de agrupamento, os mais utilizados em análises biométricas aplicadas ao melhoramento genético são os de otimização e os hierárquicos.

Nos métodos de otimização, os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento. O método de Tocher, um dos mais conhecidos, segundo Vasconcelos et al., (2007), apresenta uma inconveniência no agrupamento dos genótipos com maior dissimilaridade, já que na maioria dos casos, cada genótipo forma um grupo específico (um grupo de apenas um genótipo) em virtude de este agrupamento ser influenciado pela distância dos genótipos já agrupados. De acordo com Rao (1952), esse método utiliza um critério de agrupamento que possui a particularidade de apresentar a distância média intragrupo sempre menor que a distância média intergrupo.

O método de Tocher tem sido utilizado em estudos de divergência genética em várias culturas, tais como: melancia (SOUZA et al., 2002), alface (OLIVEIRA et al., 2004), cana-de-açúcar (SILVA et al., 2005), aveia (MARCHIORO et al., 2003), milho (SANTOS et al., 2014) e outras.

Nos métodos hierárquicos de agrupamento, os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma (diagrama bidimensional em forma de árvore), que é o principal objetivo (SILVA, 2012). Segundo Bussab et al.; (1990), o dendrograma pode ser considerado a representação simplificada da matriz de dissimilaridade. Uma das maneiras de verificar a capacidade do dendrograma em reproduzir a matriz de dissimilaridade é construir a matriz cofenética, que é a matriz de distâncias entre os objetos a partir do dendrograma. A verificação da proximidade das duas matrizes de dissimilaridade é fornecida pelo coeficiente de correlação entre os valores da matriz de dissimilaridade e os correspondentes da matriz cofenética, que é chamado coeficiente de correlação cofenética.

As técnicas hierárquicas são as mais amplamente difundidas e envolvem basicamente duas etapas. A primeira se refere à estimação de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre os indivíduos, e a segunda refere-se à adoção de uma técnica de formação de grupos (SANTANA e MALINOVSKI, 2002). Segundo Cruz et al., (2011), os principais métodos de agrupamento hierárquicos são: o método do vizinho mais próximo, o método do vizinho mais distante, o método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages), o método do centróide, o método da mediana (ou WPGMC) e o

método da variância mínima de Ward. Todos esses métodos operam sobre a matriz de distâncias, dispensando recorrer aos dados originais.

O método da ligação média entre grupos (UPGMA) tem sido comumente utilizado em estudos de diversidade genética, tendo vantagem sobre os demais métodos por considerar médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados (CRUZ et al., 2014), como ocorre com os métodos do vizinho mais próximo e do vizinho mais distante. Outra razão que também favorece o método UPGMA é que ele tende a gerar valores mais altos do coeficiente de correlação cofenética. Isso significa dizer que ele produz menor distorção quanto à representação das similaridades entre indivíduos de um dendrograma (SOKAL e ROHLF, 1962).

Outro método de agrupamento também comumente utilizado, é a análise de variáveis canônicas, que é uma técnica da estatística multivariada que permite a redução da dimensionalidade de dados, é semelhante a componentes principais e correlações canônicas. Essa técnica é especialmente empregada em análises discriminantes realizadas a partir de amostras com observações repetidas. A análise também pode ser utilizada para representar várias populações em um subespaço de menor dimensão. A análise procura, com base em um grande número de características originais correlacionadas, obter combinações lineares dessas características denominadas variáveis canônicas de tal forma que a correlação entre essas variáveis seja nula (KHATTREE e NAIK, 2000).

A utilização dessa técnica permite capturar o efeito simultâneo de características originais e com isso pode capturar variações não percebidas quando do uso de características originais isoladamente. É importante observar que a primeira variável canônica é a função discriminante linear de Fisher. Variáveis canônicas são funções discriminantes ótimas, ou seja, maximizam a variação entre tratamentos em relação à variação residual (JOHNSON e WICHERN, 1999).

3. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na safra outono-inverno/2013, em área experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizada na latitude 22° 14' 02" S, longitude de 54° 59' 17" W e 406 metros de altitude. O clima da região é classificado como do tipo Cwa (Köppen), ou seja, clima mesotérmico úmido com verões quentes e invernos secos, apresentando precipitação média acumulada de 1427 mm.

Foram avaliadas 40 progênies S₂ de milho, em delineamento de blocos casualizados com cinco repetições. Cada progênie foi semeada em uma parcela de 5 m, com espaçamento de 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre plantas.

Na semeadura foi realizada a adubação de 300 kg/ha de NPK do formulado 8-20-20. Não foi realizada a adubação de cobertura. A área foi irrigada periodicamente utilizando o sistema de aspersão. Após 30 dias foi feito o desbaste, visando a obtenção do estande de 25 plantas por parcela. Para controle de plantas daninhas foram realizadas capinas manuais e para o controle de insetos foram realizadas 2 aplicações com pulverizador costal do inseticida Match[®] (Lufenuron), 300 ml/ha, para controle da lagarta do cartucho e uma aplicação do inseticida Connect[®] (Beta-cyfluthrin + Imidacloprido), 700 mL/ha, para controle do percevejo barriga verde. A vegetação espontânea foi controlada através de capinas com enxada entre as linhas, quando as plantas infestantes se apresentem com $\pm 5,0$ cm de altura.

Foram avaliadas 10 características morfo-agronômicas, sendo elas: número de folhas acima (NFAE) e abaixo (NFABE) da espiga superior; altura da planta (AP), medido do solo até a inserção da folha bandeira, em cm; altura de espiga (AE), medido do solo até a inserção da espiga superior, em cm; diâmetro do colmo (DC), medido com auxílio de paquímetro, acima da espiga superior, em mm; diâmetro de espiga (DE), medido com paquímetro, em mm; comprimento de espiga (CE), medido com régua, em cm; número de fileira de grãos na espiga (NFGE); massa de cem grãos (MCG), em g e produtividade de grãos (PROD), corrigido para o estande ideal, em kg/ha⁻¹.

Primeiramente, foi realizada a análise de variância individual para as 10 características. No estudo multivariado de divergência genética, foram

utilizados os métodos de agrupamento de Tocher e hierárquico da distancia média (UPGMA) e a análise baseada em variáveis canônicas, todos fundamentados na distância generalizada de Mahalanobis, como medida de dissimilaridade.

As análises foram realizadas com o auxílio do software genético-estatístico Genes (CRUZ, 2006).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve efeito significativo pelo teste F, para todas as características avaliadas, exceto para o NFAE, indicando a existência de variabilidade entre as progênies. Os coeficientes de variação obtidos para todas as características podem ser classificados como medianos, de acordo com Pimentel Gomes (1985), o que confere boa precisão experimental (Tabela 1).

Tabela 1. Resumo da análise de variância para dez características avaliadas em 40 progênies de milho. Dourados, MS, 2013.

F.V	G.L	DE	CE	NFGE	NFAE	NFABE
Blocos	4	14,723	7,901	7,114	1,482	2,475
Linhagem	39	152,249**	13,876**	12,400**	1,250 ^{ns}	4,012
Resíduo	156	34,858	6,390	3,869	1,102	1,541
Média	-	41,86	12,98	12,74	5,19	5,57
CV (%)	-	14,10	19,47	15,43	20,23	22,27

F.V		DC	AE	AP	MCG	PROD
Blocos	4	1,244	86,328	391,914	8,156	14470,68
Linhagem	39	69,948**	864,50**	3028,70**	167,918**	541238,78**
Resíduo	156	7,368	81,593	335,791	13,734	11915,89
Média	-	18,42	59,90	128,28	31,71	1264,69
CV (%)	-	14,73	15,09	14,28	11,68	8,63

DE: diâmetro de espiga (mm); CE: comprimento de espiga (cm); NFGE: número de fileira de grãos na espiga; NFAE: número de folhas a cima da espiga; NFABE: número de folhas abaixo da espiga; DC: diâmetro do colmo (mm); AE: altura da espiga (cm); AP: altura de planta (cm); MCG: massa de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). **, *, ns: significativo ($p<0,01$), ($p<0,05$) e não significativo pelo teste F.

O método de otimização de Tocher realiza a partição do conjunto de genótipos em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida preestabelecida. Nesse método o critério adotado é de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos, cujo procedimento mantém a distância média intragrupo inferior à qualquer distância média intergrupo (KARASAWA et al., 2005).

Nesse trabalho foram encontrados 6 grupos, assim os genótipos que fazem parte do mesmo grupo apresentaram similaridade genética entre os mesmos (Tabela 2). O grupo I, foi formado por 18 genótipos, o qual destacou-se por apresentar um maior número de genótipos, indicando que 45% das progênies, estiveram contidos no mesmo grupo. O grupo II apresentou treze genótipos, o grupo III apresentou cinco genótipos, o IV grupo contou com dois genótipos e os grupos V e VI com um genótipo cada.

Tabela 2. Agrupamento de 40 progênies de milho pelo método de otimização de Tocher. Dourados, MS, 2013.

Grupos	Linhagens																	
I	19	29	33	2	24	14	18	25	11	37	23	1	9	3	22	10	40	6
II	13	27	5	30	36	26	16	21	4	17	31	15	20					
III	7	28	38	32	8													
IV	12	35																
V	34																	
VI	39																	

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. Isto facilita a projeção dos trabalhos de melhoramento, encontrando-se genótipos distintos para futuros cruzamentos. Dessa forma, de acordo com o agrupamento de Tocher os genótipos 34 e 39, respectivamente pertencentes aos grupos V e VI, podem ser utilizados em cruzamentos com qualquer genótipo dos outros grupos obtendo-se assim potenciais híbridos para o desenvolvimento futuro de cultivares, por serem resultantes de genitores contrastantes.

A avaliação da diversidade genética por meio de variáveis canônicas permite a redução da dimensionalidade de dados, sendo especialmente utilizada em análises discriminantes realizadas a partir de amostras com observações repetidas. Essa análise procura com base em um grande número de características originais correlacionadas, obter combinações lineares dessas características, chamadas de variáveis canônicas, de tal forma que a

correlação entre essas variáveis seja nula (KHATTREE e NAIK, 2000). Cruzamentos entre linhagens de grupos distintos em relação a duas variáveis canônicas resultarão em escolhas genitores que apresentarão a maior exploração da heterose, e a distância de um grupo para o outro contribuirá ainda mais para este resultado (CRUZ et al.; 2014).

Nesse trabalho foram encontrados 6 grupos de genótipos similares (Figura 1). Foi possível perceber grupos idênticos aos formados pelo método de Tocher (Tabela 2), a exemplo dos agrupamentos G4 com as progênies 12 e 35, idêntico ao grupo IV de Tocher e o G6 formado pela progênie 34, correspondendo ao grupo V, de Tocher. Outro resultado similar foi o grupo III de Tocher que é correspondente ao grupo G2 somado ao G3, formado pelas variáveis canônicas.

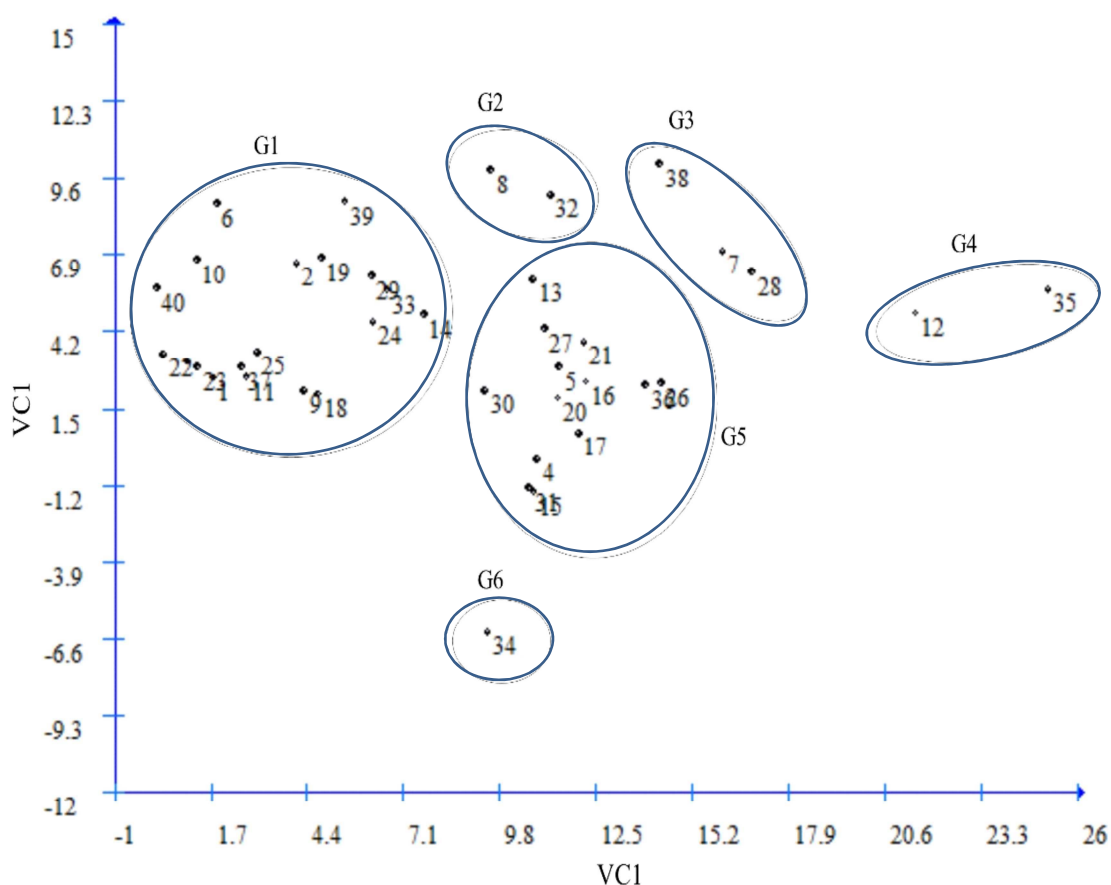


Figura1. Dispersão de escores de 40 progênies de milho em relação a duas variáveis canônicas (VC1, VC2), tendo como base a avaliação de características morfo-agronômicas. Dourados, MS, 2013.

Resultados de concordância entre os métodos de aferição de divergência genética também foram relatados em trabalhos com feijão-preto, (ELIAS et al., 2007; BONETT et al., 2006), mandioca-de-mesa (ZUIN et al., 2009) e sorgo (OLIVEIRA et al., 2014).

Na avaliação dos grupos formados por meio da técnica de agrupamento hierárquico de UPGMA, observou-se a formação de cinco grupos. O primeiro grupo foi constituído pela progênie 35, o segundo pela linhagem 12, ficando estes isolados dos demais. O terceiro grupo foi constituído pelas progênie 38, 28 e 7, o quarto pelas progênies 21, 36, 8, 26, 17, 16, 32, 13, 20, 27, 5; e o quinto pelas demais progênies (Figura 2).

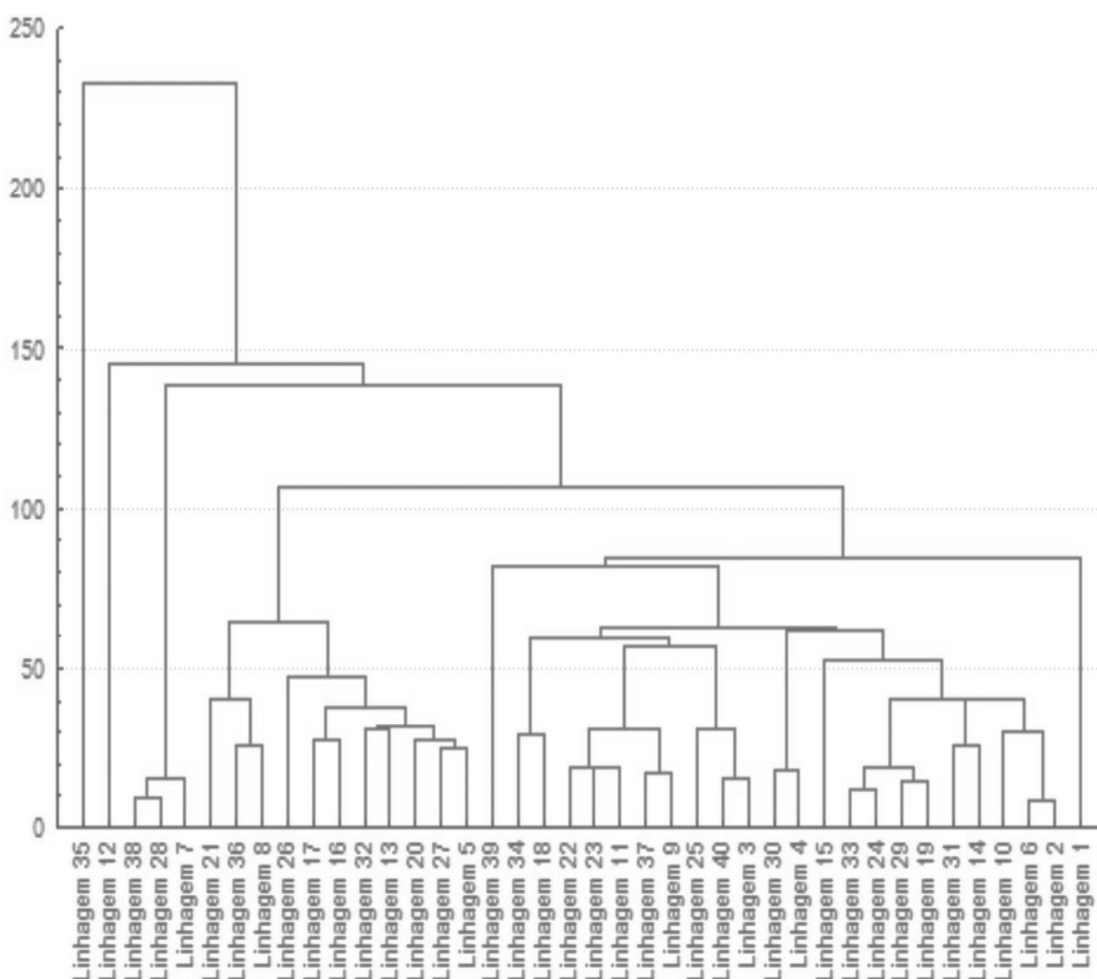


Figura 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre as 40 progênies estudadas, obtidas pela ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Correlação cofenética (0,77). Dourados, MS, 2013.

Com relação à distância máxima de D2 obtida entre todas as possíveis combinações de cada uma das progênies estudadas, observou-se que todas

as progênies apresentaram suas respectivas D2 máximas quando combinados com a progênie 35, indicando ser a mais divergente em relação às outras. Este resultado foi diferente dos obtidos nos outros métodos, uma vez que agruparam a progênie 35 juntamente com a 12. Pelo método de UPGMA, a progênie 34 foi agrupada como uma das mais divergentes, juntamente com a progênie 39, no grupo que conteve o maior número de genótipos.

Ao analisar as contribuições relativas para a divergência genética dos caracteres avaliados (Tabela 3), os que mais se destacaram foram produtividade de grãos (67,05%), e massa de cem grãos (17,09%). Estas características foram responsáveis por mais de 84% da divergência genética entre as progênies, enquanto a característica que menos contribuiu foi número de fileiras de grãos na espiga, responsável por 0,09% da divergência genética observada. Ressalta-se que características relacionadas a produção são as mais importantes para a cultura do milho.

Tabela 3. Contribuição relativa das características para a diversidade de 40 progênies S₂ de milho, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Dourados, MS, 2013.

Caráter	S.j	Valor (%)
DE	1844,608	2,20
CE	260,490	0,31
NFGE	76,345	0,09
NFAE	286,699	0,34
NFABE	513,323	0,61
DC	3064,507	3,66
AE	5765,008	6,90
AP	1433,998	1,71
MCG	14278,387	17,09
PROD	56017,422	67,05

S.j - valor da contribuição relativa dos caracteres; DE: diâmetro de espiga (mm); CE: comprimento de espiga (cm); NFGE: número de fileira de grãos na espiga; NFAE: número de folhas a cima da espiga; NFABE: número de folhas abaixo da espiga; DC: diâmetro do colmo (mm); AE: altura da espiga (cm); AP: altura de planta (cm); MCG: massa de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg.ha⁻¹).

Esse resultado pode contribuir de maneira efetiva para escolha dos genótipos divergentes para cruzamentos dialélicos, uma vez que segundo Cruz et al., (2014), pode ser empregado para aumentar a confiabilidade das conclusões frente à interpretação dos dendogramas.

5. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre as progênies, de acordo com as características morfo-agronômicas avaliadas.

Os métodos de agrupamentos foram eficientes em representar a distância genética entre as progênies avaliadas e foram parcialmente concordantes formando grupos similares

As progênies 34, 12 e 35 são as mais promissoras para incremento de variabilidade genética, e indicadas para cruzamentos com as demais progênies, visando a maximização da heterose.

A produtividade de grãos e a massa de cem grãos foram as características que mais contribuíram para a divergência entre as progênies.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

BONETT, L. P.; VIDIGAL, M. C. G.; SCHULTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. **Semina**, Londrina, v. 27, n. 4, p. 547-560, 2006.

BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. Introdução à análise de agrupamentos. São Paulo: **Associação Brasileira de Estatística**, 1990. 105p.

BUZAR, A. G. R.; OLIVEIRA V. R.; BOITEUX L. S. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agrônômicos e bioquímicos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 04, p. 513-518, 2007.

CARDOSO, W. S.; PAES, M. C. D.; GALVÃO, J. C. C.; RIOS, S. A.; GUIMARÃES, P. E. O.; SCHAFFERT, R. E.; BORÉM, A. Variabilidade de genótipos de milho quanto à composição de carotenóides nos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 2, p. 164-173, 2009.

CARVALHO, L. P. de; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.10, p.1149-1155, 2003.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Safra 2013/2014. Disponível em<http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_08_07_08_59_54_boletim_graos_agosto_2014.pdf>. Acesso em 29 de agosto de 2014.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa (MG). Volume 1. 382p. 2006.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicado ao melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa: UFV, 2014.

CRUZ, C. D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, SP.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. Cuidados na escolha da cultivar de milho. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. p.6 (Embrapa Milho e Sorgo. Comunicado Técnico, 133) 2006.

DEAGRO-FIESPI INFORMATIVO. Dados produtividade mundial. http://az545403.vo.msecnd.net/uploads/2014/10/boletim_safra-mundial-milho_outubro14.pdf Acesso em 9 de novembro de 2014

DUARTE, A. P. Milho – como fazer uma boa segunda safra. **Cultivar**, Porto Alegre, v. 3, n.25, p. 10-18, 2001.

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

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 The d. Edinburgh: Longman 1996. 462p.

FANCELLI, L. A.; DOURADO-NETO, D. **Produção de Milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360p.

FORSTHOFER, E.L.; SILVA, P.R.F.; STRIEDER, M.L.; MINETTO, T.; RAMBO, L.; ARGENTA, G.; SANGOI, L.; SUHRE, E.; SILVA, A.A. Desempenho agrônômico e econômico do milho em diferentes níveis de manejo e épocas de

semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.3, p.399-407, 2006.

FUZATTO, S. R.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 1, p. 22-32, 2002.

GERAGE, A. C. & BIANCO, R. A produção de milho na “safrinha”. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 14 n.164, p. 39-44, 1990.

GUILIONI, L.; WERY, J.; TARDIEU, F. Heat stress-induced abortion of buds and flowers in pea: is sensitivity linked to organ age or to relations between reproductive organs? **Annals of Botany**, London, v. 80, p. 159–168, 1997.

GORGULHO, E. P.; MIRANDA FILHO, J. B. **Estudo da capacidade combinatória de variedades de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial Bragantia**, Campinas, v.60, n.1, p.01-08, 2001.

IBGE. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em:<<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 16 outubro. 2014.

ISMAIL, A. M.; HALL, A. E. Reproductive-stage heat tolerance, leaf membrane thermostability and plant morphology in cowpea. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 1762–1768, 1999.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. 4th ed. Upper Saddle River, New Jersey: Prentice-Hall, 1999, 815 p.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C.P.; SILVA, M.P.; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília v.23, p.1000-1005, 2005.

KHATTREE, R., NAIK, D.N. **Multivariate data reduction and discrimination with SAS software**. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc., v. 1, p. 558, 2000.

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; CRUZ, P. J.; LORENCETTI, C.; CARGNIN, A.; SIMIONI, D. Variabilidade em genótipos fixos de aveia branca estimada através de caracteres morfológicos. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 8, n. 1, p. 13-17, 2002.

LERAYER, A. **Guia do milho – Tecnologia do campo a mesa**. Conselho de Informações sobre Biotecnologia. 2006. 15 p.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VALÉRIO, I. P.; BENIN, G.; ZIMMER, P. D.; VIEIRA, E. A. Distância genética e sua associação com heterose e desempenho de híbridos de aveia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 591-598, 2006.

LOURENÇÃO, A.L.F.; BARROS, R.; MELO, E.P. **Milho Bt: uso correto da tecnologia**. In: Fundação MS: Tecnologia e Produção: Milho Safrinha e Culturas de Inverno 2009.

MACHADO, C. F. **Procedimentos para a escolha de genitores de feijão**. 1999. 118 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of The National Institute of Sciences of India**, v.12, p.49-55, 1936.

MANLY, B. F. J. **Métodos estatísticos multivariados: uma introdução** . 3 ed. Porto Alegre: Bookman, 2008. 229p.

MANGELSDORF, P. C. **Corn - Its Origim, Evolution, and Improvement**. Harvard Univ. Press, Cambridge, Mass. p. 262, 1974.

MARCHIORO, V. S. et al. Dissimilaridade genética entre genótipos de aveia. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, p.285-294, 2003.

MARQUES JÚNIOR, O.; PEREIRA, R.S.B. Condução de um programa de melhoramento para obtenção de híbridos de milho. In: V SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS – GENÉTICA E MELHORAMENTO DO MILHO, 2001, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2001, p.51–54.

MASIERO, G.; LOPES, H. Etanol e biodiesel como recursos energéticos alternativos: perspectivas da América Latina e da Ásia. **Revista Brasileira de Política Internacional**, v.51, p.60-79, 2008.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas:Fundação Cargill, 1978. p. 257-309.

MORO, J. R.; SILVEIRA, F. T.; CARGNELUTTI FILHO, A. Dissimilaridade genética em sessenta e quatro linhagens de milho avaliadas para resistência ao complexo enfezamento. **Revista de Biologia e Ciência da Terra**, Campina Grande, v. 7, n. 1, p. 153-160, 2007.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; PEDROSA, M. W.; GARCIA, N. C. P.; GARCIA, S. L. R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.26, p.211-217, 2004.

OLIVEIRA, T. C.; GONÇALVES, D. L.; RODRIGUES, A. P. S.; BARELLI, M. A. A.; TARDIN, F. D.; NEVES, L.G. Caracterização da divergência genética de sorgo sacarino na região de Cáceres-MT In CONGRESSO NACIONAL DE

MILHO E SORGO, 30., 2014, SALVADOR. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa, 2014 p. 1-4

OLIVEIRA, V. R.; SCAPIM, C. A.; CASALI, V. W. D. Diversidade genética e eficiência da predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 20, n. 3, p. 263-267, 1998.

PAIXÃO, S. L. *et al.* Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de Alagoas. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 04, p. 191-195, 2008.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoria do milho. In: BOREN, A. Melhoria de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, 1999. p.429–478.

PATERNIANI, E. **Métodos tradicionais de melhoria de milho**. In: BULL, L. T.; CANTARELLA, H. (Ed.). Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade. Piracicaba: Potafos, 1993. p. 22-43

PIMENTEL GOMES, F. Curso de Estatística Experimental. São Paulo: Nobel, 1985. 467 p.

PINAZZA, L. A.; ALIMANDRO, R. Cenário atípico. **Agroanalysis**, São Paulo, v. 18, n. 8, p. 12-17, ago. 1998.

PONS, A.; BRESOLIN, M. **A cultura do Milho Trigo e Soja**. Porto Alegre, n. 57, p. 6-31, 1981.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J. **Genética quantitativa em plantas autógamas –Aplicações ao melhoria do feijoeiro**. Goiânia: Editora UFG, 1993. 271p.

RANERE, A.J.; PIPERNO, D.R.; HOLST, I.; DICKAU, R.; IRIARTE, J. The cultural and chronological context of early holocene maize and squash domestication in the Central Balsas River Valley, Mexico. **Proceedings of the**

National Academy of Sciences, Washington, DC, v.106, n.13, p.5014-5021, Mar. 2009.

RAO, C. R.; **An advanced statistical method in biometric research**. New York, Ed. John Wiley e Sons, 1952. 390p.

RAUPP, C.; BRENNER, D.; SCHUELTER, A.R. **O melhoramento de plantas para as condições de safrinha**. Santa Cruz do Sul: PIONEER, 2007. p.20-21. (PIONEER, Informativo Pioneer, nº26).

SANTANA, C. M.; MALINOVSKI, J. R. **Uso da análise multivariada no estudo de fatores humanos em operadores de motosserra**, Cerne, Lavras, v.8, n.2, p.101–107, 2002.

SANTOS, W. F.; PELUZIO, J. M.; AFFÉM, F. S.; SODRÉ, L. F.; SANTOS, D. S.; FARIAS, T. C. M. Variabilidade genética e eficiência de uso do nitrogênio em populações de milho para teor óleo. **Revista de Ciências Agrárias**, Recife, v.57, n. 3, p.312-317, 2014.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30 n. 5. p. 683-686, 1995.

SILVA, A. R. **Métodos de agrupamento: avaliação e aplicação ao estudo de divergência genética em acessos de alho**. Dissertação de Mestrado. Viçosa, 2012.

SILVA, C. M.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; FILHO, P. S. V.; SCAPIM, C. A.; DAROS, E.; SILVERIO, L. Genetic diversity among sugarcane clones (*Saccharum spp.*). **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.27, n.2, p.315-319, 2005

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

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, Bratislava, v.11, p.30-40, 1962.

SOUZA SOBRINHO, F.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 1, p. 70-76, 2002.

SOUZA, F. F.; QUEIRÓZ, M. A.; DIAS, R. S. C. Divergência genética em linhagens de melancia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, p179-183, 2005. v.20, n.2, p.167–170, 2002.

TSUNECHIRO, A.; ARIAS, E. R. A. Perspectivas de rentabilidade do milho “safrinha” nas principais regiões produtoras. In: SEMINÁRIO SOBRA A CULTURA DO MILHO “SAFRINHA”, 4., Assis. **Anais**. Campinas, IAC/CDV, 1997. p. 15-20, 1997.

TSUNECHIRO, A. Causas e efeitos do aumento da área do milho “safrinha”. **Informações Econômicas**, São Paulo v. 28, n. 3, p. 74-75, 1998.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.

VIEIRA, E. A. FIALHO, J. F.; FAIEIRO, F. G.; FUKUDA W. M. G.; JUNQUEIRA; T. V. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11., 2005, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Embrapa. 1 CD-ROM.

VON-PINHO, R.G.; ALTUNA, J.G.G.; VON-PINHO, E.V.R.; SOUZA, L.O.V. Efeito de métodos de adubação e épocas de semeadura em características

agronômicas de cultivares de milho cultivadas na “safrinha”. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, p.719-730, 2002.

VON PINHO, R. G.; BRUGNERA, A.;PACHECO, C. A. P.;GOMES, M. S. Estabilidade de cultivares de milho-pipoca em diferentes ambientes, no estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.2, n.1, p.53-61, 2003.

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