

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
SETOR DE ENGENHARIAS, CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DE TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS – GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

LUIZ CARLOS COSTA DE SOUZA

SELEÇÃO PARA APTIDÃO MILHO VERDE EM DIFERENTES
GERMOPLASMAS DE MILHOS ESPECIAIS

PONTA GROSSA

2025

LUIZ CARLOS COSTA DE SOUZA

SELEÇÃO PARA APTIDÃO MILHO VERDE EM DIFERENTES GERMOPLASMAS DE
MILHOS ESPECIAIS

Dissertação apresentada para obtenção do
título de Mestre em Agronomia na
Universidade Estadual de Ponta Grossa, área
de concentração Fitotecnia e Fitossanidade.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues
Matiello

PONTA GROSSA

2025

S729 Souza, Luiz Carlos Costa de
Seleção para aptidão milho verde em diferentes germoplasmas de milhos especiais / Luiz Carlos Costa de Souza. Ponta Grossa, 2025.
94 f.

Dissertação (Mestrado em Agronomia - Área de Concentração: Fitotecnia e Fitossanidade), Universidade Estadual de Ponta Grossa.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello.

1. Espigas - rendimento. 2. Milho superdoce. 3. Milho crioulo. 4. Componentes principais. 5. Ganho genético. I. Matiello, Rodrigo Rodrigues. II. Universidade Estadual de Ponta Grossa. Fitotecnia e Fitossanidade. III.T.

CDD: 633



LUIZ CARLOS COSTA DE SOUZA

SELEÇÃO PARA APTIDÃO MILHO VERDE EM DIFERENTES GERMOPLASMAS DE MILHOS ESPECIAIS.

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Agronomia na Universidade Estadual de
Ponta Grossa, Área de Fitotecnia e Fitossanidade.

Ponta Grossa, 31 de março de 2025.

Documento assinado digitalmente
 RODRIGO RODRIGUES MATIELLO
Data: 02/04/2025 22:26:18-0300
verifique em <https://validar.dl.gov.br>

Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello
Doutor em Agronomia
Universidade Estadual de Ponta Grossa

Documento assinado digitalmente
 AMANDA REGINA GODOY BAPTISTÃO
Data: 04/04/2025 09:54:23-0300
verifique em <https://validar.dl.gov.br>

Profa. Dra. Amanda Regina Godoy Baptidão
Doutor em Agronomia
Universidade Estadual de Ponta Grossa

Documento assinado digitalmente
 MARIA TERESA GOMES LOPES
Data: 03/04/2025 00:11:29-0300
verifique em <https://validar.dl.gov.br>

Profa. Dra. Maria Teresa Gomes Lopes
Doutor em Agronomia
Universidade Federal do Amazonas

Ao meu avô Luiz Viana da Costa (*in memoriam*)

Dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente aos meus pais Sebastião Bezerra e Iolanda Costa que tanto acreditam, apoiam e torcem por mim, estando presentes em todos os momentos dando suporte.

Ao meu orientador Prof. Dr. Rofrigo Rodrigues Matiello por ter me aceito no laboratório de melhoramento genético, por todos os conhecimentos compartilhados, paciência e compreensão no decorrer desses dois anos.

Ao Anderson Carlos Finger e Tatiane Moreira por terem sido tão receptivos, pela disposição em ajudar nos experimentos e nas análises estatísticas, pela parceria e amizade desenvolvida.

Ao Prof Dr. Magno Sávio F. Valente pela ajuda com as análises estatísticas e disposição em ajudar sempre de forma gentil.

Aos alunos de iniciação científica do laboratório de melhoramento genético: Ana Carolina Hass, Briena Moreno, Gabriel Mosconi, Júlia Andrade, Júlia Spolidoro, Matheus Oliveira, Otávio Marcondes, Pedro Scheifer, Tiago Niedjevski por toda ajuda e momentos de descontração.

Aos meus irmãos Inessa Costa e Túlio Costa por estarem sempre presentes e confiantes em mim.

A Adketlen Queiroz, Jackeline Menezes, Juliana Almeida, Lidia Almeida, Lucas Almeida, Luiz Gabriel, por serem tão presentes em todos os momentos mesmo que a distância, por serem parte da minha vida.

Aos amigos que fiz aqui em Ponta Grossa: Caroline Satelli, Calistene Pinto, Ester Saraiva, Gabriel Passos, Helena Pistune, Melissa Remlinger, Ranyelly Coutrim, Raphaela Messias, Rosana Mota, por terem sido tão receptivos e tornado os meus dias mais leves.

Aos professores e ao Programa de Pós - Graduação em Agronomia por todos os esforços e apoio ao ensino e à pesquisa.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo fornecimento da bolsa de Mestrado e apoio à pesquisa.

“O dia em que o sonho nos abandonar, nós
estaremos tão tristes, vivos, mas tão tristes como
se estivéssemos morrido”

- Lygia Fagundes Telles

RESUMO

SOUZA, L. C. C. **Seleção para aptidão milho verde em diferentes germoplasmas de milhos especiais**. 2025. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual de Ponta Grossa.

O milho (*Zea mays* L.) ocupa posição de destaque na produção agrícola global, sendo amplamente cultivado no Brasil devido à adaptabilidade a diferentes condições edafoclimáticas. Dentre as diversas formas de exploração, o milho verde e o milho superdoce representam nichos de mercado promissores, especialmente para pequenos produtores da agricultura familiar. O estudo teve como objetivo avaliar o potencial de progênies de meio-irmãos de milho verde e superdoce para produção de espigas comerciais *in natura*, por meio da seleção recorrente e técnicas multivariadas. No experimento de milho verde foram avaliadas 88 progênies de meio-irmãos e duas testemunhas comerciais BRS3046[®] e Quindim[®]. Para o experimento de milho superdoce foram avaliadas 178 progênies de meio-irmãos e as testemunhas comerciais Isla[®] e Confeito[®]. Os dois experimentos foram implantados no delineamento de blocos aleatorizados, com três repetições. Foram avaliadas nove variáveis relacionadas a adaptação agrônômica e ao potencial de rendimento de espigas. Estimaram-se os parâmetros genéticos, herdabilidade no sentido amplo, o ganho esperado com a seleção e a média melhorada da população. A divergência genética entre os genótipos foi estimada por meio da distância quadrada generalizada de Mahalanobis, onde os genótipos foram agrupados pela dissimilaridade genética através dos métodos UPGMA e de Otimização de Tocher. Adicionalmente, as variáveis avaliadas foram submetidas a análise de componentes principais. As análises estatísticas multivariadas permitiram a caracterização da variabilidade genética e a identificação de genótipos superiores. Os resultados indicaram a existência de variabilidade genética favorável entre as progênies, possibilitando a seleção de genótipos com maior aptidão para a produção de milho verde e superdoce *in natura*. Os métodos de agrupamento UPGMA e otimização de Tocher, foram eficientes na formação de grupos e apresentaram padrões semelhantes, com pequenas diferenças na alocação dos genótipos nos grupos. O método Tocher demonstrou uma organização mais detalhada e com maior número de grupos (nove grupos e seis progênies isoladas), para o milho superdoce em comparação ao milho verde (cinco grupos e cinco genótipos isolados). O germoplasma de milho superdoce foi o mais sensível aos métodos de agrupamento, evidenciando uma maior variabilidade genética. A análise de componentes principais (ACP) reduziu o conjunto de variáveis, sendo que os três primeiros componentes explicaram 75,21% (verde) e 76,82% (superdoce) da variância fenotípica, sendo que nos dois germoplasmas as variáveis relacionadas ao rendimento de espigas foram as mais influentes na formação do CP1. A ACP possibilitou a verificação dos genótipos com melhor desempenho em que foram selecionadas 26 progênies de meio-irmãos de milho verde e 53 progênies de superdoce. A estimativa do ganho esperado com a seleção também evidenciou resultados satisfatórios especialmente para as variáveis relacionadas ao potencial produtivo de espigas de milho verde. Os resultados alcançados evidenciaram condição muito favorável ao programa de melhoramento de milhos especiais da UEPG, possibilitando no futuro o desenvolvimento de variedades de polinização aberta com maior aptidão e potencial produtivo para milho verde *in natura*.

Palavras-chave: rendimento de espigas; milho superdoce; milho crioulo; componentes principais; ganho genético.

ABSTRACT

SOUZA, L. C. C. **Selection for green corn aptitude in different germplasms of special corns.** 2025. Dissertation (Master degree in Agronomy) – State University of Ponta Grossa.

Corn (*Zea mays* L.) holds a prominent position in global agricultural production and is widely cultivated in Brazil due to its adaptability to different soil and climatic conditions. Among the various forms of corn exploitation, green corn and supersweet corn represent promising market niches, especially for small-scale family farmers. The present study aimed to evaluate the potential of half-sibling progenies of green and supersweet corn for the production of commercial ears for *in natura* consumption through recurrent selection and multivariate techniques. In the green corn experiment, 88 half-sibling progenies and two commercial controls, BRS3046® and Quindim®, were evaluated. In the supersweet corn experiment, 178 half-sibling progenies and the commercial controls Isla® and Confeito® were assessed. Both experiments were conducted using a randomized block design with three replications. Nine variables related to agronomic adaptation and ear yield potential were evaluated. Genetic parameters, broad-sense heritability, expected selection gain, and the improved population mean were estimated. Genetic divergence among genotypes was assessed using Mahalanobis' generalized squared distance, and genotypes were grouped based on genetic dissimilarity using the UPGMA and Tocher Optimization methods. Additionally, the evaluated variables underwent principal component analysis (PCA). Multivariate statistical analyses allowed for the characterization of genetic variability and the identification of superior genotypes. The results indicated the presence of favorable genetic variability among the progenies, enabling the selection of genotypes with greater aptitude for *in natura* green and supersweet corn production. The UPGMA and Tocher Optimization grouping methods were efficient in forming groups and showed similar patterns, despite some differences in genotype allocation. The Tocher method provided a more detailed organization, with a greater number of distinct groups for supersweet corn (nine groups and six isolated progenies) compared to green corn (five groups and five isolated genotypes). Supersweet corn germplasm was more sensitive to the grouping methods, revealing greater genetic variability. Principal component analysis (PCA) reduced the set of variables, with the first three components explaining 75.21% (green corn) and 76.82% (supersweet corn) of phenotypic variance. In both germplasms, the variables related to ear yield were the most influential in forming PC1. PCA enabled the identification of the best-performing genotypes, leading to the selection of 26 half-sibling progenies of green corn and 53 progenies of supersweet corn. The estimation of expected selection gain also showed satisfactory results, especially for variables related to the productive potential of green corn ears. The results highlight highly favorable conditions for the special corn breeding program at UEPG, potentially enabling the future development of open-pollinated varieties with greater aptitude and productive potential for *in natura* green corn.

Keywords: ear yield; supersweet corn; landrace corn; principal component analysis; genetic gain.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1: Avaliação das variáveis para a aptidão milho verde. (A) Ciclo masculino, com observação do pendão totalmente exposto; (B) Estatura de planta; (C) Comprimento médio das espigas de uma parcela; (D) Diâmetro médio das espigas de uma parcela; (E) Massa total de espigas por parcela e (F) Massa comercial de espigas por parcela. Ponta Grossa, 2025.....30
- Figura 2: Aspecto visual de espigas no estágio de milho verde, R3. (A e B) Espigas de milho verde; (C e D) Espigas de milho superdoce. Ponta Grossa, 2025.....31
- Figura 3: Padrão de espigas de duas progênies de meio-irmãos de milho verde em comparação aos híbridos comerciais. (A) Progenie P33-E; (B) Progenie P32-E; (C) Híbrido comercial BRS046®; (D) Híbrido comercial Quindim®. Ponta Grossa, 2025.....45
- Figura 4: Análise de agrupamento (UPGMA) a partir da distância genética de Mahalanobis nos 90 genótipos de milho verde. Coeficiente de correlação cofenética: $r = 0,6640$. A linha horizontal tracejada representa o corte estimado pelo método de Mojema (1977). Ponta Grossa, 2025.....49
- Figura 5: Escores das progênies de milho verde e influência das variáveis nos dois primeiros componentes principais. (A) Gráfico de dispersão das progênies de milho verde nos dois primeiros componentes principais. (B) Gráfico de contribuição das variáveis para os dois primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2025.....58
- Figura 6: Padrão de espigas de milho superdoce. (A) Progenie P-47; (B) Progenie P-135; (C) Híbrido comercial Confeito® e (D) Híbrido comercial Isla®. Ponta Grossa, 2025.....67
- Figura 7: Análise de agrupamento (UPGMA) a partir da distância genética de Mahalanobis entre 180 genótipos de milho superdoce. Coeficiente de correlação cofenética: $r = 0.7103$. A linha horizontal tracejada representa o corte estimado pelo método de Mojena (1977). Ponta Grossa, 2025.....71
- Figura 8: Escores das progênies de milho superdoce e influência das variáveis nos dois primeiros componentes principais. (A) Gráfico de dispersão das progênies de milho superdoce distribuídas nos dois primeiros componentes principais. (B) Gráfico de contribuição das variáveis para os dois primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2025.....81

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Resumo da análise de variância e estimativas dos parâmetros genéticos para as variáveis ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento de espigas total (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) oriundos do experimento de milho verde. Ponta Grossa, 2025.....;	41
Tabela 2 - Distribuição das progênes de milho verde nos grupos estatísticos formados pelo teste de Scott-Knott para as variáveis ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espiga (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento de espigas total (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC). Ponta Grossa, 2025.....	46
Tabela 3 - Composição dos grupos de progênes de milho verde obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.....	48
Tabela 4 - Contribuição relativa de nove características para a divergência entre os 90 genótipos de milho verde, pela estatística ($\hat{S}_j$) proposta por Singh (1981). Ponta Grossa, 2025.....	50
Tabela 5 - Desempenho médio das nove variáveis fenotípicas nos respectivos grupos obtidos pelo Método UPGMA. Ponta Grossa, 2025.....	52
Tabela 6 - Agrupamento das progênes de milho verde e híbridos comerciais, obtidos pelo método de otimização de Tocher, baseado na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.....	53
Tabela 7 - Desempenho médio dos grupos de progênes obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2025.....	55
Tabela 8 - Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2025.....	56
Tabela 9 - Autovetores dos dois primeiros componentes principais e a importância relativa de cada variável fenotípica para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2025.....	57
Tabela 10 - Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênes de milho verde selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2025.....	60
Tabela 11 - Resumo da análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos para as variáveis ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento de espigas total (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) oriundos do experimento de milho superdoce. Ponta Grossa, 2025.....	62

Tabela 12 - Distribuição das progênes de meio-irmãos nos grupos estatísticos de Scott-Knott para as variáveis: ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espiga (CME), diâmetro médio de espiga (DME), massa média de espiga (MME), rendimento médio de espigas (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) em função das progênes de meio-irmãos de milho superdoce. Ponta Grossa, 2025.....	68
Tabela 13 - Composição dos grupos de progênes de milho superdoce obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.....	70
Tabela 14 - Contribuição relativa de nove características para a divergência entre os 180 genótipos de milho superdoce pela estatística ($\hat{S}_j$) proposta por Singh (1981). Ponta Grossa, 2025.....	72
Tabela 15 - Desempenho médio das nove variáveis fenotípicas nos respectivos grupos obtidos pelo Método UPGMA. Ponta Grossa, 2025.....	73
Tabela 16 - Agrupamento dos 180 genótipos de milho superdoce pelo método de otimização de Tocher, baseado em caracteres de produção e a distância genética de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.....	76
Tabela 17 - Desempenho médio dos grupos de progênes de milho superdoce e híbridos comerciais, obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2025.....	78
Tabela 18 - Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2025.....	79
Tabela 19 - Autovetores dos três primeiros componentes principais e a importância relativa de cada variável fenotípica para a formação do componente principal, Ponta Grossa, 2025.....	80
Tabela 20 - Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênes de milho superdoce selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2025.....	83

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 OBJETIVOS	15
2.1 OBJETIVO GERAL	15
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	15
3 HIPÓTESES	16
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	17
4.1 A PRODUÇÃO DE MILHO NO BRASIL	17
4.2 MILHOS ESPECIAIS COMO UMA ALTERNATIVA À PRODUÇÃO CONVENCIONAL DA CULTURA.....	18
4.3 SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS	20
4.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	21
4.5 ANÁLISE ESTATÍSTICA MULTIVARIADA.....	23
4.6 DISTÂNCIA QUADRADA GENERALIZADA DE MAHALANOBIS (D^2) E MÉTODOS DE AGRUPAMENTO	24
4.7 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS	25
5 MATERIAL E MÉTODOS	27
5.1 BASE GENÉTICA DAS PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS	27
5.1.1 Germoplasma milho verde.....	27
5.1.2 Germoplasma milho superdoce	28
5.2 EXPERIMENTOS DE COMPETIÇÃO AGRONÔMICA.....	29
5.2.1 Variáveis fenotípicas avaliadas nos experimentos	30
5.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	32
5.3.1 Estimativas dos parâmetros genéticos	32
5.3.2 Dissimilaridade entre genótipos através da distância quadrada generalizada de Mahalanobis (D^2).....	33
5.3.3 Método de Agrupamento UPGMA.....	34
5.3.4 Método de Otimização de Tocher	35
5.3.5 Análise de componentes principais	35
5.3.6 Estimativa do Ganho esperado com a seleção e a média melhorada esperada.....	37
6 RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
6.1 MILHO VERDE.....	39
6.1.1 Análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos.....	39
6.1.2 Agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott.....	42
6.1.3 Dissimilaridade genética e agrupamento de genótipos pelo método UPGMA	47
6.1.4 Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher	52

6.1.5 Análise dos componentes principais (ACP)	55
6.2 MILHO SUPERDOCE.....	61
6.2.1 Análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos.....	61
6.2.2 Agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott.....	63
6.2.3 Dissimilaridade genética e agrupamento de genótipos pelo método UPGMA	69
6.2.4 Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher	74
6.2.5 Análise dos componentes principais (ACP)	78
7 CONCLUSÕES.....	84
REFERÊNCIAS	85

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais mais cultivados e de grande importância mundial, sendo seu cultivo amplamente difundido no território nacional, no qual se destaca a sua adaptação às mais diversificadas condições edafoclimáticas, aliados a inúmeros sistemas de cultivo, desde a agricultura de subsistência a alta tecnologia de precisão, por meio da utilização de genótipos recomendados pelos programas de melhoramento genético da cultura. O somatório desses fatores garante grande volume de produção, o que explica o aumento na produtividade a cada safra.

Dentre as diversas formas de exploração da cultura, a sua destinação ao consumo como milhos especiais, na forma de milho verde, doce, superdoce, por exemplo, se destaca como uma das mais promissoras devido a suas amplas possibilidades de utilização, tanto como alimento *in natura* quanto como matéria prima na indústria alimentícia para a fabricação de bolos, sorvetes, mousses, dentre outros subprodutos. Grande parte da produção de milhos especiais no país, é realizada por pequenas propriedades com base na agricultura familiar, no entanto, é comum o uso de cultivares não recomendadas à sua produção, devido, principalmente, a escassez de recomendação e lançamento de novas cultivares de milho com essa aptidão específica.

De maneira geral, o cultivo do milho verde é realizado predominantemente por agricultores familiares em pequenas propriedades agrícolas (Tsunechiro; Miura, 2012). A disponibilidade de genótipos, de milho verde, recomendados para a semeadura, pode afetar a produção, principalmente aos pequenos produtores, que em muitos dos casos possuem pouco aporte financeiro e acesso limitado a genótipos melhorados com maior qualidade, porém com preços mais elevados.

O aumento do volume comercializado de milho verde no estado do Paraná é um indicativo da demanda crescente em relação ao produto. De acordo com dados oficiais da CEASA – PR (2023) o volume total de espigas de milho verde comercializadas em 2022 foi de 4.623,3 toneladas, já em 2023, foram aproximadamente 7,3 mil toneladas de espigas de milho verde nas cinco principais Centrais de Abastecimento (CEASAs) do estado do Paraná, indicando um incremento na demanda do produto de 58%.

É imprescindível o aumento na eficiência de produção, para atendimento ao consumo crescente no estado, pois a demanda de mercado existente não acompanhou a disponibilidade de cultivares melhoradas, que sejam comercializadas para a produção de milho

verde. De acordo com Pereira e Borghi (2018) a disponibilidade de cultivares recomendadas para esta aptidão chegou a menos de 2% das cultivares de milho disponíveis no mercado de sementes. Das 196 cultivares de milho disponíveis no mercado nacional para a safra 2022/2023, nenhuma é recomendada especificamente para a produção de milho verde, doce ou superdoce. Um fator importante é a pouca disponibilidade de pesquisas voltadas para milhos especiais o que afeta diretamente o acesso a esses genótipos pelos agricultores.

Em relação a estudos genéticos Somera *et al.* (2018) afirmam que há pouca experimentação visando a adaptação/produção de milho verde. Se para o milho verde, que dentre os milhos especiais, é o que tem maior demanda e volume de produção, já há escassez, tanto em disponibilidade de sementes adequadas, quanto em pesquisas visando seu melhoramento, percebe-se o quanto para os demais há uma lacuna e necessidade de estudos e divulgação da adaptação agrônômica e de seu potencial produtivo.

Os processos de seleção devem ser realizados de modo que sejam avaliadas o máximo de progênies, visando identificar plantas superiores para os parâmetros analisados e que desse modo sigam no processo de melhoramento da cultura em novos ciclos de seleção. É fundamental a obtenção de cultivares com características agrônômicas superiores, devido a pouca disponibilidade de genótipos recomendados para a semeadura, e a demanda existente pelo produto com aptidão no mercado consumidor. Dovalle *et al.* (2001) destacam a importância dos programas de melhoramento em selecionar genótipos que possam atender tanto exigências de produtores, quanto de consumidores, haja vista a escassa disponibilidade de cultivares indicadas pela pesquisa oficial.

A seleção recorrente como um método de obtenção de genótipos superiores é uma alternativa muito utilizada em programas de melhoramento de espécies alógamas, na qual se torna possível definir estratégias com base na avaliação dos parâmetros genéticos durante os ciclos de seleção, o que possibilita a obtenção de genótipos superiores, em relação aos indivíduos parentais utilizados no ciclo de seleção anterior.

Nesse projeto de pesquisa buscou-se a seleção de progênies de meio-irmãos de milho com aptidão para consumo de milho verde e superdoce *in natura*, sendo as progênies de meio-irmãos de milho verde provenientes do sétimo ciclo de seleção recorrente, e as de milho superdoce estando no primeiro ciclo de seleção, ambas do Programa de Melhoramento de milhos especiais da UEPG.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

- Avaliar o potencial de progênies de meio-irmãos de diferentes germoplasmas de milho (verde e superdoce) quanto a aptidão para produção de milho verde *in natura*.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Determinar o potencial de rendimento de espigas de milho verde e milho superdoce de um conjunto de progênies de meio-irmãos em ciclos de seleção recorrente diferenciados;
- Estabelecer o potencial agronômico das progênies para a produção de milho verde e milho superdoce em espigas comerciais *in natura*;
- Estimar a variabilidade genética existente entre as progênies de milho para as características de adaptação agronômica e do potencial de rendimento de espigas comerciais *in natura*;
- Estimar os ganhos genéticos com a seleção artificial entre e dentro de progênies de meio-irmãos visando a maior adaptação agronômica e o maior potencial de rendimento de espigas comerciais de milho verde *in natura*.

3 HIPÓTESES

- Existência de variabilidade genética favorável entre as progênies de meio-irmãos de milho, possibilitando assim, por meio de ciclos de seleção recorrente dentro de cada germoplasma (milho verde e superdoce), aumentar a frequência dos alelos para a maior aptidão de milho verde para o consumo *in natura*.
- A seleção artificial entre as diferentes progênies de meio-irmãos possibilitará incrementar o ganho genético com a seleção artificial, tornando possível a obtenção de genótipos melhorados com maior aptidão para produção de milho verde *in natura* dentro de cada germoplasma.

4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1 A PRODUÇÃO DE MILHO NO BRASIL

O milho, o trigo e o arroz se destacam como os cereais mais produzidos mundial, sendo que o milho atingiu o status de maior produção devido a fatores como a crescente demanda chinesa e a utilização pelos Estados Unidos no processo produtivo de etanol (Barczsz; Serra, 2017). Segundo Conti (2021), o milho é uma cultura mundialmente importante em virtude da diversidade de utilização, da extensão da área cultivada e da elevada capacidade produtiva.

A alta demanda por proteína animal atualmente é um dos fatores majoritários para que haja o aumento da produção do cereal, uma vez que o milho é a principal matéria-prima para produção de ração animal. Em relação a produção de grãos no Brasil, o milho ocupa o segundo lugar, perdendo apenas para a cultura da soja. Além da destinação a ração animal, também está inserido em outras cadeias produtivas associadas a alimentação humana, produção de combustíveis e industrial. Grande parte dessa produção atende a demanda interna, correspondendo a 70% dos 90 a 100 milhões de toneladas produzidas anualmente (Corcioli *et al.*, 2021).

De acordo com Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB, a produção e exportação de milho registrou um aumento de 52 milhões de toneladas na safra de 2007/2008 para quase 98 milhões de toneladas em 2017/2018, já em 2022/2023 a produção foi de 123,4 milhões de toneladas, representando um aumento de 9,1% referente a safra anterior, com produção de 113,13 milhões de toneladas. O Brasil se destaca como um dos maiores produtores da cultura do milho, a previsão para a produção de milho na safra 2023/2024 foi de 127,8 milhões de toneladas de grãos, representando um incremento de 14,6 milhões de toneladas em relação à safra 2021/2022 (CONAB, 2023).

No Brasil a produção de milho possui grande importância econômica e social, com níveis crescentes a cada safra, devido ao aumento na demanda pelo produto, o que ocasiona maiores investimentos e melhorias no processo produtivo. A produção brasileira de milho se dá em duas épocas de semeadura, desse modo, no Paraná a primeira safra denomina-se safra de verão em que a semeadura inicia-se entre setembro e outubro e finaliza seu ciclo entre janeiro e fevereiro. A segunda safra recebe a denominação de safrinha e a semeadura ocorre entre os meses de fevereiro e março, com destaque dessa produção para os estados da região Sudeste e Centro-Oeste (Dutra, 2017).

O desenvolvimento de técnicas de cultivo eficientes e também de cultivares

adaptadas as diversas condições presentes em cada bioma, corroboram com o sucesso no aumento produtivo da cultura do milho no país. Os avanços tecnológicos obtidos com o desenvolvimento de cultivares e a adoção de técnicas aprimoradas de manejo resultaram em aumentos de produtividade significativamente superiores ao crescimento da área plantada de milho no Brasil (IBGE, 2018). Ou seja, apesar do notável aumento em área produtiva observado no país, o que se observa é uma maior produtividade em locais com maiores disponibilidades de tecnologias e investimentos, como é o caso da região Centro-Oeste, onde houve avanço considerável do cultivo do cereal, atrelado a fortes investimentos, o que faz hoje da região o maior polo produtor no país. Na safra 2012/2013, o estado do Mato Grosso atingiu o topo da produção nacional de milho, ultrapassando o Paraná, desse modo, a predominância na produção do cereal que estava concentrada na região Sul, passou a ter forte concentração no Centro-Oeste (Artuzo *et al.*, 2019).

Para a safra 2023/2024, a estimativa é de que sejam cultivados cerca de 20,4 milhões de hectares com a cultura, resultando em uma produção de aproximadamente 114 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2024). Estes dados mantêm o Brasil dentre os maiores produtores de milho a nível mundial, e evidenciam resultados positivos referentes ao aumento de áreas de produção e modernização agrícola. No entanto, é essencial que continuem sendo buscados meios de potencializar a eficiência produtiva, especificamente, em regiões nas quais não há rendimentos compatíveis com seus potenciais produtivos (Artuzo *et al.*, 2019).

4.2 MILHOS ESPECIAIS COMO UMA ALTERNATIVA À PRODUÇÃO CONVENCIONAL DA CULTURA

A cultura do milho tem ampla adaptação as mais variadas condições edafoclimáticas e por esse motivo seu cultivo é bastante diversificado em todo o planeta. De acordo com Rovaris *et al.* (2015) os tipos de milho que não tem como finalidade a produção como commodities, ou seja, produção destinada a grão seco, denominam-se de “milhos especiais”, desse modo, o milho verde, doce, superdoce, branco, pipoca se inserem nessa categoria.

Os milhos especiais destacam-se por suas características nutricionais diferenciadas, e por serem uma alternativa à diversificação na alimentação, por não terem como destino final a produção de grãos, os milhos especiais são uma opção relevante a agricultura familiar, pequenos agricultores e utilização agroecológica (Padovan; Pizarico; Otsubo, 2015). O cultivo do milho para colheita de espigas verdes, por exemplo, é uma opção viável para pequenos

produtores devido ao maior valor de comercialização quando comparado a produção de grãos (Santos *et al.*, 2015).

Segundo Pereira Filho e Cruz (2009) a demanda crescente por esses tipos de milhos, foi um incentivo para que empresas produtoras de sementes passassem a investir no desenvolvimento de híbridos e variedades de milhos especiais, tendo em vista a especificidade desses nichos de mercados aliado ao alto valor agregado obtido com a sua exploração comercial. Esses nichos de mercado representam uma alternativa de lucro aos pequenos agricultores, pois possuem valor comercial superior se comparados ao milho comercializado na forma de grãos (Paterniani; Rodrigues; Rovaris, 2019).

Uma das principais alternativas aos produtores de milho está na sua comercialização na forma de milho verde, que apresenta variadas formas de uso e a possibilidade de garantir bom retorno econômico ao produtor. Considera-se o milho verde uma hortaliça, geralmente consumida em espigas *in natura* cozidas ou assadas, ou em formas processadas como curau, suco, e/ou ingrediente na fabricação de bolos, biscoitos, sorvetes, pamonhas e de outros alimentos típicos (Pereira Filho, 2008; Dovale; Fritsche-Neto; Silva, 2011).

O milho verde, doce e o superdoce, por exemplo, representam um ótimo nicho de mercado, possuindo características particulares apreciadas e tendo grande potencial de exploração no mercado. O milho doce e superdoce são classificados como milhos especiais, pois apresentam-se em homozigose recessiva, pelo menos em um dos genes que bloqueiam parte da conversão do açúcar em amido, conferindo o caráter doce aos grãos (Ferreira, 2011).

O milho doce consumido *in natura* é popular em muitos países, mas no Brasil, sua forma predominante de consumo é em conserva. Isso pode ser atribuído à falta de conhecimento dos consumidores e de sementes disponíveis, o que limita tanto o consumo quanto o cultivo deste milho especial. No que se refere ao cultivo em território nacional, a cultura do milho superdoce é pouco difundida, resultando em pouca exploração, principalmente pelo baixo consumo e falta de híbridos adaptados para o mercado (Teixeira *et al.*, 2013).

Um dos maiores problemas no mercado do milho verde é a semeadura de sementes sem aptidão para essa finalidade, fazendo com que o produto não tenha a qualidade esperada. Gomes *et al.* (2022) destacam como fatores que justificam o desenvolvimento de cultivares específicas de milho verde, a expansão do mercado existente, as exigências comerciais e a escassa disponibilidade de cultivares recomendadas. Segundo Pereira Filho, Cruz e Gama (2002) o produtor de milho verde necessita do conhecimento sobre as cultivares adequadas a esse mercado, que se mostra promissor, porém exigente. Muitos produtores ainda usam milhos destinados a outras finalidades, como para a produção de grãos, e, portanto, não satisfazendo as

exigências mínimas do mercado consumidor.

Há parâmetros que definem a qualidade do milho verde e que garantem melhor valor de mercado e preferência por parte dos consumidores. Oliveira *et al.* (2003) destacam que a porcentagem de espigas comerciais, comprimento, peso e diâmetro médio das espigas são parâmetros que merecem atenção, pois comercialmente são características desejadas pelo mercado consumidor. De acordo com Barbieri *et al.* (2006) a seleção artificial nos programas de melhoramento genético realizados por empresas privadas se concentra em genótipos de milho doce ou comum destinados ao consumo *in natura*. Para o melhoramento do milho verde é necessário selecionar indivíduos com alto potencial produtivo de espiga comercial e uma série de características qualitativas associadas (Gomes *et al.*, 2022).

A respeito das exigências do mercado consumidor Pereira Filho, Cruz e Gama (2002) mencionam as principais características desejadas, como: espigas cilíndricas, bem-empalhadas, sabugos claros, grãos uniformes do tipo dentado, de cor amarelo e pericarpo macio. As espigas são colhidas com os grãos imaturos com teor de umidade entre 70 a 80% (Dovale; Fritsche-Neto; Silva, 2011).

4.3 SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS

O melhoramento genético tem sido utilizado há muito tempo para desenvolver novas cultivares de plantas, e envolve a seleção e o cruzamento de genótipos com características desejáveis para melhorar os atributos agrônômicos, com um histórico comprovado de sucesso (Resende; Brondani; Chaves, 2023). Na condução de um programa de melhoramento genético vegetal, é comum a avaliação de vários caracteres com o objetivo de praticar a seleção em alguns deles, simultaneamente. Nesse aspecto, o genótipo selecionado deve reunir, ao mesmo tempo, uma série de atributos favoráveis capazes de satisfazer as exigências do produtor e do mercado consumidor (Silva; Pio Viana, 2012).

Dentre os vários métodos de melhoramento a seleção recorrente se destaca, uma vez que tem por finalidade aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações, isto é, o seu desempenho médio na expressão do caráter, mantendo a variabilidade genética necessária durante os ciclos de seleção subsequentes (Souza Junior, 2001). Conforme Borém e Miranda (2013) o melhoramento via seleção recorrente objetiva a melhoria de caracteres quantitativos, em que são realizados ciclos sucessivos de avaliação, seleção e recombinação dos genótipos selecionados. O método de seleção recorrente é composto por quatro fases ou etapas: (1º) obtenção das progênies; (2º) avaliação das progênies; (3º) seleção das melhores progênies; e

(4º) recombinação das progênies superiores para formar a próxima geração. Essas quatro etapas são repetidas em ciclos consecutivos até que a proporção dos alelos favoráveis atinja níveis satisfatórios em uma população de plantas melhoradas (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2017).

A seleção recorrente sofreu várias modificações no decorrer dos anos, desde que foi proposta por Jenkins (1940), e pode ser dividida em dois métodos principais: intrapopulacional e interpopulacional. Os métodos interpopulacionais são recomendados quando o objetivo é a melhoria de duas populações simultaneamente, sendo mais complexos e trabalhosos e são mais indicados quando o destino final for o desenvolvimento de híbridos. Os métodos intrapopulacionais são utilizados em maior escala, visando à adaptação de germoplasma exótico e a melhoria do rendimento dentro das populações (Borém; Miranda, 2009; Ordas *et al.*, 2012).

Entre os vários métodos de melhoramento intrapopulacional utilizados na cultura do milho, o que utiliza progênies de meio-irmãos é o mais utilizado, sendo empregado para a obtenção de cultivares mais produtivas de linhagens endogâmicas (Palomino *et al.*, 2000). O desenvolvimento do método de seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos foi proposto por Paterniani (1990), e consiste na utilização de sementes remanescentes para recombinação das progênies selecionadas a cada ciclo. A vantagem do método consiste na facilidade e simplicidade de execução, permitindo avaliar grande número de progênies e obter estimativas estatístico-genéticas e ganho com a seleção (Paterniani *et al.*, 2019).

A seleção recorrente intrapopulacional em progênies de meio-irmãos de milho está entre as estratégias utilizadas para este fim, devido à fácil condução, aplicabilidade e alta eficiência na obtenção de ganhos genéticos (Sheikh *et al.*, 2019). A eficiência da metodologia tem sido comprovada a partir da magnitude dos parâmetros genéticos estimados e do ganho esperado com a seleção artificial para características de herança quantitativa (Carvalho *et al.*, 2000; Paterniani, 1968).

4.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

No melhoramento genético procura-se minimizar o efeito do ambiente para que a seleção seja a mais eficiente possível explorando ao máximo a variância genotípica com destaque preferencial para a variância genética aditiva (Machado, 2014). A seleção de genótipos superiores busca explorar ao máximo a variância genética aditiva e, com isso, atribuir aos caracteres selecionados um maior potencial, no próximo ciclo de seleção (Bertan *et al.*, 2004).

A variabilidade genética, normalmente expressa pela variância genética aditiva, é fundamental para a condução de processos seletivos e, conseqüentemente, para o avanço do

melhoramento genético (Euclides Filho, 1999). O conhecimento da variabilidade genética em programas de melhoramento permite a escolha de genitores que gerem populações com uma maior proporção de recombinantes desejáveis. Para os melhoristas, é fundamental obter variabilidade que resulte efetivamente em ganhos genéticos significativos (Muniz, 2007; Vasconcelos *et al.*, 2015).

O ganho de seleção consiste na alteração da média de uma ou mais características de uma dada população sob efeito da seleção artificial. Essa alteração da média é possível a partir da modificação das frequências genéticas determinantes do caráter de interesse (Hallauer; Miranda, 1988). Ronzelli Júnior (1996) destaca a respeito da determinação do ganho genético, que o potencial de seleção em uma população e suas respectivas médias é um dado muito importante, principalmente quando o caráter em seleção é quantitativo, ou seja, governado por muitos genes.

Para uma seleção eficiente é necessário estimar os componentes da variância genética e fenotípica, pois através da relação entre as variâncias é possível estimar a acurácia e a herdabilidade das características sob efeito da seleção artificial. Estas estimativas contribuem para a eficácia das inferências da média genotípica a partir da fenotípica (Resende; Duarte, 2007). A variância genotípica pode ser decomposta em em três tipos: variância genética aditiva, a variância genética devida aos desvios de dominância e por fim a variância genética devida aos efeitos epistáticos de locos diferentes (Fischer, 1918).

Os parâmetros estimados dos componentes da variação fenotípica de um caráter podem, com maior ou menor detalhamento, ser estimados a partir dos quadrados médios, isto é, a partir da análise de variância dos dados experimentais, provenientes de experimentos com duas ou mais repetições (Vencovsky, 1992). Quanto maior for a proporção de efeitos ambientais dentro da variabilidade total, maior será a dificuldade encontrada na seleção de genótipos superiores (Borém, 1998).

Quando a razão entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o coeficiente de variação ambiental (CVe) é igual ou superior a um, a condição é favorável à seleção. Nessa situação, a variação genética contribui predominantemente para as diferenças observadas entre as progênies (Yokomizo; Farias Neto, 2003).

Para que um programa de melhoramento genético cumpra com seus objetivos de forma satisfatória, há grande influência da herdabilidade, da escolha do método de melhoramento e da intensidade de seleção dos caracteres (Miranda Filho; Nass, 2001; Cardoso *et al.*, 2002). A herdabilidade fornece a proporção da variância genotípica presente na variância fenotípica total, sendo utilizada para a predição de ganhos genéticos, além de inúmeras decisões práticas

tomadas nos programas de melhoramento (Silva *et al.*, 2020). Valores altos de herdabilidade indicam que métodos de seleção simples podem levar a ganhos consideráveis, considerando que o ambiente apresenta pouca influência (Falconer, 1981).

A intensidade de seleção é apontada por Bonomo *et al.* (2000) como um fator de extrema importância para garantir o sucesso de um programa de melhoramento, no entanto, é feita a ressalva de que, em populações com tamanhos reduzidos, pode conduzir a endogamia, comprometendo o progresso genético esperado nos ciclos consecutivos de seleção artificial.

4.5 ANÁLISE ESTATÍSTICA MULTIVARIADA

No melhoramento genético o estudo de um determinado conjunto de dados promove conhecimentos sobre a variabilidade genética de uma população, e fornece informações indispensáveis para a continuação do processo de melhoramento. Quando o foco é determinar a distância genética entre genótipos em avaliação, utiliza-se métodos da estatística multivariada, permitindo agrupar ou classificar elementos de um conjunto em categorias (Faria; Oliveira, 2019).

Na manipulação e interpretação de dados com muitas variáveis, a análise estatística multivariada, é indispensável para que se possa agrupar as similares, averiguar se há dependência entre as que forem agrupadas, relacionar variáveis observadas, de modo que seja possível prever uma ou mais, e possibilita também a construção de testes de hipóteses (Ferreira, 1996). As técnicas multivariadas identificam grupos similares e dissimilares através de um conjunto de informações, as quais são analisadas simultaneamente (Dallastra *et al.*, 2014).

Esse tipo de análise estatística possibilita a redução da informação presente em um conjunto de variáveis originais, em outro conjunto menor de variáveis estatísticas (fatores), sem prejuízo a perda de informações (Hair *et al.*, 2005). Sartorio (2008) define a estatística multivariada como um conjunto de métodos estatísticos, que são utilizados em situações nas quais diversas variáveis são medidas de modo simultâneo em cada unidade experimental, em que para cada uma delas são avaliadas diversas variáveis respostas, contínuas ou não. Esses métodos evidenciam ligações, semelhanças ou diferenças entre determinadas variáveis, tendo-se como vantagem a realização de uma interpretação de todo conjunto de dados de forma que considerem-se as correlações existente entre elas.

No melhoramento genético precisam-se avaliar vários caracteres para identificar materiais genéticos superiores. A utilização de análises univariadas ou bivariadas, que analisam

variáveis isoladamente, podem ser insuficientes, uma vez que não consideram as correlações entre os caracteres, limitando a modelagem precisa do fenômeno. A análise multivariada possibilita a combinação de múltiplas informações contidas na unidade experimental, e desse modo, é facilitada a seleção com base na combinação de variáveis, discriminando as populações mais promissoras, principalmente no que diz respeito à genética (Ledo; Ferreira; Ramalho, 2003).

4.6 DISTÂNCIA QUADRADA GENERALIZADA DE MAHALANOBIS (D^2) E MÉTODOS DE AGRUPAMENTO

Para se inferir sobre divergência genética podem ser usados métodos quantitativos e preditivos. No que se refere aos métodos quantitativos, os métodos dialélicos exigem o cruzamento entre os genitores, com vistas a posterior avaliação dos indivíduos resultantes desses cruzamentos. Já os métodos preditivos consideram diferenças morfológicas, qualidade nutricional, fisiológica ou moleculares, de modo que haja a quantificação utilizando algum método de dissimilaridade que expresse o grau de dissimilaridade genética entre os genitores (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

A quantificação das distâncias entre dois genótipos é entendida como medida de dissimilaridade, e quanto menor o valor desta medida, maior é a similaridade entre os indivíduos comparados. Diferentes medidas de distâncias vêm sendo utilizadas nas análises, onde cada uma delas possibilita um determinado tipo de agrupamento (Mingoti, 2005). Dentre os métodos de análise multivariada que são utilizados na predição de divergência genética, têm-se os métodos aglomerativos, que dependem de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, sendo amplamente utilizado o método de Mahalanobis, por levar em consideração as matrizes de covariância residuais estimadas a partir de ensaios experimentais com repetição (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

De acordo com Vicini (2005) este método é a medida mais utilizada para quantificar a distância entre populações quando há repetição de dados, sendo recomendada quando estes são oriundos de delineamentos experimentais, especialmente quando há correlação entre as variáveis. A técnica de distância de Mahalanobis possibilita a quantificação da importância relativa de caracteres para a diversidade genética, por meio da avaliação da contribuição destes para os valores de D^2 (Cruz; Carneiro; Regazzi, 2014).

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os genitores, em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo

e heterogeneidade entre os grupos (Kloster *et al.*, 2011). Há diversos métodos de agrupamento que se diferenciam tanto pelo tipo de resultado gerado quanto pelas formas de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já existente ou entre dois grupos distintos. Em geral, o número de grupos a serem formados não é conhecido previamente. As variadas metodologias de agrupamento produzem resultados distintos, sendo os métodos de Otimização e os Hierárquicos os mais empregados (Cruz; Carneiro, 2003).

Há uma diversidade de métodos que são amplamente utilizados na análise de agrupamento, especialmente no contexto do melhoramento genético de plantas. Dentre eles, destacam-se os métodos hierárquicos, como o UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*), e os métodos de otimização, como o de Tocher. O método UPGMA organiza os indivíduos ou unidades amostrais em diferentes níveis de agrupamento, resultando na construção de um dendrograma que ilustra as relações entre eles (Elias *et al.*, 2007). Caracterizando-se como um método hierárquico da ligação média - UPGMA, neste método os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja obtido um dendrograma que represente o agrupamento (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

A formação dos grupos nos Métodos de Otimização se dá pela adequação a algum critério de agrupamento. O método Tocher é um método de agrupamento de otimização onde a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (Manfio *et al.*, 2012). Nesse método utiliza-se um critério de agrupamento que possui a particularidade de apresentar a distância média intragrupo sempre menor que a distância média intergrupo. Ao se identificar o par de genótipos mais similares, a inclusão de outros genótipos ao grupo em formação será permitida somente se a distância média em relação a esse grupo não exceder um valor previamente definido (Cruz; Regazzi, 1994; Cruz; Carneiro, 2006).

4.7 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

A descrição da técnica de Análise de Componentes Principais foi primeiramente descrita por Karl Pearson no ano de 1901, ao publicar um artigo em que enfatizou à sua utilização no ajustamento de um subespaço a uma nuvem de pontos. No entanto, foi popularizada graças aos estudos de Hotteling (1933). Seu uso tem sido ampliado conforme os avanços computacionais e o desenvolvimento de programações que possibilitam cálculos matriciais que diagonalizam matrizes simétricas positivas semi-definidas (Kirch *et al.*, 2019).

A análise de componentes principais (ACP) é amplamente utilizada entre as técnicas multivariadas para a análise de dados em diversas áreas, incluindo agronomia,

zootecnia, ecologia, ciências florestais e medicina, devido à sua aplicabilidade em diferentes contextos científicos (Hongyu; Sandanielo; Oliveira Junior, 2016). Cruz e Carneiro (2003) destacam que pelo fato da metodologia ter essa versatilidade de poder ser utilizada em diferentes áreas de conhecimento, no melhoramento genético, tem sido de grande utilidade, tornando possível a simplificação de variáveis em poucos componentes independentes entre si.

A análise de componentes principais (ACP), é uma técnica estatística que tem por finalidade básica transformar um conjunto “p” de variáveis correlacionadas em um conjunto menor de “k” variáveis não correlacionadas ($k < p$), a partir de combinações lineares das variáveis originais. Utiliza-se as combinações lineares das variáveis originais estruturadas a partir de variâncias e covariâncias, buscando reduzir os dados, adequá-los para análise, evidenciar as tendências e facilitar sua interpretação (Souza, 2002). Conforme Liberato (1995) o objetivo da análise é simplificar a estrutura dos dados, influenciando-se pelo número de características estudadas, de modo que sejam representadas em um sistema bidimensional ou tridimensional, facilitando a interpretação geométrica e proporcionando uma visualização mais clara. A ACP transforma linearmente um conjunto original de variáveis, inicialmente correlacionadas entre si, num conjunto substancialmente menor de variáveis não correlacionadas que contém a maior parte da informação do conjunto original (Hongyu; Sandanielo; Oliveira Junior, 2016).

5 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram implantados durante a safra agrícola 2023/2024 no município de Ponta Grossa – PR, na Fazenda Escola “Capão da Onça” (FESCON) da Universidade Estadual de Ponta Grossa (25° 5'35 12" de latitude Sul e 50° 3'50 16" de longitude Oeste), com altitude média de 869 metros. O clima da região conforme a classificação de Koppen é do tipo subtropical úmido (Cfb), e o solo onde foram instalados os experimentos é classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico (EMBRAPA, 1999).

5.1 BASE GENÉTICA DAS PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS

5.1.1 Germoplasma milho verde

A base genética da população inicial de milho verde foi composta por 126 espigas com comprimento médio superior a 20 cm, obtidas na safra 2006/2007 provenientes de um intercruzamento ao acaso realizado em campo com 34 variedades crioulas de milho, na safra de 2006/2007. Destas, com base em variáveis agronômicas, selecionaram-se 94 espigas que foram utilizadas para compor o campo de recombinação na safra 2007/2008, com base no Método Irlandês modificado, realizado em área isolada, dos quais foram selecionadas 100 progênies de meio-irmãos para compor o experimento de avaliação da aptidão milho verde instalado na safra de 2008/2009.

De 2008 a 2015 foram realizados quatro ciclos de seleção recorrente entre e dentro de progênies de meio-irmãos. Nos ciclos foram realizadas sequências de experimentos de competição agronômica, seleção e recombinação das melhores progênies de meio-irmãos, na qual se realizou a seleção com base na análise dos dados de aptidão agronômica, rendimento de espigas e variáveis físicas das espigas de milho verde.

O 5º ciclo de seleção recorrente ocorreu na safrinha de 2017/2018 e neste foram colhidas do campo de recombinação 261 espigas, que foram avaliadas conforme as variáveis: tamanho de espiga despalhada maior que 15 cm e massa de espiga superior a 200 g, eliminando-se as espigas com valores abaixo dos mínimos estipulados. Houve a seleção de 48 progênies de meio-irmãos que compuseram o ensaio de competição agronômica da safra de 2019/2020, onde foram selecionadas as 30 progênies com maior aptidão para milho verde e submetidas ao campo de recombinação.

Na safra 2020/2021, a partir da recombinação das 30 melhores progênies avaliadas na safra anterior, obtiveram-se 176 espigas, das quais foram selecionadas 46 progênies de meio-irmãos, com base nos mesmos critérios descritos anteriormente. O ensaio de competição agrônômica do sexto ciclo de seleção recorrente na safra 2021/2022, foi composto pelas 46 progênies, resultando na seleção artificial das 23 melhores progênies de meio-irmãos com aptidão para milho verde.

Para a safra 2023/2024, no sétimo ciclo de seleção recorrente, utilizaram-se 88 progênies de meio-irmãos provenientes da recombinação das 23 progênies selecionadas no ciclo anterior (Método Irlandês modificado). Foram utilizados os mesmos critérios de seleção avaliados nos ciclos anteriores para a seleção das progênies, e as sementes das espigas selecionadas foram armazenadas em câmara fria para comporem o sétimo ciclo de seleção recorrente entre e dentro de progênies de meio-irmãos.

5.1.2 Germoplasma milho superdoce

As progênies de meio-irmãos pertencentes ao banco de germoplasma do Programa de Melhoramento Genético da UEPG, foram obtidas através de uma população inicial advinda do inter cruzamento da variedade Doce Cristal (BR-402), utilizada como genitor feminino, com as variedades crioulas Carioca e Nutricional, a variedade comercial Cativerde, e os híbridos comerciais BM3063 e AG 1051 (genitores masculinos) na safra 2007/2008. As melhores espigas obtidas do inter cruzamento foram selecionadas aleatoriamente para compor o campo de retrocruzamento.

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

As melhores espigas das progênies selecionadas após o último ciclo de retrocruzamento foram avaliadas em experimento de campo na safra 2013/2014, quanto ao desempenho agrônômico. Foram avaliadas experimentalmente 190 famílias de meio-irmãos, juntamente com genótipo superdoce BR400, que foi utilizado como controle experimental.

Após os dados analisados, foram selecionadas 30 melhores progênies de meio-irmãos baseando-se no desempenho agrônômico a partir de experimento de competição agrônômica visando a recombinação na próxima safra.

O campo de recombinação em área isolada utilizando o Método Irlandês modificado (safra 2014/2015) foi composto pelas 30 progênies de meio-irmãos que obtiveram o melhor desempenho no ensaio de competição. De cada família foram selecionadas as quatro melhores espigas, as quais constituíram 178 novas progênies de meio-irmãos que deram origem ao experimento de competição agrônômica realizado na safra 2022/2023.

5.2 EXPERIMENTOS DE COMPETIÇÃO AGRONÔMICA

As progênies de meio-irmãos de milho verde e superdoce foram semeadas na safra 2023/2024, na Fazenda Escola “Capão da Onça”. A semeadura das progênies de milho verde foi realizada no dia 23 de outubro de 2023. Os tratamentos consistiram de 88 progênies de meio-irmãos do 7º ciclo de seleção recorrente e duas testemunhas comerciais: BRS 3046 (EMBRAPA) e o híbrido de milho doce Quindim[®], os quais são recomendados oficialmente para produção de milho verde.

As progênies de meio-irmãos de milho superdoce, foram semeadas no dia 08 de dezembro de 2023. Os tratamentos consistiram de 178 progênies no primeiro ciclo de seleção recorrente, e dois híbridos comerciais de milho doce (Confeito[®] e Isla[®]), utilizados como controle experimental.

Os tratamentos foram dispostos no delineamento de blocos aleatorizados, com três repetições. No experimento com progênies de meio-irmãos de milho verde a parcela experimental foi constituída por 2 linhas de 5 m de comprimento e 0,9 m na entrelinha. Para o experimento com progênies de meio-irmãos de milho superdoce a parcela experimental foi constituída por uma linha de 5 m de comprimento e 0,9 na entrelinha. Em ambos os experimentos foi realizada semeadura manual dos genótipos visando atingir uma população final de 55.000 plantas por ha⁻¹. Ao longo da condução dos experimentos a campo, foram realizadas a adubação de base e cobertura, bem como o controle químico de insetos e de plantas daninhas, de acordo com as necessidades da cultura do milho, conforme as recomendações técnicas da cultura do milho.

No experimento de milho verde, foram efetuadas três colheitas entre o final de janeiro e o início de fevereiro de 2024. Para o milho superdoce, também foram realizadas três colheitas, que ocorreram ao longo do mês de março do mesmo ano.

5.2.1 Variáveis fenotípicas avaliadas nos experimentos

As progênes de meio-irmãos foram avaliadas para as seguintes características agronômicas:

- Ciclo masculino (CM): número de dias da emergência até que 70% das plantas das progênes tenham emitido o pendão (Figura 1A);
- Estatura de planta (EP): medida da superfície do solo até o primeiro nó do pendão em m, a partir da avaliação de quatro plantas aleatórias por parcela (Figura 1B);
- Altura de inserção de espiga principal (AIE): medida da superfície do solo até a base de inserção da espiga em cm.

Figura 1: Avaliação das variáveis para a aptidão milho verde.



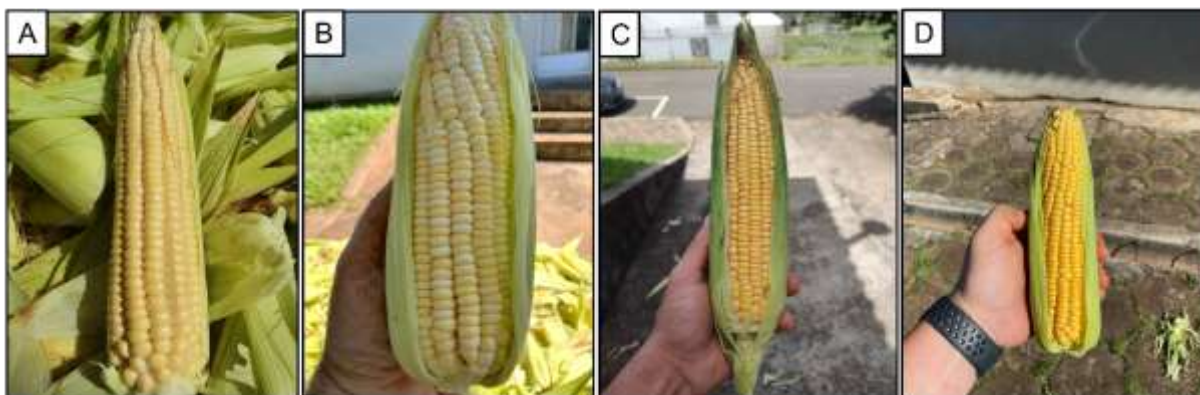
Fonte: O autor. (A) Ciclo masculino, com observação do pendão totalmente exposto; (B) Estatura de planta; (C) Comprimento médio das espigas de uma parcela; (D) Diâmetro médio das espigas de uma parcela; (E) Massa total de espigas por parcela e (F) Massa comercial de espigas por parcela. Ponta Grossa, 2025.

Para a avaliação das variáveis relacionadas à aptidão para a produção de milho para consumo *in natura*, foram realizadas de uma a três coletas por parcela a medida que as espigas das progênies atingissem o estágio de grão leitoso (R3) (Figura 2A, B, C e D). Foram consideradas espigas comerciais aquelas que apresentaram comprimento de espiga superior a 15 cm, diâmetro da espiga superior a 3 cm, ausência de falhas/danos na formação dos grãos das espigas e livres de danos causados por insetos (Pereira Filho, 2002).

Após despalhadas todas as espigas foram avaliadas para:

- d) Número total de espigas (NTE) em unidade;
- e) Número de espigas comerciais (NEC) em unidade;
- f) Comprimento médio de espigas comerciais (CEC) em cm (Figura 1C);
- g) Diâmetro médio de espigas comerciais (DEC) em cm (Figura 1D);
- h) Massa média de espigas (ME) em g (Figura 1E);
- i) Massa média de espigas comerciais (MC) em g (Figura 1F);
- j) Rendimento de espigas (RE) em $t\ ha^{-1}$;
- k) Rendimento de espigas comerciais (REC) em $t\ ha^{-1}$;
- l) Porcentagem de espigas comerciais (%EC).

Figura 2: Aspecto visual de espigas no estágio de milho verde, R3.



Fonte: O autor. (A e B) Espigas de milho verde; (C e D) Espigas de milho superdoce. Ponta Grossa, 2025.

5.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

5.3.1 Estimativas dos parâmetros genéticos

Os dados coletados foram submetidos inicialmente à análise de variância. A partir dos resultados da análise de variância foram estimados os parâmetros genéticos através da esperança matemática dos quadrados médios da análise de variância para progênes de meio-irmãos de milho (Vencovsky; Barriga, 1992). Na sequência as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade por meio do programa GENES (Cruz, 2016).

A estimativa da variância genética foi obtida por:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{1}{r} (QM_p - QM_e)$$

Sendo (r) o número de repetições, (QM_p) o quadrado médio das progênes de meio-irmãos e (QM_e) o quadrado médio do erro, obtidos através da análise de variância.

A variância ambiental foi estimada por:

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

A herdabilidade no sentido amplo foi estimada por:

$$\hat{h}^2 = \frac{(QM_p - QM_e)}{QM_p}$$

Além disto, foram estimados o coeficiente de variação genética:

$$CV_g = \frac{1}{\mu} \sqrt{\hat{\sigma}_g^2} \times 100$$

E o quociente $\hat{b}$:

$$\hat{b} = \frac{CV_g}{Cve}$$

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

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

Podendo ser obtida pela expressão:

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

Onde:

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

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

Y_{ij} : é a média do i -ésimo tratamento em relação à j -ésima variável ($j = 1, 2, \dots, 12$);

$Y_{i'j}$: é a média do i' -ésimo tratamento em relação à j -ésima variável ($j = 1, 2, \dots, 12$);

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

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

Nesse caso considera-se que:

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

Em que:

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

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

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

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

5.3.3 Método de Agrupamento UPGMA

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

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

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

Em que:

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

A distância entre dois grupos formados pelos indivíduos (i e j) e (k e l), é dada pela

média do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos (i e k), (i e l), (j e k) e (j e l):

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

5.3.4 Método de Otimização de Tocher

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

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

Se $\frac{d(\text{grupo})_k}{n} \leq 0$, inclui-se o indivíduo k no grupo;

Se $\frac{d(\text{grupo})_k}{n} > 0$, o indivíduo k não é incluído no grupo.

Em que:

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

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

5.3.5 Análise de componentes principais

As análises multivariadas dos componentes principais (ACP) foram realizadas através da função Componentes Principais () usando o pacote *Multivariate Analysis* (Azevedo, 2021). A partir da padronização das médias dos tratamentos em razão das diferentes escalas métricas presentes nas variáveis:

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

Onde:

X_j : é o valor da variável padronizada;

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

σ_j : desvio padrão da j-ésima variável.

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

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

O somatório dos autovalores (λ_j) é tal que:

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

Em que:

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

Para cada autovalor λ_i existe um autovetor a_i :

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

Foram obtidos os autovetores a_i normalizados como norma unitária, isto é, a soma

dos quadrados dos coeficientes igual a 1, sendo ainda ortogonais entre si. Sendo a_i o autovetor correspondente ao autovalor λ_i . O componente principal é influenciado diferentemente pelas variáveis que o compõem. Neste sentido, a análise foi realizada verificando-se o grau de influência que cada variável X_j tem sobre o componente Y_i . O grau de influência em porcentagem entre cada X_j e o componente Y_i que está sendo analisado é dado pelo autovetor a_i . Os escores são os valores dos componentes principais calculados para cada tratamento. Após a redução de p para k dimensões, os k componentes principais serão as novas variáveis e toda a análise foi realizada utilizando-se os escores desses componentes, assim os tratamentos que obtiveram os maiores escores, apresentam desempenho superior para as características que mais influenciaram na formação do componente.

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

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

5.3.6 Estimativa do Ganho esperado com a seleção e a média melhorada esperada

Após a seleção dos genótipos com melhor desempenho de acordo com a análise de componentes principais foi possível realizar as estimativas de ganho esperado com a seleção, utilizando o programa GENES (Cruz, 2016). O diferencial de seleção (ds) foi calculado a partir da diferença entre a média das progênies de melhor desempenho fenotípico na variável de maior importância segundo a análise de componentes principais (Ms), e a média original do conjunto de dados (Mo) sendo utilizado intensidade de seleção de 30% sobre o número total de progênies de cada experimento. A estimativa do ganho genético ou progresso com a seleção artificial foi estimado pela fórmula:

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

E o ganho esperado com a seleção em porcentagem:

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

E a média melhorada esperada:

$$(\bar{X}m) = M_o + GS$$

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.1 MILHO VERDE

6.1.1 Análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos

Os resultados da análise de variância demonstraram efeito significativo ($p \leq 0,01$) dos genótipos de milho para todas as variáveis: ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção de espiga principal (AIEP), massa média de espigas (MME), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), rendimento de espigas total (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) (Tabela 1). Os coeficientes de variação apresentaram amplitude de 1,92 (CM) a 14,47% (REC), coeficientes adequados para experimentos agrônômicos de campo (Tabela 1). A decomposição dos componentes da variância fenotípica evidenciou elevado componente genético para todas as variáveis estudadas, indicando presença de variância genética entre os diferentes genótipos avaliados no experimento (testemunhas experimentais e progênies de meio-irmãos) (Tabela 1).

O parâmetro herdabilidade no sentido amplo ($\hat{h}_a^2$ %) demonstrou amplitude de 35,65 (%EC) a 73,59% (CM) (Tabela 1). Nesta pesquisa, a maioria das variáveis fenotípicas analisadas apresentaram herdabilidade no sentido amplo ($\hat{h}_a^2$ %) maior que 50%, exceto o diâmetro médio de espigas (DME) e porcentagem de espigas comerciais (%EC). No trabalho de Vanipraveena, Talekar e Kachapur (2022) ao estudar progênies de milho doce quanto a variabilidade genética e potencial de produção, avaliaram 13 variáveis nas quais obtiveram coeficientes de herdabilidade elevados para altura de plantas (73%), diâmetro de espigas (61%) e rendimento de espigas verdes (69%), e como no presente trabalho, não foram observados coeficiente de herdabilidade abaixo de 30%. Cintra *et al.* (2023) ao avaliarem o progresso na seleção de progênies de meio-irmãos no decorrer de cinco ciclos de seleção recorrente, relataram que para a herdabilidade os ganhos foram satisfatórios, com valores médios de 62,2% para altura de planta, 75% para inserção da espiga, 70% para diâmetro da espiga, 56,6% para comprimento da espiga, 71,4% para espigas empalhadas e 71% para espigas comerciais entre os ciclos de seleção.

De acordo com Rodrigues *et al.* (2011) o sucesso no processo de seleção pode ser antevisto em função das altas magnitudes das estimativas da herdabilidade, obtida para a maioria das características avaliadas. Os valores de herdabilidade obtidos neste trabalho indicam que há uma forte influência genética sobre as características analisadas, sugerindo que ciclos de seleção artificial podem ser eficazes para a aptidão milho verde.

As estimativas do quociente $\hat{b}$ variaram de 0,43 (%EC) a 0,96 (CM) (Tabela 1). Por meio da estimativa dos parâmetros genéticos foi evidenciado que os valores do quociente $\hat{b}$ foram inferiores a 1 para todas as variáveis, no entanto, para o rendimento comercial de espigas (REC) e ciclo masculino (CM) as estimativas foram de 0,80 e 0,96, respectivamente (Tabela 1). Desse modo, para essas características a seleção artificial pode ser aplicada com real possibilidade de ganhos genéticos para o rendimento comercial de espigas e para o ciclo masculino, características essenciais quando almeja-se genótipos com aptidão para a produção de milho verde *in natura*.

Tabela 1 - Resumo da análise de variância e estimativas dos parâmetros genéticos para as variáveis ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento de espigas total (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) oriundos do experimento de milho verde. Ponta Grossa, 2025.

Quadrado Médio (QM)											
Fontes de Variação	de G.L.	CM (dias)	EST (m)	AIE (m)	CME (cm)	DME (cm)	MME (g)	RET (kg ha ⁻¹)	REC (kg ha ⁻¹)	%EC %	
Blocos	2	2,45	0,23**	0,13**	1,05	0,023	1109,36*	17046270,3**	7887362,14**	309,88**	
Genótipos	89	7,8**	0,035**	0,027**	1,97**	0,12**	829,92**	3884764,8**	3841514,43**	82,85**	
Resíduo	178	2,06	0,015	0,01	0,72	0,062	329,52	1422303,32	1328543,21	53,32	
Média		74,94	2,46	1,53	18,38	4,63	208,15	8882,68	7966,92	82,82	
CV		1,92	5,04	7,08	4,6	5,36	8,72	13,43	14,47	8,82	
Variáveis Fenotípicas											
Parâmetros		CM (dias)	EST (m)	AIEP (m)	CME (cm)	DME (cm)	MME (g)	RET (kg ha ⁻¹)	REC (kg ha ⁻¹)	%EC %	
$\widehat{\sigma^2}$ F		2,6	0,012	0,0091	0,66	0,039	276,64	1294921,62	1280502,93	27,62	
$\widehat{\sigma^2}$ G		1,92	0,0065	0,0052	0,42	0,018	166,8	820820,51	837655,16	9,84	
$\widehat{\sigma^2}$ e		0,69	0,0051	0,0039	0,24	0,02	109,84	474101,1	442847,78	17,77	
$\hat{h}_a^2$ %		73,59	55,75	56,93	63,43	47,52	60,3	63,39	65,42	35,65	
CV _g		1,85	3,27	4,7	3,51	2,95	6,2	10,2	11,49	3,79	
CV _e		1,93	5,05	7,089	4,62	5,36	8,73	13,42	14,47	8,81	
$\hat{b}$		0,96	0,65	0,66	0,55	0,71	0,76	0,76	0,80	0,43	

*, ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; ns Não significativo. ($\sigma^2 F$) Variância fenotípica, ($\sigma^2 G$) variância genética, ($\sigma^2 e$) variância ambiental, ($\hat{h}_a^2$) herdabilidade no sentido amplo, (CV_g) coeficiente de variação genético, (CV_e) coeficiente de variação ambiental e quociente $\hat{b}$.

6.1.2 Agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott

Os valores médios das variáveis com diferenças significativas foram agrupados pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, estabelecendo grupos estatísticos com intervalo entre as médias dos grupos (superior e inferior), sendo cada grupo com um número variável de progênies de meio-irmãos (Tabela 2).

Os resultados do agrupamento de médias evidenciaram para o conjunto de progênies de meio-irmãos para a característica ciclo masculino (CM), amplitude de 71,0 a 78,0 dias (Tabela 2). Os resultados da análise de agrupamento de médias apresentaram a formação de três grupos estatísticos, sendo que 70 progênies demonstraram precocidade para o ciclo masculino, com CM menor que 76,3 dias, onde uma delas com ciclo masculino de apenas 70 dias. Diversas progênies de meio-irmãos foram mais precoces em relação aos híbridos comerciais Quindim® e BRS3046® utilizados como controle experimental (Tabela 2). Bordallo *et al.* (2005) destacam que para milhos precoces há a vantagem da facilitação da incorporação de restos culturais, especificamente quando o produtor almeja utilizar intensivamente as áreas de produção, realizando cultivos consecutivos, possibilitando assim diversos plantios por ano na mesma área.

A estatura média de plantas foi de 2,46 m, com amplitude de 2,15 a 2,63 m. A análise evidenciou a formação de dois grupos estatísticos, o de menor estatura, incluindo os híbridos comerciais, com amplitude de 2,15 a 2,44 m, e o grupo com maiores estaturas variando de 2,45 a 2,63 m (Tabela 2). A respeito desta característica em milho, Pinto *et al.* (2010) propuseram uma escala em que plantas com estatura de 2,20 a 2,80 m foram categorizadas como de porte médio, e as de porte baixo com estatura inferior a 2,20 m. Nesse contexto, as progênies de meio-irmãos avaliadas neste trabalho poderiam ser classificadas no geral como de porte médio. Resultados semelhantes foram relatados por Paziani *et al.* (2009) avaliando 15 a 24 cultivares de milho para silagem em quatro regiões de São Paulo, com estatura média variando de 1,90 a 2,66 m. Santos *et al.* (2015) ao avaliar o desempenho produtivo de cultivares de milho em sistema orgânico e convencional obtiveram estatura de plantas com amplitude de variação de 1,92 a 2,61m no sistema convencional e de 1,61 a 2,07 m no cultivo orgânico.

Para a altura de inserção da espiga principal (AIE) as progênies apresentaram média de 1,53 m, com amplitude de 1,31 a 1,73 m, separando as progênies de meio-irmãos em 2 grupos estatísticos (Tabela 2). Melo (2004) investigou o impacto de diferentes sistemas de plantio direto na altura de inserção da espiga e observou que a menor altura de plantas interferiu na altura de inserção da espiga, tornando-a mais baixa do que o padrão dos cultivares avaliados. A

altura da planta está altamente correlacionada com a altura da inserção de espiga, por esse motivo a avaliação dessa variável é necessária quando se almeja maior facilidade e redução das perdas durante a colheita (Paziani *et al.*, 2009; Klein *et al.*, 2018).

A variação no comprimento médio das espigas (CME) das progênes foi de 15,83 a 20,93 cm, com média de 18,38 cm (Tabela 2). Destacaram-se, positivamente 30 progênes de meio-irmãos, variando de 18,77 a 20,93 cm, as quais superaram a testemunha comercial BRS3046®, que apresentou comprimento médio de espigas de 18,70 cm. Em relação à testemunha Quindim®, com comprimento médio de 18,67 cm, 32 progênes obtiveram desempenho superior. Couto *et al.* (2017) ao avaliar 37 genótipos de milho com diferentes aptidões, relataram uma média de 18,50 cm para CME, sendo que as cultivares AG1051 e Al Piratininga apresentaram medias de 20,19 e 19,9 cm, respectivamente. Os resultados apresentados pelos pesquisadores estão muito similares aos obtidos no presente trabalho, no qual a progênie com melhor média evidenciou CME de 20,93 cm. Vale destacar que todas as progênes de meio-irmãos atingiram o padrão comercial (15 cm) em relação ao comprimento da espiga, indicando inicialmente ampla variabilidade genética para o CME e possibilidade de sucesso na seleção artificial desta característica nos futuros ciclos de seleção recorrente.

Moraes *et al.* (2010) avaliando o comprimento de espigas despalhadas de oito cultivares de milho verde em Campinas, Mococa e Capão Bonito, no estado de São Paulo, relataram para o híbrido BM 3061 o maior valor (19,30 cm), seguido pelo híbrido 6B6229V (18,5 cm), e o resultado menos expressivo foi da variedade Cativerde (17,0 cm). No corrente trabalho as progênes do primeiro grupo estatístico, apresentaram comprimento de espigas variando de 18,30 a 20,93 cm, com algumas progênes superando o maior valor médio relatado por Moraes *et al.* (2010).

Para o diâmetro médio de espigas (DME), a média das progênes foi de 4,63 cm com amplitude de 4,20 a 5,43 cm (Tabela 2), gerando apenas um grupo estatístico. Vinte e quatro progênes de meio-irmãos foram numericamente superior a testemunha Quindim® (4,7 cm), enquanto a testemunha BRS3046® obteve o sexto menor diâmetro dentre as 88 progênes de meio-irmãos avaliadas. Rodrigues *et al.* (2011) avaliaram nos municípios de Lavras e Ijaci – MG, oito linhagens e os 28 híbridos obtidos a partir do cruzamento dessas linhagens. Os resultados indicaram para o diâmetro que todos os genótipos atingiram resultados dentro do padrão exigido, visando o mercado de milho verde.

O diâmetro e o comprimento das espigas, merecem atenção especial do melhorista, devido a importância que tem a aparência das espigas quando destinadas ao consumo de milho

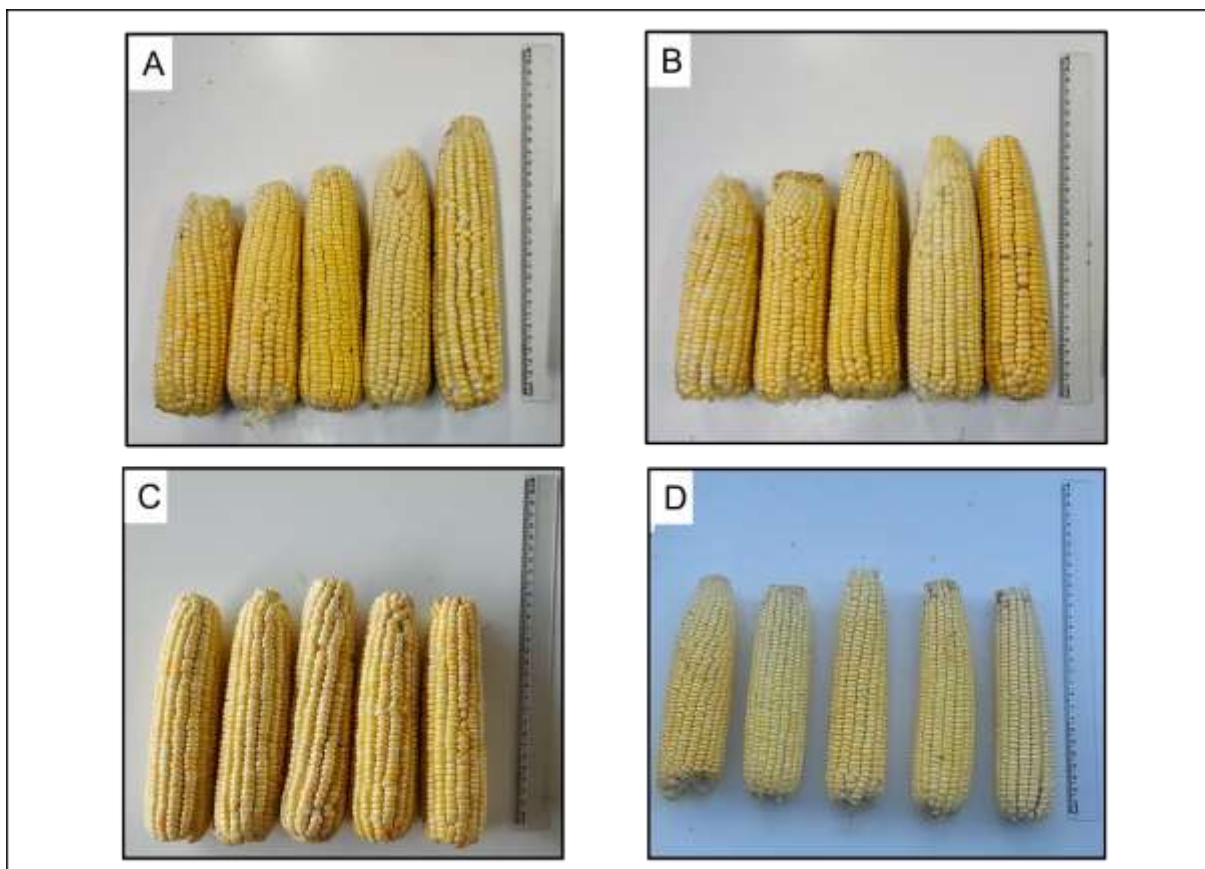
verde *in natura*, favorecendo a comercialização e exercendo influência na aceitação do produto pelo mercado consumidor (Pereira Filho *et al.*, 2003).

Para a massa média de espigas (MME), a análise de agrupamento revelou apenas dois grupos estatísticos, sendo um grupo de genótipos com maior massa média de espigas, variando de 210,4 a 278,5 g e outro menor, com amplitude de 170,03 a 208,77 g (Tabela 2). Trinta e sete progênies de meio-irmãos (42%) se destacaram e apresentaram massa média de espigas maiores que a testemunha comercial Quindim® (211,2 g). Por outro lado, o híbrido comercial BRS3046® apresentou a terceira menor massa média de espigas (175,6 g) entre os genótipos estudados (Tabela 2).

O rendimento médio de espigas comerciais (REC) foi de 7.966,92 kg ha⁻¹. Para este caráter, a análise de agrupamento de médias, separou os genótipos em dois grupos. As 37 progênies (42%) pertencentes ao primeiro grupo, apresentaram um melhor desempenho, com rendimento de espigas de 8.143,50 a 10.428,33 kg ha⁻¹. O segundo grupo, foi composto por 53 progênies, com REC variando de 4.414,17 a 8.099,20 kg ha⁻¹ (Tabela 2). Nenhuma progênie de milho demonstrou rendimento de espigas comerciais maior que a testemunha comercial Quindim® (10.567,83 kg ha⁻¹), em contrapartida, 35 progênies destacaram-se ultrapassando a média da segunda testemunha comercial BRS3046® (8.143,50 kg ha⁻¹). Costa *et al.* (2021) relataram rendimento de massa ha⁻¹ com valor mínimo de 1.668,88 e máximo de 7.982,22 kg ha⁻¹, ao avaliar 167 progênies de meio-irmãos originados da população de polinização aberta PMVJ01 que se originou da recombinação entre a população TG02R2 e o híbrido comercial AG1051 (amplamente cultivado para a produção de milho verde).

No presente trabalho, as progênies com maior rendimento de espigas comerciais foram: P18-2A (10.428,33 kg ha⁻¹), P33-E (10.315,83 kg ha⁻¹) e a P32-E (10.252,40 kg ha⁻¹). A alta qualidade comercial das espigas de milho verde comparadas ao híbrido comercial pode ser visualizada na Figura 3. Estes resultados evidenciaram o excelente desempenho produtivo das progênies avaliadas, confirmando a eficiência dos ciclos de seleção recorrente realizados, culminando em progênies de meio-irmãos com alto potencial produtivo de espigas de milho verde.

Figura 3: Padrão de espigas de duas progênes de meio-irmãos de milho verde em comparação aos híbridos comerciais.



Fonte: O autor. (A) Progênie P33-E; (B) Progênie P32-E; (C) Híbrido comercial BRS046[®]; (D) Híbrido comercial Quindim[®]. Ponta Grossa, 2025.

A porcentagem de espigas comerciais (%EC), é fundamental na avaliação de genótipos com aptidão para a produção de milho verde, pois indica a proporção de espigas que atingem o padrão comercial. Das progênes avaliadas, nenhuma delas apresentou porcentagem de espigas comerciais maior que a testemunha Quindim[®] (93,20%), porém, 12 progênes foram superiores à testemunha BRS3046[®] (87,9%). Grigulo *et al.* (2010) ao avaliarem a aptidão de seis cultivares para consumo *in natura* relataram resultados de %EC que variaram de 78,85 a 97,60%, no qual o genótipo PL 6882 apresentou valor superior e um genótipo de milho superdoce com menor porcentagem. É importante destacar que os valores apresentados neste trabalho, mesmo que não tenham superado a %EC de uma das testemunhas, são consideráveis e que revelam o potencial das progênes no mercado, o que corrobora a essa afirmativa são os resultados obtidos pelas 12 progênes que superaram a média da testemunha BRS3046[®].

Tabela 2 - Distribuição das progênes de milho verde nos grupos estatísticos formados pelo teste de Scott-Knott para as variáveis ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espiga (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento de espigas total (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC). Ponta Grossa, 2025.

Grupos estatísticos	Intervalo	CM (dia)	NP ⁽¹⁾	EST (m)	NP	AIE (m)	NP	CME (cm)	NP	DME (cm)	NP	MME (g)	NP	RET (kg ha ⁻¹)	NP	REC (kg ha ⁻¹)	NP	%EC (%)	NP
A	Superior	78,0	57	2,63	50	1,73	66	20,93	51	5,43	88	278,50	41	11254,47	39	10428,33	35	93,20	88
	Inferior	74,67		2,45		1,49		18,30		4,20		210,40		8993,87		8143,50		67,60	
B	Superior	74,33	15	2,44	38	1,48	22	18,27	37			208,77	47	8951,83	49	8099,20	53		
	Inferior	73,67		2,15		1,31		15,83				170,03		5681,60		4414,17			
C	Superior	73	16																
	Inferior	71																	
Média comerciais																			
BRS3046®		77		2,38		1,44		18,70		4,30		175,60		8760,60		8143,50		87,90	
Quindim®		76		2,20		1,29		18,67		4,70		211,20		10.951,93		10.567,83		93,20	

Fonte: O autor. Legenda: ⁽¹⁾Numero de progênes de meio-irmãos

6.1.3 Dissimilaridade genética e agrupamento de genótipos pelo método UPGMA

A análise de agrupamento dos genótipos de milho verde a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) possibilitou a formação de grupos de genótipos de acordo com o índice de dissimilaridade (Figura 4). Os dados da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) evidenciaram que as progênies P02-4D e P07-14 com D^2 de 0,92 foram as mais próximas e os genótipos mais distantes P02-4B e P08-2E com 87,14 (Dados não apresentados). Silva *et al.* (2016) ao avaliar os índices de dissimilaridade genética em progênies de milho verde relataram maior similaridade entre as progênies 6 e 86 com D^2 de 1,51. E a maior dissimilaridade genética entre o híbrido AG 1051 e a progênie 67 com D^2 de 109,66.

Para determinação dos grupos foi utilizado o método de Mojena (1977), calculando o ponto de corte do dendrograma com base no tamanho relativo dos níveis de fusões. Utilizando a constante $k=1,25$, o ponto de corte foi determinado a 41,24% de dissimilaridade (Figura 5). A partir do ponto de corte foi possível visualizar a formação de sete grupos dissimilares (GI a GVII) e duas progênies de meio-irmãos isoladas (P01-2A e P32-B), resultado coerente com a topologia observada no dendrograma gerado pelo Método UPGMA (Figura 4).

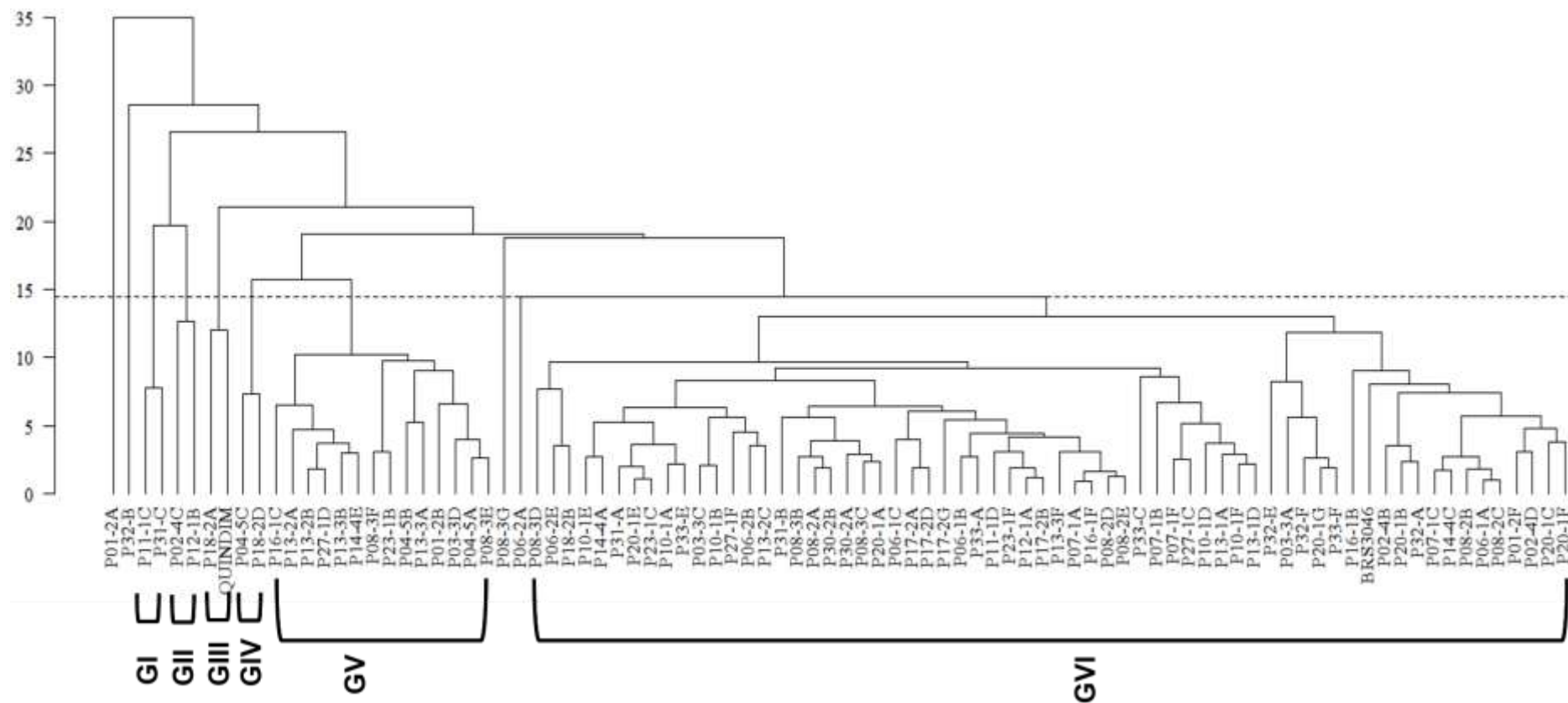
O primeiro grupo foi composto por duas progênies: P11-1C e P31-C. O GII reuniu as progênies P02-4C e P12-1B. No GIII a progênie P18-2A e o híbrido comercial Quindim[®]. O GIV compreendeu as progênies P04-5C e P18-2D, o GV as progênies P16-1C, P13-2A, P13-2B, P27-1D, P13-3B, P14-4E, P08-3F, P23-1B, P04-5B, P13-3A, P01-2B, P03-3D, P04-5A, P08-3E. No GVI agrupou-se o maior número de genótipos (64 progênies de meio-irmãos e o híbrido comercial BRS3046[®]) (Tabela 3).

Tabela 3 - Composição dos grupos de progênie de milho verde obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.

Grupos	N	Genótipos									
I	2	P11-1C	P31C								
II	2	P02-4C	P12-1B								
III	2	Quindim	P18-2A								
IV	2	P04-5C	P18-2D								
V	14	P16-1C	P13-2A	P13-2B	P27-1D	P13-3B	P14-4E	P08-3F	P23-1B	P04-5B	P13-3A
		P01-2B	P03-3D	P04-5A	P08-3E						
VI	64	BRS3046	P08-3D	P06-2E	P18-2B	P10-1E	P14-4A	P31-A	P20-1E	P23-1C	P10-1A
		P33-E	P03-3C	P10-1B	P27-1F	P06-2B	P13-2C	P31-B	P08-3B	P08-2A	P30-2B
		P30-2A	P08-3C	P20-1A	P06-1C	P17-1A	P17-2D	P17-2G	P06-1B	P33-A	P11-1D
		P23-1F	P12-1A	P17-2B	P13-3F	P07-1A	P16-1F	P08-2D	P08-2E	P33-C	P07-1B
		P07-1F	P27-1F	P27-1C	P10-1D	P13-1A	P10-1F	P13-1D	P32-E	P03-3A	P32-F
		P20-16	P33-F	P16-1B	P02-4B	P20-1B	P32-A	P07-1C	P14-4C	P08-2B	P06-1A
		P08-2C	P01-2F	P02-4D	P20-1C	P20-1F					
NA	4	P01-2A	P32-B	P08-3G	P06-2A						

(N) número de genótipos que compõem o grupo. (NA) Não agrupados

Figura 4: Análise de agrupamento (UPGMA) a partir da distância genética de Mahalanobis nos 90 genótipos de milho verde.



Fonte: O autor. Coeficiente de correlação cofenética: $r = 0,6640$. A linha horizontal tracejada representa o corte estimado pelo método de Mojema (1977). Ponta Grossa, 2025.

A contribuição relativa de cada variável para a formação da divergência genética teve como variável mais influente o comprimento médio de espigas (CM) com 18,44%, seguido pelo ciclo masculino (16,78%) e a massa média de espigas (16,70%). As variáveis com as menores contribuições foram o diâmetro médio de espigas (4,77%), %EC (6,86%), e a altura de inserção da espiga principal (8,87%) (Tabela 4). No trabalho de Silva *et al.* (2016) foi demonstrado que as variáveis que exerceram maior influência para a divergência foram ciclo masculino, número de fileiras de grãos por espigas, rendimento de espigas empalhadas, altura de inserção da espiga principal, ciclo feminino, diâmetro de espiga, número de espiga comercial e o diâmetro de espiga comercial.

Tabela 4 - Contribuição relativa de nove características para a divergência entre os 90 genótipos de milho verde, pela estatística ($\hat{S}_j$) proposta por Singh (1981). Ponta Grossa, 2025.

Características	$\hat{S}_j$	Contribuição relativa (%)
CM	10400,25	16,78
EST	5912,13	9,54
AIE	5497,35	8,87
CME	11427,28	18,44
DME	2952,64	4,77
MME	10349,43	16,70
RET	5852,47	9,44
REC	5324,88	8,59
%EC	4248,20	6,86

(CM) ciclo masculino, (EST) Estatura de plantas, (AIE) Altura de inserção da espiga principal (CME) comprimento médio de espigas, (DME) diâmetro médio de espigas, (MME) massa média de espigas, (RET) rendimento de espigas total, (REC) rendimento de espigas comerciais e (%EC) porcentagem de espigas comerciais.

Os resultados deste trabalho foram contrastantes aos de Rotili *et al.* (2012), pois ao avaliarem a divergência genética em genótipos de milho no sul do estado do Tocantins detectaram que a característica que menos contribuiu foi o comprimento de espiga (6,9%) e a que mais influenciou para a divergência foi a produtividade (21,8%). Nos resultados de Dias *et al.* (2018), ao avaliar a divergência genética entre progênies de milho na região centro-sul do estado do Tocantins, verificaram que a produtividade de grãos, a altura de espiga e a altura de plantas obtiveram maior contribuição com 19,13, 16,43 e 11,43%, respectivamente.

Oliveira (2022) ao realizar a avaliação de progênies de milho verde no sexto ciclo de seleção recorrente, com acessos deste mesmo germoplasma, obteve pela análise de agrupamento UPGMA a formação de três grupos dissimilares (GI, GII e GIII) e três progênies de meios-irmãos isoladas. No respectivo trabalho o GI apresentou o maior potencial para produção de milho verde, com destaque para o rendimento médio de espigas comerciais ($24,4 \text{ t ha}^{-1}$), %EC (91,27%) e comprimento médio de espigas comerciais (20,1 cm).

A análise das médias das nove variáveis fenotípicas nos grupos gerados pelo método UPGMA, revelou que os grupos o III, IV e V apresentaram maior destaque para as características mais associadas a produção de milho verde (Tabela 5). O GIII evidenciou maior potencial para peso total de espigas ($11.103,20 \text{ ha}^{-1}$), rendimento comercial ($10.498,07 \text{ kg ha}^{-1}$), % de espigas comerciais (89,26 %), menor estatura de plantas (2,18 m) e menor inserção da espiga principal (1,40 m). O GIV obteve o segundo melhor resultado de médias para massa total (227,14 g), rendimento total ($9.473,72 \text{ kg ha}^{-1}$), rendimento comercial ($8.247,08 \text{ kg ha}^{-1}$), e precocidade para o ciclo masculino (73,33 dias). Por outro lado, o GV apresentou o ciclo masculino mais precoce (72,40 dias), segunda menor estatura de plantas (2,37 m), e segunda menor altura de inserção de espigas (1,43 m). Quanto as médias das progênies que não foram agrupadas, a progênie P01-2A evidenciou resultados mais satisfatórios com maior precocidade para o ciclo masculino (71,33 dias), maior massa média (278,48 g) e segundo maior comprimento médio de espigas (19,90 cm), segundo maior diâmetro médio de espiga (5,07 cm), maior rendimento total de espigas ($10.921,60 \text{ kg ha}^{-1}$) e rendimento comercial de espigas ($9.526,06 \text{ kg ha}^{-1}$) (Tabela 5).

Os resultados experimentais demonstraram que as progênies de meio-irmãos apresentaram potencial agrônômico para aptidão milho verde. Todas as progênies demonstraram comprimento superior a 17 cm, diâmetro maior que 4 cm e para a maioria das progênies massa de espigas superior a 200g (Tabela 5). Estes resultados indicam a efetividade da seleção recorrente na melhoria das características comerciais do milho verde, uma vez que, os valores obtidos encontram-se dentro dos parâmetros de aceitação e recomendados para o mercado consumidor final.

Tabela 5 - Desempenho médio das nove variáveis fenotípicas nos respectivos grupos obtidos pelo Método UPGMA. Ponta Grossa, 2025.

Grupos	Nº	%	CM (dias)	EST (m)	AIE (m)	CME (cm)	DME (cm)	MME MT (g)	RET (kg)	REC (kg)	%EC
I	2	2,22	75,17	2,49	1,62	20,37	4,35	207,34	6.756,04	6.341,90	88,24
II	2	2,22	76,67	2,63	1,65	17,85	4,36	177,16	6.162,54	5.045,16	69,71
III	2	2,22	75,33	2,18	1,40	18,67	4,70	217,77	11.103,20	10.498,07	89,26
IV	2	2,22	73,33	2,48	1,55	16,65	4,91	227,14	9.473,72	8.247,08	79,01
V	14	15,56	72,40	2,37	1,43	18,00	4,72	214,71	9.002,56	7.953,25	81,12
VI	64	71,11	75,46	2,48	1,55	18,44	4,59	205,35	8.898,28	8.016,73	83,26
P01-2 ^a	1	1,10	71,33	2,41	1,50	19,90	5,07	278,48	10.921,60	9.526,06	85,85
P06-2 ^a	1	1,10	75,33	2,51	1,48	20,15	5,03	233,79	8.303,23	7.784,47	87,73
P08-3G	1	1,10	76,33	2,50	1,61	17,23	4,69	202,48	9.055,34	7.169,29	76,17
P32-B	1	1,10	77,33	2,47	1,54	18,37	5,43	212,09	8.644,85	7.861,86	87,38

% representatividade do grupo em porcentagem em relação ao agrupamento do conjunto de 90 genótipos pelo método UPGMA.

6.1.4 Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher

O agrupamento pelo método de Otimização de Tocher, realizado com base nas medidas de dissimilaridade (D^2) obtidas pelo método de Mahalanobis, possibilitou a organização das progênies em cinco grupos e cinco genótipos isolados (Tabela 6). O primeiro grupo reuniu o maior número de progênies com um total de 66; o GII agrupou sete progênies; o GIII sete progênies e o híbrido comercial BRS3046[®]; o GIV agrupou uma progênie e o híbrido comercial Quindim[®] e o GV com duas progênies (P02-4C e P12-1B) (Tabela 6).

Tabela 6 - Agrupamento das progênies de milho verde e híbridos comerciais, obtidos pelo método de otimização de Tocher, baseado na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.

Grupos	N	Genótipos
I	66	P07-1A, P16-1F, P08-2E, P08-2D, P17-2B, P23-1F, P12-1A, P06-1B, P08-2A, P13-1D, P10-1F, P13-3F, P10-1B, P17-2A, P33-A, P20-1B, P06-1A, P08-2C, P30-2B, P20-1E, P08-2B, P06-2B, P10-1A, P13-2C, P13-1A, P06-1C, P23-1C, P30-2A, P31-A, P08-3C, P02-4B, P20-1A, P08-3B, P17-2G, P27-1F, P11-1D, P27-1C, P03-3C, P18-2B, P31-B, P32-A, P17-2D, P13-3A, P10-1D, P33-E, P06-2E, P04-5A, P03-3D, P33-C, P14-4A, P32-F, P10-1E, P08-3E, P13-2B, P08-3D, P04-5B, P07-1B, P07-1F, P16-1C, P03-3A, P14-4C, P07-1C, P06-2A, P27-1D, P20-1G, P33-F
II	7	P13-3B, P14-4E, P13-2A, P08-3F, P01-2B, P18-2D, P23-1B
III	8	P01-2F, P02-4D, P20-1C, P20-1F, BRS3046, P16-1B, P31-C, P11-1C
IV	2	P18-2A, Quindim
V	2	P02-4C, P12-1B
	1	P32-E
	1	P08-3G
	1	P32-B
	1	P04-5C
	1	P01-2 ^a

N (número de progênies que compõem o grupo).

De acordo com Vasconcelos *et al.* (2007), esse método tende a agrupar um grande número de genótipos nos primeiros grupos, enquanto nos últimos, os indivíduos permanecem mais isolados. Ao comparar os agrupamentos de progênies obtidos por este método com o UPGMA observa-se que ambos apresentaram padrões semelhantes na alocação das progênies de milho verde, com algumas diferenças na estruturação dos grupos. O método UPGMA formou sete grupos principais, com destaque para um grupo maior (GVI) contendo 64 progênies e o híbrido comercial BRS3046[®]. O método de Otimização de Tocher gerou cinco grupos e cinco progênies isoladas (Tabela 6), sendo que o primeiro grupo reuniu a maioria das progênies (66), indicando uma tendência de agregação similar ao método UPGMA (Tabela 3). Algumas progênies foram alocadas de maneira distinta entre os métodos, como a P18-2D, que foi agrupada no GIV pelo UPGMA, mas incluída no GII pelo Tocher. Nardino *et al.* (2017) avaliou 25 híbridos de milho em cinco ambientes do Sul do Brasil, utilizando os métodos de Tocher e

UPGMA para identificar a diversidade genética e selecionar os genótipos mais promissores. Ambos os métodos identificaram nove grupos distintos de genótipos. A maioria dos híbridos foi alocado no maior grupo, embora alguns híbridos permaneceram isolados.

A Tabela 7 apresenta a análise das médias fenotípicas das variáveis dentro dos grupos formados pelo método de Otimização de Tocher. O grupo IV apresentou os melhores desempenhos para rendimento total ($11.103,20 \text{ kg ha}^{-1}$) e rendimento comercial ($10.498,07 \text{ kg ha}^{-1}$), e segundos melhores resultados para %EC (89,26 %), massa média total (217,77 g), e altura de inserção de espiga principal (1,40 m). O grupo II demonstrou seu melhor resultado para altura de inserção de espiga principal obtendo a menor altura (1,38 m), e também com segundo menor ciclo masculino (72,14 dias) e estatura de plantas (2,32 m). A progênie P32-E se destacou com melhor %EC (90,17 %) e segundo melhores resultados para o rendimento comercial de espigas ($10.252,39 \text{ kg ha}^{-1}$). Por outro lado, a progênie P01-2A evidenciou o menor ciclo masculino (71,33 dias), maior comprimento médio de espigas (19,90), e maior massa média de espigas (278,48 g), além de segundas melhores médias para o diâmetro médio de espigas (5,07 cm) e rendimento total de espigas ($10.921,60 \text{ kg ha}^{-1}$).

Tabela 7 - Desempenho médio dos grupos de progênies obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2025.

GRUPOS	N	%	CM (dias)	EST (m)	AIE (m)	CME (cm)	DME (cm)	MME (g)	RET (kg)	REC (kg)	%EC
I	66	73,33	74,93	2,47	1,53	18,41	4,63	208,98	8.992,75	8.081,52	82,82
II	7	7,78	72,14	2,32	1,38	17,67	4,75	213,71	8.467,05	7.376,21	79,74
III	8	8,90	76,67	2,52	1,61	19,20	4,34	191,05	7.886,35	7.264,65	87,29
IV	2	4,44	75,33	2,18	1,40	18,67	4,70	217,77	11.103,20	10.498,07	89,26
V	2	4,44	76,67	2,63	1,65	17,85	4,36	177,16	6.162,54	5.045,16	69,71
P32-E	1	5,55	77,67	2,54	1,63	18,24	4,72	216,39	10.917,94	10.252,39	90,17
P08-3G	1	5,55	76,33	2,50	1,61	17,23	4,69	202,48	9.055,34	7.169,29	76,17
P32-B	1	5,55	77,33	2,47	1,54	18,37	5,43	212,09	8.644,85	7.861,86	87,38
P04-5C	1	5,55	74,00	2,58	1,65	15,84	4,79	217,79	9.488,66	7.995,63	73,73
P01-2 ^a	1	5,55	71,33	2,41	1,50	19,90	5,07	278,48	10.921,60	9.526,06	85,85

(CM) Ciclo masculino, (EST) Estatura de plantas, (AIE) Altura de inserção da espiga principal, (CME) Comprimento médio de espigas, (DME) Diâmetro médio de espigas, (MME) Massa média de espigas, (RET) rendimento total de espigas ha⁻¹, (REC) rendimento comercial de espigas (%EC) % espigas comerciais. N (número de genótipos que compõem o grupo).

6.1.5 Análise dos componentes principais (ACP)

A análise de componentes principais (ACP) tornou possível, a partir das nove variáveis analisadas para as 88 progênies de meio-irmãos e duas testemunhas comerciais, reduzir a dimensão para três componentes principais (CP), os quais explicaram 75,21% da variação fenotípica total das variáveis estudadas (Tabela 8). O CP1 explicou 37,80% da variância, o CP2 21,51%, e o CP3 15,90% (Tabela 8). Para Clifford e Stephenson (1975), os três primeiros componentes principais são geralmente os mais importantes para refletir os padrões de variação entre os genótipos, assim como os caracteres associados a estes componentes são mais úteis na diferenciação dos genótipos. Andeep, Bharathi e Reddy (2017) ao analisarem 60 linhagens de milho, demonstraram que os três primeiros componentes principais explicaram juntos 82,41% da variância total, com o CP1 explicando 58,36%, o CP2 16,11% e o CP3 7,94%.

Tabela 8 - Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2025.

Componente Principal	λ_j	λ_j (%)	Variância acumulada (%)
CP1	3,40	37,80	37,80
CP2	1,94	21,51	59,31
CP3	1,43	15,90	75,21
CP4	1,08	11,99	87,20
CP5	0,52	5,79	92,99
CP6	0,33	3,68	96,67
CP7	0,19	2,14	98,81
CP8	0,10	1,12	99,93
CP9	0,01	0,07	100,00

Por meio dos coeficientes dos autovetores, foi possível definir que as variáveis MME, REC e RET foram as que exerceram maior influência na formação do CP1, com autovalores de 0,4456, 0,4103 e 0,3878, respectivamente (Tabela 9), variáveis estas relacionadas ao rendimento de espigas, com mais de 50% da importância relativa total do CP1. Desse modo, os genótipos de milho verde que obtiveram escores positivos no CP1, serão aqueles com maior rendimento de espigas. Para a formação da CP2 as variáveis mais importantes foram CM (0,4647), CME (0,425) e %EC (0,4757) (Tabela 9), as quais representaram mais de 60% da importância relativa total para este componente principal.

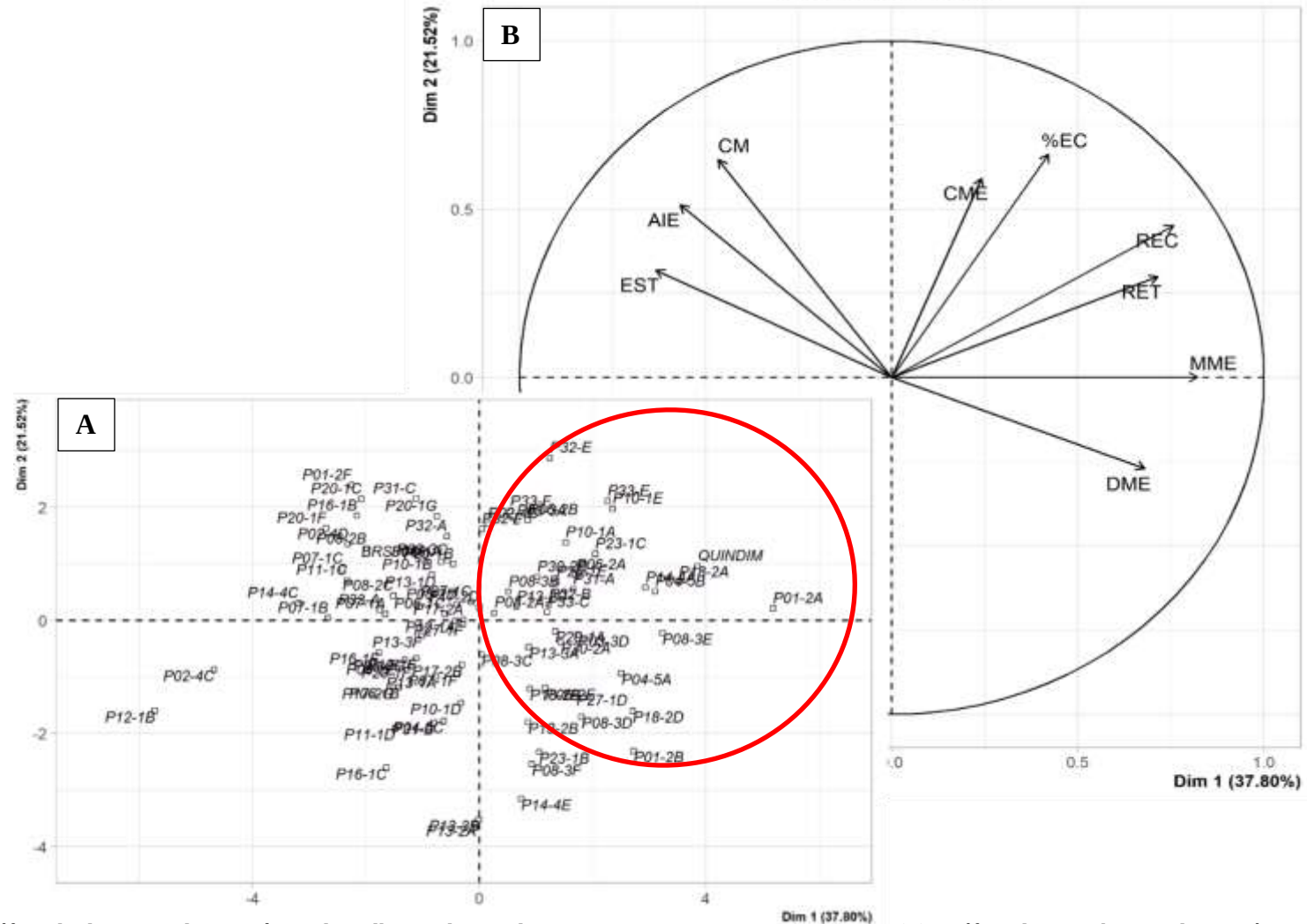
As progênies que apresentaram valores mais altos no CP1 indicam maior produtividade, enquanto aquelas com valores mais altos no CP2 possuem melhor qualidade comercial das espigas. Nesse sentido, as progênies com escores dos componentes principais que apresentaram maiores valores no eixo x (CP1) e maiores valores no eixo y (CP2) apresentaram maior potencial rendimento de espigas de milho verde e para a qualidade comercial, respectivamente. Assim, as progênies localizadas no primeiro quadrante do gráfico de dispersão (Figura 5A) foram identificadas como as de maior potencial para a seleção visando a aptidão para a produção de milho verde.

Tabela 9 - Autovetores dos dois primeiros componentes principais e a importância relativa de cada variável fenotípica para a formação do componente principal. Ponta Grossa, 2025.

Variáveis	CP1		CP2	
	Autovetor	%	Autovetor	%
CM (dias)	-0,2531	6,41	0,4647	21,59
EST (m)	-0,3436	11,81	0,2293	5,26
AIE (m)	-0,3085	9,52	0,368	13,54
CME (cm)	0,1308	1,71	0,425	18,06
DME (cm)	0,369	13,62	-0,1937	3,75
MME (g)	0,4456	19,86	0,0012	0,00
RET (kg ha ⁻¹)	0,3878	15,04	0,2158	4,66
REC (kg ha ⁻¹)	0,4103	16,83	0,3242	10,51
%EC (%)	0,2283	5,21	0,4757	22,63

(%)importância relativa da variável para a formação do componente principal, ciclo masculino (CM), estatura de plantas (EST), altura de inserção da espiga (AIE), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento total de espigas (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC).

PCA graph of variables



Fonte: O autor. (A) Gráfico de dispersão das progênes de milho verde nos dois primeiros componentes principais. (B) Gráfico de contribuição das variáveis para os dois primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2025.

A seleção das melhores progênies de meio-irmãos baseou-se na análise de componentes principais a qual revelou quais as características ligadas ao rendimento de espigas foram as variáveis com autovetores mais influentes para a formação do primeiro componente principal. Neste sentido, foram selecionadas as 26 progênies de meio-irmãos de milho verde que obtiveram maior destaque nestas variáveis, simbolizando uma intensidade de seleção de 30% sobre o conjunto inicial de progênies.

Na Tabela 10 são apresentadas as estimativas da herdabilidade no sentido amplo ($\hat{h}_a^2$), do ganho esperado com a seleção artificial (GS%) e da média da população melhorada ($\bar{X}m$) para as nove variáveis fenotípicas avaliadas no conjunto de progênies de meio-irmãos selecionadas a partir dos escores do CP1. No que se refere ao ganho percentual com a seleção artificial, as variáveis REC (10,70%), RET (9,32%) e MME (5,25%) foram as que obtiveram os maiores valores percentuais a partir da análise. Estas três variáveis, que estão correlacionadas ao potencial produtivo para a aptidão milho verde, somam juntas 25,27% de possíveis ganhos com a seleção realizada. Kinkoski (2017) estimou ganhos percentuais significativos para variáveis associadas ao rendimento de espigas, como: rendimento de espigas ha^{-1} (9,09%), número total de espigas (7,53%) e número total de espigas comerciais (5,46%), somando juntas 22,08% de ganhos esperados com a seleção artificial.

Esses resultados corroboram com os resultados de Hongyu, Sandanielo e Oliveira Junior (2016) a respeito da análise de componentes principais, ao destacarem que a transformação linear de um conjunto original de variáveis, inicialmente correlacionadas entre si, num conjunto substancialmente menor de variáveis não correlacionadas, possibilita a obtenção da maior parte da informação do conjunto original. No contexto do melhoramento genético, visando a seleção de genótipos com características de interesse, Silva (2014) complementa que as análises multivariadas possibilitam a seleção de genótipos superiores a partir de um conjunto de variáveis fenotípicas, sem a necessidade de estabelecer previamente pesos econômicos as variáveis sob efeito da seleção artificial.

Para a média melhorada esperada ($\bar{X}m$) os resultados evidenciaram destaque para algumas variáveis como o rendimento de espigas comerciais (REC) com média melhorada de 8.784,2 kg ha^{-1} , rendimento total de espigas (RET) com média melhorada de 9.686,02 kg ha^{-1} . Adicionalmente, para a massa média de espigas (MME) uma média estimada de 219,44 g, e de 18,95 cm para o comprimento médio de espigas (CME) (Tabela 10). A porcentagem de espigas comerciais (%EC) também foi favorecida, alcançando 84,62%, indicando uma maior proporção de espigas com aptidão para o mercado consumidor de milho verde *in natura*. Os resultados

dos ganhos esperados com a seleção artificial, indicam ganhos significativos para as características associadas ao rendimento de espigas, destacando o potencial genético destas progênes de meio-irmãos oriundas do sétimo ciclo de seleção recorrente neste germoplasma de milho verde.

Tabela 10 - Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênes de milho verde selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2025.

Variáveis	Y ₀	Y _s	h ²	Ds	GS	GS%	$\bar{X}m$
CM (dias)	74,91	72,92	0,74	-1,99	-1,47	-1,96	73,44
EST (m)	2,47	2,34	0,56	-0,13	-0,07	-2,83	2,40
AIE (m)	1,54	1,42	0,57	-0,12	-0,07	-4,55	1,47
CME (cm)	18,38	19,28	0,63	0,90	0,57	3,10	18,95
DME (cm)	4,63	4,84	0,48	0,21	0,10	2,16	4,73
MME (g)	208,49	226,74	0,60	18,25	10,95	5,25	219,44
RET (kg ha ⁻¹)	8.860,56	10.170,81	0,63	1.310,25	825,46	9,32	9.686,02
REC (kg ha ⁻¹)	7.935,35	9.241,28	0,65	1.305,93	848,85	10,70	8.784,20
%EC	82,65	88,11	0,36	5,46	1,97	2,38	84,62

(Y₀) média original, (Y_s) média das progênes selecionadas, (h²) herdabilidade no sentido amplo, (ds) diferencial de seleção, (GS) ganho esperado com a seleção, (GS%) ganho esperado percentual, ($\bar{X}m$) média da população melhorada, (CM) ciclo masculino, (EST) estatura de plantas, (AIE) altura de inserção de espiga principal, (CME) comprimento médio de espigas, (DME) diâmetro médio de espigas, (MME) massa média de espigas, (RET) rendimento total de espigas, (REC) rendimento de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais.

6.2 MILHO SUPERDOCE

6.2.1 Análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos

Os resultados da análise de variância permitiram detectar diferenças significativas ($p \leq 0,01$) entre os genótipos para as todas as variáveis avaliadas nas progênes de meio-irmãos de milho superdoce oriundas do 1º ciclo de seleção recorrente: estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), massa média de espigas (MME), diâmetro médio de espigas (DME), comprimento médio de espigas (CME), ciclo masculino (CM), rendimento total de espigas (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) (Tabela 11). Os resultados experimentais evidenciaram a alta confiabilidade no conjunto de dados coletados e a presença de variabilidade genética para todas as características avaliadas, sendo este resultado fundamental para a obtenção de ganhos genéticos e sucesso nos próximos ciclos de seleção recorrente. Os coeficientes de variação apresentaram amplitude de 1,76 (CM) a 20,41% (REC), estando dentro das faixas aceitáveis para experimentos agronômicos de campo.

A herdabilidade no sentido amplo apresentou amplitude de 42 (EST) a 73% (RET) (Tabela 11). As estimativas da herdabilidade no sentido amplo foram superiores a 50% para: CM (69,76), CME (69,51), DME (70,58), MME (68,25), RET (73,55) e REC (72,38) (Tabela 11). Para as demais variáveis, a herdabilidade ficou abaixo de 50%, sugerindo uma confiabilidade reduzida nos fenótipos observados e uma maior influência do ambiente na variância fenotípica total. Dagla *et al.* (2015), ao analisarem 45 híbridos de milho doce, estimaram coeficientes de herdabilidade de 61,2% para a produtividade e de 57,3% para o comprimento de espigas. Para as variáveis fenotípicas altura de plantas e altura de inserção da espiga principal, os coeficientes de herdabilidade foram superiores a 60%.

Para o quociente $\hat{b}$ os autores Cruz, Regazzi e Carneiro (2004) afirmam que quando a estimativa for ≥ 1 é um indicativo de precisão experimental na coleta dos dados bem como de situação bastante favorável para a seleção artificial. Neste estudo com progênes de milho superdoce, o quociente $\hat{b}$ estimado apresentou uma amplitude de 0,49 (EST) a 0,96 (RET) (Tabela 11). Para a maioria das variáveis estudadas o quociente $\hat{b}$ apresentou valores muito próximos a 1, indicando possibilidade real de sucesso com a seleção artificial nas principais características associadas ao potencial produtivo e à qualidade das espigas de milho verde.

Tabela 11 - Resumo da análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos para as variáveis ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento de espigas total (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) oriundos do experimento de milho superdoce. Ponta Grossa, 2025.

Quadrado Médio (QM)											
Fontes de Variação	G.L.	CM (dias)	EST (m)	AIE (m)	CME (cm)	DME (cm)	MME (g)	RET (kg ha ⁻¹)	REC (kg ha ⁻¹)	%EC %	
Blocos	2	16,538	0,113	0,013	3,085	0,338	1640,04	53021067,33	22121836,46	529,38	
Genótipos	179	5,27**	0,044**	0,027**	1,781**	0,088**	595,35**	11998301,55**	10823526,78**	190,65**	
Resíduo	358	1,594	0,025	0,014	0,543	0,026	188,98	3172472,12	2988534,90	107,59	
Média		71,738	2,18	1,42	17,23	4,23	160,60	10.221,47	8.466,03	76,97	
CV		1,76	7,32	8,51	4,27	3,81	8,55	17,42	20,41	13,47	
Variáveis Fenotípicas											
Parâmetros		CM (dias)	EST (m)	AIE (m)	CME (cm)	DME (cm)	MME (g)	RET (kg ha ⁻¹)	REC (kg ha ⁻¹)	%EC %	
$\widehat{\sigma}^2_F$		1,75	0,014	0,0092	0,5938	0,0296	198,4524	3999433,8527	3607842,2628	63,55	
$\widehat{\sigma}^2_G$		1,22	0,0063	0,0043	0,4128	0,0208	135,4590	2941943,1450	2611663,9619	27,68	
$\widehat{\sigma}^2_e$		0,53	0,0085	0,0048	0,1810	0,0087	62,9934	1057490,70764	996178,3008	35,86	
$\hat{h}_a^2$ %		69,76	42,41	47,21	69,51	70,58	68,25	73,55	72,38	43,56	
CV _g		1,54	3,63	4,64	3,73	3,41	7,24	16,78	19,08	6,83	
CV _e		1,76	7,32	8,51	4,27	3,81	8,55	17,42	20,41	13,47	
$\hat{b}$		0,87	0,49	0,54	0,87	0,89	0,82	0,96	0,93	0,50	

** significativo a 1% de probabilidade; ns Não significativo. (σ^2_F) Variância fenotípica, (σ^2_G) variância genética, (σ^2_e) variância ambiental, ($\hat{h}_a^2$) herdabilidade no sentido amplo, (CV_g) coeficiente de variação genético, (CV_e) coeficiente de variação ambiental e quociente $\hat{b}$.

6.2.2 Agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott

Os valores médios das variáveis com diferenças significativas foram agrupados pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, resultando na formação de grupos estatísticos. Esses grupos foram delimitados com base no intervalo entre as médias dos grupos superior e inferior, apresentando uma quantidade variável de progênies de meio-irmãos em cada grupo (Tabela 12).

Os genótipos de milho superdoce demonstraram uma variação de 69 a 76 dias para o ciclo masculino (Tabela 12). A análise estatística evidenciou a formação de três grupos de médias para o ciclo masculino. Todas as progênies de meio-irmãos foram mais precoces em relação aos controles experimentais (Isla[®] e Confeito[®]) (Tabela 12). De acordo com Zaluski *et al.* (2021) para o ciclo masculino a seleção deve focar em genótipos de ciclo mais curto, que possibilitem maximizar a rentabilidade, antecipando a disponibilidade de área para outras culturas. Neste sentido, esses resultados alcançados são positivos, principalmente por terem evidenciado precocidade das progênies em relação aos controles experimentais Isla[®] e Confeito[®].

Devido ao fato das progênies estarem no primeiro ciclo de seleção recorrente, esperava-se obter progênies com ciclo masculino menos uniformizado, em decorrência da variabilidade genética presente, no entanto, o que foi observado foi ciclo mais curto e com pequena amplitude. Num primeiro momento, poderia justificar esse resultado em função da baixa variabilidade inicial deste germoplasma para o ciclo masculino. Numa segunda linha de discussão pode-se ressaltar que na safra agrícola 2023/2024 foi marcada por períodos de déficit hídrico, o que pode ter ocasionado a aceleração do ciclo, culminando com os valores mais uniformes entre as progênies de meio-irmãos. A título de exemplificação a média de precipitação para o mês de janeiro em Ponta Gossa é de 214 mm (Climatempo, 2025), no entanto, a precipitação efetiva registrada em janeiro de 2024 foi de apenas 152,2 mm (IAT, 2025).

Segundo Santos *et al.* (2009), o crescimento em altura nas plantas do tipo C4 é limitado pela disponibilidade de água, bem como pela ocorrência da fase fisiológica reprodutiva, iniciada pelo florescimento. Isso pode ter ocorrido no presente trabalho por conta do déficit hídrico que ocorreu na safra 2023/2024, com possibilidade de antecipação e uniformização do ciclo da cultura entre os genótipos avaliados.

No contexto do melhoramento genético do milho, a estatura de planta é uma característica de grande relevância, pois influencia diretamente a produtividade e a resistência ao acamamento. A seleção de plantas com altura adequada é fundamental para desenvolver

cultivares que atendam às necessidades específicas de diferentes ambientes e sistemas de cultivo. As progênes de meio-irmãos de milho superdoce apresentaram média de 2,18 m e amplitude de 1,82 a 2,53 m (Tabela 12). Cremonini (2013) ao avaliar características agronômicas em diferentes genótipos de milho superdoce, visando o melhoramento genético da cultura, relatou média de 2,23 m, resultado ligeiramente superior ao presente trabalho.

A altura de inserção da espiga principal é um fator importante na colheita manual do milho verde, pois espigas mais elevadas podem dificultar o processo de colheita pelos agricultores no campo. A altura de inserção da espiga principal (AIE) apresentou média de 1,42 m e amplitude entre os genótipos de 1,21 a 1,71 m (Tabela 12). Todas as progênes evidenciaram AIE inferior ao híbrido comercial Confeito[®] (1,72 m) e apenas nove progênes com AIE superior ao híbrido comercial Isla[®] (1,57 m) (Tabela 12). Estudos indicam que a altura de inserção da espiga está diretamente relacionada ao índice de acamamento e às perdas de grãos durante a colheita, afetando a eficiência operacional e a produtividade. Na cultura do milho, estatura e altura de inserção da espiga principal são caracteres de natureza quantitativa, estando diretamente relacionadas com a tolerância ao acamamento (Repke *et al.*, 2012).

Bello *et al.* (2009) concluíram que na cultura do milho a altura de espiga deve ser considerada como critério de seleção indireta para híbridos de alto rendimento, pois o rendimento de grãos em seu trabalho apresentou correlação positiva e significativa com a altura da planta, número de grãos por espiga e peso da espiga. Essas descobertas sugerem que tanto a altura da planta quanto a altura de inserção da espiga principal são características importantes a serem consideradas em programas de melhoramento visando o aumento do rendimento.

Para o comprimento médio de espigas (CME) os genótipos demonstraram amplitude de 15,3 a 18,9 cm, com formação de dois grupos estatísticos (Tabela 12). Destacaram-se positivamente 77 progênes (43%) de meio-irmãos de primeiro ciclo, com CME de 17,92 cm, superior as testemunhas comerciais Isla[®] (16,23 cm) e Confeito[®] (15,70cm). Santos *et al.* (2015) destacam que o comprimento de espigas é uma das características mais importantes visando o processamento de milho superdoce, sendo as espigas menores que 15 cm descartadas. Resultado positivo foi observado no presente experimento para o comprimento médio de espigas, pois todas as progênes de meio-irmãos oriundas deste primeiro ciclo de seleção recorrente apresentaram CME superior a 15 cm. Matin *et al.* (2017) destacam que os estudos de variabilidade genética têm indicado a importância dos caracteres diâmetro e comprimento da espiga na determinação do potencial de rendimento do milho, enfatizando seu papel como componentes-chave para este parâmetro.

Para a massa média de espigas (MME), as progênies evidenciaram amplitude de 134,57 a 215,23 g (Tabela 12). O GI foi composto por 11 progênies, com MME superior a 184,23 g. No GII, foram agrupadas 35 progênies, com MME variando de 167,3 a 181,06 g. No terceiro grupo, as progênies com menor massa de espiga (132 progênies), variando de 134,57 a 166,30 g (Tabela 12). No presente trabalho, todas as progênies de meio-irmãos do 1º ciclo de seleção recorrente, demonstraram MME superior as testemunhas comerciais (Tabela 12). Ferreira *et al.* (2009) avaliaram 179 progênies de milho verde originadas de espigas secas de tamanho intermediário e 190 de espigas maiores. As primeiras (179) apresentaram menor massa de espigas (185,20 g) tanto comparadas às testemunhas (217,77 g), quanto às 190 progênies de espigas maiores (234,58 g).

Neste trabalho o rendimento total de espigas (RET) de milho superdoce foi de 10.155,6 kg ha⁻¹ (Tabela 12). Para esse caráter, a análise de agrupamento de médias formou quatro grupos de genótipos. O GI formado por 28 genótipos, de melhor desempenho, apresentaram amplitude de RET de 12.316,66 a 15.671,40 kg ha⁻¹. No GII, com 58 progênies variando de 10.307,33 a 12.223,96 kg ha⁻¹. No GIII, com maior número de progênies (82), o RET variou de 7.759,33 a 10.268,30 kg ha⁻¹. O pior desempenho ficou evidenciado para o GIV, com dez progênies apresentando rendimento total de espigas inferior a 7.385,76 kg ha⁻¹ (Tabela 12). Os resultados alcançados para o RET, revelaram um destaque muito favorável aos dois primeiros grupos estatísticos que reuniram 86 progênies de meio-irmãos (48,31%), com rendimento médio de espigas superior a 10.307,33 kg ha⁻¹, apresentando destacada superioridade em relação aos controles experimentais comerciais Isla[®] (5.111,23 kg ha⁻¹) e Confeito[®] (4.300,23 kg ha⁻¹) (Tabela 12).

No estudo de Carvalho e Souza (2007), foram avaliados 17 ciclos de seleção recorrente entre e dentro de progênies de meio-irmãos, além de três ciclos de seleção massal estratificada, na variedade de milho BR 5011 Sertanejo, entre os anos de 1985 a 2005. Os resultados indicaram um alto potencial produtivo, a partir do quarto ciclo de seleção, com rendimentos de espigas variando de 6.024 a 8.340 kg ha⁻¹, com média de 6.813 kg ha⁻¹. Resultados superiores de rendimento de espigas já no primeiro ciclo de seleção são observados nas progênies de milho superdoce neste trabalho, indicando o elevado potencial para comporem os próximos ciclos de seleção recorrente e proporcionarem melhorias consistentes na produtividade ao longo dos próximos ciclos de seleção recorrente.

O rendimento médio de espigas comerciais (REC) de milho superdoce foi de 8.408,3 kg ha⁻¹. Para essa característica, a análise de agrupamento de médias dividiu as progênies em cinco grupos. O GI, com o melhor desempenho agrônômico para o REC, foi composto por 27

progênes de meio-irmãos (15,17%), com rendimento variando de 10.608,03 a 14.500,76 kg ha⁻¹. O GII, composto por 45 progênes (25,28%) com REC variando de 8.509,67 a 10.280,67 kg ha⁻¹. O GIII constituído por 75 progênes (42,13%), apresentou amplitude de 6.941,00 a 8.747,83 kg ha⁻¹. O GIV com 27 progênes (15,17%) com amplitude de 5.465,16 a 6.812,13 kg ha⁻¹. O pior desempenho para o rendimento de espigas comerciais foi do GV, que agrupou apenas quatro progênes de meio-irmãos (2,25%) com REC não superior a 3.453,56 kg ha⁻¹ (Tabela 12). Cintra (2021) ao avaliar a evolução deste caráter em progênes de meio-irmãos, visando a aptidão milho verde, no decorrer de cinco ciclos de seleção recorrente, constatou o progresso gradual da característica, com rendimento médio no primeiro ciclo de 3.719 kg ha⁻¹ e de 7.970 kg ha⁻¹ no quinto ciclo de seleção recorrente, evidenciando um ganho percentual de 214,3% ao longo dos ciclos seletivos.

Os resultados experimentais relativos a avaliação agrônômica deste conjunto de progênes de meio-irmãos de milho superdoce evidenciam a aptidão do germoplasma de milho para a qualidade comercial das espigas visando o mercado de consumo *in natura*. Na Figura 6 podem ser visualizados o padrão de espigas de milho superdoce em relação aos híbridos comerciais utilizados como controle experimental.

Figura 6: Padrão de espigas de milho superdoce.



Fonte: O autor. (A) Progênie P-47; (B) Progênie P-135; (C) Híbrido comercial Confeito® e (D) Híbrido comercial Isla®. Ponta Grossa, 2025.

A porcentagem média de espigas comerciais foi de 78,42%. Para a %EC, o teste de Scott-Knott, agrupou as progênies em dois grupos estatísticos. O GI, de melhor desempenho para %EC, com 99 progênies de meio-irmãos (55,62%), com %EC variando de 76,4 a 100%. O GII, menos adaptado ao padrão de espigas comerciais, foi composto por 79 progênies (44,38%), com %EC de 56,36 a 76,26 (Tabela 12). Albuquerque, Von Pinho e Silva (2008) ao avaliarem o desempenho de 32 genótipos experimentais e quatro cultivares comerciais para produção de milho verde em Ijaci-Minas Gerais, relataram para a variável %EC média de 42,19% para as cultivares comerciais e 54,63% para as cultivares experimentais, resultados inferiores aos obtidos nas progênies de milho superdoce do presente trabalho.

Tabela 12 - Distribuição das progênes de meio-irmãos nos grupos estatísticos de Scott-Knott para as variáveis: ciclo masculino (CM), estatura de planta (EST), altura de inserção da espiga principal (AIE), comprimento médio de espiga (CME), diâmetro médio de espiga (DME), massa média de espiga (MME), rendimento médio de espigas (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC) em função das progênes de meio-irmãos de milho superdoce. Ponta Grossa, 2025.

Grupos estatísticos	Int.	CM	NP ⁽¹⁾	EST	NP	AIE	NP	CME	NP	DME	NP	MME	NP	RET	NP	REC	NP	%EC	NP
		(dia)		(m)		(m)		(cm)		(cm)		(g)		(kg ha ⁻¹)		(kg ha ⁻¹)		(%)	
A	Sup	75,33	12	2,53	101	1,72	65	18,96	88	4,77	36	215,23	11	15.671,40	28	14.500,76	27	100,00	99
	Inf	74,00		2,18		1,44		17,26		4,40		184,23		12.316,66		10.608,03		76,40	
B	Sup	73,66	39	2,17	77	1,43	113	17,23	90	4,37	66	181,06	35	12.223,96	58	10.444,50	45	76,26	79
	Inf	72,33		1,82		1,21		15,30		4,23		167,30		10.307,33		8.839,96		56,36	
C	Sup	72,00	127							4,20	61	166,30	132	10.268,30	82	8.747,83	75		
	Inf	69,00								4,03		134,57		7.759,33		6.941,00			
D	Sup									4,00	15			7.385,76	10	6.812,13	27		
	Inf									3,73				4.663,47		5.465,16			
E	Sup															4.526,73	4		
	Inf															3.315,20			
Média/com.																			
Isla®		76,33		2,24		1,57		16,23		3,70		113,83		5.111,23		3.453,56		61,07	
Confeito®		75,66		2,53		1,72		15,70		3,83		110,76		4.300,23		3.042,86		62,90	

Fonte: O autor. Legenda: Int: intervalo; Sup: Superior; Inf: Inferior. Com.: Comerciais. ⁽¹⁾ Numero de progênes de meio-irmãos.

6.2.3 Dissimilaridade genética e agrupamento de genótipos pelo método UPGMA

A análise de agrupamento dos genótipos de milho superdoce pelo método UPGMA a partir dos dados da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) possibilitou a formação de grupos de genótipos de acordo com o índice de dissimilaridade (Figura 7). Os dados da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) evidenciaram que as progênies 34 e 67 foram as mais próximas e os genótipos mais divergentes as progênies 43 e 179.

Para determinação dos grupos foi utilizado o método de Mojena (1977), calculando o ponto de corte do dendrograma com base no tamanho relativo dos níveis de fusões. Utilizando a constante $k=1,25$, o ponto de corte foi determinado a 32,19% de dissimilaridade (Figura 7). A partir do ponto de corte foi possível visualizar a formação de nove grupos dissimilares (GI a GIX) e sete progênies de meio-irmãos isoladas (125, 60, 83, 72, 31, 153, 167) (Figura 7).

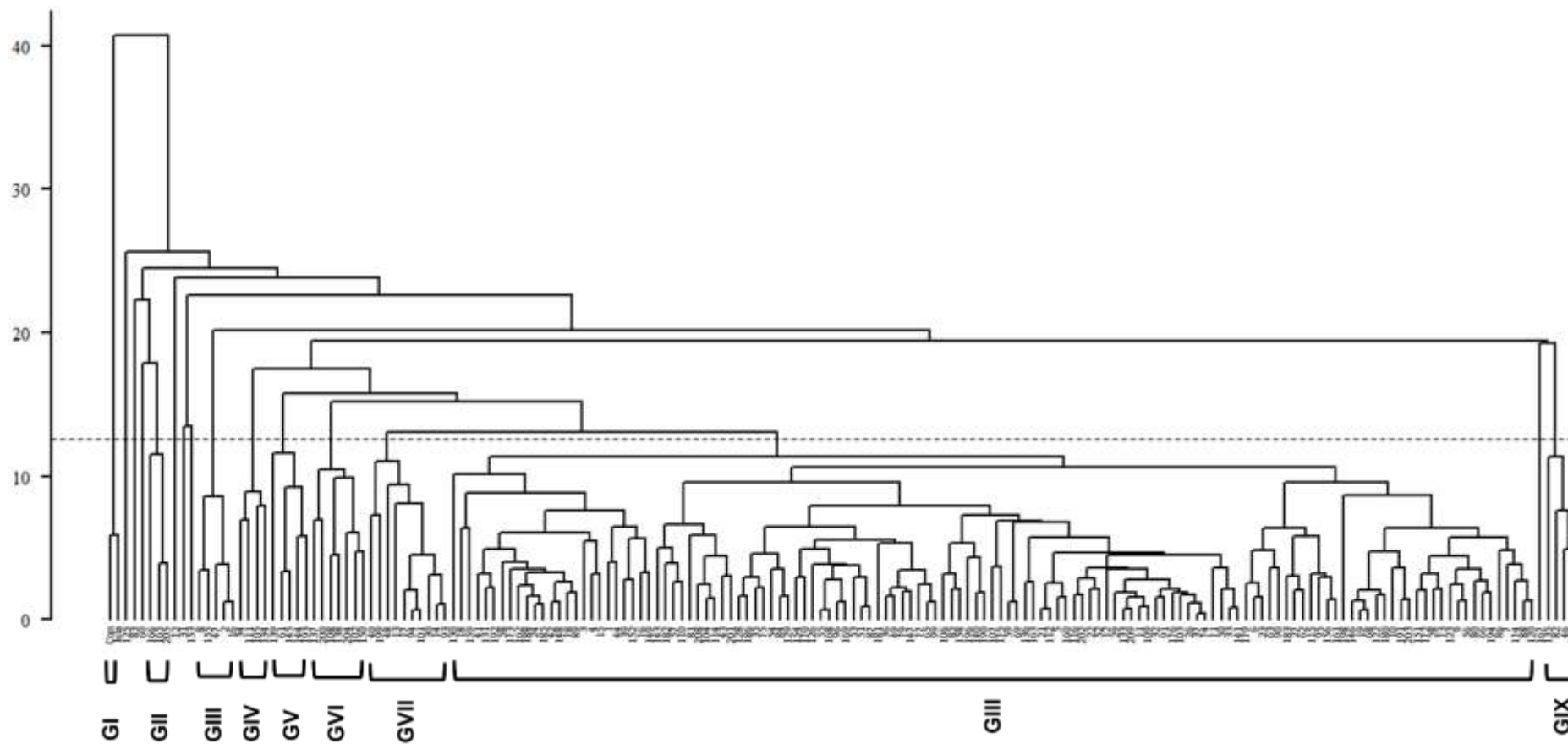
O GI foi composto pelos dois híbridos comerciais utilizados como testemunhas: Confeito® e Isla®. O GII reuniu as progênies 166, 165 e 205. No GIII com cinco progênies (8, 155, 47, 2 e 16). O GIV constituído pelas progênies 34, 111, 105 e 134. O GV formado por cinco progênies (139, 61, 145, 144 e 193). O GVI pelas progênies 137, 200, 108, 138, 204, 102 e 150. O GVII formado por dez progênies (40, 199, 48, 13 17, 94, 101, 30, 14, 93). O maior grupo (GVIII), foi constituído por 133 (73,89%) progênies de meio-irmãos e por fim o GIX apenas pelas progênies 135, 82, 46 e 121 (Tabela 13).

Tabela 13 - Composição dos grupos de progênies de milho superdoce obtidos a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA com base na distância quadrada generalizada de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.

Grupos	N	Genótipos														
I	2	Confeito®	Isla®													
II	3	166	165	205												
III	5	8	155	47	2	16										
IV	4	34	111	105	134											
V	5	134	61	145	144	193										
VI	7	137	200	108	138	204	102	150								
VII		40	199	48	13	17	94	101	30	14	93					
VIII	133	130	18	159	41	131	192	58	173	162	188	24	185	42	148	78
		89	3	4	15	1	44	39	152	76	149	143	182	57	110	81
		208	104	114	43	201	128	186	35	25	54	84	129	154	170	126
		55	168	96	169	53	51	87	181	36	49	79	142	77	65	99
		106	85	158	196	140	190	107	175	59	69	136	163	21	112	5
		160	116	202	22	52	12	29	133	209	11	109	32	91	176	103
		26	37	74	71	50	33	141	179	6	23	63	90	183	27	62
		115	95	156	161	198	146	19	68	122	180	10	191	203	151	172
		28	73	123	9	56	80	66	194	86	7	124	88	120		
IX	4	135	82	46	121											
NA	7	125	60	83	72	31	153	167								

(N) número de genótipos no grupo. (NA) Não agrupados

Figura 7: Análise de agrupamento (UPGMA) a partir da distância genética de Mahalanobis entre 180 genótipos de milho superdoce.



Fonte: O autor. Coeficiente de correlação cofenética: $r = 0.7103$. A linha horizontal tracejada representa o corte estimado pelo método de Mojema (1977). Ponta Grossa, 2025.

A identificação da contribuição de cada variável fenotípica na dissimilaridade genética observada entre os genótipos avaliados, foi feita com base na estimativa da contribuição relativa de cada característica ($\hat{S}_j$) (Tabela 14).

Tabela 14 - Contribuição relativa de nove características para a divergência entre os 180 genótipos de milho superdoce pela estatística ($\hat{S}_j$) proposta por Singh (1981). Ponta Grossa, 2025.

Características	$\hat{S}_j$	Contribuição relativa (%)
CM	32369,58	14,46
EST	15792,55	7,06
AIE	18423,02	8,23
CME	33836,93	15,12
DME	28992,93	12,96
MME	28957,36	12,94
RET	32320,23	14,44
REC	22704,35	10,15
%EC	10391,54	4,64

(CM) ciclo masculino, (EST) Estatura de plantas, (AIE) Altura de inserção da espiga principal, (CME) comprimento médio de espigas, (DME) diâmetro médio de espigas, (MME) massa média de espigas, (RET) rendimento de espigas total, (REC) rendimento de espigas comerciais e (%EC) porcentagem de espigas comerciais.

A variável que exerceu a maior contribuição relativa foi o comprimento médio de espigas CME (15,12%), seguida pelo ciclo masculino CM (14,46%) e diâmetro médio de espiga DME (12,96%). Por outro lado, as características com menor contribuição foram as variáveis porcentagem de espigas comerciais %EC (4,64%), estatura de plantas EST (7,06%), e altura de inserção de espiga principal AIE (8,23%) (Tabela 14).

De acordo com Cruz e Carneiro (2003), a divergência genética desempenha um papel fundamental no entendimento da variabilidade genética das populações, permitindo o monitoramento de bancos de germoplasmas e fornecendo informações essenciais para a conservação e utilização dos acessos. Com base em Alves *et al.* (2003), o interesse em avaliar a importância relativa dos caracteres está na possibilidade de eliminar aqueles que têm pouca contribuição para a discriminação do material avaliado, reduzindo, assim, o tempo, a mão de obra e os custos envolvidos na experimentação. Desta forma, a variável eliminada neste experimento seria a porcentagem de espigas comerciais (%EC) (Tabela 14).

A respeito dos resultados médios para cada grupo é possível observar na Tabela 15 que o GI, composto apenas pelos híbridos comerciais, apresentaram resultados inferiores para

a grande maioria das características fenotípicas, indicando o alto potencial das progênes de meio-irmãos para a aptidão milho verde e também evidenciando o quão dissimilares os híbridos são das progênes de meio-irmãos do germoplasma de milho superdoce. Silva *et al.* (2016), por meio da análise de agrupamento de genótipos de milho verde pelo método UPGMA teve como resultado a formação de onze grupos dissimilares geneticamente, no qual detectou para as cultivares comerciais AG 1051 e Cativerde 02 a maior distância genética perante as progênes avaliadas no experimento.

Tabela 15 – Desempenho médio das nove variáveis fenotípicas nos respectivos grupos obtidos pelo Método UPGMA. Ponta Grossa, 2025.

Grupos	Nº	%	CM (dias)	EST (m)	AIE (m)	CME (cm)	DM (cm)	MME (g)	RET (kg)	REC (kg)	EC (%)
GI	2	1,11	76,00	2,38	1,65	15,96	3,75	112,30	4.705,74	3.248,21	61,98
GII	3	1,66	73,78	2,22	1,40	16,92	4,14	142,00	5.541,64	4.395,95	75,74
GIII	5	2,77	70,73	2,36	1,55	18,24	4,53	199,89	13.093,28	11.454,49	80,54
GIV	4	2,22	71,25	1,92	1,48	17,57	4,27	163,84	9.008,97	7.972,79	83,98
GV	5	2,77	72,67	2,12	1,35	17,54	3,89	146,32	8.589,36	6.722,30	72,18
GVI	7	3,89	70,48	2,23	1,46	16,54	4,27	160,15	13.424,93	9.942,10	72,32
GVII	10	5,56	71,50	2,13	1,38	16,10	4,36	161,49	10.562,71	7.764,41	65,54
GVIII	133	73,88	71,40	2,20	1,42	17,29	4,24	160,91	10.202,00	8.352,24	77,53
GIX	4	2,22	70,42	2,12	1,36	18,24	4,09	163,90	12.826,94	11.899,94	88,90
31	1	0,56	70,00	2,06	1,51	15,82	4,46	143,83	8.925,00	6.982,79	72,71
60	1	0,56	74,33	2,13	1,34	18,82	3,99	147,58	5.348,33	3.315,19	90,48
72	1	0,56	75,33	2,19	1,36	16,52	3,81	151,61	10.982,54	8.702,50	80,43
83	1	0,56	74,00	2,15	1,38	18,82	3,91	135,55	9.671,85	9.249,17	95,06
125	1	0,56	70,67	2,14	1,37	16,26	4,22	152,02	7.091,54	8.022,65	68,65
153	1	0,56	70,67	2,04	1,32	16,91	4,53	159,23	10.439,81	6.319,44	67,95
167	1	0,56	70,00	1,96	1,24	17,43	4,42	189,89	10.375,21	10.375,21	100,00

% representatividade do grupo em porcentagem em relação ao agrupamento do conjunto de 180 genótipos pelo método UPGMA.

A análise das médias dos grupos gerados pelo método UPGMA, mostrou que para as nove variáveis fenotípicas os grupos III e IX evidenciaram resultados de maior destaque para a produção de milho verde. O GIII com maior potencial para o diâmetro médio de espigas (4,53 cm), massa média de espigas (199,89 g), e os segundos melhores resultados para o rendimento total de espigas (13.093,28 kg ha⁻¹) e para o rendimento comercial de espigas (11.454,49 kg ha⁻¹). O GIX demonstrou o melhor resultado para a maior precocidade do ciclo masculino (70,42 dias), maior rendimento comercial de espigas (11.899,94) e maior % de espigas comerciais (88,9%) (Tabela 15). Dentre as progênies não agrupadas a 31 apresentou resultado mais satisfatório como maior precocidade no ciclo masculino (70 dias), segunda maior estatura de planta (2,06 m) e também maior diâmetro médio de espigas (4,46 cm). Do mesmo modo, a progênie 167 obteve os melhores resultados para estatura de planta (1,96 m) e % de espigas comerciais (100%) (Tabela 15).

6.2.4 Agrupamento pelo método de Otimização de Tocher

O agrupamento pelo método de Otimização de Tocher, a partir da distância quadrada generalizada de Mahalanobis, organizou as progênies em nove grupos distintos e seis progênies isoladas (Tabela 16), demonstrando similaridade em comparação ao número de grupos formado pelo método UPGMA no dendrograma que foi formado por nove grupos e mais sete progênies isoladas (Figura 7).

O GI agrupou o maior número de progênies com um total de 151 progênies. O GII com cinco progênies; o GIII com quatro progênies, já no GIV foram agrupadas somente os híbridos comerciais Confeito® e Isla®. O GV e GVI agruparam três progênies cada, enquanto o GVII, GVIII e GIX foram formados por duas progênies cada (Tabela 16).

Os métodos de agrupamento UPGMA e Tocher apesar das diferenças nos critérios de formação dos grupos, apresentaram certa correspondência na organização das progênies entre os métodos. Entre as semelhanças, destaca-se que ambos os métodos alocaram os híbridos comerciais Confeito® e Isla® no mesmo grupo (GIV no UPGMA e Grupo IV no Tocher), evidenciando concordância na distinção desses materiais em relação às progênies avaliadas. Além disso, as progênies 34, 111 e 105, que formaram o GIV no UPGMA, foram agrupadas juntas também no método de Tocher (Grupo V). O mesmo ocorreu com as progênies 150, 200 e 204, que estavam no grupo GVI no UPGMA (Tabela 13) e permaneceram juntas no Grupo VI no método de Tocher (Tabela 16).

Por outro lado, houve diferenças na distribuição de algumas progênies que

permaneceram isoladas pelo UPGMA, como 125, 60 e 83 (Tabela 13), foram incorporadas em grupos menores pelo Tocher (Tabela 16). Pequenas diferenças entre os métodos ocorrem devido a forma distinta em realizar o cálculo da variabilidade genética, no entanto, a similaridade entre os genótipos os aproximam (Büttow *et al.*, 2010).

Tabela 16 - Agrupamento dos 180 genótipos de milho superdoce pelo método de otimização de Tocher, baseado em caracteres de produção e a distância genética de Mahalanobis. Ponta Grossa, 2025.

Grupos	N	Genótipos
I	151	37, 74, 26, 141, 33, 32, 91, 209, 11, 109, 103, 87, 133, 176, 116, 52, 169, 65, 51, 53, 12, 22, 5, 21, 160, 112, 182, 9, 123, 89, 202, 29, 183, 99, 42, 188, 96, 106, 14, 85, 185, 163, 136, 168, 49, 147, 28, 77, 75, 36, 110, 174, 41, 161, 50, 173, 191, 192, 172, 180, 73, 56, 24, 140, 79, 194, 158, 151, 88, 148, 43, 126, 7, 104, 128, 156, 190, 78, 146, 162, 19, 27, 120, 196, 149, 17, 55, 76, 80, 59, 201, 71, 175, 122, 68, 107, 93, 186, 159, 58, 131, 114, 4, 69, 208, 84, 15, 203, 23, 155, 66, 205, 170, 35, 63, 6, 62, 143, 61, 138, 81, 3, 39, 90, 115, 199, 95, 57, 44, 129, 152, 101, 54, 181, 94, 154, 137, 121, 10, 139, 86, 134, 46, 108, 40, 1, 13, 102, 30, 82, 130
II	5	2, 16, 47, 18, 8
III	4	144, 193, 145, 83
IV	2	Confeito, Isla
V	3	34, 111, 105
VI	3	150, 204, 200
VII	2	72, 179
VIII	2	165, 166
IX	2	31, 153
	1	48
	1	167
	1	198
	1	60
	1	125
	1	135

(N) número de progênies que compõem o grupo.

A Tabela 17 apresenta a análise das médias fenotípicas das variáveis dentro dos grupos formados pelo método de Otimização de Tocher para as progênies de milho superdoce. O GII foi o que mais se destacou para o diâmetro médio de espigas (4,59 cm), e massa média de espigas (201,50 g), e com o segundo melhor desempenho para rendimento comercial

(11.838,34 kg ha⁻¹). O grupo V teve a menor média de estatura de plantas (1,88 m). O GIX teve o segundo melhor resultado para ciclo masculino (70,33 dias) e diâmetro médio de espigas (4,49 cm). Dentre as progênies isoladas a 167 teve destaque para a precocidade do ciclo masculino (70 dias) e maior valor para porcentagem de espigas comerciais (100%), e os segundos melhores desempenhos para estatura de planta (1,96 m), altura de inserção de espiga principal (1,24 m) e massa média de espigas (189,89 kg ha⁻¹). A progênie 135 obteve destaque com as melhores médias para altura de inserção de espiga principal (1,21 m) rendimento total (15.181,75 kg ha⁻¹) e rendimento comercial (14.500,79 kg ha⁻¹) e segundos melhores desempenhos para o comprimento médio de espigas (18,53 cm) e porcentagem de espigas comerciais (94,44%). Grupos compostos por um número reduzido de genótipos sugerem uma maior divergência em relação aos demais, o que pode favorecer sua seleção em programas de melhoramento genético (Coelho *et al.*, 2019).

A análise dos grupos e das progênies que os compõem, bem como do desempenho médio de cada um deles, pode auxiliar na escolha de genitores visando melhores combinações e ganhos no processo de seleção. De acordo com Dias *et al.* (2018) progênies reunidas em grupos mais distantes sugerem maior grau de dissimilaridade, indicando potencial em cruzamentos artificiais. No entanto, também é necessário que os genitores associem média elevada e variabilidade nas características que estejam sendo melhoradas. Carpentieri-Pípolo *et al.* (2000), destacam que as melhores combinações híbridas a serem testadas em programas de melhoramento devem envolver parentais tanto divergentes como de elevada performance média.

Tabela 17 – Desempenho médio dos grupos de progênies de milho superdoce e híbridos comerciais, obtidos pelo Método de Otimização de Tocher para as variáveis avaliadas. Ponta Grossa, 2025.

Grupos	N	%	CM (dias)	EST (m)	AIE (m)	CME (cm)	DME (cm)	MME (g)	RET (kg)	REC (kg)	%EC
I	151	83,90	71,66	2,19	1,41	17,23	4,24	160,92	10.286,48	8.506,35	76,69
II	5	2,78	70,67	2,34	1,55	18,05	4,59	201,50	13.446,12	11.838,34	83,04
III	4	2,22	72,92	2,13	1,35	18,04	3,86	141,69	8.720,90	7.648,40	81,91
IV	2	1,11	76,00	2,38	1,65	15,96	3,75	112,30	4.705,74	3.248,21	61,98
V	3	1,67	71,33	1,88	1,45	17,56	4,22	159,09	8.531,90	7.519,95	84,78
VI	3	1,67	70,78	2,20	1,43	16,36	4,30	158,78	14.314,77	10.566,32	68,33
VII	2	1,11	75,17	2,22	1,45	16,58	3,92	146,77	10.829,06	8.619,46	76,30
VIII	2	1,11	74,00	2,25	1,42	16,64	4,15	142,15	4.834,00	3.676,42	73,89
IX	2	1,11	70,33	2,05	1,41	16,37	4,49	151,53	9.682,41	6.651,11	70,33
48	1	0,56	71,00	2,30	1,55	15,44	4,33	166,33	8.852,08	6.812,15	71,58
167	1	0,56	70,00	1,96	1,24	17,43	4,42	189,89	10.375,21	10.375,21	100,00
198	1	0,56	74,00	2,47	1,71	18,27	4,10	157,02	9.001,44	7.965,89	82,14
60	1	0,56	74,33	2,13	1,34	18,82	3,99	147,58	5.348,33	3.315,19	90,48
125	1	0,56	70,67	2,14	1,37	16,26	4,22	152,02	7.091,54	8.022,65	68,65
135	1	0,56	70,67	1,98	1,21	18,53	3,98	163,94	15.181,75	14.500,79	94,44

(CM) Ciclo masculino, (EST) Estatura de plantas, (AIE) Altura de inserção da espiga principal, (CME) Comprimento médio de espigas, (DME) Diâmetro médio de espigas, (MME) Massa média de espigas, (RET) rendimento total de espigas ha⁻¹, (REC) rendimento comercial de espigas (%EC) % espigas comerciais. (N) número de genótipos que compõem o grupo.

6.2.5 Análise dos componentes principais (ACP)

A análise de componentes principais (ACP) tornou possível, a partir das nove variáveis analisadas para as 178 progênies de meio-irmãos e duas testemunhas comerciais, reduzir a dimensão para três componentes principais, os quais explicaram 76,82 % da variação fenotípica total das variáveis estudadas. Os autovetores do CP1, CP2 e CP3 apresentaram percentuais de variância explicada de 37,73, 21,33 e 17,76%, respectivamente (Tabela 18). Tais resultados são coerentes com o que salienta Rencher (1992) de que o primeiro componente é o que retém maior quantidade de explicação dos dados, seguido da ordem de importância até o último de menor autovalor.

Tabela 18 - Estimativas dos autovalores λ_j associados aos componentes principais, importância relativa λ_j (%) e a variância fenotípica total acumulada (%). Ponta Grossa, 2025.

Componentes Principais	λ_j	λ_j (%)	Variância acumulada (%)
CP1	3,40	37,73	37,73
CP2	1,92	21,33	59,06
CP3	1,60	17,76	76,82
CP4	0,85	9,41	86,23
CP5	0,55	6,09	92,32
CP6	0,30	3,65	95,67
CP7	0,24	2,69	98,36
CP8	0,12	1,36	99,68
CP9	0,03	0,32	100,00

O maior coeficiente, dentre os autovetores, para o CP1 foi o REC (0,4824), ou seja, este teve maior influência na formação deste componente, seguido pelo MME (0,4645) e RET (0,4372) (Tabela 19), sendo estas variáveis relacionadas ao rendimento de espigas.

Para o CP2 os maiores coeficientes dos autovetores foram obtidos para AIE (0,5893), EST (0,5863) e CM (0,4002) (Tabela 19), que representaram mais de 85 % da importância relativa para este componente principal. Nas áreas de maior influência dos vetores (Figura 8B) para essas variáveis houve relação com maior altura e ciclo mais longo. Características essas que não são desejáveis por dificultarem/prolongarem a colheita impossibilitando o uso da área para outros plantios. Por exemplo, as testemunhas comerciais Isla® e Confeito® que obtiveram maiores valores para ciclo masculino (76,33 e 75,66 dias), foram fortemente relacionadas ao vetor que representa a variável CM no CP2 (Figura 8A e B). Bem como a progênie 198 que apresentou maior AIE (1,71 m) e a progênie 86 com maior estatura (2,48 m), se relacionaram fortemente aos vetores representantes destas variáveis (Figura 8A e B). Dubberstein (2019) reforça que quanto maior o vetor, maior a influência da variável no agrupamento, e quanto menor o ângulo entre os vetores, maior a correlação entre as variáveis. Neste sentido, evidencia-se que para o CP2 é necessário selecionar progênies no sentido oposto da direção de seus vetores, já que direcionam, na sua região mais influente, a progênies com características indesejadas.

Tabela 19 – Autovetores dos três primeiros componentes principais e a importância relativa de cada variável fenotípica para a formação do componente principal, Ponta Grossa, 2025.

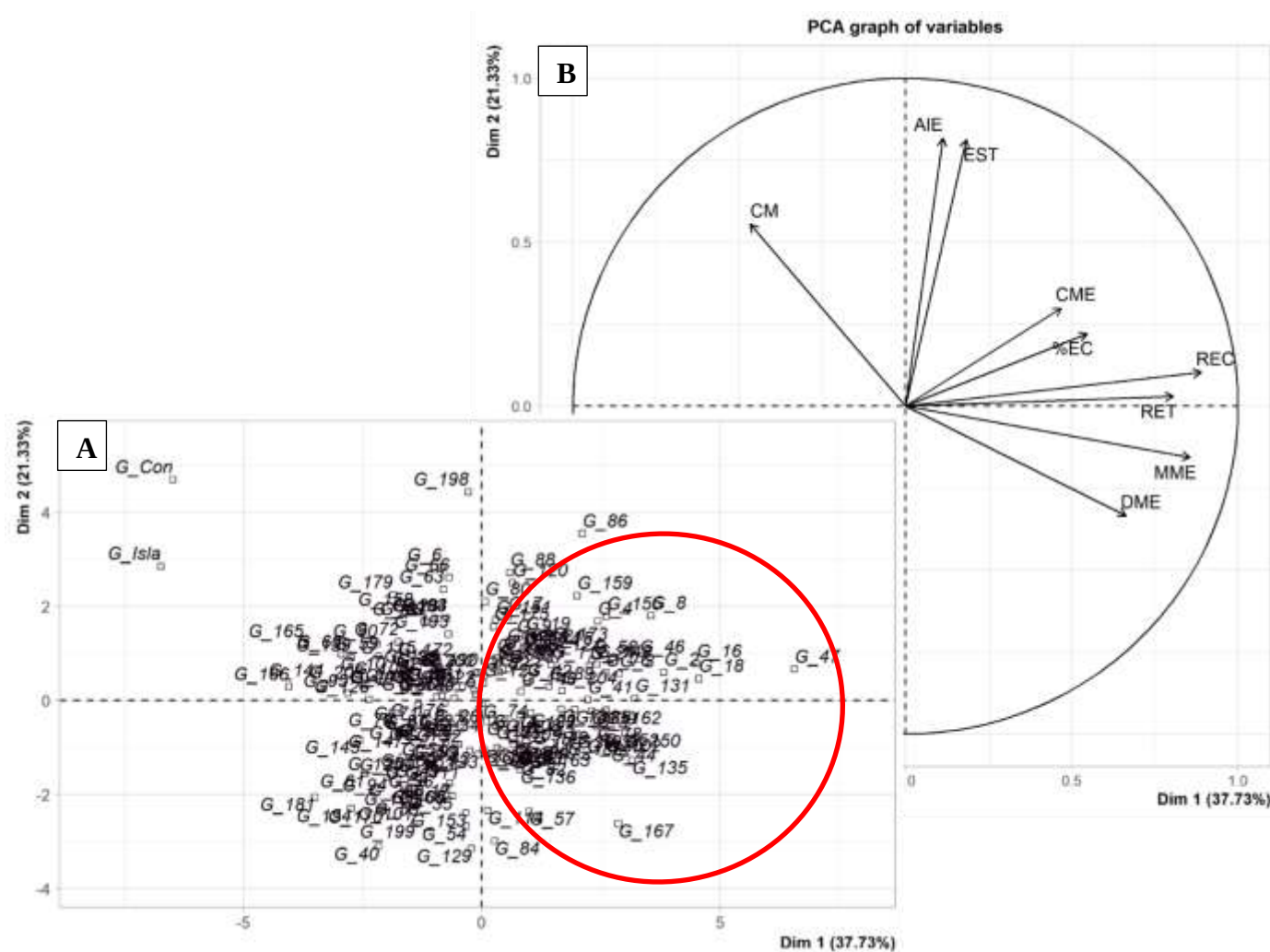
Variáveis	CP1		CP2	
	Autovetor	%	Autovetor	%
CM (dias)	-0,2536	6,43	0,4002	16,02
EST (m)	0,0994	0,99	0,5863	34,37
AIE (m)	0,061	0,37	0,5893	34,73
CME (cm)	0,2544	6,47	0,2155	4,64
DME (cm)	0,3603	12,98	-0,2415	5,83
MME (g)	0,4645	21,58	-0,1133	1,28
RET (kg ha ⁻¹)	0,4372	19,11	0,021	0,04
REC (kg ha ⁻¹)	0,4824	23,27	0,074	0,55
%EC (%)	0,2966	8,80	0,1592	2,53

(%) importância relativa da variável para a formação do componente principal, ciclo masculino (CM), estatura de plantas (EST), altura de inserção da espiga (AIE), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), massa média de espigas (MME), rendimento total de espigas (RET), rendimento de espigas comerciais (REC) e porcentagem de espigas comerciais (%EC).

A análise de componentes principais foi utilizada como parâmetro para decidir quais as progênies tiveram melhor desempenho médio, tendo em vista que os autovetores que mais contribuíram para formação do primeiro componente principal foram REC, MME e RET. Assim, foram escolhidas as 53 progênies que obtiveram maior destaque positivo para estas variáveis, simbolizando uma intensidade de seleção de 30% sobre o conjunto inicial de progênies.

As progênies com escores dos componentes principais que apresentaram maiores valores no eixo x (CP1) e menores valores no eixo y (CP2) apresentaram maior potencial tanto para o rendimento de espigas de milho verde, quanto para características agrônômicas de interesse com menor estatura, altura de inserção de espiga principal e ciclo masculino. Este resultado é coerente com a dispersão observada no gráfico dos escores (Figura 8A), no qual as progênies de meio-irmãos mais próximas do primeiro e quarto quadrante foram circuladas

Figura 8: Escores das progênies de milho superdoce e influência das variáveis nos dois primeiros componentes principais.



Fonte: O autor. (A) Gráfico de dispersão das progênies de milho superdoce distribuídas nos dois primeiros componentes principais. (B) Gráfico de contribuição das variáveis para os dois primeiros componentes principais. Ponta Grossa, 2025

No que diz respeito ao ganho percentual com a seleção artificial, verificou-se para as variáveis REC (18,42%), RET (16,39%), MME (6,52%) (Tabela 20) os resultados mais expressivos, que totalizaram 41,33% dos ganhos possíveis para seleção ligada ao potencial produtivo. Berilli *et al.* (2013) ao avaliar progênies de irmãos completos no primeiro ciclo de seleção recorrente entre as populações de milho CIMMYT e Piranão obteve os maiores ganhos para o caráter produtividade de grãos, em torno de 12,9%.

A análise de componentes principais foi assertiva ao agrupar no primeiro componente principal a maior parte da variância, correlacionando as principais variáveis com potencial para obtenção de ganhos percentuais mais destacados. As técnicas multivariadas podem ser aplicadas em programas de melhoramento genético, adquirindo grande importância no estudo da diversidade genética e na seleção de genótipos superiores, por serem capazes de unir informações de um conjunto de caracteres de interesse (Cruz *et al.*, 2012).

Os resultados para a média melhorada esperada ($\bar{X}_m$) evidenciaram destaque para o rendimento total de espigas (RET), com uma média melhorada de 11.969,3 kg ha⁻¹. Da mesma forma, para o rendimento de espigas comerciais (REC), obteve-se uma média melhorada de 10.094,65 kg ha⁻¹. Além disso, a massa média de espigas (MME) apresentou um valor estimado de 171,66 g (Tabela 20).

Esses resultados evidenciam que a seleção aplicada foi eficiente na obtenção de genótipos com maior produtividade, indicando o potencial das progênies de meio-irmãos de milho superdoce avaliadas para o mercado de espigas de milho verde para consumo *in natura*.

Tabela 20 - Estimativas de parâmetros genéticos associados ao conjunto de progênies de milho superdoce selecionadas a partir dos escores do CP1. Ponta Grossa, 2025.

Variáveis	Y ₀	Y _s	h ²	Ds	GS	GS%	$\bar{X}m$
CM (dias)	71,69	70,39	0,70	-1,3	-0,91	-1,27	70,78
EST (m)	2,19	2,05	0,42	-0,14	-0,06	-2,74	2,13
AIE (m)	1,42	1,31	0,47	-0,11	-0,05	-0,04	1,37
CME (cm)	17,25	18,16	0,70	0,91	0,64	3,71	17,89
DME (cm)	4,24	4,43	0,71	0,19	0,13	3,07	4,37
MME (g)	161,15	176,60	0,68	15,45	10,51	6,52	171,66
RET (kg ha ⁻¹)	10.283,45	12.561,63	0,74	2.278,18	1.685,85	16,39	11.969,3
REC (kg ha ⁻¹)	8.524,66	10.705,20	0,72	2.180,54	1.569,99	18,42	10.094,65
%EC	77,14	85,98	0,44	8,84	3,89	5,04	81,03

(Y₀) média original, (Y_s) média das progênies selecionadas, (h²) herdabilidade no sentido amplo, (ds) diferencial de seleção, (GS) ganho esperado com a seleção, (GS%) ganho esperado com a seleção em porcentagem, ($\bar{X}m$) média da população melhorada, (CM) ciclo masculino, (EST) estatura de plantas, (AIE) altura de inserção de espiga principal, (CME) comprimento médio de espigas, (DME) diâmetro médio de espigas, (MME) massa média de espigas, (RET) rendimento total de espigas, (REC) rendimento de espigas comerciais, (%EC) porcentagem de espigas comerciais.

7 CONCLUSÕES

O presente estudo evidenciou a importância da seleção recorrente para a obtenção de genótipos superiores de milho verde e superdoce, com aptidão para o consumo *in natura*. As progênies avaliadas demonstraram potencial genético, pelos bons resultados para adaptação agronômica, rendimento de espigas e potencial genético das progênies nos dois germoplasmas de milho.

A boa adaptação agronômica e o alto rendimento de espigas das progênies indicam variabilidade genética favorável à seleção para ambos os germoplasmas.

Os métodos de agrupamento UPGMA e Otimização de Tocher foram eficientes ao reunir genótipos com maior similaridade com base em suas características fenotípicas. Enquanto a análise de componentes principais permitiu reduzir as variáveis estudadas, facilitando a seleção de características relevantes.

Os genótipos selecionados demonstraram potencial para uso em futuros ciclos de seleção recorrente e no desenvolvimento de variedades de polinização aberta melhoradas. A seleção artificial mostrou-se eficiente na obtenção de ganhos genéticos significativos, contribuindo para o incremento da produtividade de espigas e da qualidade do milho verde. Assim, este estudo reforça a importância do melhoramento genético para a obtenção de variedades mais produtivas e adaptadas às demandas do mercado e às condições de cultivo dos produtores, contribuindo para a competitividade e sustentabilidade da agricultura.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, R. G.; SILVA, R. Produtividade de híbridos de milho verde experimentais e comerciais. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 24, n. 2, p. 69-76, abr./jun. 2008.
- ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. F.; CRUZ, E. D.; FIGUEIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 7, p. 807-818, 2003.
- ANDEEP, S.; BHARATHI, M.; REDDY, V. N. Principal Component Analysis in Inbreds of Maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Pure and Applied Bioscience**, v. 5, n. 4, p. 2008-2013, 2017.
- ARTUZO, F. D.; FOGUESATTO, C. R.; MACHADO, J. A. D.; OLIVEIRA, L.; SOUZA, Â. R. L. O potencial produtivo brasileiro: uma análise histórica da produção de milho. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, Maringá, v. 12, n. 2, p. 515-540, abr./jun. 2019.
- AZEVEDO, A. M. Package ‘MultivariateAnalysis’. **CRAN Repositoty**, v 0.4.4, 2021. Disponível em <<https://CRAN.R-project.org/package=MultivariateAnalysis>>. Acesso em: 22 dez. 2024.
- BARBIERI, V. H. B.; LUZ, J. M. Q.; BRITO, C. H.; DUARTE, J. M.; GOMES, L. S.; SANTANA, D. G. Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamento e populações de plantas. **Horticultura Brasileira**, v. 23, p. 826-830, 2006.
- BARCZSZ, S. S.; SERRA, E. Caracterização socioeconômica da cadeia agroindustrial do milho no município de Sapezal–MT. In: **X Encontro Internacional de Produção Científica 2017**. Disponível em: < <http://rdu.unicesumar.edu.br/handle/123456789/1220> >. Acesso em 29 de out, 2024.
- BELLO, O. B.; ABDULMALIQ, S. Y.; AFOLABI, M. S. Correlation and path coefficient analysis of yield and agronomic characters among open pollinated maize varieties and their hybrids in a diallel cross. **African Journal of Biotechnology**, v. 9, n. 18, p. 2633–2639, 2010.
- BERILLI, A. P. C. G.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. S.; COSTA, F. R.; CUNHA, K. S. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum: Agronomy**, v. 35, n. 4, p. 435–441, 2013.
- BERTAN, I.; KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; SILVA, G. O.; COSSA, M. L. Estimativa do ganho genotípico por meio de seleção em geração segregante de aveia. **Scientia Agraria**, v. 5, n. 1-2, p. 29-33, 2004.
- BONOMO, P.; SAMPAIO, N.F.; VIANA, J.S.M.; BORÉM, A. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos na população de milho palha roxa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 17, n. 272, p. 383-392, 2000.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 2 ed. Editora UFV. Viçosa. p.453, 1998.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7.ed, Viçosa: Editora UFV, 2017, 543p.

BOREÉM, A. M; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. Editora UFV. Universidade Federal de Viçosa, 6ª edição, 2013, 523p.

BORDALLO, P. N.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JUNIOR, A. T.; GABRIEL, A. P. C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira, Brasília**, v. 23, n. 1, p. 123-127, 2005.

BÜTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F. I. F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**, v. 40, n. 6, p. 1264-1269, 2010.

CARDOSO, E. T.; SERENO, M. J. C. de M.; BARBOSA NETO, J. F. Heritability estimates for quality and ear traits in sweet corn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 4, p. 493-498, 2002.

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

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

CARPENTIERI-PÍPOLO, V. *et al.*. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p.1613-1619, 2000.

CEASA – PR. **Centrais de Abastecimento do Paraná - Volumes Comercializados nas Unidades Atacadistas**. 2023. Disponível em: http://celepar7.pr.gov.br/ceasa/evolucao_das_unidades.asp. Acesso em: 05 de jun. 2024.

CINTRA, P. H. N.; RESENDE, C. L. P.; DAMASO, L. F.; CARVALHO, D. D. C.; SILVA, F. C.; RODRIGUES, F. Five cycles of intrapopulation recurrent selection in half-sib progenies of fresh corn. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 36, n. 3, p. 723-730, jul.-set. 2023. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252023v36n324rc>.

CINTRA, P. H. N. **Seleção recorrente intrapopulacional de meios-irmãos de milho visando o consumo fresco**. 2021. 29 p. Dissertação (Mestrado - Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal) – Universidade Estadual de Goiás, Ipameri, 2021.

CLIFFORD, H, T, ; STEPHENSON, W, An introduction to numerical classification. **Academic Press**, Londres, 1975. p, 229.

CLIMATEMPO. **Climatologia e histórico de previsão do tempo em Ponta Grossa, BR**. Disponível em: <<https://www.climatempo.com.br/climatologia/279/pontagrossa-pr>>. Acesso em: 6 jan. 2025.

COELHO, D. R. *et al.*. Genetic Divergence in Corn Genotypes in the South of the State of Pará. **International Journal of Advanced Engineering Research and Science**, v. 6, n. 6, p. 471-475, 2019. Disponível em: <http://doi.org/10.22161/ijaers.6.6.48>.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos | v.10 – safra 2022/23, n 5 – sexto levantamento**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Outubro 2024. Acesso em 29 de outubro de 2024.

CONTI, L. **Avaliação de genótipos de milho em diferentes sistemas de cultivo**. 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2021. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/215991>. Acesso em: 5 jan. 2025.

CORCIOLI, G.; DE PAULA, H. T. A.; SILVEIRA, F. C.; ROSA, D. F. M. **Estudos em Agronegócio: participação brasileira nas cadeias produtivas - V. 5.** - Gabriel da Silva Medina, José Elenilson Cruz (orgs.). - Goiânia / Kelps, 2021, 390 p.:ISBN:978-65-5859-343-0.

COSTA, M. L.; CÂNDIDO, W. S.; PINTO, J. F. N.; SILVA, C. M.; SILVA, B. E. A.; REIS, E. F. Genetic variability and recurrent selection in corn population with potential for green corn production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 4, p. e38332149, 2021.

COUTO, C. A. *et al.*. Desempenho de cultivares de milho destinados para produção de milho verde e silagem. **Journal of Social, Technological and Environmental Science**, v. 6, n. 1, p. 232-251, 2017.

CREMONINI, G. **Melhoramento genético de milho superdoce**. 2013. 159 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2013.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 525 p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, D. F.; PESSONI, L. A. **Análise multivariada aplicada a dados quantitativos**. Viçosa, MG: UFV, 2011. 320p.

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

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

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

CRUZ, C. D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.38, n.4, p.547-552, 2016.

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

DAHER, R. F.; ZONTA, E. P.; ZONTA, F. M. M. Análise multivariada na avaliação de genótipos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 9, p. 789-796, 1997.

DALLASTRA, A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; FERRAUDO, A. S.; DI MAURO, A. O. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 3, p. 588-597, 2014.

DIAS, M. A. R.; MELO, A. V.; SANTOS, V. M.; SANTOS, D. P. S.; NUNES, H. V. Divergência genética entre progênies de milho na região centro-sul do estado do Tocantins. **Revista Engenharia na Agricultura**, v. 26, n. 6, p. 483-496, 2018.

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

DUBBERSTEIN, D. **Diversidade genética de 43 genótipos de *Coffea canephora*; e implicações do aumento de temperatura e déficit hídrico ao *Coffea spp.*** 2019. 168 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias e Engenharias, Alegre, 2019.

DUTRA, V. H. N. **Tendências da oferta e demanda mundial de milho e seus impactos na cadeia produtiva do agronegócio brasileiro.** 2017. Trabalho de Conclusão de Curso (Especialização em Agronegócio) – Departamento de Economia Rural e Extensão, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2017.

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

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos.** Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 1999. 412 p.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância.** Campo Grande: Embrapa, 1999. 63 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa MG: UFV, 1981. 279p.

FARIA, P. N.; OLIVEIRA, D. S. Análise de agrupamentos no estudo de caracteres agronômicos para a cultura do milho. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 3, p.743-750, 2019. DOI: 10.19084/rca.16891.

FERREIRA, A. C. **Condicionamento fisiológico, fitorreguladores e qualidade de sementes de milho-doce**. Dissertação de Mestrado em Agronomia (Produção Vegetal), UNESP, Jaboticabal. 60p. 2011.

FERREIRA, D. F. **Análise multivariada**. Lavras, Minas Gerais, 1996. 394p.

FERREIRA, R.; GARDINGO, J. R.; MATIELLO, R. R. Seleção de progênes de irmãos germanos destinadas à produção de milho-verde. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 23-30, jan./fev. 2009.

FISCHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, v. 52, p. 399-433, 1918.

GOMES, Y. P.; COELHO, J. C.; ZARDO FILHO, R.; MATIELLO, R. R. Aptitude of improved half-sib progenies for green corn production. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 4, n. 1, p. 77-87, 2022.

GAVA, E; FARIA, MV; ZALUSKI, WL; ROSA, JC; PAIVA, EAP; CHIQUITO, N. R. Agronomic performance of experimental super sweet corn hybrids. **Horticultura Brasileira** 39:199-204, 2021.

GRIGULO, A. S. M.; AZEVEDO, V. H.; KRAUSE, W.; AZEVEDO, P. H. Avaliação do desempenho de genótipos de milho para consumo in natura em Tangará da Serra, MT, Brasil. **Bioscience Journal**, v. 27, n. 4, p. 603-608, 2011.

HAIR, J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L.; BLACK, W. C. **Análise multivariada de dados**. 5. ed. Porto Alegre: Bookman, 2005. 593 p.

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

HONGYU, K.; SANDANIELO, V. L. M.; OLIVEIRA JUNIOR, G. J. Análise de Componentes Principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. **Engineering and Science**, Pato Branco, PR, v. 5, n. 1, p. 83-90, 2016.

HOTELLING, H. Analysis of a complex of statistical variables in to principal components. **Journal of Educational Psychology**, v. 24, n. 6 & 7, p. 417-441 & 498-520, 1933.

IAT. Instituto Água e Terra. **Sistema de Informações Hidrológicas**. Disponível em: <<https://www.iat.pr.gov.br/Pagina/Sistema-de-Informacoes-Hidrologicas>>. Acesso em: 06/01/2025.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção Agrícola Municipal 2017: valor da produção agrícola nacional cai 0,6% após sete anos de alta**. 2018. Disponível em: <https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/agencia-sala-de-imprensa/2013-agencia-de-noticias/releases/22575-pam-2017-valor-da-producao-agricola-nacional-cai-0-6-apos-sete-anos-de-alta>. Acesso em: 23 dez. 2024.

JENKINS, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 32, n. 1, p. 55-63, 1940.

KINKOSKI, R. **Potencial produtivo e divergência genética de progênes de meio-irmãos de milho superdoce e crioulo para consumo *in natura***. 2017, 77 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Universidade Estadual de Ponta Grossa. Ponta Grossa, 2017.

KIRCH, J. L.; SCHOENHERR, R. P.; VELOSO, T. C.; HONGYU, K. Aplicação da Análise de Componentes Principais e de Agrupamento para os Indicadores de Desempenho das Universidades Federais do Brasil. **Sigmae**, Alfenas, v. 8, n. 1, p. 55-66, 2019. Disponível em: <https://publicacoes.unifal-mg.edu.br/revistas/index.php/sigmae/article/view/920>. Acesso em: 31 out. 2024.

KLEIN, J. L. *et al.*. Desempenho produtivo de híbridos de milho para a produção de silagem da planta inteira. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 17, n. 1, p. 101-110, 2018.

KLOSTER, G. S.; BARELLI, M. A. A.; SILVA, C. R.; NEVES, L. G.; PAIVA SOBRINHO, S.; LUZ, P. B. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, p. 452-459, 2011.

LEDO, C. A. S.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 6, p. 1214-1221, 2003.

LIBERATO, J. R. **Aplicação de técnica de análise multivariada em fitopatologia**. Viçosa, MG: UFV, 1995, 144p. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Viçosa, 1995.

MACHADO, A. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**. v. 9, n. 1, p: 35-50, 2014.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênes de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 63-68, jan./mar. 2012.

MATIN, M.; UDDIN, M.; ROHMAN, M.; AMIRUZZAMAN, M.; AZAD, A.; BANIK, B. Genetic variability and path analysis studies in hybrid maize (*Zea mays* L.). **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, n. 12, p. 3101-3109, 2017.

MELO, A. V. **Sistemas de plantio direto para milho-verde**. 2004. 70 f. Tese (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2004.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005. 304p.

MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Hibridação no Melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (ed.). **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária do Mato Grosso – Fundação MT, p. 159-199, 2001.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MORAES, A. R. A. *et al.*. Desempenho de oito cultivares de milho verde na safrinha, no Estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 9, n. 1, p. 79-91, 2010. DOI: 10.18512/1980-6477/rbms.v9n01p79-91.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. Tese Doutorado. 94 p. Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. 2007.

NARDINO, M. *et al.*. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 40, n. 1, p. 164-174, 2017.

OLIVEIRA, L. W. **Seleção de progênies de meio-irmãos com aptidão para a produção de milho verde**. 2022. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) — Universidade Estadual de Ponta Grossa, Setor de Engenharias, Ciências Agrárias e de Tecnologia, Ponta Grossa, 2022.

OLIVEIRA, T. K.; CARVALHO, G. J.; MORAES, R. N. S.; JERÔNIMO JÚNIOR, P. R. M. Características agrônomicas e produção de fitomassa de milho-verde em monocultivo e consorciado com leguminosas. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 1, p. 223-227, 2003.

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

PADOVAN, M. P.; PEZARICO, C. R.; OTSUBO, A. A. (Eds.). **Tecnologias para a agricultura familiar**. 2. ed. rev. amp. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2015. 104 p. (Embrapa Agropecuária Oeste. Documentos, 122).

PALOMINO, E. C.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meio-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 07, p. 1433-1439, 2000.

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

PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. **Critical Reviews in Plant Sciences**, n.9, p.125-154, 1990.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; RODRIGUES, C. S.; ROVARIS, S. R. S. Seleção de híbridos de milho branco destinados à alimentação humana. **Singular: Meio Ambiente e Agrárias**, v. 1, n. 1, p. 49-52, 2019.

PAZIANI, S. F. *et al.*. Características agrônomicas e bromatológicas de híbridos de milho para produção de silagem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.38, n. 3, p. 411-417, 2009.

PEREIRA FILHO, I. A; CRUZ, J. C. Milhos especiais: alternativas para agregar valor. **Embrapa Milho e Sorgo** - Artigo de divulgação na mídia (INFOTECA-E), DBO Agrotecnologia, n. 22, p. 20-22, set./out. 2009.

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. **Mercado de sementes de milho no Brasil: safra 2017/18**. Sete Lagoas, Embrapa/Centro Nacional de Pesquisa em Milho e Sorgo. 2018. 28p.

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; GAMA, E. E. G. **Cultivares de milho para o consumo verde**. In: PEREIRA FILHO, I. A. (Ed.). O cultivo do milho-verde. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2002. cap. 1, p. 18–30.

PEREIRA FILHO, I. A. **Milho Verde: A cultura do milho verde**. Coleção Plantar. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. 68p.

PINTO, A. P. *et al.*. Avaliação de doze cultivares de milho (*Zea mays* L.) para silagem. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 4, p. 1071-1078, 2010.

RENCHE, A.C. Interpretation of canonical discriminant functions, canonical variates and principal components. **The American Statistician**, v.46, n.3, p. 217-225, 1992.

REPKE, R. A. *et al.*. Altura de planta, altura de inserção de espiga e número de plantas acamadas de cinco híbridos de milho. In: **Congresso Nacional de Milho e Sorgo**, 27., 2012, Sete Lagoas. **Anais**, Sete Lagoas: ABMS, p. 2241-2244, 2012.

RESENDE, M. D.V.; DUARTE, J. B. Experimentos de avaliação de cultivares de precisão e controle de qualidade. **Pesquisa Agrícola Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

RESENDE, R. T.; BRONDANI, C.; CHAVES, L. J. O Melhoramento na era de agricultura de precisão. In: RESENDE, R. T.; BRONDANI, C (ed.). **Melhoramento de precisão aplicações e perspectivas na genética de plantas**. Embrapa Brasília, DF 2023.

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

RONZELLI JÚNIOR, P. **Melhoramento Genético de Plantas**. Graffice Ed. Graf. Ltda. Curitiba, 1996. 219p.

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

ROVARIS, S. R. S; PATERNIANI, M. E. A. G. Z; SAWAZAKI, E; AZEVEDO, C. V. G. Discriminação de genitores de milho branco por meio de análise multivariada e estimativas da capacidade combinatória. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 8., 2015, Goiânia**. O melhoramento de plantas, o futuro da agricultura e a soberania nacional: anais. Goiânia: UFG: SBMP, 2015.

SANTOS, A. L. F.; MECI, I. A.; RIBEIRO, L. M.; CECCON, G. Eficiência fotossintética e produtiva de milho safrinha em função de épocas de semeadura e populações de plantas. **Journal of Neotropical Agriculture**, Cassilândia, v. 5, n. 4, p.52-60, 2009.

SANTOS, N. C. B.; CARMO, S. A.; MATEUS, G. P.; KOMURO, L. K.; PEREIRA, L. B.; SOUZA, L. C. D. Agronomic features and yield performance of green corn cultivars in the conventional and organic system. **Semina**, Londrina, PR, v. 36, n. 3, suplemento 1, p. 1807-1822, 2015.

SANTOS, P. H.; A. D.; PEREIRA, M. G.; TRINDADE, R. S.; CUNHA, K. S.; ENTRINGER, G. C.; VETTORAZZI, J. C. F. Agronomic performance of super-sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, n. 1, p. 8-14, 2014.

SANTOS, R. C. **Análise de componentes principais e análise de fatores em acessos de *Capsicum annuum* L. no estudo de variabilidade genética**. 2023. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2023.

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas de análise multivariada em experimentos agropecuários usando o software R**. 2008. 154 f. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

SHEIKH, F. *et al.*. Impact of half-sib family recurrent selection on grain yield in maize population ZM-309. **Pure and Applied Biology**, Lahore, v. 8, n. 4, p. 2399–2408, 2019. Disponível em: <https://www.thepab.org/index.php/journal/article/view/1081>. Acesso em: 21 jan. 2025.

SILVA, A. R.; SOBREIRA, E. A.; MOURA, J. B. Desempenho de cultivares de milho destinados para produção de milho verde e silagem. **Journal of Social, Technological and Environmental Science**, v. 6, n. 1, p. 232-251, 2017.

SILVA, D. F. G. *et al.*. Genetic dissimilarity and definition of recombination clusters among green corn half-sib progenies. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 4, p. 401-410, 2016.

SILVA, M. G. DE M.; PIO VIANA, A. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 2, p. 525–531, jun. 2012.

SILVA, C. M.; CASAGRANDE, C. R.; LIMA, G. W.; SIGNORINI, V. S.; OLIVEIRA, T. M.; NARDINO, M. Estimativa de herdabilidade para a altura de plantas em linhagens de trigo. In: **SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA MOLECULAR**, 11., 2020. *Anais [...]*. Disponível em: <https://proceedings.science/sigm/xi-sigm/trabalhos/estimativa-de-herdabilidade-para-a-altura-de-plantas-em-linhagens-de-trigo?lang=pt-br>. Acesso em: 4 fev. 2025.

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

SOMERA, A.; RAGAGNIN A. L. S. L.; COSTA M. L.; CANDIDO, W. S.; REIS, E. F. Depressão por endogamia e desempenho de progênies de milho parcialmente autofecundadas em um cruzamento superior. **Revista Chilena de Pesquisa Agrícola**, v. 78, p. 318-326. 2018.

SOUZA, A. L. **Técnicas multivariadas aplicadas em manejo de florestas, material didático manejo florestal**. UFV, Viçosa – MG, 58p, 2002. Disponível em: <ftp://atenas.cpd.ufv.br/def/disciplinas/ENF642/ApostilaTECMULTIVARIADAS/Apostila-TECMULTIVAR.htm>. Acesso em 31 out. 2024.

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

TEIXEIRA, F. F.; MIRANDA, R. A; PAES, M. C. D.; SOUZA, S. M.; GAMA, E. E. G. Melhoramento do milho doce. **Embrapa Milho e Sorgo**, p.34. 2013.

TSUNECHIRO, A.; MIURA, M. Caracterização Técnico-Econômica da Cultura do Milho Verde no Brasil em 2006. In: **XXIX Congresso nacional de milho e sorgo**. Águas de Lindóia, São Paulo, Brasil. 2012.

VANIPRAVEENA, M.; TALEKAR, S. C.; KACHAPUR, R. M. Studies on genetic variability, heritability and genetic advance in sweet corn for green ear yield and yield related traits. **International Journal of Agricultural Sciences**, v. 18, n. 2, june 2022, p.640-645, ISSN : 0973–130X. DOI: 10.15740/HAS/IJAS/18.2/640-645.

VASCONCELOS, E.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina**, Londrina, v. 36, n. 3, p. 1203-1214, 2015.DOI:10.5433/1679-0359.2015v36n3p1203.

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

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

VICINI, L. **Análise multivariada: da prática à teoria**. Santa Maria: Universidade Federal de Santa Maria, 2005. Disponível em: <http://repositorio.ufsm.br/handle/1/18058>. Acesso em: 29 nov. 2024.

YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênes de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.1, p.67-72, 2003. Disponível em: <http://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/6545/3602> Acesso em: 30 out. 2024.

ZALUSKI, W. L. *et al.*. Selecting experimental super sweet corn hybrids based on selection index. **Horticultura Brasileira**, v. 39, n. 3, p. 279–287, 21 set. 2021.