

DANIEL FURTADO FERREIRA

MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA
EM MILHO E SUAS RELAÇÕES COM OS
CRUZAMENTOS DIALÉLICOS

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura de Lavras, como parte das exigências do curso de Pós-Graduação em Agronomia, Área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do grau de "MESTRE".

ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA DE LAVRAS
LAVRAS - MINAS GERAIS

1993

MÉTODOS DE LINGUAGEM DA DIVERSIDADE
EM SUAS RELAÇÕES COM OS
ELEMENTOS DIALÉTICOS

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO

Antônio Carlos de Oliveira
Professor de Língua Portuguesa

A

Antônio Carlos de Oliveira
Professor de Língua Portuguesa

MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA
EM MILHO E SUAS RELAÇÕES COM OS
CRUZAMENTOS DIALÉLICOS

APROVADA: 29 de janeiro de 1993

Oliveira

Antonio Carlos de Oliveira
Pesquisador CNP Milho e Sorgo/EMBRAPA

Ramallo

Magno Antônio Patto Ramalho
Professor DBI/ESAL

Augusto Ramalho de Moraes

Augusto Ramalho de Moraes
Professor DEX/ESAL

MÉTODOS DE VALIAÇÃO DA DIVERSIDADE
EM MILHOS E SUAS RELAÇÕES COM OS
CRISTALITOS BIALGOS

ATUALIZAÇÃO DE 1980

Blanca

Antônio Carlos de Oliveira

Departamento de Física e Engenharia

Blanca

Antônio Carlos de Oliveira

Departamento de Física e Engenharia

Blanca

Antônio Carlos de Oliveira

Departamento de Física e Engenharia

À minha esposa Lidiane e a
minha filha Aline, pela
compreensão, carinho, e
amor dispensados,

OFEREÇO

Aos meus pais, João Furtado (*in memoriam*)
e Nadime Mansur; aos meus irmãos
Sebastião (*in memoriam*), João, Maria
Aparecida, Salomão, Miguel, Natália,
Márcia, Marta, Mara e Ismael,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura de Lavras, ESAL, pela oportunidade concedida.

Ao Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo/EMBRAPA, pelo apoio e material concedido para realização deste trabalho.

Aos pesquisadores do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo/EMBRAPA, em especial a Emanuel Xavier dos Santos, pela concessão do material para realização deste trabalho.

À Antonio Carlos de Oliveira, pesquisador do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo/EMBRAPA, pela amizade, apoio e pela eficiente orientação durante a realização deste trabalho.

Ao Professor Magno Antônio Patto Ramalho pela amizade, incentivo, confiança e pelas valiosas sugestões e contribuições que contribuíram para o êxito deste trabalho.

Aos professores do curso, em especial aos Professores César Augusto Brasil Pinto e João Bosco dos Santos, pela amizade e pelos ensinamentos transmitidos.

Aos funcionários do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo/EMBRAPA, pelo auxílio e apoio na condução do experimento e na tomada dos dados.

Aos funcionários do departamento de Biologia/ESAL pela amizade e colaboração.

Ao pesquisador do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo/EMBRAPA, Elto Eugênio Gomes e Gama pela amizade e auxílio na condução do experimento.

A pesquisadora da EMBRAPA, Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pela amizade e companheirismo.

Aos amigos do curso de pós-graduação, Fernando, Joaquim, Camilo, Cláudio Takeda, Walter, Nair, Andréia, Elaine, Luciana, Guilherme, Valéria, Sérgio, Benedita, Leonardo, Ronan, Nazareno, Otoniel, Guilherme, Elias, Márcio, Bruno, Maria Rosa, Éder, Cláudio, Marcelo Tavares, Marcelo Nascimento, Eduardo, Gisele e em especial a Gabriel Dehon, pela amizade, incentivo e companherismo.

A todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para o êxito deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Divergência genética	3
2.2. Métodos multivariados	5
2.2.1. Análise da variância multivariada	6
2.2.2. Variáveis canônicas	6
2.2.3. Análise de agrupamento	9
3. MATERIAIS E MÉTODOS	12
3.1. Avaliações da divergência genética através das técnicas multivariadas	13
3.1.1. Análise de variância univariada	14
3.1.2. Análise de variância multivariada	15
3.1.3. Variáveis canônicas e descarte de variáveis	17
3.1.4. Análise de agrupamento	20
3.1.5. Depressão por endogamia	21
3.2. Estimativas dos componentes genéticos de médias do cruzamento dialélico	22
3.3. Correlações das medidas de dissimilaridade com os componentes genéticos do cruzamento dialélico	24

4. RESULTADOS	25
4.1. Análise de variância univariada	25
4.2. Depressão por endogamia	28
4.3. Análises mutivariadas	30
4.4. Análise dialélica	45
4.5. Correlação dos parâmetros estimados nos híbridos com as distâncias multivariadas	49
5. DISCUSSÃO	51
6. CONCLUSÕES	60
7. RESUMO	61
8. SUMMARY	63
9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	65

LISTA DE TABELAS

Tabela	Página
1. Populações utilizadas no estudo da divergência genética em milho (<i>Zea mays</i> L.), avaliadas em Sete Lagoas-M.G., EMBRAPA, 1991/92	14
2. Resumo das análises de variância univariada para os dezenove caracteres mensurados nas vinte e oito variedades de milho à partir do delineamento em blocos casualizados, Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92	26
3. Médias das vinte e oito variedades, para os principais caracteres de interesse agrônomo: comprimento de espigas (CE) em cm, diâmetro de espigas (DE) em cm, número de fileiras por espigas (NFE), diâmetro de sabugo (DS) em cm, estande final (EF), número de espigas (NE) e produção de espigas (PE) em t/ha. Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92	27
4. Resumo das análises de variância para alguns caracteres de importância agrônoma mensurados nos pais e nos seus correspondentes S_1 's (progenitores autofecundados), Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92	28
5. Depressão por endogamia dos pais, obtidas à partir do contraste $S_0 - S_1$ para produção de espigas (t/ha) em Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92	29

6.	Variância, variância percentual e variância acumulada das variáveis canônicas obtidas à partir dos dezenove caracteres mensurados em vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92	30
7.	Coefficientes de correlação entre os caracteres e as quatro variáveis canônicas principais, ou seja aquelas que explicaram mais de 70% da variação total acumulada ..	31
8.	Matriz de correlação entre médias de variedades para os dezesseis caracteres remanescentes	33
9.	Matriz de correlação residual para os dezesseis caracteres remanescentes	34
10.	Variância, variância percentual e variância acumulada das variáveis canônicas obtidas à partir dos dezesseis caracteres selecionados, Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92	35
11.	Coefficientes de correlação entre os caracteres e as quatro variáveis canônicas principais, ou seja, aquelas que explicaram mais de 70% da variação total acumulada, com base nos dezesseis caracteres selecionados	36
12.	Autovetores associados às quatro variáveis canônicas principais, ou seja, aquelas que explicaram mais de 70% da variação total acumulada, com base nos dezesseis caracteres selecionados	37

13. Coeficientes de correlação entre as estimativas de dissimilaridades fornecidas pelas distâncias multivariadas: D^2 (distância generalizada de Mahalanobis); d (distância euclidiana à partir dos caracteres estandardizados) e d_{vc} (distância euclidiana à partir dos escores das variáveis canônicas selecionadas) 38
14. Grupos de similaridades entre as vinte e oito variedades, determinados pelo método de Tocher à partir das distâncias de Mahalanobis, Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92 39
15. Análise dialélica pelo método de GARDNER & EBERHART (1966), para produção de espigas (t/ha), envolvendo os pais e os híbridos biparentais em Sete Lagoas e na média dos locais (Sete Lagoas, Goiânia e Londrina) 1991/92 45
16. Análise dialélica pelo método de GRIFFING (1956), para produção de espigas (t/ha) em Sete Lagoas e na média dos locais (Sete Lagoas, Goiânia e Londrina), 1991/92 46
17. Capacidade geral de combinação (CGC) dos pais, obtidas à partir da análise dialélica para produção de espigas (t/ha) pelo modelo de GARDNER & EBERHART (1966), em Sete Lagoas e na média dos três locais (Sete Lagoas, Goiânia e Londrina), 1991/92 47

18. Capacidade específica de combinação (CEC) e heterose (h) para os vinte melhores e vinte piores cruzamentos, obtidos à partir da análise dialélica para produção de espigas (t/ha) pelos modelos de GRIFFING (1956) e de GARDNER & EBERHART (1966), na média dos três locais, 1991/92 48
19. Coeficientes de correlação entre as distâncias multivariadas (D^2 , d, d_{v_c}) e a capacidade específica de combinação (CEC) e heterose (h) para produção de espigas, e a média dos híbridos para alguns caracteres de interesse agrônômico 50

LISTA DE FIGURAS

Figura	Página
1. Dendograma obtido pelo método do vizinho mais próximo, à partir da distância de Mahalanobis, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais	40
2. Dendograma obtido pelo método do vizinho mais próximo, à partir da distância euclidiana, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais.	41
3. Dispersão gráfica dos escores das duas variáveis canônicas mais importantes, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais	42
4. Dispersão gráfica dos escores da primeira e da terceira variável canônica mais importante, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais	43
5. Dispersão gráfica dos escores da segunda e da terceira variável canônica mais importante, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais	44

1. INTRODUÇÃO

Ao se iniciar um programa de melhoramento de plantas, um dos pontos fundamentais é a escolha das populações que participarão como genitores nos vários cruzamentos para se obter uma população de base genética ampla, onde a seleção atuará. Isto é conseguido quando se alia uma alta média e uma ampla variabilidade genética para o caráter a ser selecionado. A divergência genética, ou seja, a diferença nas frequências alélicas das populações (FALCONER, 1981), tem uma importância fundamental na escolha dessas variedades utilizadas como pais no programa de melhoramento.

As alternativas para a escolha dos genitores se restringem na análise do seu comportamento 'per se' e no resultado dos cruzamentos dialélicos. Nos cruzamentos dialélicos pode-se estimar a capacidade específica de combinação e a heterose, com os quais pode-se inferir sobre a divergência genética das variedades. No entanto, apresentam dificuldades de ordem prática na realização dos cruzamentos, e principalmente nos testes do grande número de materiais dos ensaios. Estas dificuldades aumentam à medida que o número de pais aumenta. O problema, apesar de menor, ainda persiste nos cruzamentos dialélicos parciais, nos quais um menor número de cruzamentos são realizados.

Uma medida da divergência genética antes que qualquer cruzamento seja realizado poderá auxiliar os melhoristas a concentrar seus esforços somente nas combinações mais heteróticas, pois a heterose manifestada nos cruzamentos está diretamente relacionada à divergência genética (FALCONER, 1981). As técnicas multivariadas baseadas nas múltiplas informações fenotípicas têm sido amplamente utilizadas com tal propósito, ou seja, para estimar a divergência

genética entre as variedades utilizadas como pais nos programas de melhoramento (RAO et alii, 1981; SINGH et alii, 1981 e MALUF et alii, 1983).

A utilização das técnicas multivariadas na cultura do milho (*Zea mays* L.) poderá reduzir os esforços dispendidos na realização dos cruzamentos e na condução dos experimentos que envolvam os cruzamentos dialélicos. Contudo, ainda são escassas as informações a respeito das metodologias que podem ser utilizadas com essa finalidade.

Por essas razões realizou-se o presente trabalho, que teve por objetivo principal avaliar a viabilidade da utilização das técnicas de análises multivariadas como preditoras do comportamento de híbridos de performance superior, visando auxiliar os melhoristas na identificação de materiais mais promissores para a obtenção de híbridos ou de populações com ampla base genética;

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Divergência genética

A divergência genética entre as variedades utilizadas como pais nos programas de melhoramento é de fundamental importância para a obtenção de novas variedades, geneticamente superiores. Melhores resultados são obtidos se a população base para seleção possuir também uma alta média (MALUF & FERREIRA, 1983). A escolha dos pais geralmente é baseada em critérios do próprio melhorista. Nesses casos, variedades de diversas localidades são incluídas nos programas de melhoramento, presumindo-se uma maior divergência genética, porém esse critério não é uma condição suficiente para a escolha de pais (JAIN et alii, 1981).

Inferências a respeito da divergência genética podem ser feitas a partir da heterose ou da capacidade específica de combinação, manifestadas numa série de cruzamentos. Vários modelos foram propostos para se estimar tais parâmetros (GARDNER & EBERHART, 1966 e GRIFFING, 1956), mas todos possuem o inconveniente de requerer um grande número de cruzamentos que em certas situações são onerosos e de difícil realização. Nessas metodologias com n variedades é possível a obtenção de $n(n-1)/2$ híbridos F_1 's, sem considerar os recíprocos. Com o objetivo de se reduzir o número de cruzamentos, para um número determinado de variedades, e evitar que os ensaios sejam onerosos devido ao grande número de híbridos a serem testados, foi introduzida a teoria dos cruzamentos dialélicos parciais (MIRANDA-FILHO & GERALDI, 1984; GERALDI & MIRANDA-FILHO, 1988; KEULS & GARRETSEN, 1977; GARRETSEN & KEULS, 1978 e OLIVEIRA et alii, 1987). Mesmo nesses casos as dificuldades práticas permanecem.

Um outro modo da predição da capacidade específica de

combinação ou da heterose é aquele que relaciona as diferenças fisiológicas, morfológicas e agrônomicas dos pais com o desempenho dos híbridos. Essas diferenças caracterizam a divergência genética, que é avaliada através das medidas de similaridades ou de dissimilaridades, com base nessas múltiplas características obtidas nas variedades. As medidas de dissimilaridades mais utilizadas são: a distância euclidiana e a estatística D^2 de Mahalanobis (BRYANT & MEFFERT, 1990; GHADERI et alii, 1984; KALLOO & SIDHU, 1982, SASTRY et alii, 1980).

Muitos trabalhos foram realizados na busca de correlações positivas e altas entre heterose para produção, manifestadas nos híbridos F_1 's e as distâncias multivariadas entre os correspondentes pais, para sua utilização como preditoras do comportamento híbrido. MALUF et alii (1983) com híbridos F_1 's de tomate encontraram correlações de 0,812 e 0,891 para as distâncias euclidiana e de Mahalanobis, respectivamente, com a heterose para produção, mostrando que esta técnica pode ser utilizada de modo eficiente para tal propósito.

Outra forma de se estimar a divergência genética é através da associação de técnicas multivariadas: Componentes principais e distâncias multivariadas (CRUZ, 1990 e MIRANDA et alii, 1988), ou variáveis canônicas e distâncias multivariadas (CRUZ, 1990). Essa associação tem a finalidade básica de redução do número de variáveis e conseqüentemente de simplificação na obtenção das distâncias multivariadas. Sua eficiência depende da quantidade de variação que essas novas variáveis explicam, em relação a variação existentes nos caracteres originais.

Vários melhoristas têm utilizado as técnicas multivariadas para estimar a divergência genética com a finalidade de reduzir os esforços na obtenção dos híbridos e concentrá-los somente nas combinações possivelmente promissoras para o programa de melhoramento ou para a exploração comercial do híbrido F_1 (MIRANDA et

alii, 1988; MALUF & FERREIRA, 1983; MALUF et alii, 1983 e RAO et alii, 1980). Esses autores encontraram concordância satisfatórias entre as combinações mais divergentes e os híbridos superiores.

Como já comentado, a diversidade geográfica tem sido explorada no melhoramento como fonte de divergência genética. As análises multivariadas podem ser aplicadas para determinar esses possíveis interrelacionamentos. AMALRAJ (1982), tentando relacionar a divergência genética à diversidade geográfica em *Gossypium barbadense* L. não encontrou nenhuma associação. Resultados semelhantes foram encontrados em outras culturas (AHMAD et alii, 1980; SINGH et alii, 1981; JAIN et alii, 1981 e ASTHANA & PANDEY, 1980). No entanto, existem alguns relatos na literatura onde se encontrou associação entre a diversidade geográfica e a divergência genética (RAM & PANWAR, 1970 e RAO et alii, 1981). Desta forma, fica claro a necessidade de se incluir nesse tipo de investigação um grande número de variedades de diferentes regiões geográficas. Com base nesses resultados pode-se inferir, que a diversidade geográfica não é uma condição suficiente para garantir a divergência genética.

2.2. Métodos multivariados

Várias técnicas multivariadas podem ser utilizadas para descrever a variabilidade existente num grupo de variedades e mensurar a divergência genética que porventura possa existir. A seguir serão descritas algumas dessas técnicas, procurando associá-las aos objetivos do presente trabalho.

2.2.1. Análise da variância multivariada

A análise de variância multivariada é uma generalização da análise de variância univariada e se aplica a todo tipo de delineamento experimental (NEGRILLO & PERRE, 1987). Essa análise estuda os procedimentos de combinação das múltiplas informações contidas na unidade experimental, levando em consideração a estrutura de covariância entre os caracteres, fornecendo testes mais poderosos para as hipóteses formuladas (GODOI, 1985).

Através da análise de variância multivariada é possível testar a hipótese de que o material contenha alguma divergência genética considerando a variabilidade global existentes nos múltiplos caracteres. Essa técnica tem sido utilizada para uma avaliação preliminar da existência de variabilidade genética (GOODMAN, 1968 e CRUZ, 1990 com milho; RAO et alii, 1981 com arroz; VIANA et alii, 1991 com clones de cana (*Saccharum* spp.)); AHMAD et alii, 1980 com trigo e KALLOO & SIDHU, 1982 com melão). O critério de Wilks tem sido utilizado predominantemente entre os testes existentes, para verificar se houve diferenças significativas entre os materiais avaliados.

2.2.2. Variáveis canônicas

Essa técnica tem como finalidade a explicação da estrutura de variância-covariância através de um número restrito de combinações lineares dos caracteres originais, considerando tanto a matriz de covariância residual quanto a de tratamentos. São requeridos p caracteres (mensurados em n variedades) para reproduzir a variabilidade total. Geralmente grande parte dessa variação pode ser

avaliada em um número menor (k) de variáveis canônicas, sem muita perda da informação existente nos p caracteres originais. Quando mais de 70% da variação total populacional, para grandes valores de p , podem ser atribuídos as primeiras variáveis canônicas, os caracteres originais podem ser substituídos por estas (BOCK, 1975).

As variáveis canônicas são combinações lineares dos caracteres originais, cujos coeficientes são os elementos dos autovetores (\underline{a}_i) associados com o correspondente autovalor (λ_i), extraído da matriz TE^{-1} , onde T é a matriz de covariância entre tratamentos e E^{-1} é a inversa da matriz de covariância residual. Dessa forma, por definição, a primeira variável canônica é aquela associada com o maior autovalor, que é interpretado como variância da mesma. O autovetor correspondente, representado por \underline{a} , é determinado de tal forma que $\underline{a}'\underline{a} = 1$. O i -ésimo e j -ésimo autovetores são ortogonais, o que implica na independência entre a i -ésima e j -ésima variável canônica, ou que a covariância entre elas é zero (JOHNSON & WICHERN, 1988; MORRISSON, 1967).

As variáveis canônicas possuem a vantagem em relação aos componentes principais, técnica similar, de considerar a estrutura de covariância residual e de ser invariante com respeito a transformações não singulares dos caracteres originais (BOCK, 1975). Este autor propoe uma transformação da matriz residual em matriz identidade. Essa mesma transformação é então aplicada a matriz de covariância entre médias de tratamentos, tornando o processo de obtenção dos autovalores e dos autovetores semelhante ao dos componentes principais, de mais fácil estimativa.

Evita-se dessa forma a extração dos autovalores e dos autovetores da matriz TE^{-1} não simétrica (GOMES, 1987). Portanto, a obtenção das variáveis canônicas se constituem nos resultados de uma série de transformações ortogonais que sequencialmente maximizam a razão da variação entre tratamentos e minimiza a variação residual

(HUSSAINI et alii, 1977).

Pode-se resumir os objetivos fundamentais das variáveis canônicas da seguinte forma:

1. Resumir o número de caracteres em um grupo de variáveis independentes entre si de menor dimensão e que possuam uma fácil explicação biológica;

2. Avaliar a importância relativa de cada caráter e verificar a viabilidade de seu descarte através do seu coeficiente de correlação com cada variável canônica;

3. Construção de índices que possibilitem o agrupamento de indivíduos; e

4. Permitir o agrupamento de indivíduos com o mais alto grau de similaridade, mediante a exames visuais em dispersões gráficas no espaço bi ou tridimensional.

Alguns trabalhos são encontrados na literatura utilizando as variáveis canônicas para o estudo da divergência genética: SINGH & RAMANUJAM (1981) com *cicer arietinum* L.; RAO et alii (1981) com arroz e HUSSAINI et alii (1977) com *Eleusine coracana* (L.) Gaertn. Esses últimos autores, compararam a técnica dos componentes principais com as variáveis canônicas encontrando resultados bastantes semelhantes, apesar de se conseguir diferenciação de algumas variedades pela técnica das variáveis canônicas, que não foi detectada pelos componentes principais.

Apesar das vantagens que as variáveis canônicas apresentam sobre os componentes principais, muitos autores têm utilizado este último para o estudo da divergência genética (MALUF & FERREIRA, 1983; MIRANDA et alii, 1988; BARTUAL et alii, 1985; RAO et alii, 1980 e KROONENBERG & BASFORD, 1989).

2.2.3. Análise de agrupamento

O agrupamento é feito baseado na similaridade ou dissimilaridade (distâncias multivariadas) das variedades (JOHNSON & WICHERN, 1988). Várias medidas de dissimilaridades e similaridades são utilizadas, havendo uma grande subjetividade na sua escolha. Considerações importantes incluem a natureza das variáveis (discretas, contínuas, binárias, etc.) ou as escalas de medidas. Entre as dissimilaridades, as mais comuns, utilizadas nas análises de agrupamento, são as distâncias de Mahalanobis e euclidiana.

Um fato importante na escolha da medida de dissimilaridade a ser adotada é a correlação residual entre os caracteres. Quando tem-se correlações residuais significativas entre os diversos caracteres é desaconselhável a utilização da distância euclidiana e preferencialmente deve-se utilizar a estatística D^2 de Mahalanobis. No entanto, há necessidade de distribuição normal multidimensional para o cálculo de D^2 , porém já foi demonstrado robustez para violação dessa hipótese (CRUZ, 1990).

Os métodos de agrupamento não são invariantes com respeito a troca de escalas. Apesar disso têm sido amplamente utilizados no melhoramento de plantas, pois a simples visualização da matriz de dissimilaridade é impraticável a formação de grupos tomando-se como base a simples visualização da matriz de dissimilaridade, principalmente quando o número de variedades (n) é grande.

Os métodos de agrupamento mais comuns são os hierárquicos, que se baseiam no princípio de que com n variedades inicia-se a formação de n grupos, cada um contendo um único indivíduo. Então, combina-se as duas variedades mais similares, ou seja, de menor distância, para originar $n-1$ grupos. Os grupos remanescentes são

combinados para originar $n-2$ grupos, e assim por diante, até haver apenas um único grupo contendo as n variedades. Este tipo de agrupamento, usando a menor distância, é denominado método do vizinho mais próximo. Por outro lado, se a distância entre dois grupos é definida como a máxima distância entre pares de variedades, tomadas de cada grupo, o método de agrupamento é denominado do vizinho mais distante. Existem ainda outros métodos como o da ligação média, e entre os métodos não hierárquicos, o método do centróide mais próximo. De uma maneira geral, os métodos hierárquicos podem ser: aglomerativos, aqueles que procedem por uma série de sucessivas fusões; e os divisíveis, aqueles que sofrem uma série de sucessivas divisões (JOHNSON & WICHERN, 1988).

A análise de variância pode ser utilizada no agrupamento devido a simplicidade de cálculo e a sua utilidade nos testes de significância (SCOTT & KNOTT, 1974). A sua utilização como método de agrupamento obedece o seguinte critério: as variedades são divididas em dois compactos grupos e o processo é repetido continuamente até que um diagrama de árvore (dendograma) seja formado. A divisão maximiza a soma de quadrados entre grupos e minimiza a soma de quadrados dentro de grupos, utilizando-se a matriz de dissimilaridade entre as n variedades (EDWARDS & CAVALLI-SFORZA, 1965). Outro método que utiliza a variância mínima é o de Ward citado por CARVER et alii (1987), que foi o preferido por apresentar uma menor porção da soma de quadrados relativa a interação variedades x ambiente dentro de grupos, quando comparado com o método da ligação média.

Os métodos de agrupamento têm sido utilizados por vários autores no estudo da divergência genética, porém alguns deles criticam os experimentos que se baseiam em um ambiente apenas, devido a sensibilidade das variedades às variações das condições ambientais. Utilizando-se mais de um ambiente, em alguns casos, não se encontrou

consistência no agrupamento das variedades e sabe-se que este fato é esperado devido as estimativas serem provenientes de caracteres quantitativos, os quais estão sujeitos a interação variedades x ambientes (BAINIWAL & JATASRA, 1980 e JAIN et alii, 1981).

Vários autores têm utilizado as técnicas de agrupamento para descrever ou identificar a existência de variabilidade genética entre os materiais (SMITH, 1989; YADAV & MURTY, 1981; MALUF & FERREIRA, 1983; RAO et alii, 1981; SINGH & RAMANUJAM, 1981; SINGH et alii, 1981; ASTHANA & PANDEY, 1980 e BROICH & PALMER, 1980). Muitos desses autores têm utilizado o processo de Tocher apresentado por RAO (1952), que maximiza a variação inter-grupo e minimiza a variação intra-grupo.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

Esse trabalho foi realizado com os dados de um experimento envolvendo um cruzamento dialélico, gentilmente cedido pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG. O trabalho envolve basicamente três etapas distintas: i)avaliação da divergência dos pais através de técnicas multivariadas; ii)estimativas dos componentes genéticos de média do cruzamento dialélico; e iii)correlações entre as estimativas das distâncias multivariadas com os componentes genéticos do cruzamento dialélico.

Para isso foram utilizadas vinte e oito variedades de milho (*Zea mays* L.) apresentadas na tabela 1, seus trezentos e setenta e oito híbridos resultantes do cruzamentos dos pais tomados 2 a 2, em todas combinações possíveis, e suas respectivas vinte e oito progenies S_1 's (S_0 autofecundadas).

O delineamento experimental foi látice simples 21 x 21, sendo que os quatrocentos e quarenta e um tratamentos foi constituído pelas vinte e oito variedades (gerações S_0 e S_1), trezentos e setenta e oito híbridos, além de sete testemunhas utilizadas com o intuito de completar o número de tratamentos. A parcela experimental foi constituída de duas linhas de 5 m de comprimento, espaçadas de 1 m. Com 25 plantas/linha após o desbaste.

O experimento foi conduzido em três locais, Sete Lagoas (Minas Gerais)-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, Goiânia (Goiás) e Londrina (Paraná), no ano agrícola de 1991/92.

3.1. Avaliação da divergência genética através das técnicas multivariadas

Os dados de dezenove caracteres foram tomados de 5 plantas competitivas amostradas de cada parcela útil. Os caracteres avaliados em Sete Lagoas foram:

1. Planta

- a. Altura da planta (AP);
- b. Altura da espiga (AE);
- c. Comprimento do internódio (CI);
- d. Número de folhas (NF);
- e. Comprimento das folha (CF);
- f. Largura das folha (LF);
- g. Tamanho do pendão (TP);
- h. Número de ramificações do pendão (NRP);
- i. Diâmetro do colmo (DC).

2. Espiga

- a. Comprimento (CE);
- b. Número de fileiras/espiga (NFE);
- c. Número de grãos/fileira (NGF);
- d. Produção de espiga (t/ha) (PE);
- e. Número de espigas (NE);
- f. Diâmetro de sabugo (DS);
- g. Diâmetro de espiga (DE);

3. Florescimento

- a. Dias para o florescimento masculino (FM);
- b. Dias para o florescimento feminino (FF);

4. Estande (1);

- a. Estande final (EF);

TABELA 1. Populações utilizadas no estudo da divergência genética em milho (*Zea mays* L.), avaliadas em Sete Lagoas-M.G., EMBRAPA, 1991/92.

Número	Variedade
1	CMS 01
2	CMS 02
3	CMS 03
4	CMS 04 N
5	CMS 04 C
6	BR 105
7	BR 106
8	BR 107
9	BR 111
10	BR 112
11	CMS 14 C
12	CMS 15
13	CMS 22
14	CMS 23
15	BR 126
16	CMS 28
17	CMS 29
18	CMS 30
19	BR 136
20	CMS 39
21	CMS 50
22	SINT. ELITE
23	PH4
24	CUNHA
25	BAIII TUSON
26	SARACURA
27	NITROFLINT
28	NITRODENT

3.1.1. Análise de variância univariada

Os dados referentes as variedades foram submetidos a análise de variância univariada, após ter se constatado a ausência de eficiência para o látice, para todos caracteres avaliados, de acordo

com o modelo matemático:

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

onde:

- Y_{ij} : é o valor observado na unidade experimental referente a i -ésima variedade do j -ésimo bloco;
- m : é a média geral do experimento;
- t_i : é o efeito da i -ésima variedade;
- b_j : é o efeito do j -ésimo bloco;
- e_{ij} : é o erro experimental referente a i -ésima variedade do j -ésimo bloco; onde os e_{ij} são considerados independentes com distribuição normal, com média zero e variância σ^2 , ($i=1,2,\dots,28$; e $j = 1,2$).

3.1.2. Análise da variância multivariada

A análise da variância multivariada foi realizada, para avaliação da variabilidade genética global existente entre as variedades, com os dados de Sete Lagoas. O modelo matemático adotado foi:

$$Y_{ijr} = m_r + t_{ir} + b_{jr} + e_{ijr}$$

onde:

- Y_{ijr} : é o valor observado na unidade experimental referente a i -ésima variedade do j -ésimo bloco para o r -ésimo caráter;
- m_r : é a média geral do experimento para o r -ésimo caráter ;
- t_{ir} : é o efeito da i -ésima variedade para o r -ésimo caráter ;

b_{jr} : é o efeito do j -ésimo bloco para o r -ésimo caráter;
 e_{ijr} : é o erro experimental referente a i -ésima variedade do j -ésimo bloco associado ao r -ésimo caráter; onde os e_{ijr} são considerados independentes, com distribuição multinormal, com vetor média zero e matriz de covariância Σ , ($i=1,2,\dots,28$; $j=1,2$; $r=1,2,\dots,19$).

O critério para se avaliar se houve diferenças entre os vetores médias de variedades foi o de Wilks, com base na estatística Λ , dada por:

$$\Lambda = \frac{\text{Det } (E)}{\text{Det } (E + H)}$$

onde:

E : é a matriz de soma de quadrados e produtos residual; e

T : é a matriz de soma de quadrados e produtos entre variedades;

A distribuição de Λ é muito complexa e uma alternativa para se avaliar a significância é a sua transformação para F , que possui tabelas próprias já preparadas. Uma fórmula aproximada é a de Harris (1975) apresentada por GOMES (1987):

$$F_{[p(n-1), ab-c]} = \left[\left(\frac{1}{\Lambda} \right)^{1/b} - 1 \right] \frac{ab - c}{p(n-1)}$$

onde:

p : é o número de caracteres analisados;

n : é o número de variedades;

a = gl do erro - 0,5 ($p-n+2$);

c = 0,5 [$p(n-1)-2$]; e

b = 1 se $p^2 + (n-1)^2 = 5$; ou

$$b = \left[\frac{p^2(n-1)^2 - 4}{p^2 + (n-1)^2 - 5} \right]^{1/2} \quad \text{se } p^2 + (n-1)^2 \neq 5$$

Estas análises preliminares permitiram avaliar a divergência entre as variedades de forma univariada, para cada caráter, e de forma global, através da análise de variância multivariada.

3.1.3. Variáveis canônicas e descarte de variáveis

i. Variáveis canônicas

A partir da análise de variância multivariada obtêveram-se as matrizes de covariância residual E e a de covariância T, relativa a variedades. A técnica das variáveis canônicas consiste em reduzir os p caracteres a um novo conjunto, que são combinações lineares das variáveis originais, e que são não correlacionadas entre si.

As variáveis canônicas podem ser representadas da seguinte forma:

$$\begin{aligned} Y_1 &= a_{11}x_{11} + a_{12}x_{12} + \dots + a_{1p}x_{1p}; \\ Y_2 &= a_{21}x_{21} + a_{22}x_{22} + \dots + a_{2p}x_{2p}; \\ &\cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \quad \quad \cdot \\ &\cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \quad \quad \vdots \quad \cdot \\ &\cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \quad \quad \cdot \\ Y_p &= a_{p1}x_{p1} + a_{p2}x_{p2} + \dots + a_{pp}x_{pp}; \end{aligned}$$

de modo que:

$$a. \text{ Var } (Y_r) = \lambda_r$$

b. $\text{Cov}(Y_r, Y_k) = 0, r \neq k$

c. $\sum_{j=1}^p a_{rj}^2 = 1, (r = 1, 2, \dots, p)$

d. a ordem das variâncias é dada por: $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3 \geq \dots \geq \lambda_p \geq 0$

Para se determinar os autovalores (λ_r) e os autovetores associados aos λ_r 's, basta resolver o sistema indeterminado de equações:

$$(T - \lambda_r E) \underline{a}_r = 0$$

sendo $\underline{a}_r \neq 0$. Isto implica que:

$$\det(T - \lambda_r E) = 0$$

onde:

\underline{a}_r : é o vetor característico referente a r-ésima variável canônica.

Foi feita a transformação de E em I, matriz identidade P x P, da seguinte forma:

$$(S^{-1})' E S^{-1} = I$$

onde:

S^{-1} : é a inversa do fator de Cholesky para a matriz E;

Desta forma aplicando a mesma transformação em T tem-se:

$$L = (S^{-1})' T S^{-1}$$

Esta transformação é possível e não afeta a variação global existente, pois os autovalores são invariantes sob transformações não-singulares dos caracteres e suas estimativas podem ser obtidas através da solução da equação determinantal, semelhante a dos componentes principais (JOHNSON & WICHERN, 1988; MORRISSON, 1967 e BOCK, 1975):

$$\text{Det}(L - \lambda_r I) = 0$$

A importância de cada variável canônica é dada pela razão:

$$\% V_r = \frac{\lambda_r}{\sum_{r=1}^p \lambda_r} = \frac{\text{Var}(Y_r)}{\text{Traço L}}$$

No estudo da divergência genética, adotou-se um número de variáveis canônicas necessário para explicar um mínimo de 70% da variação entre as variedades de milho. Os escores das variáveis canônicas selecionadas, foram calculados e usados para determinação da distância euclidiana, além de terem sido dispostos em planos cartesianos para uma análise preliminar dos grupos.

ii. Descarte de variáveis

As correlações entre as variáveis canônicas e os caracteres foram calculadas, da seguinte forma. Sendo r_{i_r} a correlação entre o i -ésimo caráter e a r -ésima variável canônica, $i, r=1, 2, \dots, p$, então:

$$r_{i_r} = \frac{a_i^{(r)} \sqrt{\lambda_r}}{s_i}$$

em que:

$a_i^{(r)}$: é o elemento do i -ésimo caráter do r -ésimo autovetor associado a r -ésima variável canônica;

λ_r : é o autovalor (variância) relativa a r -ésima variável canônica;

s_i : é o desvio padrão do i -ésimo caráter, obtido pela raiz quadrada do elemento l_{i_i} da matriz L.

O descarte de caracteres redundantes foi feito com base na análise das variáveis canônicas selecionadas, ou seja, as que explicaram um mínimo de 70% da variação disponível. O critério utilizado foi de descartar os caracteres que não apresentaram correlações significativas com nenhuma das variáveis canônicas selecionadas.

3.1.4. Análise de agrupamento

i. Medidas de dissimilaridade

As distâncias de Mahalanobis e euclidiana a partir dos dados padronizados foram utilizadas como medidas de dissimilaridade.

A média da i -ésima variedade relativa ao r -ésimo caráter foi representada por X_{ir} e foi utilizada para estimar as distâncias entre pares de variedades. Os escores das variáveis canônicas, relativos a cada variedade, foram também utilizados para o cálculo dessas distâncias.

i.1. Distância euclidiana (d_{ij})

$$d_{ij} = \left[\sum_{r=1}^p ((X_{ir} - X_{jr})/s_r)^2 \right]^{1/2}$$

onde:

d_{ij} : é a distância euclidiana entre as variedades i e j ;

X_{ir} : é a média do r -ésimo caráter (ou valor do r -ésimo escore das variáveis canônicas) referente a i -ésima variedade;

s_r : Desvio padrão do r-ésimo caráter.

i.2. distância generalizada de Mahalanobis (D_{ij}^2)

$$D_{ij}^2 = (X_i - X_j)' E^{-1} (X_i - X_j)$$

onde:

X_i e X_j : são os vetores média associados a variedade i e j, respectivamente;

E : é a matriz de covariância residual;

E^{-1} : é a inversa de E .

Para formação dos grupos foi utilizado o método hierárquico aglomerativo do vizinho mais próximo apresentado por JOHNSON & WICHERN (1988) e o método de Tocher apresentado por RAO (1952) que maximiza a variação entre grupos e minimiza a variação dentro de grupos.

3.1.5. Depressão por endogamia

Adicionalmente a depressão por endogamia foi avaliada pela metodologia apresentada em VENCOVSKY & BARRIGA (1992) onde se estimaram os efeitos: a) de variedade (V), fornecido pela média das populações S_0 e de suas S_1 correspondentes (S_0 autofecundada); b) dos níveis de endogamia (NE), fornecidos pelo contraste S_0 vs S_1 ; e c) da interação $V \times NE$.

Os efeitos da depressão por endogamia $(1/2)\sum_i \delta_i$ podem ser estimados por:

$$(1/2)\sum_i \delta_i = \bar{S}_{0j} - \bar{S}_{1j}$$

Onde,

δ_i : é a contribuição do i-ésimo loco em heterozigose em relação a média dos homozigotos;

\bar{S}_{0j} : é a média da j-ésima população em equilíbrio, $j=1,2,\dots,28$;

\bar{S}_{1j} : é a média referente a população originada da autofecundação da j-ésima variedade.

3.2. Estimativas dos componentes genéticos de médias do cruzamento dialélico

A análise dialélica dos híbridos e dos pais foi realizada de acordo com os modelo proposto por GARDNER & EBERHART (1966), e através do modelo de GRIFFING (1956) método IV, envolvendo somente os híbridos em Sete Lagoas e na média dos três locais (Sete Lagoas-MG, Goiânia-GO e Londrina-PR).

O modelo proposto por GARDNER & EBERHART (1966) é dado por:

$$Y_{jj'} = m + \frac{1}{2} (v_j + v_{j'}) + \theta(\bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}) + \bar{e}_{jj'}$$

Onde:

$Y_{jj'}$: Valor médio da variedade se $j=j'$ ou do cruzamento se $j \neq j'$;
 m : média de todas variedades;

- v_j e $v_{j'}$: efeito das variedades j e j' respectivamente;
 \bar{h} : heterose média de todos cruzamentos;
 h_j : diferença entre a média das heteroses dos híbridos da variedade j e a heterose média geral (\bar{h}); idem para $h_{j'}$;
 $s_{jj'}$: heterose específica, ou capacidade específica de combinação, manifestada no cruzamento jj' ;
 $\bar{e}_{jj'}$: erro médio associado a observação $Y_{jj'}$, considerados independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2/r ;
 θ : parâmetro condicional: se $j=j'$ tem-se que $\theta=0$ e, para $j \neq j'$ $\theta=1$;

Já o modelo proposto por GRIFFING (1956), método IV é dado por:

$$Y_{jj'} = m + g_j + g_{j'} + s_{jj'} + \bar{e}_{jj'}; \text{ onde,}$$

- $Y_{jj'}$: Valor médio do híbrido jj' ;
 m : média de todos os híbridos;
 g_j e $g_{j'}$: efeito da capacidade geral de combinação dos pais j e j' respectivamente;
 $s_{jj'}$: capacidade específica de combinação manifestada no híbrido jj' ;
 $\bar{e}_{jj'}$: erro médio associado a observação $Y_{jj'}$, considerados independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2/r ;

3.3. Correlações das medidas de dissimilaridade com os componentes genéticos do cruzamento dialélico

A correlação entre as distância euclidiana e de Mahalanobis foi obtida para verificar a concordância dessas técnicas, como foi proposto por MALUF et alii (1983) e CRUZ (1990). As correlações de Pearson foram calculadas as distâncias multivariadas e a heterose e capacidade específica de combinação para produção de espigas e entre as distâncias e a média dos principais caracteres de interesse agrônômico. Tal procedimento foi utilizado para se avaliar a eficiência da predição do comportamento dos híbridos avaliados em Sete Lagoas e também na média dos três locais (Sete Lagoas-MG, Goiânia-GO e Londrina-PR).

4. RESULTADOS

Serão apresentados os resultados referentes as análises univariadas e multivariadas envolvendo somente os pais, a análise da performance dos híbridos, incluindo a análise genética dos cruzamentos dialélicos e depressão endogâmica, e finalmente os coeficientes de correlações entre as distâncias multivariadas e vários atributos que medem o desempenho dos híbridos.

4.1. Análise de variância univariada

Apesar das características avaliadas serem muito diferentes, isto é, com diferentes unidades de medida, a precisão com que elas foram avaliadas foi até certo ponto semelhante. O menor e o maior valor para o coeficiente de variação foi de 2,2% para o número de dias para o florescimento masculino e 18,8% para a produção de espigas. Esses resultados indicam que a precisão experimental foi boa para todos os caracteres (tabela 2).

Houve diferenças significativas entre variedades para todos os dezenove caracteres avaliados, exceto para o diâmetro do colmo, tamanho do pendão, largura das folhas e produção de espigas (tabela 2), indicando pelo menos a princípio que as populações envolvidas nos cruzamentos dialélicos foram divergentes.

TABELA 2 - Resumo das análises de variância univariada para os dezenove caracteres mensurados nas vinte e oito variedades de milho à partir do delineamento em blocos casualizados Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92

CARAC TERES ⁺	QUADRADOS MÉDIOS			MÉDIA	CV(%)
	BLOCOS	CULTIVARES	RESÍDUO		
DC	1,544	4,698**	4,935	21,18	10,49
NF	5,980	1,759**	0,686	14,30	5,79
CF	0,464	83,607**	17,993	100,11	4,24
TP	6,112	15,704*	11,178	39,73	8,42
NRP	20,401	11,756**	6,157	16,41	15,12
CE	0,094	3,726**	0,863	16,13	5,76
DE	0,002	0,138**	0,019	4,19	3,32
NFE	1,479	1,599**	0,571	13,67	5,53
DS	0,003	0,069**	0,010	2,27	4,46
FF	1,446	5,605**	1,891	55,70	2,47
FM	6,446	4,235*	1,743	59,30	2,23
AP	2125,446	651,240*	317,113	259,02	6,88
AE	216,071	744,643**	323,479	144,11	12,48
EF	5,161	17,780**	2,161	48,59	3,03
NE	54,018	90,817**	17,722	47,34	8,89
PE	0,172	2,905*	1,565	6,66	18,78
CI	0,018	7,143*	3,290	18,39	9,87
LF	804,087	53,624**	43,675	77,25	8,59
NGF	25,650	16,890**	4,041	35,35	5,69

** e * significativo pelo teste F ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

+ veja descrição dos caracteres pag. 13

Para os principais caracteres de interesse agrônômico, observou-se grandes diferenças entre as médias das variedades (tabela 3). Para o estande final e número de espigas a diferença ocorreu basicamente entre a variedade BAIII-Tuson e as demais. A produtividade média de espiga (t/ha) variou de 3,37 a 8,61. Apesar dessa variação, não se detectaram diferenças significativas para esse caráter.

TABELA 3 - Médias das vinte e oito variedades, para os principais caracteres de interesse agrônômico: comprimento de espigas (CE) em cm, diâmetro de espigas (DE) em cm, número de fileiras por espigas (NFE), diâmetro de sabugo (DS) em cm, estande final (EF), número de espigas (NE) e produção de espigas (PE) em t/ha. Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92.

Variedades	CE	DE	NFE	DS	EF	NE	PE
01. CMS-01	15,5 BC	4,1 CDE	19,7AB	2,9ABC	48,0A	44,5A	5,58A
02. CMS-02	14,2 C	4,2ABCDE	14,0AB	2,9ABC	49,5A	49,5A	5,66A
03. CMS-03	14,9 C	4,0 CDE	12,0 B	2,2 BC	49,0A	50,0A	6,59A
04. CMS-04N	17,9ABC	4,4ABCDE	14,6AB	2,2 BC	49,5A	48,0A	7,84A
05. CMS-04C	15,3 BC	4,7AB	14,2AB	2,4ABC	50,0A	46,5A	7,85A
06. BR-105	15,3 BC	3,9 EF	19,0AB	2,4ABC	48,5A	54,5A	8,18A
07. BR-106	14,2 C	4,2ABCDE	12,5AB	2,9ABC	50,0A	54,5A	7,44A
08. BR-107	15,1 C	3,9 EF	19,2AB	2,9ABC	50,5A	47,5A	5,70A
09. BR-111	16,6ABC	4,1 CDE	14,0AB	2,9ABC	48,5A	52,0A	7,18A
10. BR-112	15,2 C	4,1 CDE	19,6AB	2,9ABC	48,0A	52,0A	6,11A
11. CMS-14C	15,9ABC	4,2 BCDE	14,6AB	2,4ABC	50,0A	50,5A	5,27A
12. CMS-15	16,9ABC	4,4ABCDE	19,2AB	2,4ABC	48,0A	48,0A	7,04A
13. CMS-22	15,5 BC	4,6ABC	14,6AB	2,5ABC	48,0A	46,0A	6,15A
14. CMS-23	17,2ABC	4,0 DEF	14,8AB	2,0 CD	47,5A	44,0A	6,18A
15. BR-126	15,2 C	4,4ABCDE	19,2AB	2,9ABC	50,0A	47,0A	5,80A
16. CMS-28	14,5 C	4,2 BCDE	19,9AB	2,2 BC	48,5A	45,0A	5,79A
17. CMS-29	14,9 C	4,1 CDE	14,4AB	2,9ABC	49,0A	46,0A	8,05A
18. CM-30	17,1ABC	4,2 BCDE	19,0AB	2,9ABC	48,5A	46,5A	7,19A
19. BR-136	16,6ABC	3,5 F	11,9 B	1,7 D	50,5A	56,0A	6,08A
20. CMS-39	17,4ABC	4,9ABCDE	14,6AB	2,9ABC	50,0A	47,5A	8,96A
21. CMS-50	16,0ABC	4,1 CDE	19,4AB	2,0 CD	48,5A	49,5A	6,96A
22. SINT. ELITE	17,0ABC	4,5ABCD	15,0AB	2,1 C	50,0A	51,0A	7,44A
23. PH-4	17,7ABC	4,9ABCDE	12,6AB	2,6AB	49,5A	47,0A	4,95A
24. CUNHA	16,4ABC	4,4ABCDE	12,8AB	2,2 BC	48,5A	40,5A	7,61A
25. BAI III-TUSON	19,2AB	4,5ABCDE	19,0AB	2,6AB	94,0 B	18,5 B	9,97A
26. SARACURA	19,6A	4,2ABCDE	19,9AB	2,2 BC	49,5A	54,0A	8,61A
27. NITROFLINT	16,2ABC	4,1 CDE	14,2AB	2,4ABC	49,5A	47,0A	6,08A
28. NITRODENT	15,4 BC	4,8A	15,2A	2,7A	49,5A	48,5A	7,55A

Médias, numa mesma coluna, seguidas pela mesma letra não diferem significativamente entre si pelo teste de tukey ao nível de 5% de probabilidade.

4.2. Depressão por endogamia

Constataram-se diferenças significativas entre variedades com base na média das populações S_0 e S_1 's correspondentes, com relação a todos caracteres, e também entre os níveis de endogamia (S_0 vs S_1) para todas as características, exceto para altura de espiga. No entanto, constatou-se que a interação entre as variedades e os níveis de endogamia foi não significativa, para todos os caracteres, exceto para o número de dias para o florescimento feminino e masculino e para o número de espigas, indicando que a endogamia para as diferentes variedades não diferiram significativamente (tabela 4).

TABELA 4 - Resumo das análises de variância para alguns caracteres de importância agrônômica mensurados nos pais e nos seus correspondentes S_1 's (pais autofecundados), Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92.

FV	GL	QUADRADO MÉDIO						
		FM ⁺	FF	AP	AE	EF	NE	PE
VARIEDADES (V)	27	11,04**	7,52**	760,4**	786,7**	37,80**	127,0**	3,1**
NIVEIS DE ENDOGAMIA (NE)	1	69,14**	54,32**	5858,0**	830,6	52,94**	897,2**	164,6**
V x NE	27	2,48*	2,80*	304,8	281,5	2,81	25,9**	1,4
RESÍDUO	440	1,40	1,84	265,0	272,7	5,61	13,1	1,33
MÉDIA		55,79	59,30	260,6	146,6	48,48	47,04	7,06
CV (%)		2,12	2,29	6,3	11,3	4,88	7,70	16,35

** e * significativo pelo teste F ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

+ veja descrição dos caracteres pag. 13

Para produção de espigas, caráter que se deseja predizer o comportamento híbrido, a diferença significativa entre os níveis de endogamia indica haver depressão por endogamia nos materiais avaliados. As estimativas do contraste S_0-S_1 , isto é, média da população não endogâmica menos a média da população após uma geração de autofecundação, estão apresentadas na tabela 5. Observa-se que a maior estimativa desse contraste foi de 4,57t/ha para o pai CMS-39 e o menor foi de -1,18t/ha para o pai BAIII-Tuson, que apesar de negativo não foi significativamente diferente de zero. Apesar da interação variedades \times níveis de endogamia não ter sido significativa, constatou-se uma grande variação entre as estimativas, sendo a depressão por endogamia média de 2,42t/ha para este caráter, representando 36,34% da média geral das populações não endogâmicas (S_0).

TABELA 5 - Depressão por endogamia dos pais, obtidas à partir do contraste S_0-S_1 para produção de espigas (t/ha) em Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92.

TRATAMENTO GENÉTICO	DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA	TRATAMENTO GENÉTICO	DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA
01. CMS-01	2,33*	15. BR-126	2,19
02. CMS-02	2,57*	16. CMS-28	0,60**
03. CMS-03	2,80*	17. CMS-29	4,36**
04. CMS-04N	1,98	18. CM-30	3,71
05. CMS-04C	2,09*	19. BR-136	2,08**
06. BR-105	2,27*	20. CMS-39	4,57**
07. BR-106	2,11*	21. CMS-50	3,13**
08. BR-107	2,48	22. SINT. ELITE	3,31
09. BR-111	1,48	23. PH-4	1,26**
10. BR-112	1,48	24. CUNHA	4,03
11. CMS-14C	1,20**	25. BAIII-TUSON	-1,18**
12. CMS-15	3,34**	26. SARACURA	3,21
13. CMS-22	2,25*	27. NITROFLINT	2,19**
14. CMS-23	2,90	28. NITRODENT	3,15

** * e Significativo pelo teste F ao nível de 1% e 5% respectivamente.

4.3. Análises multivariadas

Os autovalores associados as variáveis canônicas com base nos dezoito caracteres, bem como as variâncias em porcentagem individuais e acumuladas estão apresentadas na tabela 6. Pode-se observar que as quatro primeiras variáveis canônicas explicaram 73,3% da variação global, sendo utilizadas para a identificação dos caracteres de menor importância.

TABELA 6 - Variância, variância percentual e variância acumulada das variáveis canônicas obtidas à partir dos dezoito caracteres mensurados em vinte e oito variedades Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92.

VARIÁVEIS CANÔNICAS	(AUTOVALORES) VARIÂNCIAS	VARIÂNCIA PORCENTUAL	VARIÂNCIA PORCENTUAL ACUMULADA
1	43,138	27,4	27,4
2	27,178	17,3	44,7
3	24,775	15,8	60,5
4	20,178	12,8	73,3
5	10,574	6,7	80,0
6	9,079	5,8	85,8
7	7,802	5,0	90,7
8	3,960	2,5	93,3
9	2,642	1,7	94,9
10	2,412	1,5	96,5
11	1,519	1,0	97,4
12	1,132	0,7	98,2
13	0,972	0,6	98,8
14	0,701	0,4	99,2
15	0,448	0,3	99,5
16	0,283	0,2	99,7
17	0,211	0,1	99,8
18	0,188	0,1	99,9
19	0,082	0,1	100,0

Constatou-se que os caracteres que não apresentaram correlações significativas com as variáveis canônicas de maior

importância foram: comprimento de internódio (CI), largura das folhas (LF) e número de grãos por fileira (NGF)-tabela 7-indicando que eles não devem estar contribuindo diretamente para a divergência das variedades.

TABELA 7 - Coeficientes de correlação entre os caracteres e as quatro variáveis canônicas principais, ou seja aquelas que explicaram mais de 70% da variação total acumulada.

CARACTERES ORIGINAIS	VARIÁVEIS CANÔNICAS			
	1	2	3	4
CI	0,015	0,184	0,046	0,290
DC	-0,109	-0,457*	-0,293	0,037
NF	-0,678**	-0,390*	-0,100	0,057
LF	-0,093	0,231	-0,317	0,365
CF	-0,581**	0,037	0,239	0,495**
TP	-0,542**	-0,329	0,113	0,576**
NRP	-0,097	0,608**	0,125	0,199
CE	0,167	0,268	0,078	0,674**
DE	0,255	-0,066	-0,477*	-0,185
NFE	-0,044	0,553**	0,170	0,475*
NGF	-0,132	0,197	0,366	-0,274
DS	0,628**	-0,256	0,537**	-0,253
FM	-0,347	-0,886**	0,269	-0,049
FF	-0,756**	-0,165	0,075	0,511**
AP	-0,214	0,096	-0,847**	0,220
AE	-0,358	0,493**	0,675**	0,217
EF	-0,940**	0,114	-0,102	-0,265
NE	0,011	0,460*	0,143	-0,811**
PE	0,210	-0,156	-0,482**	-0,093

** e * significativo pelo teste t ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

Como já comentado, entre esses três caracteres apenas a largura das folhas não apresentou teste F significativo nas análises univariadas (tabela 2). Apesar das variedades diferirem entre si para o comprimento do internódio e para o número de grãos por fileira, esses caracteres não contribuíram para a divergência. Isso ocorreu, provavelmente porque essas características são correlacionadas com outras e quando avaliadas em conjunto, na análise multivariada essas diferenças individuais se tornam redundantes. Esses resultados mostram a importância da análise multivariada em reduzir o número de caracteres a serem coletados quando da avaliação da divergência genética.

Nessa situação apesar da redução, o número de caracteres a ser avaliados ainda é grande, pois dos dezenove que foram tomados, apenas três foram considerados de menor importância, sendo possível inferir que a maioria deles é importante na avaliação da divergência genética entre os materiais (tabela 7).

Com base nos dezesseis caracteres foram obtidas as matrizes de correlações referentes as fontes de variação variedades e resíduo, tabelas 8 e 9 respectivamente. Entre as médias das variedades destacaram-se as correlações entre o florescimento masculino e feminino (0,898), estande final e número de espigas (0,853) e altura das plantas e altura das espigas (0,806), (tabela 8). No entanto apesar dessas altas correlações, estes caracteres ainda apresentaram contribuições individuais significativas para a variabilidade global, como pode ser observado pelos coeficientes de correlação com as quatro variáveis canônicas de maior importância (tabela 7). Para as correlações residuais (tabela 9) a mesma tendência foi observada, exceto entre estande final e número de espigas.

TABELA 8 - Matriz de correlação entre médias de variedades para os dezesseis caracteres remanescentes.

CARACTER	CARACTER															
	DC	NF	CF	TP	NRP	CE	DE	NFE	DG	FM	FF	AP	AE	EF	NE	FE
DC	1,00															
NF	0,30	1,00														
CF	0,31	0,55	1,00													
TP	0,35	0,18	0,49	1,00												
NRP	-0,06	-0,01	0,23	0,15	1,00											
CE	-0,07	-0,19	0,20	0,32	0,21	1,00										
DE	0,28	-0,03	-0,13	-0,02	-0,17	0,10	1,00									
NFE	-0,18	-0,11	-0,14	-0,16	0,12	0,04	0,47	1,00								
DG	0,12	-0,30	-0,32	-0,14	-0,13	0,00	0,67	0,27	1,00							
FM	0,17	0,59	0,21	0,28	-0,17	0,01	0,02	-0,29	-0,23	1,00						
FF	0,22	0,60	0,29	0,47	-0,10	-0,01	-0,20	-0,35	-0,35	0,90	1,00					
AP	0,47	0,56	0,49	0,43	0,29	0,03	0,00	-0,24	-0,03	0,30	0,38	1,00				
AE	0,60	0,52	0,58	0,30	0,20	0,12	0,12	-0,36	-0,00	0,32	0,32	0,81	1,00			
EF	-0,12	0,29	0,25	-0,12	-0,01	-0,42	-0,18	0,13	-0,30	-0,11	-0,05	0,15	0,11	1,00		
NE	-0,12	0,25	0,24	-0,08	0,09	-0,29	-0,35	-0,02	-0,40	-0,06	0,01	0,01	0,03	0,85	1,00	
FE	0,33	0,42	0,42	0,08	0,10	-0,00	0,12	0,24	-0,17	0,03	0,04	0,27	0,32	0,52	0,56	1,00

* e *
 e significativo pelo teste de t ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

TABELA 9 - Matriz de correlação residual para os dezesseis caracteres remanescentes.

CARACTER	CARACTER															
	DC	NF	CF	TP	NRP	CE	DE	NFE	DS	FM	FF	AP	AE	EF	NE	FE
DC	1,00															
NF	0,44*	1,00														
CF	0,44*	0,44*	1,00													
TP	0,21	-0,12	-0,15	1,00												
NRP	0,18	0,03	-0,10	0,49**	1,00											
CE	0,18	0,16	0,05	0,04	0,08	1,00										
DE	0,47**	0,37*	0,06	0,11	0,02	0,25	1,00									
NFE	0,28	0,35	-0,07	-0,11	0,01	-0,17	0,41*	1,00								
DS	0,13	0,26	0,21	-0,32	0,06	0,10	0,47*	0,14	1,00							
FM	-0,24	-0,35	-0,50**	-0,09	0,10	0,17	-0,03	0,06	-0,24	1,00						
FF	-0,26	-0,33	-0,53**	-0,15	0,05	-0,02	-0,01	0,16	-0,00	0,73**	1,00					
AP	0,32	0,31	0,27	0,01	0,07	0,05	0,08	0,40*	0,11	-0,11	-0,25	1,00				
AE	0,19	0,09	0,11	-0,05	-0,16	0,23	0,21	-0,05	0,11	0,07	-0,18	0,59**	1,00			
EF	-0,10	-0,18	-0,06	0,17	-0,10	-0,19	-0,23	-0,02	-0,09	-0,18	-0,35	0,19	0,06	1,00		
NE	0,40*	0,25	0,25	0,35	0,25	0,19	-0,03	0,08	-0,10	-0,01	-0,25	0,31	0,14	0,26	1,00	
FE	0,25	0,16	0,54**	0,18	0,00	0,26	-0,02	-0,14	-0,05	-0,25	-0,48*	0,47*	0,37*	0,09	0,59**	1,00

** *

e significativo pelo teste de t ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

Pela critério de Wilks obteve-se um valor de $\Lambda=8,4398 \times 10^{-11}$ correspondente a um F de 2,817 com 432 e 227 graus de liberdade respectivamente, o qual foi significativo ($P<0,01$), indicando haver divergência genética entre as variedades.

Novamente foram obtidos as variáveis canônicas, com as dezesseis caracteres remanescentes. Na tabela 10 estão apresentados as variâncias (autovalores), variância percentual e variância acumulada. Com quatro variáveis canônicas acumulou-se um total de 77,4% da variação contida nos caracteres originais. Houve um ganho de 4,1% em relação as variáveis canônicas obtidas anteriormente, baseadas nos dezenove caracteres (tabela 6).

TABELA 10- Variância, variância percentual e variância acumulada das variáveis canônicas obtidas à partir dos dezesseis caracteres selecionados. Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92.

VARIÁVEIS CANÔNICAS	(AUTOVALORES) VARIÂNCIAS	VARIÂNCIA PORCENTUAL	VARIÂNCIA PORCENTUAL ACUMULADA
1	36,753	32,2	32,2
2	23,563	20,7	52,9
3	18,183	15,9	68,8
4	9,749	8,5	77,4
5	8,292	7,3	84,7
6	5,511	4,8	89,5
7	3,353	2,9	92,4
8	2,455	2,2	94,6
9	1,772	1,6	96,1
10	1,436	1,3	97,4
11	0,991	0,9	98,3
12	0,624	0,5	98,8
13	0,553	0,5	99,3
14	0,362	0,3	99,6
15	0,224	0,2	99,8
16	0,206	0,2	100,0

Como era de se esperar, todos os caracteres foram importantes para a variação global, apresentando coeficientes de

correlação significativos com pelo menos uma das quatro variáveis canônicas de maior importância (tabela 11). Estes coeficientes de correlação obtidos demonstraram a contribuição parcial de cada caráter para a divergência das variedades, evidenciando a complexidade da seleção dos pais baseada apenas em uma única característica.

TABELA 11- Coeficientes de correlação entre os caracteres e as quatro variáveis canônicas principais, ou seja, aquelas que explicaram mais de 70% da variação total acumulada, com base nos dezesseis caracteres selecionados.

CARACTERES ORIGINAIS	VARIÁVEIS CANÔNICAS			
	1	2	3	4
DC	0,087	0,393*	0,223	0,184
NF	0,672**	0,365	0,248	0,144
CF	0,630**	0,188	-0,556**	0,186
TP	0,543**	0,526**	-0,399*	0,183
NRP	0,165	-0,412*	-0,380*	-0,097
CE	-0,126	0,056	-0,749**	0,151
DE	-0,300	-0,216	0,162	0,821**
NFE	0,126	-0,285	-0,774**	0,355
DS	-0,714**	0,240	0,024	-0,005
FM	0,363	0,836**	0,283	0,097
FF	0,773**	0,389*	-0,295	-0,166
AP	0,400*	0,349	0,368	-0,183
AE	0,548**	-0,169	-0,650**	0,025
EF	0,929**	-0,257	0,185	0,088
NE	0,109	-0,858**	0,389*	-0,137
PE	-0,025	0,127	0,463*	0,407*

** e * significativo pelo teste t ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

Com os autovetores relativos a cada uma das quatro variáveis canônicas (tabela 12), determinaram-se seus respectivos escores, os quais foram utilizados para o cálculo da distância euclidiana entre os pais, e para representação gráfica no plano cartesiano bidimensional para um agrupamento subjetivo das variedades.

TABELA 12 - Autovetores das quatro variáveis canônicas principais, ou seja, aquelas que explicaram mais de 70% da variação total acumulada, com base nos dezesseis caracteres selecionados.

CARACTERES ORIGINAIS	VARIÁVEIS CANÔNICAS			
	1	2	3	4
DC	0,014	0,079	0,051	0,058
NF	0,188	0,128	0,099	0,078
CF	0,228	0,085	-0,286	0,131
TP	0,147	0,177	-0,153	0,096
NRP	0,046	-0,144	-0,151	-0,053
CE	-0,046	0,026	-0,387	0,107
DE	-0,153	-0,137	0,117	0,809
NFE	0,052	-0,146	-0,450	0,282
DS	-0,343	0,144	0,016	-0,004
FM	0,213	0,613	0,236	0,110
FF	0,303	0,190	-0,164	-0,126
AP	0,146	0,159	0,191	-0,130
AE	0,229	-0,088	-0,386	0,020
EF	0,727	-0,251	0,206	0,134
NE	0,059	-0,586	0,302	-0,145
PE	-0,012	0,073	0,301	0,362

Pelas estimativas das correlações entre a distância de Mahalanobis (D^2) e a distância euclidiana à partir dos caracteres originais (d) e à partir dos escores das variáveis canônicas (d_{vc}) entre as variedades (tabela 13), observou-se uma boa concordância entre elas. As distâncias de Mahalanobis e euclidiana foram altamente correlacionadas ($r=0,865$). No entanto, as correlações entre a

distância euclidiana obtida à partir dos escores das variáveis canônicas e as demais distâncias foram, apesar de significativas, de magnitude inferior. A presença de várias correlações residuais significativas (tabela 9), é um dos fatores que pode ter contribuído para que ocorresse algumas diferenças entre as distâncias de Mahalanobis e euclidiana.

TABELA 13. Coeficientes de correlação entre as estimativas de dissimilaridades fornecidas pelas distâncias multivariadas: D^2 (distância generalizada de Mahalanobis); d (distância euclidiana à partir dos caracteres estandardizados) e d_{vc} (distância euclidiana à partir dos escores das variáveis canônicas selecionadas).

DISTÂNCIAS	D^2	d	d_{vc}
D^2	1,000		
d	0,865**	1,000	
d_{vc}	0,584**	0,699**	1,000

** significativo pelo teste t ao nível 1% de probabilidade

O resultado do agrupamento das vinte e oito variedades com base nas distâncias de Mahalanobis, pelo processo de otimização de Tocher forneceu dois grupos, um deles formado pela variedade BAIII-Tuson (25) e outro formado pelas demais variedades (tabela 14). A figura 1 apresenta o dendograma para o agrupamento hierárquico pelo método do vizinho mais próximo com base na distância de Mahalanobis. Pode-se observar que a variedade BAIII-tuson (25) formou um grupo isolado, o mesmo ocorreu com a BR 136 (19) e as demais variedades formaram um terceiro grupo com distâncias bem similares entre si.

Resultado semelhante pode ser observado na figura 2, obtida pelo mesmo processo, porém com base na distância euclidiana, principalmente para as variedades mais divergentes.

TABELA 14. Grupos de similaridades entre as vinte e oito variedades, determinados pelo método de Tocher à partir das distâncias de Mahalanobis. Sete Lagoas, Minas Gerais, 1991/92.

Grupos	Variedades
I	{ 1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,21 22,23,24,26,27,28
II	{ 25

A dispersão gráfica dos escores das três variáveis canônicas de maior importância, tomadas duas a duas, estão apresentadas nas figuras 3,4 e 5. Subjetivamente os pais foram agrupados em quatro conjuntos: o primeiro com a variedade BAIII-Tuson (25), o segundo com as variedades CMS-01 (1) e CMS-28 (16), o terceiro com as variedades CMS-30 (18) e Cunha (24) e o quarto pelas demais variedades. Comparando-se os resultados da dispersão gráfica dos escores e dos dendogramas, obteve-se uma boa concordância. Observou-se também, que a variedade BAIII-Tuson foi uma das variedades mais divergentes.

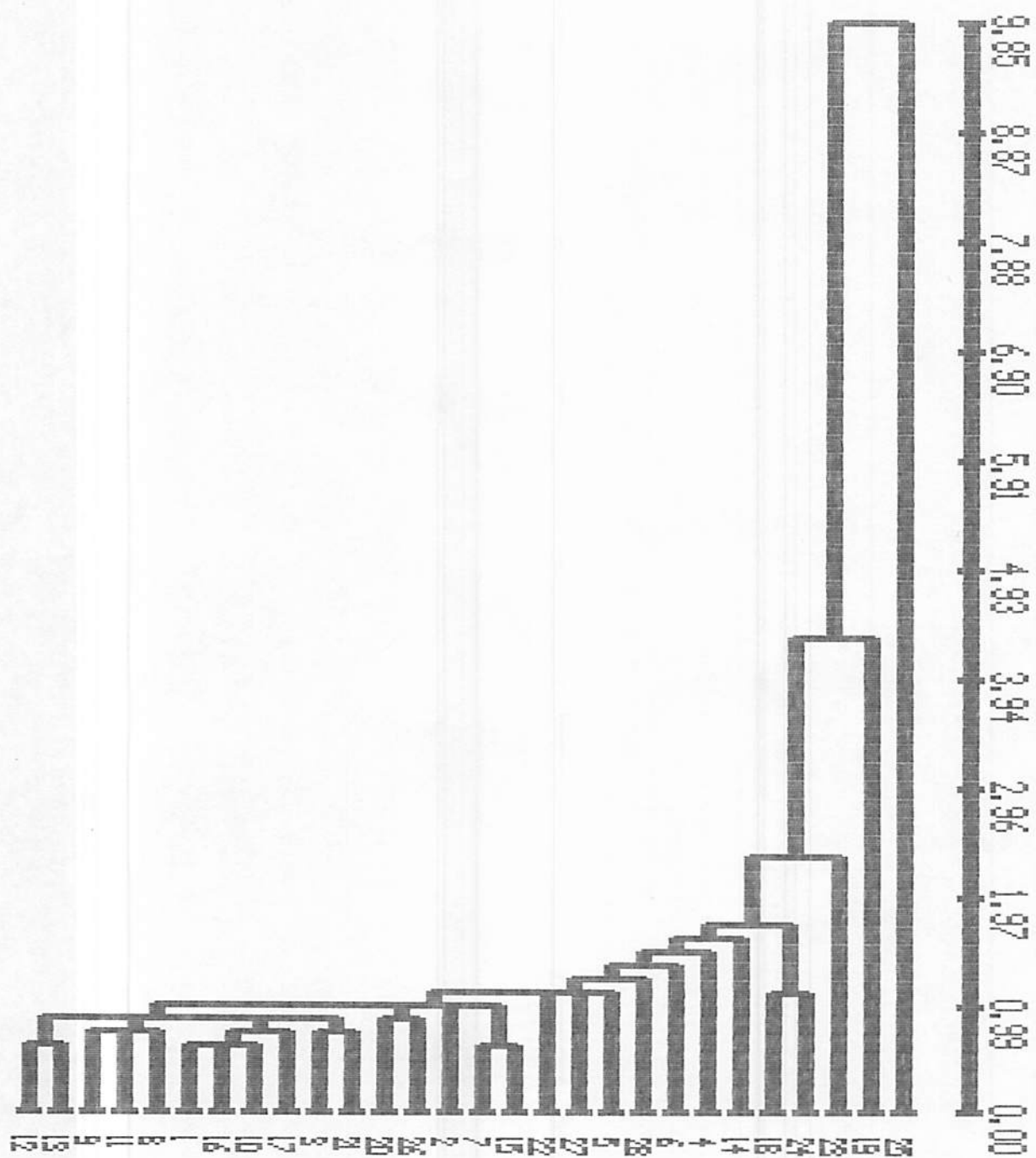


FIGURA 1. Dendrograma obtido pelo método do vizinho mais próximo, à partir da distância de Mahalanobis, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais.

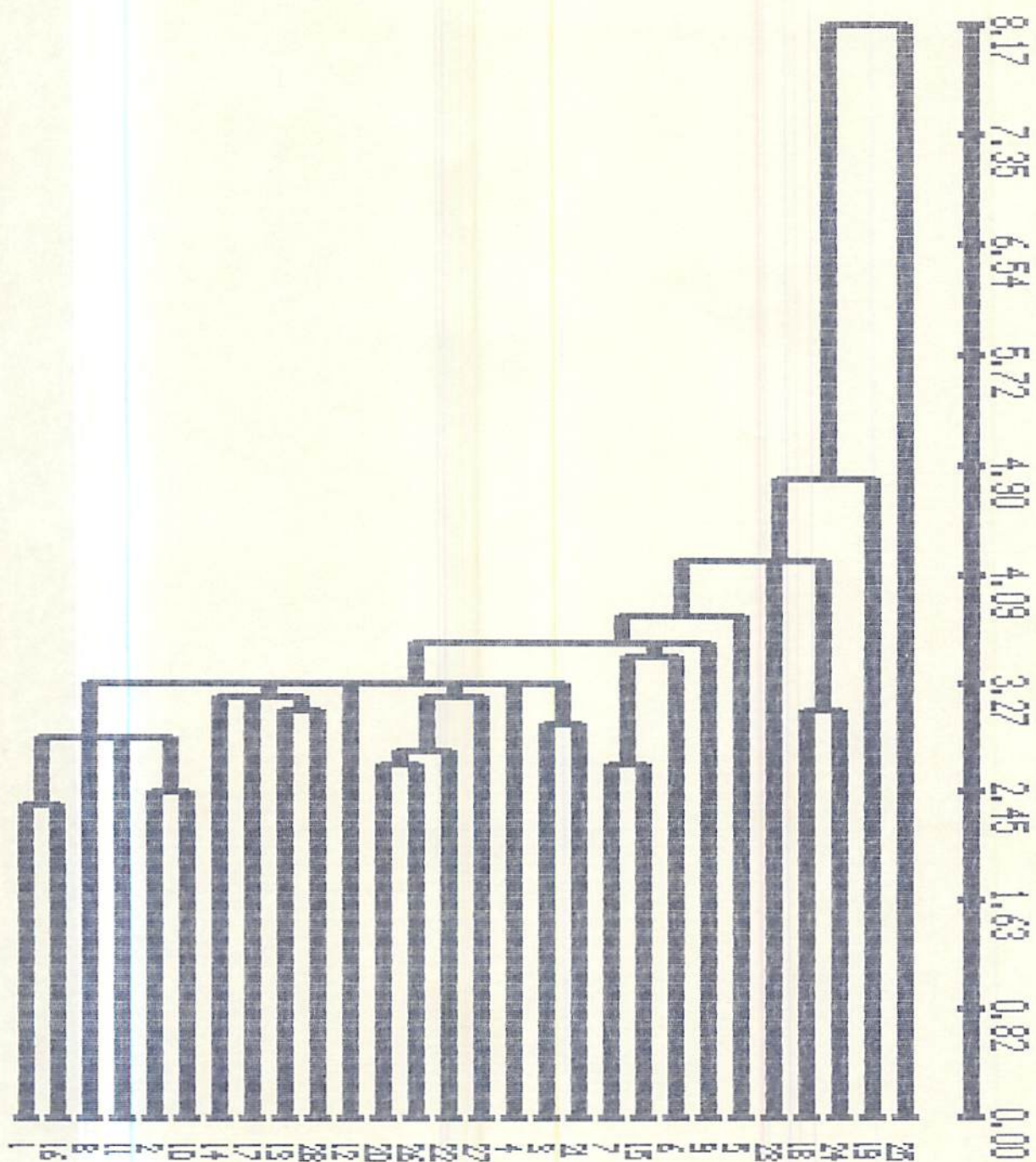


FIGURA 2. Dendrograma obtido pelo método do vizinho mais próximo, à partir da distância euclidiana, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais.

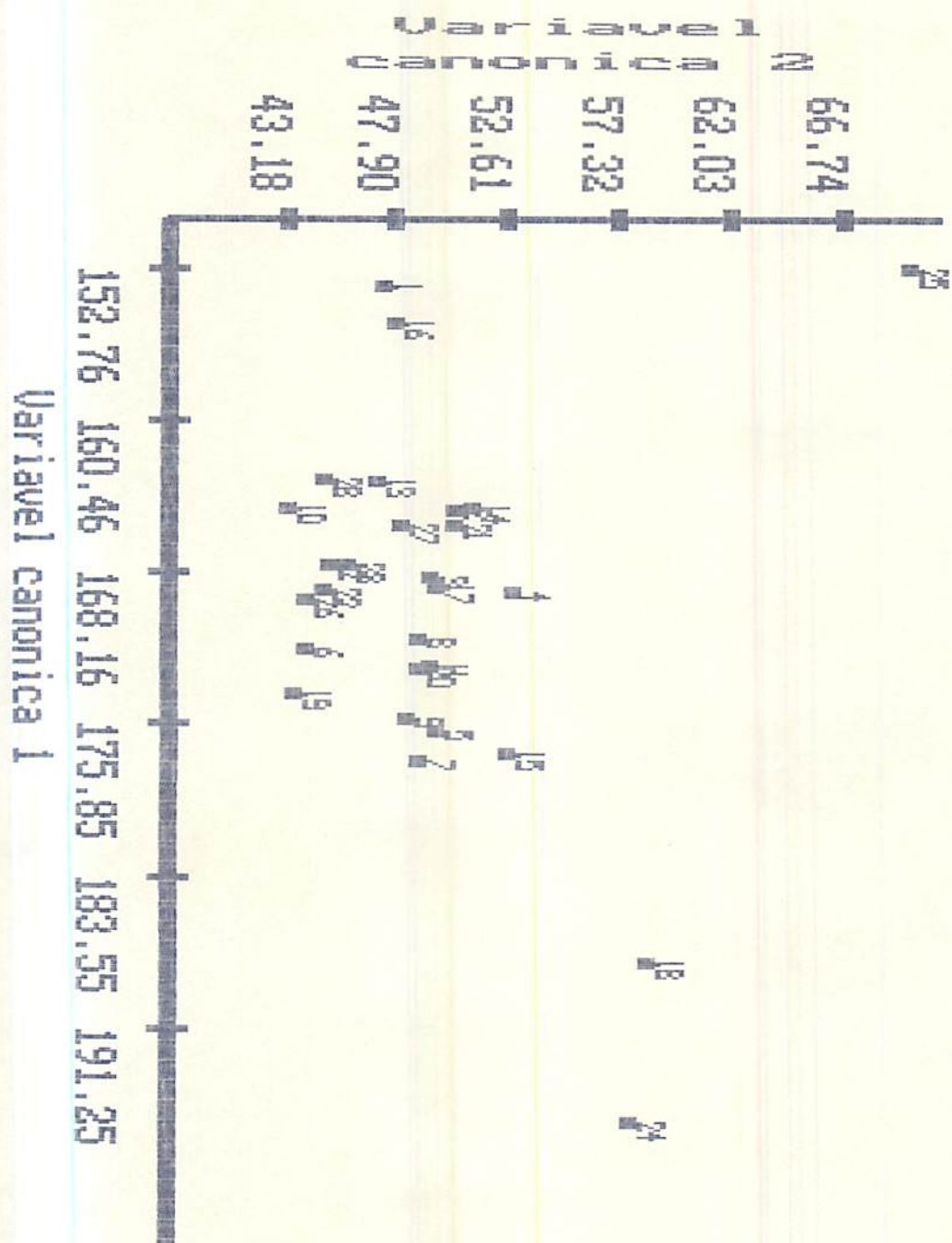


FIGURA 3. Dispersão gráfica dos escores das duas variáveis canônicas mais importantes, para as vinte e oito variedades Sete Lagoas, Minas Gerais.

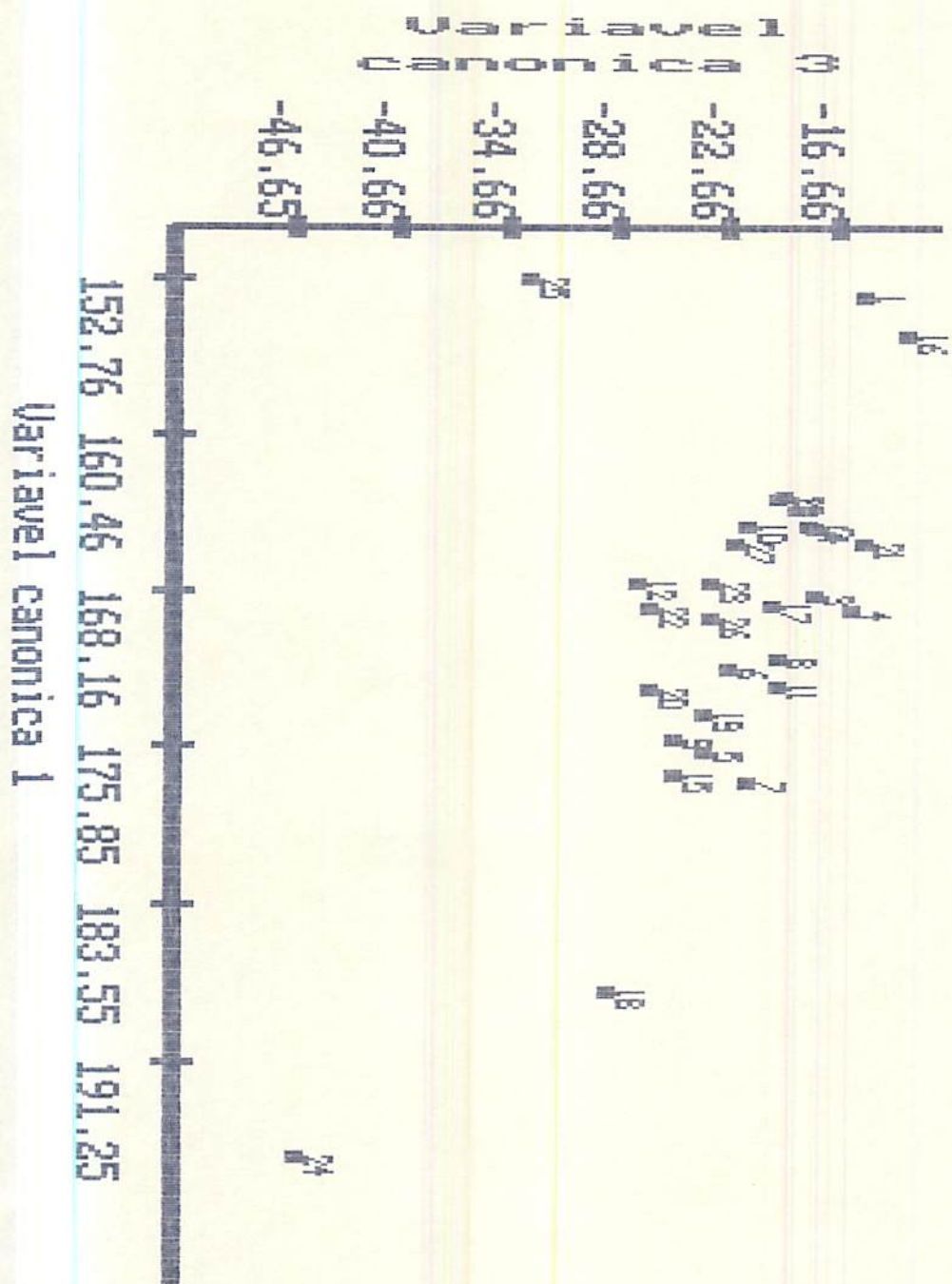


FIGURA 4. Dispersão gráfica dos escores da primeira e da terceira variável canônica mais importante, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais.

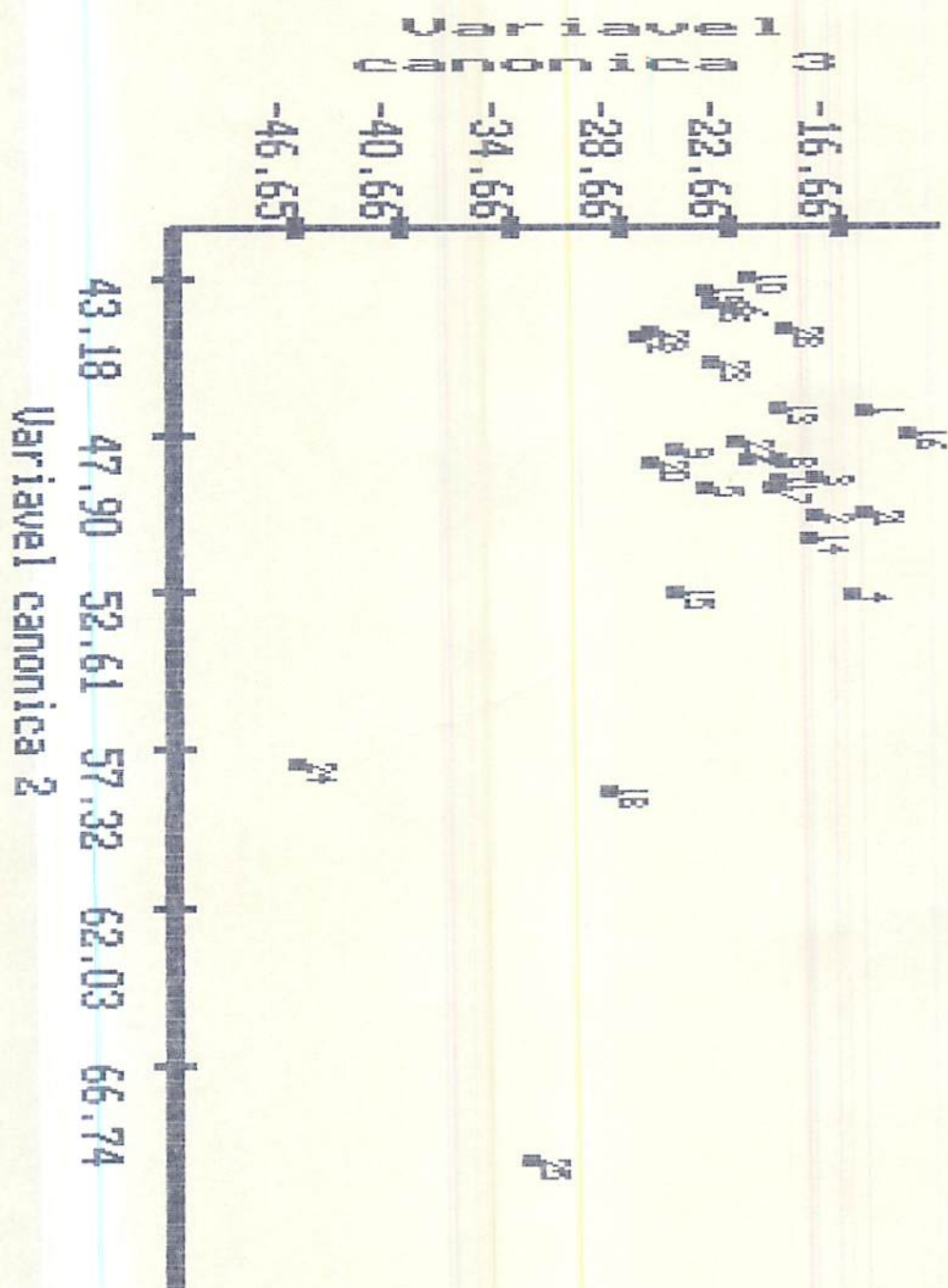


FIGURA 5. Dispersão gráfica dos escores da segunda e da terceira variável canônica mais importante, para as vinte e oito variedades, Sete Lagoas, Minas Gerais.

4.4. Análise dialélica

Através da análise dialélica pelo método de GARDNER & EBERHART (1966), para produção de espigas, envolvendo os híbridos e os pais, verificou-se diferenças significativas para a fonte de variação variedades ($p < 0,01$), porém não houve diferenças para heterose em Sete Lagoas. Na decomposição da heterose em heterose média, heterose varietal e heterose específica verificou-se que houve diferenças significativas somente no caso das duas primeiras para Sete Lagoas. Para a análise na média dos três locais, verificou-se diferenças significativas para heterose, e também para heterose média, varietal e específica (tabela 15).

TABELA 15 - Análise dialélica pelo método de GARDNER & EBERHART (1966), para produção de espigas (t/ha), envolvendo os pais e os híbridos biparentais em Sete Lagoas e na média dos locais (Sete Lagoas, Goiânia e Londrina) 1991/92.

FV	GL	QM	
		SETE LAGOAS	MÉDIA DOS TRÊS LOCAIS
POPULAÇÕES	405	0,936**	1,743**
VARIÉDADES	27	3,915**	9,663**
HETEROSE	378	0,724	1,179**
HETEROSE MÉDIA	1	10,530**	18,645**
HETEROSE VARIETAL	27	1,071**	1,689**
HETEROSE ESPECÍFICA	350	0,669	1,089**
RESÍDUO	440	0,667	0,579

** significativo pelo teste F ao nível 1% de probabilidade

Para a análise dialélica pelo método IV de GRIFFING (1956) verificou-se diferenças significativas somente para a capacidade geral de combinação (CGC), não se constatando diferenças significativas para a capacidade específica de combinação (CEC) em Sete Lagoas. Porém na média dos três locais verificou-se diferenças significativas para CEC, no entanto essas diferenças podem ser atribuídas ao grande número de graus de liberdade associados (tabela 16).

TABELA 16 - Análise dialélica pelo método de GRIFFING (1956), para produção de espigas (t/ha) em Sete Lagoas e na média dos locais (Sete Lagoas, Goiânia e Londrina), 1991/92.

FV	GL	QM		QM
		SETE LAGOAS	GL	MÉDIA DOS TRÊS LOCAIS
CRUZAMENTOS	377	0,874	377	1,563**
CGC	27	3,534**	27	7,698**
CEC	350	0,668	350	1,089**
RESÍDUO	440	0,667	1320	0,579

** significativo pelo teste F ao nível 1% de probabilidade

As maiores estimativas positivas da capacidade geral de combinação para Sete Lagoas (tabela 17) foram: 0,71t/ha para a variedade CMS-50 (21), 0,55t/ha para a variedade CMS-28 (16) e 0,47t/ha para a variedade Cunha (24), valores estes que corresponderam a 10,2%, 9,49% e 6,18% das médias respectivamente; e para a média dos três locais foram: 0,60t/ha para a variedade BR-105 (6) e 0,48t/ha para as variedades BR-106 (7) e Nitrodent (28) que corresponderam a 7,33%, 6,44% e 6,36% das médias respectivamente. E as maiores estimativas negativas da capacidade geral de combinação em magnitude

para Sete Lagoas foram: -0,83t/ha para a variedade CMS-01 (1), -0,60t/ha para a variedade BAIIII-Tuson e -0,57t/ha para a variedade CMS-02 (2), valores estes que corresponderam a -14,87%, -17,80% e -10,07% das médias respectivamente; e para média dos três locais foram: -0,57t/ha para a variedade CMS-02 (2), -0,52t/ha para a variedade BAIIII-Tuson (25) e -0,39t/ha para a variedade CMS-01 (1) correspondendo a -10,07%, -15,43% e -6,99% das médias respectivamente. Tais resultados demonstraram o pior desempenho da variedade BAIIII-Tuson.

TABELA 17 - Capacidade geral de combinação (CGC) dos pais, obtidas à partir da análise dialélica para produção de espigas (t/ha) pelo modelo de GARDNER & EBERHART (1966), em Sete Lagoas e na média dos três locais (Sete Lagoas, Goiânia e Londrina), 1991/92.

PROGENITOR	CGC (T/Ha)		PROGENITOR	CGC (T/Ha)	
	SETE LAGOAS	MÉDIA DOS LOCAIS		SETE LAGOAS	MÉDIA DOS LOCAIS
01. CMS-01	-0,83**	-0,39**	15. BR-126	0,27**	0,02**
02. CMS-02	-0,57**	-0,57**	16. CMS-28	0,55*	0,44*
03. CMS-03	-0,21	-0,38**	17. CMS-29	-0,34	-0,27
04. CMS-04N	0,10	0,10	18. CM-30	0,08	-0,13
05. CMS-04C	-0,01*	0,01**	19. BR-136	0,07	-0,13
06. BR-105	0,33**	0,60**	20. CMS-39	0,06**	0,23
07. BR-106	0,44**	0,48**	21. CMS-50	0,71*	0,19*
08. BR-107	-0,32*	-0,24	22. SINT. ELITE	0,37	0,34
09. BR-111	0,15*	0,04	23. PH-4	-0,26**	-0,13
10. BR-112	0,36	-0,04	24. CUNHA	0,47**	0,02**
11. CMS-14C	0,05	0,15*	25. BAIIII-TUSON	-0,60	-0,52*
12. CMS-15	0,03	-0,31	26. SARACURA	-0,10*	0,31
13. CMS-22	-0,21	-0,02**	27. NITROFLINT	-0,36	0,09**
14. CMS-23	-0,24	-0,37	28. NITRODENT	0,02	0,48

** e * significativo pelo teste t ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

As vinte maiores e menores capacidades específicas de combinação na média dos três locais estão apresentadas na tabela 18. Observou-se uma amplitude de 4,16t/ha, com o maior valor (1,76t/ha) para o híbrido BR-105×BAIII-Tuson (6×25) e menor valor (-2,40t/ha) para o híbrido CMS-50×PH4 (21×23). Da mesma forma foram obtidas as vinte maiores e as vinte menores heteroses. A amplitude foi de 5,55t/ha, com maior valor de 3,54t/ha para o híbrido BR-105×BAIII-Tuson (6×25) e menor valor de -2,01t/ha para o híbrido BR-106×CMS-50 (7×21).

TABELA 18 - Capacidade específica de combinação (CEC) e heterose (h) para os vinte melhores e vinte piores cruzamentos, obtidos à partir da análise dialélica para produção de espigas (t/ha) pelos modelos de GRIFFING (1956) e de GARDNER & EBERHART (1966), na média dos três locais, 1991/92.

VINTE MELHORES CRUZAMENTOS				VINTE PIORES CRUZAMENTOS			
CRUZAMENTO	CEC	CRUZAMENTO	h	CRUZAMENTO	CEC	CRUZAMENTO	h
6×25	1,76	6×25	3,54	6×14	-0,94	7×16	-0,76
17×18	1,42	16×25	3,18	7×24	-0,98	9×26	-0,80
20×22	1,24	15×25	3,14	14×21	-1,01	7×24	-0,81
11×21	1,23	25×27	2,79	11×25	-1,03	17×27	-0,85
4×7	1,18	19×25	2,55	1×10	-1,05	4×13	-0,86
3×6	1,17	21×25	2,38	1×21	-1,06	1×21	-0,88
16×18	1,15	18×25	2,32	11×13	-1,06	1×10	-0,89
7×17	1,13	15×18	2,24	2×25	-1,12	10×17	-0,91
24×27	1,10	16×18	2,15	15×27	-1,13	26×28	-0,91
25×27	1,10	23×25	2,08	1×25	-1,15	2×18	-1,02
9×20	1,09	11×21	2,06	19×20	-1,17	4×26	-1,07
15×18	1,05	3×25	2,01	4×18	-1,31	5×17	-1,09
1×23	1,00	11×23	2,00	7×16	-1,33	4×18	-1,19
2×9	0,96	20×22	2,00	6×17	-1,53	13×24	-1,21
2×21	0,94	25×28	1,94	22×25	-1,59	12×17	-1,29
4×28	0,94	15×23	1,90	13×24	-1,63	5×26	-1,35
9×13	0,92	20×25	1,87	2×18	-1,71	21×23	-1,48
16×25	0,92	15×20	1,85	27×28	-1,98	6×17	-1,59
10×21	0,92	5×25	1,84	7×21	-2,06	27×28	-1,85
13×14	0,91	15×22	1,80	21×23	-2,40	7×21	-2,01

$P_{15} \rightarrow 6 \times 25$
 $6 = 3,18$
 $25 = 3,37$
 $3,37 - 3,54 = 5,78$
 $5,78 - 100\%$
 $3,54 - x$
 $x = 6,25$

$P_{15} \rightarrow 21 \times 23$
 $21 = 6,96$
 $23 = 4,95$
 $4,95 - 5,96 = -2,01 = F_1 - 5,96$
 $5,96 - 100\%$
 $3,95 - (-2,01)$
 $x = -3,72$

4.5. Correlação dos parâmetros estimados nos híbridos com as distâncias multivariadas

Os coeficientes de correlação entre as distâncias multivariadas (D^2 , d , d_{vc}), medidas da divergência genética das variedades, e a capacidade específica de combinação (CEC) e heterose (h) para produção de espigas (t/ha), em Sete Lagoas e na média dos três locais, e também com a média dos híbridos para alguns caracteres de interesse agrônômico (número de dias para o florescimento feminino, número de dias para o florescimento masculino, altura das plantas, altura das espigas, estande final, número de espigas e produção de espigas) para Sete Lagoas, estão apresentados na tabela 19. Observou-se que a capacidade específica de combinação não correlacionou com nenhuma das distâncias tanto para Sete Lagoas como na média dos locais, porém a heterose apresentou correlações positivas e significativas de pequena magnitude.

As correlações para produção de espigas foram não significativas. Para os demais caracteres apesar de terem sido encontrados correlações significativas, estas foram também de baixas magnitudes. As correlações da heterose, heterose em porcentagem da média dos pais, na média dos três locais com as distâncias multivariadas mostraram ser significativas e de magnitude superiores as correlações encontradas em Sete Lagoas.

Apesar de ter sido encontrados coeficientes de correlações significativos estes foram de pequena magnitude demonstrando haver uma baixa previsibilidade entre os parâmetros multivariados e o comportamento dos híbridos.

TABELA 19- Coeficientes de correlação entre as distâncias multivariadas (D^2 , d , d_{vc}) e a capacidade específica de combinação (CEC) e heterose (h) para produção de espigas, e a média dos híbridos para alguns caracteres de interesse agrônômico.

PARÂMETROS DOS HÍBRIDOS		DISTÂNCIAS MULTIVARIADAS		
		D^2	d	d_{vc}
SETE LAGOAS	h	0,263**	0,236**	0,207**
	CEC	0,014*	0,015**	0,032**
	FM	0,129**	0,147**	0,238**
	FF	0,172**	0,177**	0,281**
	AP	0,168**	0,212**	0,270**
	AE	0,172**	0,211**	0,258**
	EF	-0,070**	-0,055**	-0,008**
	NE	-0,220**	-0,192**	-0,203**
	PE	-0,087	-0,071	0,015
MÉDIA DOS TRÊS LOCAIS	h	0,389**	0,352**	
	h%	0,491**	0,430**	
	CEC	0,006	0,024	

** e * significativo pelo teste t ao nível 1% e 5% de probabilidade respectivamente

5. DISCUSSÃO

No melhoramento de qualquer espécie a escolha da população base é a etapa fundamental do programa. No caso da cultura do milho, seja no melhoramento intrapopulacional ou interpopulacional, ou ainda na obtenção de linhagens é comum utilizar-se de populações oriundas do inter cruzamento de variedades (compostos) visando associar uma série de atributos. Na escolha das populações para formar esses compostos o aspecto mais importante é a capacidade de combinação do material. A capacidade de combinação refere-se ao desempenho do material em combinações híbridas, ou seja, ela é medida pela diferença entre a média dos híbridos em que participa uma determinada população e a média geral de todos os cruzamentos (VENCOVSKY, 1978). Esse conceito foi introduzido por SPRAGUE & TATUM (1942), os quais a subdividiram em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC).

Considerando apenas um loco a capacidade geral de combinação é fornecida por $(p-\bar{p})[\alpha+(1-2\bar{r})\delta]$, onde p é a frequência do alelo favorável no material considerado; \bar{p} é a média do referido alelo em todas as populações envolvidas; α e δ referem-se a contribuição dos locos em homozigose e heterozigose em relação a contribuição média dos homozigotos do referido gene; e \bar{r} é a frequência média do alelo considerado no testador. Já a capacidade específica de combinação por sua vez, é fornecida por $2[(\bar{p}-p)(r-\bar{r})]\delta$, onde \bar{p} , p , r , \bar{r} e δ possuem os mesmos significados descritos anteriormente (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

A heterose é um outra estimativa a ser considerada principalmente para obtenção de híbridos. FALCONER (1981) mostra que a heterose (h) nos híbridos F_1 's, para uma característica de herança quantitativa, é função de: $h_{F_1} = \sum_i \delta_i Y_i^2$, onde, Y_i é a diferença das frequências alélicas entre as duas populações inter cruzadas para o

i -ésimo loco e δ_i tem o mesmo significado anterior. Depreende-se assim que o conceito de capacidade específica de combinação e de heterose são muito semelhantes.

Como não é possível estimar as frequências alélicas e a contribuição de α e δ para os inúmeros locos que afetam um caráter quantitativo, as estimativas da capacidade geral e específica de combinação são obtidas através de outras metodologias, e à partir dos resultados é possível fazer inferências sobre o tipo de ação gênica predominante e sobre as diferenças nas frequências alélicas médias dos materiais envolvidos. Com essa finalidade, os cruzamentos dialélicos têm sido amplamente utilizados na cultura do milho (BRENNER et alii, 1991; MATZINGER et alii, 1959; GOMIDE, 1980; MIRANDA-FILHO & VENCovsky, 1984, NASPOLINI-FILHO et alii, 1981 e FERRÃO, 1984).

Esses cruzamentos dialélicos são úteis, mas envolvem um grande trabalho na obtenção das combinações híbridas, que aumenta com a necessidade de se incluir um maior número de pais para se ter sucesso (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). Assim, como no caso desse trabalho em que estiveram envolvidos vinte e oito pais, houve a necessidade de se obter trezentos e setenta e oito cruzamentos biparentais, os quais ainda tiveram que ser avaliados a nível de campo em vários locais, o que sem dúvida nenhuma exigiu grande esforço e recurso dos melhoristas.

Uma outra medida que tem recebido a atenção de muitos pesquisadores é a divergência genética. Essa medida é sempre relativa, como o da capacidade de combinação, e segundo FALCONER (1981) é diretamente relacionada com a diferença nas frequências alélicas. Na estimativa da divergência tem-se utilizado várias metodologias, porém em todas elas uma característica comum é o envolvimento de vários caracteres. Como já mencionado, há vários processos para se medir a divergência, tais como, a distância modificada de Rogers baseada em locos de isoenzimas, distâncias genéticas calculadas à partir de

bandas de RFLP, coeficiente de parentesco de Malecot baseado no pedigree e distância genética baseadas na depressão por endogamia para produção de grãos (SMITH & SMITH, 1992 e TROYER et alii, 1988). Com as facilidades computacionais atuais, as metodologias de análise multivariada têm recebido grande atenção (GOODMAN, 1968; HUSSAINI et alii, 1977, BARTUAL et alii, BROICH & PALMER, 1980 e VIANA et alii, 1991).

Na aplicação das técnicas multivariadas, o primeiro passo é tomar um maior número possível de informações das populações. A partir dessas informações estima-se a divergência que é uma medida da diferença nas frequências alélicas das populações. Infere-se assim que a análise multivariada pode fornecer indicação da capacidade de combinação das populações envolvidas com minimização do trabalho de realização dos cruzamentos e do teste dos híbridos. Tal procedimento tem sido relatado na literatura (GOODMAN, 1968; BARTUAL et alii, 1985; HUSSAINI et alii, 1977, dentre outros).

A divergência genética pode ser avaliada pelas distâncias multivariadas. As mais utilizadas são as distâncias de Mahalanobis e euclidiana à partir dos dados originais ou à partir dos escores das variáveis canônicas. No presente trabalho foram obtidos os coeficientes de correlação entre essas distâncias para se comparar a eficiência relativa dos resultados fornecidos por essas medidas da divergência (tabela 13). Verificou-se que houve uma boa concordância entre os resultados obtidos à partir das distâncias de Mahalanobis e euclidiana, apesar da matriz de correlações residuais apresentar coeficientes de correlações significativos entre alguns caracteres. O uso da distância de Mahalanobis (D^2) deve ser preferido por considerar as correlações residuais na sua obtenção (MALUF et alii, 1983). Sua utilização ao que tudo indica é predominante na literatura (AMALRAJ, 1982; KALLOO & SIDHU, 1982; GHADERI et alii, 1984; GOODMAN, 1968; AHMAD et alii, 1980; ASTHANA & PANDEY, 1980; JAIN et alii, 1981 e

RANGEL et alii, 1991).

Uma questão a considerar é quantos e quais caracteres devem ser avaliados entre os pais. Como a produção de espigas é a característica que se deseja prever a capacidade de combinação, e que este caráter é uma combinação de múltiplos atributos da planta (morfológicos, fisiológicos, agrônômico, etc.), um grande número de caracteres deve ser incluído nas mensurações. Pelos resultados apresentados observou-se que dos dezoito caracteres apenas três foram considerados redundantes, sendo que os dezesseis remanescentes demonstraram grande importância para a variabilidade global, como pode ser observado pelos coeficientes de correlações com as variáveis canônicas principais (tabela 11).

Um outro enfoque é identificar qual caráter deve ser mensurado nos híbridos para se estimar as capacidades de combinação e posteriormente correlacionar com as distâncias multivariadas. Quase sempre o caráter preferido tem sido a produção de grãos ou de espigas em se tratando do milho. Esses caracteres são tipicamente quantitativos e apresentam associações com a maioria dos demais caracteres das plantas. Como a medida de divergência é realizada envolvendo um grande número de caracteres, há assim uma maior chance de se encontrar boa correspondência com a capacidade de combinação.

Com o intuito de se avaliar a eficácia das técnicas de mensuração da divergência genética como preditoras da capacidade de combinação e do comportamento dos híbridos compararam-se os resultados fornecidos pelas técnicas multivariadas com as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas nos cruzamentos dialélicos.

Inicialmente se constatou divergência de forma univariada, entre as variedades, para a maioria dos caracteres. No entanto, para produção de espigas, principal caráter para o qual se desejava prever a performance híbrida, não se verificaram diferenças significativas entre variedades. A ausência de variabilidade entre os

pais para este caráter pode estar associado, pelo menos a princípio, com baixa capacidades de combinação entre eles.

As técnicas multivariadas permitiram a constatação de variabilidade entre os pais (tabela 14 e figuras 1,2,3,4 e 5). Contudo verificou-se também, através das técnicas de agrupamento, que apesar de ter sido detectada a divergência, esta ocorreu principalmente entre o pai BAIII-Tuson e as demais variedades. No entanto, a variedade BAIII-Tuson apesar de ter sido divergente das demais, demonstrou ser não adaptada para os principais caracteres de interesse agrônômico (tabela 3).

A eficiência da predição do comportamento dos híbridos pela divergência dos pais foi mensurada através dos coeficientes de correlações entre as distâncias multivariadas dos pais e a respectiva estimativa da capacidade específica de combinação (tabela 19). Em todos os casos as correlações foram praticamente nulas. Em princípio isto indicaria que a medida da divergência não é eficiente como preditora da capacidade de combinação. Há entretanto necessidade de serem feitas algumas considerações: A primeira delas, e talvez a mais importante, é que não houve diferenças significativas para capacidade específica de combinação em Sete Lagoas, e na média dos três locais apesar da capacidade específica de combinação ter apresentado diferenças significativas, esta foi devido principalmente ao grande número de graus de liberdade associado, pois como pode ser observado a relação dos quadrados médios da CGC e CEC foi próxima de 7 (tabela 16). Dessa forma, a correlação nula pode ser atribuída a ausência de variabilidade para capacidade específica de combinação. Fato semelhante foi constatado para as distâncias multivariadas: a divergência detectada se restringiu basicamente a um dos pais, a variedade BAIII-Tuson. Coincidentemente esta variedade foi a menos adaptada, como se constatou pelo seu desempenho médio para produção de espigas (tabela 3). Pode ser constatado que, quando um material é não

adaptado, mesmo existindo divergência, não ocorre boa capacidade de combinação (FALCONER, 1981).

A análise dialélica ressaltou a baixa variabilidade da capacidade específica de combinação (CEC) e a presença da capacidade geral de combinação (CGC) significativa para produção de espigas. Como a CEC não foi um fator importante, a melhor escolha dos pais deveria ser baseada nos maiores valores da capacidade geral de combinação. Dessa forma apesar da variedade BAIII-Tuson ter sido a variedade mais divergente em relação as demais, esta demonstrou ser um material não adaptado além de ter apresentado um alto valor porcentual negativo para capacidade geral de combinação.

Da mesma forma que foi realizado para a CEC, obteve-se as correlações entre as distâncias multivariadas e a heterose (tabela 19). Em todos os casos as correlações foram apesar de significativas de baixa magnitude. Da mesma forma foi constatado na análise dialélica que não houve diferenças significativas entre os efeitos da heterose para as diferentes combinações híbridas em Sete Lagoas (tabela 15). Na média dos três locais apesar de se ter detectado diferenças significativas para heterose, seu quadrado médio foi cerca de dezesseis vezes inferior ao da heterose média e cerca de oito vezes inferior ao quadrado médio relativo a variedades, indicando que as diferenças significativas podem ser atribuídas ao grande número de graus de liberdade associados. Dessa forma as baixas magnitudes das correlações encontradas, podem ser atribuídas a ausência de variabilidade para a heterose.

A depressão por endogamia para produção de espigas foi relativamente alta para a maioria das populações avaliadas (tabela 5), apresentando um valor médio de 2,42t/ha. A sua estimativa é obtida pelo contraste $S_0 - S_1$ e considerando o modelo sem epistasia pode-se inferir que ele mede $(1/2)\sum_i \delta_i$ (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Com base nesta expressão pode se inferir que a constatação da depressão por

endogamia foi um indicativo da presença da dominância. Como já comentado a baixa variabilidade para capacidade específica de combinação e par heterose pode ser devida a: a) ausência de dominância; b) ausência de divergência entre os pais; e c) ambos, ausência de dominância e ausência de divergência entre os pais. No presente estudo ficou evidenciado a ausência de divergência entre os pais, visto que a dominância foi observada, pela ocorrência de depressão por endogamia significativa.

A média dos híbridos F_1 's (M_{F_1}), é fornecida pela seguinte expressão (FALCONER, 1981):

$$M_{F_1} = \sum_i \left\{ \alpha_i (p_i - q_i - Y_i) + \delta_i [2p_i q_i + Y_i (p_i - q_i)] \right\}$$

onde, p_i e q_i são as frequências alélicas de uma das populações para o alelo favorável e desfavorável respectivamente, na expressão do caráter, para o i -ésimo loco, e os demais efeitos têm os significados idênticos aos descritos anteriormente.

Desta forma, com relação a predição da média do caráter verifica-se que é bem mais complexa, pois além de depender da diferença de frequências alélicas entre as populações e da dominância, depende do valor genotípico do homocigoto e das frequências alélicas dos alelos favoráveis e desfavoráveis na expressão do caráter. CRUZ (1990) sugere que quando se considera o caráter rendimento de grãos ou de fruto, tem sido mais fácil predizer a média do que a heterose, no entanto isso não é verdadeiro para todas situações. Como foi visto, as correlações com a heterose ou com a média dos híbridos dependem de uma série de fatores, que são medidas relativas à seus pais. No presente trabalho, encontrou-se correlações não significativas para média em relação a peso das espigas e correlações significativas, embora de

pequena magnitude, para heterose (tabela 19), contradizendo o que foi afirmado por CRUZ (1990).

Como a capacidade de combinação e a heterose são diretamente proporcionais a divergência genética, maiores são as chances de se obter uma combinação híbrida promissora através desse critério. No entanto, existe um grau ótimo da divergência para a máxima expressão da heterose em milho. MOLL et alii (1965) afirmam que este ótimo ocorre dentro de uma amplitude em que as barreiras de incompatibilidade, como as causadas por irregularidades citológicas, não ocorrem. Outro fato importante é que a divergência genética é um condição necessária para que haja heterose, mas não é uma condição suficiente para garantir sua ocorrência (CRESS, 1966), pois a heterose depende, não só das diferenças de frequência alélicas, como também da dominância. Deve ser considerado ainda as interações epistáticas que foram desprezadas. Este fato é verdadeiro para o cruzamento entre populações adaptadas, mas não o é, para os cruzamentos entre populações não adaptadas diferenciadas (FALCONER, 1981). Portanto a adaptabilidade dos pais é um fator que deve ser considerado. O pai BAIIII-Tuson do ponto de vista da divergência genética seria recomendado para a formação de populações de base genética ampla, no entanto mostrou ser um material não adaptado.

As técnicas multivariadas, quando comparadas ao resultado dos cruzamentos dialélicos, demonstraram que a maioria dos cruzamentos realizados seria desnecessária, devido a baixa divergência ou devido a não adaptabilidade do material sob estudo. Desta forma um ensaio preliminar, envolvendo somente os pais seria útil na determinação das variedades que teriam boa capacidade de combinação.

Associado a esse fato, há vantagem adicional de possibilitar a avaliação de um maior número de pais, selecionando os mais divergentes e realizando um menor número de cruzamentos, com maiores chances de se obter sucesso (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

Deve ser enfatizado ainda que a maioria dos melhoristas, quando não há significância da CEC mas apenas CGC significativa, argumentam que isso ocorre devido a ausência de dominância no controle do caráter ($\delta=0$). Nesse experimento por exemplo, a CEC foi praticamente nula, a CGC foi significativa porém o δ não foi nulo como detectado pela depressão por endogamia. Assim a nulidade da CEC deve ser atribuída a pequena divergência genética (frequências alélicas semelhantes) como foi demonstrado pelas análises multivariadas. Depreende-se assim que as análises multivariadas podem também ser um instrumento dos melhoristas na explicação de certos resultados experimentais.

Um outro fato observado foi a não existência de diferenças significativas entre os pais para produção de espigas (t/ha) na análise univariada, sendo um indicativo de que não havia divergência entre as variedades. Como já foi comentado, este caráter quantitativo depende de um grande número de genes distribuídos por todo o genoma (WALLACE et alii, 1972), e relacionado com a maioria dos caracteres principalmente devido a ligação e a pleiotropia. Desta forma, este caráter se constitui num índice multivariado eficiente, o que justifica a atitude de muitos melhoristas que selecionam o material com base apenas na performance dos pais 'per se'.

6. CONCLUSÕES

- 1) Para se avaliar a divergência genética do milho há necessidade de se coletar vários caracteres, pois dos dezenove utilizados nesse trabalho apenas três foram redundantes (comprimento de internódio, largura das folhas e número de grãos por fileira).
- 2) A avaliação da divergência genética, através das técnicas multivariadas, realizada a priori nessas populações, evitaria a realização da maioria dos cruzamentos, com redução no custo e melhoria da precisão das avaliações.
- 3) Entre as vinte e oito populações a divergência detectada foi pequena restringindo basicamente a variedade BAIII-Tuson em relação as demais. Esse fato contribuiu para que houvesse pequena variação nas estimativas da capacidade específica de combinação e heterose, o que contribuiu para que a correlação entre as distâncias multivariadas dos pais e essas estimativas fossem de baixa magnitude.
- 4) O caráter produção de espigas demonstrou ser um eficiente índice multivariado natural, pois a não existência de diferenças significativas foi um indicativo da ausência de divergência entre os pais, justificando a atitude de muitos melhoristas em selecionar materiais para o melhoramento, apenas com base na performance dos pais 'per se'.

7. RESUMO

A utilização das técnicas multivariadas para se estimar a divergência genética como auxiliar dos melhoristas de milho (*Zea mays* L.), na identificação de materiais promissores para a obtenção de híbridos ou de populações com ampla base genética, foi avaliada. Para isso vinte e oito variedades de diferentes origens, foram avaliadas 'per se', nas gerações S_0 e S_1 e também em combinações híbridas, através de um cruzamento dialélico, com trezentos e setenta e oito híbridos. Esses materiais juntamente com sete testemunhas, usadas com a finalidade de completar o número de tratamentos, foram avaliados utilizando um látice simples 21×21 em três locais: Sete Lagoas (MG), Goiania (GO) e Londrina (PR). No experimento de Sete Lagoas, nas vinte e oito populações 'per se', gerações S_0 , foram coletados dados de dezenove caracteres, os quais foram submetidos as análises univariadas e multivariadas. A divergência foi avaliada através das variáveis canônicas e das distâncias multivariadas euclidiana e de Mahalanobis. As distâncias foram posteriormente correlacionadas com os componentes de média do dialelo: heterose e capacidade específica de combinação. Observou-se que: para se avaliar a divergência genética do milho há necessidade de se coletar vários caracteres, pois dos dezenove utilizados nesse trabalho apenas três foram redundantes (comprimento de internódio, largura das folhas e número de grãos por fileira); a avaliação da divergência genética, através das técnicas multivariadas, realizada a priori nessas populações, evitaria a realização da maioria dos cruzamentos, com redução no custo e melhoria da precisão das avaliações; entre as vinte e oito populações a divergência detectada foi pequena restringindo basicamente a variedade BAIII-Tuson em

relação as demais. Esse fato contribuiu para que houvesse pequena variação nas estimativas da capacidade específica de combinação e heterose, o que contribuiu para que a correlação entre as distâncias multivariadas dos pais e essas estimativas fossem de baixa magnitude; o caráter produção de espigas demonstrou ser um eficiente índice multivariado natural, pois a não existência de diferenças significativas foi um indicativo da ausência de divergência entre os pais, justificando a atitude de muitos melhoristas em selecionar materiais para o melhoramento, apenas com base na performance dos pais 'per se'.

8. SUMMARY

The utilization of the multivariate technics to estimate the genetic divergence were evaluated to help maize (*Zea mays* L.) breeders to identify promising materials to obtain hybrids or populations with large genetic variability. With this purpose, twenty eight populations, with different origins, were evaluated in a competition assay, with the generations S_0 and S_1 , and in hybrid combinations on a diallel crossing system. Beyond these populations, there were used seven testers (to complete the number of treatments), that were evaluated in a simple lattice 21×21 over three locations: Sete Lagoas (MG), Goiânia (GO) and Londrina (PR). In Sete Lagoas the measurements were made in the S_0 generation based in nineteen traits, and the univariate and multivariate analyses were performed on this data. Divergence were evaluated with the canonical variate analysis, and with the multivariate distances (euclidean and generalized Mahalanobis). The distances were correlated to the diallel means components: heterosis and specific combining ability. There should be noticed that: to evaluated the genetic divergence of maize many traits were necessary to measure, because only three over nineteen were considered redundant (internode length, leaf width and the number of grains per row); multivariate evaluation of genetic divergence before any crossing, would avoid many crosses to be made, reducing the cost and increasing the precision of experiments; genetic divergence among the twenty eight populations were small and due to the variety BAIIII-Tuson in regard to the others. This fact was responsible to the small variation on the estimates of the combining ability and

heterosis, and consequently to the small magnitude of the correlation coefficient between the distances and the diallel means components; corn ear yield demonstrated to be an efficient natural multivariate index, because the absence of significant difference indicated lack of genetic divergence among varieties, justifying the attitude of some breeders who select materials based on the performance of parentals per se.

9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AHMAD, Z.; KATIYAR, R.P. & SHYAM, R. Genetic divergence in triticales. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 40(1):35-8, Mar. 1980.
- AMALRAJ, S.F.A. Genetic divergence in *Gossypium barbadense* L. *Genética Agrária*, Rome, 36:23-30, 1982.
- ASTHANA, A.N. & PANDEY, V.K. Genetic divergence in linseed. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 40(1):247-50, Mar. 1980.
- BAINIWAL, C.R. & JATASRA, D.S. Genetic divergence in pigeon pea. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 40(1):153-6, Mar. 1980.
- BARTUAL, R.; CARBONELL, E.A. & GREEN, D.E. Multivariate analysis of collection of soybean cultivars for southwestern Spain. *Euphytica*, Wageningen, 34:113-23, 1985.
- BOCK, R.D. *Multivariate statistical methods in behavioral research*. USA, McGraw-Hill, 1975. 623p.
- BRENNER, D.; CARVALHO, F.I.F. de & FEDERIZZI, L.C. Estimates of combining ability for grain yield in maize (*Zea mays* L.) populations. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 14(4):1001-9, Dec. 1991.

- [REDACTED]
- BROICH, S.L. & PALMER, R.G. A cluster analysis of wild and domesticated soybean phenotypes. *Euphytica*, Wageningen, 29:23-32, 1980.
- ↓
- BRYANT, E.H. & MEFFERT, L.M. Multivariate phenotypic differentiation among bottleneck lines of the housefly. *Evolution*, Lawrence, 44(33):660-8, 1990.
- CARVER, B.F.; SMITH, E.L. & HOWARD JR., O.E. Regression and cluster analysis of environmental response of hybrid and pureline winter wheat cultivar. *Crop Science*, Madison, 27:659-64, July/Aug. 1987.
- CRESS, C.E. Heterosis of hybrid related to gene frequency differences between two populations. *Genetics*, 53:269-74, Feb. 1966.
- CRUZ, C.D. Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Piracicaba, ESALQ/USP, 1990. 188p. (Tese de Doutorado).
- EDWARDS, A.W.F. & CAVALLI-SFORZA, L.L. A method for cluster analysis. *Biometrics*, Raleigh, 362-75, June 1965.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. 2nd ed. London, Longman, 1981. 340p.
- FERRÃO, R.G. Cruzamentos dialélicos incompletos entre oito linhagens de milho (*Zea mays* L.) com diferentes ângulos de inserção da folha no colmo. Viçosa, UFV, 1984. 92p. (Tese MS).

- ↓
- GARDNER, C.O. & EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, Raleigh, 22:439-52, Sept. 1966.
- GARRETSEN, F. & KEULS, M. A general method for the analysis of genetic variation in complete and incomplet diallels and North Caroline II (NC II) designs. part II. Procedures and general formulas for the fixed model. *Euphytica*, Wageningen, 27:49-68, 1978.
- ↓
- GERALDI, I.O. & MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 11(2):419-30, 1988.
- ↓
- GHADERI, A.; ADAMS, M.W. & NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry bean and faba bean. *Crop Science*, Madison, 24:37-42, Jan./Feb. 1984.
- GODOI, C.R. de M. *Análise estatística multidimensional*. Piracicaba, ESALQ/USP, 1985. 187p.
- GOMES, F.P. *Curso de estatística experimental*. 12 ed. Piracicaba, ESALQ/USP, 1987. 467p.
- GOMIDE, F.B. *Cruzamentos dialélicos entre variedades de milho (Zea mays L.)*. Viçosa, UFV, 1980. 71p. (Tese MS).
- GOODMAN, M.M. The races of maize: II. Use of multivariate analysis of variance to measure morphological similarity. *Crop Science*, Madison, 8:693-8, Nov./Dec. 1968.

↓
 GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, Melbourne, 9:463-93, 1956.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.

HUSSAINI, S.H.; GOODMAN, M.M. & TIMOTHY, D.H. Multivariate analysis and the geographical distribution of the world collection of finger millet. *Crop Science*, Madison, 17:257-63, Mar./Apr. 1977.

JAIN, K.C.; PANDYA, B.P. & PANDE, K. Genetic divergence in chickpea. *Indian Journal of genetics & Plant breeding*, New Delhi, 41(2):220-5, 1981.

JOHNSON, R. & WICHERN, D.W. *Applied multivariate statistical analysis*. 2nd ed. International edition, Prentice-hall, 1988. 607p.

↓
 KALLOO, J.D. & SIDHU, A.S. Genetic divergence in musk-melon (*Cucumis melo* L.). *Genética Agrária*, Rome, 36:1-8, 1982.

↓
 KEULS, M. & GARRETSEN, F. A general method for the analysis of genetic variation in complete and incomplete diallels and North caroline II designs. Part I: Procedures and general formulas for the random model. *Euphytica*, Wageningen, 26:537-51, 1977.

KROONENBERG, P.M. & BASFORD, K.E. An investigation of multi-attribute genotype response across environments using three-mode principal component analysis. *Euphytica*, Wageningen, 44:109-23, 1989.

↓
MALUF, W.R. & FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) Horticultura Brasileira, Brasília, 1(2):31-4, Nov. 1983.

—————; FERREIRA, P.E.; & MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F_1 hybrids. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 3(6):453-60, 1983.

MATZINGER, D.F.; SPRAGUE, G.F. & COCKERHAM, C.C. Diallel crosses of maize in experiments repeated over locations and year. Agronomy Journal, Madison, 51:346-50, 1959.

↓
MIRANDA FILHO, J.B. & GERALDI, I.O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 4(7):677-88, 1984.

————— & VENCOVSKY, R. Analysis of diallel crosses among open-pollinated varieties of maize (*Zea mays* L.) Maydica, 29:217-34, 1984.

MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D. & COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 11(4):929-37, 1988.

MOLL, R.H.; LONNQUIST, J.H.; VELEZ FORTUNO, J. & JOHNSON, E.C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. Genetics, 52:139-44, July 1965.

- MORRISON, D.F. *Multivariate statistical methods*. New York, McGraw-hill Book Co., 1967. 415p.
- NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANNA, R.T. & MÓRO, J.R. General and specific combining ability for yield in a diallel cross among 18 maize populations (*Zea mays* L.). *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 4(4):571-7, 1981.
- NEGRILLO, B.G. & PERRE, M.A. *Métodos multivariados e aplicações*. Londrina, UEL, 1987.
- OLIVEIRA, A.C.; MORAIS, A.R. de; SOUZA JÚNIOR, C.L. de & GAMA, E.E.G. Análise de cruzamentos dialélicos parciais repetidos em vários ambientes. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 3(10):517-33, 1987.
- RAM, J. & PANWAR, D.V.S. Interspecific divergence in rice. *Indian Journal of Genetics*, New Delhi, 30:1-10, Sept. 1970.
- RANGEL, P.H.N.; CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. & FERREIRA, R. de P. Selection of local lowland rice cultivars based on multivariate genetic divergence. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 14(2):437-53, June 1991.
- RAO, C.R. *Advanced statistical methods in biometrical research*. New York, John Wiley & Sons, 1952. 390p.
- RAO, A.V.; PRASAD, A.S.R.; KRISHNA, T.S.; SESHU, D.V. & SRINIVASAN, T.E. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 41(2):179-85, July 1981.

- RAO, V.R.; RAMACHANDRAM, M. & SHARMA, J.R. Multivariate analysis of genetic divergence in safflower. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 40(1):73-85, Mar. 1980.
- ↓
SASTRY, L.V.S.; SUNDERESAN, S.; RAO, G.S.P.; RAO, U.M.B. & MURTY, B.R. Genetic divergence in two-row barley varieties for malting quality characters. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 40(1):140-8, Mar. 1980.
- SCOTT, A.J. & KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, Raleigh, 30:507-12, Sept. 1974.
- SINGH, Y.P.; KUMAR, A. & CHAUHAN, B.P.S. Genetic divergence in pearl millet. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 41(2):186-90, July 1981.
- SINGH, S.P. & RAMANUJAM, S. Genetic divergence and hybrid performance in *Cicer arietinum* L. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 41(2):268-76, July 1981.
- SMITH, J.S.C. The characterization and assessment of genetic diversity among maize (*Zea mays* L.) hybrids that are widely grown in France: chromatographic data and isozymic data. *Euphytica*, Wageningen, 43:73-85, 1989.
- SMITH, O.E. & SMITH, J.S.C. Measurement of genetic diversity among maize hybrids; A comparison of isozymic, RFLP, pedigree, and heterosis data. *Maydica*, Bergamo, 37:53-60, 1992.

SPRAGUE, G.F. & TATUM, L.A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of the American Society of Agronomy*, Madison, 34:923-32, 1942.

TROYER, A.F.; OPENSHAW, S.J. & KNITTLE, K.H. Measurement of genetic diversity among popular commercial corn hybrids. *Crop Science*, Madison, 28:481-5, 1988.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., ed. *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba, Fundação Cargill, 1978. p. 122-201

————— & BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento, Ribeirão preto, *Revista Brasileira de Genética*, 1992. 486p.

VIANA, J.M.S.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. & GIÚDICE, R.M. del. Genetic divergence in sugar cane (*Saccharum spp.*) *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 14(3):753-63, Sept. 1991.

WALLACE, D.H.; OZBUN, J.L. & MUNGER, H.M. Physiological genetics of crop yield. *Advanced Agronomy*, New Delhi, 24:97-146, 1972.

YADAV, S.P. & MURTY, B.R. Genetic diversity between height categories of bread wheat. *Indian Journal of genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 41(1):5-11, Mar. 1981.