

DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE MILHO E ASSOCIAÇÃO DE ATRIBUTOS EM FUNÇÃO DO TEOR DE CLOROFILA

*Performance of maize genotypes and association of traits based on chlorophyll content*Edmar Vinicius de Carvalho^{1*}, Flávio Sérgio Afférri², Joênes Mucci Peluzio³, Tarcísio Castro Alves Barros Leal⁴, Lucas Koshy Naoe⁵¹Doutor em Produção Vegetal; Universidade Federal do Tocantins, Gurupi/TO: carvalho.ev@uft.edu.br²Doutor em Agronomia; Professor em Universidade Federal de São Carlos / Lagoa do Sino: flavioafferrri@gmail.com³Doutor em Genética e Melhoramento; Professor em Universidade Federal do Tocantins, Palmas/TO: joenesp@uft.edu.br⁴Doutor em Produção Vegetal; Professor em Universidade Federal do Tocantins, Gurupi/TO: tarcisio@uft.edu.br⁵Doutor em Genética e Melhoramento; Professor em Universidade Estadual do Tocantins, Palmas/TO: lucas.kn@unitins.br

*Autor para correspondência

Artigo enviado em 03/01/2017, aceito em 20/03/2018 e publicado em 17/07/2018

Resumo – Objetivou-se com este trabalho avaliar o desempenho de genótipos de milho e a associação de atributos em função do teor de clorofila. Foram instalados oito experimentos em Gurupi-TO, em condições de semeadura tardia (quatro em 15/01; quatro em 25/02 de 2014). O delineamento foi de blocos ao acaso com três repetições e 12 tratamentos. Foram avaliados 16 atributos, durante o desenvolvimento vegetal e após maturação fisiológica, com as análises estatísticas realizadas de acordo com o teor de clorofila foliar entre o florescimento masculino e feminino (CT_{II}) obtidos por meio do teste Scott-Knott (inferior; intermediário; superior). Na análise de trilha a produtividade de grãos foi considerada atributo dependente e na análise de fatores foi aplicado o método de extração via componentes principais. No teor inferior de CT_{II}, foram incluídos sete atributos, na análise fatorial, agrupados em três componentes principais. Nos demais teores de CT_{II}, foram incluídos 11 (intermediário) e 10 atributos (superior), agrupados em quatro componentes principais. Dos 16 atributos avaliados, foram selecionados seis para a análise de trilha, com a eficiência produtiva apresentando alta correlação linear com a produtividade de grãos ($r > 0,56^{**}$) com efeito direto alto ($> 0,61$). O híbrido duplo HD12 foi superior aos demais independente do teor de CT_{II}.

Palavras-Chave – *Zea mays*; Tocantins; Populações de polinização aberta; Nitrogênio.

Abstract – The aims of this work were evaluated maize genotypes performance and the association of traits based on chlorophyll content. They were conducted eight field experiments, at Gurupi-TO, under late seeding conditions for the maize (four in 01/15/2014; four in 02/25/2014). The experimental design was randomized blocks with three replications and 12 treatments. They were evaluated 16 traits during the vegetal growth and after physiological maturity. The statistical analysis was done in each chlorophyll content between the male and female flowering (TC_{II}): which they were obtained by Scott-Knott test (low; medium; high). In the path analysis, the grain yield was considered the principal trait and, in the factor analysis was applied the principal component method. In the Low content of TC_{II} were included seven traits, by factor analysis, and they were clustering in three principal components. In the others contents of TC_{II} were included 11 (medium) and 10 traits (high), which they were clustering in four principal components. Among 16 evaluated traits, were selected six for the path analysis, and the productive efficiency had shown high linear correlation with grain yield ($r > 0.56^{**}$) with high direct effect (> 0.61). The double-cross HD12 was superior in all TC_{II} contents.

Keywords – *Zea mays*; Tocantins; Open-pollinated; Nitrogen.

INTRODUÇÃO

Entre as espécies cultivadas, o milho possui grande diversidade genética (MELLO et al., 2005), a qual é encontrada em genótipos de base genética estreita (linhagens, híbridos simples e triplos) e ampla (híbridos duplos e variedades) e é explorada pelo melhoramento vegetal (LAUDE; CARENA, 2015).

O uso de sementes de genótipos de milho com ampla base genética, por produtores que não possuem recursos disponíveis, está relacionado ao baixo custo e demanda de insumos em comparação aos híbridos. Além disto, o uso de populações de polinização aberta e de variedades propicia ao produtor a possibilidade de reciclar sementes com avanço de geração (SEMAGN et al., 2014).

Na região dos cerrados ocorrem solos com baixa fertilidade que leva a necessidade de uso de adubos minerais, especialmente os nitrogenados para o milho, que apresentam alto custo (GRANATO et al., 2014). O estágio de pendoamento é o período em que o milho está mais sensível a estresses (KINIRY; RITCHIE, 1985), o que demonstra importância da disponibilidade de N no início do período reprodutivo (TOLLENAR; DWYER, 1999) que se relaciona a essencialidade do nutriente à planta (WU et al., 2011)

Além de influenciar a produção de grãos, a adubação nitrogenada pode exercer influência na estimativa da divergência genética (ROTILLI et al., 2015), por influenciar na expressão de diferentes genes, e na associação dos atributos agrônômicos e fisiológicos (WU et al., 2011) que na cultura do milho, também sofre influência do grupo de genótipos avaliado (BUTRON et al., 2012).

Os resultados obtidos nas análises multivariadas possibilitam realizar: seleção simultânea de atributos (BENIN et al., 2009); agrupar genótipos similares (SEMAGN et al., 2014) e; selecionar genótipos promissores (MELLO et al., 2005). Outra possibilidade é o de reduzir o efeito do uso de atributos inter-relacionados (DANDIKAS et al., 2014), que causam a multicolinearidade e, assim evitar problemas na análise de trilha (AYOUBI; KHORMALI; SAHRAWAT, 2009), que permite identificar atributos com relação de causa-efeito com o atributo dependente/principal (MUNDIM et al., 2013).

Objetivou-se com este trabalho avaliar o desempenho de 12 genótipos de milho, de ampla base genética, e estudar a associação de diferentes atributos, em função do teor de clorofila foliar no florescimento, com o uso de análise multivariada e; identificar atributos com alta associação e alto efeito direto sob a produtividade de grãos.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em duas datas distintas na safra 2013/14, em Gurupi-TO (280 m, 11°43' S, 49°04' O), em condições de semeadura tardia para o milho, de acordo com as datas de semeadura e o zoneamento agrícola para a região. O solo foi classificado como Latossolo Vermelho Amarelo e os resultados da análise de solo, na camada 0 – 20 cm, estão representados na Tabela 1. O clima da região é do tipo B1wA'a' úmido com moderada deficiência hídrica, segundo a classificação de Köppen.

Tabela 1 - Análise química e de textura do solo, na camada 0-20 cm, da área experimental, safra 2013/14, Gurupi-TO

pH	P ¹	Ca+Mg	H+Al	K	V ²	M.O. ³	Argila	Silte	Areia
(CaCl ₂)	(mg kg ⁻¹)	(cmol dm ⁻³)			(%)	(g dm ⁻³)	(g kg ⁻¹)		
4,9	2,8	1,7	2,4	0,1	41,4	15,5	300	80	620

¹ P = método de Mehlich; ² V = saturação por bases; ³ M.O. = matéria orgânica.

Quatro experimentos foram instalados no dia 15 de Janeiro de 2014 (15/01), sob sistema de semeadura convencional. Cada experimento foi diferenciado pela dose de N em cobertura, aplicada em dose única no estágio V6 (seis folhas totalmente expandidas): 20; 80; 140; 200 kg ha⁻¹, com uso do sulfato de amônio (21% N) como fonte. Outros quatro experimentos foram instalados no dia 25 de Fevereiro de 2014 (25/02), que foram diferenciados pelas mesmas doses de N em cobertura aplicadas em dose única no estágio V6.

Nos oito experimentos, foram utilizados 12 genótipos de milho (tratamentos), sendo seis populações de polinização aberta (P1, P2, P3, P4, P5, P11), desenvolvidas por top crosses de linhagens com testador de base genética ampla e; seis genótipos comerciais (três variedades: V6, V7, V8 e; três híbridos duplos: HD9, HD10, HD12). O delineamento experimental utilizado, em cada experimento, foi de blocos ao acaso com três repetições e 12 tratamentos,

sendo a parcela experimental constituída por duas linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,75 m.

Na instalação dos experimentos, foram utilizados 500 kg ha⁻¹ de 5-25-15 (NPK) + 0,5% Zn no sulco de semeadura, em função da análise de solo. Dez dias após a germinação, foi realizado desbaste para controle populacional buscando 60.000 plantas ha⁻¹. O controle de pragas, doenças e plantas daninhas foram realizados à medida que se fizeram necessários. Ainda, durante a condução dos experimentos, foi observada precipitação total foi de 709,4 e 338,2 mm quando os experimentos foram instalados em 15/01 e 25/02, respectivamente, em que na última semeadura foi utilizada irrigação suplementar.

Foram realizadas duas leituras do teor de clorofila foliar, com o uso do clorofilômetro ClorofiLOG 1030® (FALKER AUTOMAÇÃO AGRÍCOLA, 2008). A primeira leitura foi feita, entre os estágios V6-V8 (seis e oito

folhas totalmente expandidas, respectivamente), na última folha completamente expandida e a segunda, entre os estágios VT-R1 (florescimento masculino e feminino, respectivamente), na folha oposta a inserção da espiga. As leituras obtidas foram do índice de clorofila Total ($CT_I - V6-V8$; $CT_{II} - VT-R1$), em ICF (índice de clorofila Falker).

Foram coletados dados de altura de plantas, em cm, entre os estágios V6-V8, V7-V9 (sete e nove folhas totalmente expandidas, respectivamente) e V8-V10 (oito e dez folhas totalmente expandidas, respectivamente), totalizando três medições (AP_1 ; AP_2 ; AP_3 , respectivamente) com intervalo de sete dias entre cada uma. Com estes dados foram estimadas duas taxas de crescimento diário, em $cm\ dia^{-1}$, sendo que a primeira compreendeu o crescimento diário das plantas na semana seguinte (7º ao 14º dia) a adubação de cobertura (entre AP_1 e $AP_2 - TX_I$) e, a segunda taxa, o crescimento na semana posterior (entre AP_2 e $AP_3 - TX_{II}$).

No estágio R6 (maturação fisiológica), foi realizada a colheita de plantas representativas da parcela, onde foram avaliadas: a altura de plantas e da inserção da primeira espiga (AP ; AE , em cm); a massa seca da planta (MSP), em $g\ planta^{-1}$, após secagem das plantas em estufa de circulação forçada, a 60-70 °C, até obtenção de massa constante; o diâmetro e o comprimento de espigas sem palha (DE , em mm; CE , em cm); o número de grãos por espiga (NG); a massa do grão (MG , em gramas), e a produtividade de grãos (PG , em $g\ planta^{-1}$), corrigidos a 13% de umidade. Com estes dados foram estimados o índice de colheita ($IC = massa\ seca\ dos\ grãos / massa\ seca\ da\ planta$); a razão entre PG e o índice de clorofila total (CT), multiplicada pela produção relativa do PG , para cada leitura de CT (G_R-CT_I ; G_R-CT_{II}) e; a eficiência produtiva (EP), por meio da seguinte relação: $[PG / (NG \times MG)]$.

Na relação acima, o numerador representa a produtividade de grãos por planta, em gramas, que foi aferida, ou seja, o valor real por planta, enquanto que, o denominador representa o potencial produtivo da produtividade de grãos por planta, pois é obtido pela multiplicação entre o número de grãos por espiga (determinado no período vegetativo da cultura) e a massa média de cada grão (determinada no período reprodutivo da cultura). Estabelecendo assim, a relação entre o potencial produtivo e o nível de produção atingido por determinado genótipo na condição de cultivo que foi submetido.

Foi realizada análise de variância conjunta dos oito experimentos, resultante da combinação da data de semeadura e doses de nitrogênio em cobertura, com os resultados indicando alta precisão experimental (coeficiente de variação de 6,9%). Posteriormente foi aplicado o teste de médias Scott-Knott ($p \leq 0,05$) para o teor de clorofila foliar, entre os estágios VT-R1, para a separação dos experimentos em grupos estatísticos com médias distintas entre si, com os resultados revelando três grupos de médias denominados de: Inferior; Intermediário e Superior.

Como o teor de clorofila foliar tem elevada e significativa associação com o teor de N, que é um

indicativo do estado nutricional da planta (ARGENTA et al., 2002), as análises de fatores e de trilha foram realizadas em cada um dos três grupos de médias estabelecidos para o teor de clorofila foliar no florescimento do milho.

Na análise de trilha, a produtividade de grãos foi utilizada como atributo principal/dependente, em que foi utilizado o teste t ($p \leq 0,05$) para verificar o nível de significância dos coeficientes de correlação obtidos. A análise de fatores foi realizada segundo os critérios estabelecidos por Hair Jr et al. (2006) e Figueiredo Filho e Silva Júnior (2010), com a extração feita pelo método dos componentes principais e uso da rotação *varimax* para estabelecimento das cargas fatoriais.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com Figueiredo Filho e Silva Júnior (2010) o valor mínimo aceitável de comunalidade, na análise fatorial, é de 0,50 e, quando valores menores são encontrados, os atributos com estes números devem ser retirados da análise que deve ser refeita. Este parâmetro representa o quanto da variância do atributo é explicada pelos componentes principais que foram extraídos (DOVALE; FRITSCHÉ-NETO; SILVA, 2011), e valores baixos indicam pobre relação linear (FIGUEIREDO FILHO; SILVA JÚNIOR, 2010).

Outros critérios utilizados, para que a análise seja válida, são os testes KMO e de Barlett, em que o patamar aceitável do primeiro teste é de 0,50 (HAIR JR et al., 2006) e no segundo que o teste seja significativo (FIGUEIREDO FILHO; SILVA JÚNIOR, 2010). Foram realizadas diversas rotinas de análise fatorial, de acordo com o teor de clorofila foliar, entre os estágios VT-R1 (CT_{II}), com a intenção de atender os critérios acima.

No teor Inferior de CT_{II} , foram incluídos sete atributos; no Intermediário, 11 atributos e; no Superior, 10 atributos. Assim, em condições de menor teor de CT_{II} os atributos avaliados, 16 no total, estiveram menos associados entre si (de maneira linear), em comparação os resultados obtidos nos níveis Intermediário e Superior. Granato et al. (2014) avaliaram genótipos de milho, no estágio V6, e observaram altas correlações entre os atributos avaliados, independente do nível de N que foi fornecido. Abe et al. (2013) não observaram influência do nível de fornecimento de N na associação dos atributos em genótipos de milho. No entanto, nos resultados encontrados por Wu et al. (2011) é possível verificar que o fornecimento de N afetou a relação dos atributos na avaliação de diferentes linhagens de milho.

Segundo Cañas et al. (2011) a resposta da planta ao N é complexa e controlada por genes/alelos que se expressam de formas diferentes nos órgãos vegetativos e reprodutivos. Ainda, algumas associações somente ocorrem em alguns grupos de genótipos (BUTRON et al., 2012), o que justifica a realização de estudos específicos na verificação da associação entre atributos na cultura do milho.

Na extração dos componentes principais, podem ser utilizados dois critérios: o de Kaiser, que sugere que sejam extraídos os componentes com autovalores acima da unidade (FIGUEIREDO FILHO; SILVA JÚNIOR, 2010) e; o critério da variância acumulada, em que Hair Jr et al. (2006) relatam como patamar aceitável o valor 60%.

Na análise fatorial, realizada quando as plantas apresentaram teor de clorofila foliar inferior, entre os

estágios VT-R1, foram extraídos três componentes principais que explicam 95,8% da variância. Quando as plantas apresentaram teores Intermediário e Superior de CT_{II}, foram extraídos quatro componentes principais que explicam 88,7% e 89,0% da variância da amostra, respectivamente (Tabela 2).

Tabela 2 - Autovalores (λ), contribuição relativa e acumulada (%) e cargas fatoriais associadas aos componentes principais (CP) extraídos a partir de atributos avaliados em 12 genótipos de milho em experimentos de semeadura tardia (15/01; 25/02), Gurupi-TO, safra 2013/14, de acordo teor de clorofila foliar entre os estágios VT-R1 (CT_{II})

Atributo	CT _{II} Inferior			CT _{II} Intermediário				CT _{II} Superior			
	CP1	CP2	CP3	CP1	CP2	CP3	CP4	CP1	CP2	CP3	CP4
PG	0,92	0,35	-0,05	0,85	0,25	0,34	0,30	0,71	0,68	0,10	0,05
G _R -CT _I	0,90	0,33	0,14	0,82	0,13	0,38	0,33	0,67	0,67	0,08	0,06
G _R -CT _{II}	0,92	0,30	0,14	0,83	0,15	0,39	0,32	0,69	0,66	0,16	0,05
EP	0,90	-0,31	-0,09	0,37	0,13	0,83	-0,08	0,23	0,67	-0,66	0,06
MG	0,16	0,97	-0,01	0,24	0,09	-0,15	0,94	0,25	0,21	0,93	-0,04
MSP	0,48	0,15	0,85	0,91	0,07	-0,15	0,28	0,95	0,05	0,05	0,02
IC	0,56	0,29	-0,79	-0,35	0,26	0,76	-0,09	-0,04	0,96	0,07	0,03
CE	-	-	-	0,83	0,21	-0,09	0,04	0,85	0,15	0,06	0,07
AE	-	-	-	0,21	0,90	0,18	-0,01	-	-	-	-
AP	-	-	-	0,19	0,90	0,14	0,12	-	-	-	-
NG	-	-	-	0,81	0,23	-0,20	-0,32	-	-	-	-
TX _I	-	-	-	-	-	-	-	0,54	-0,06	0,10	-0,65
TX _{II}	-	-	-	-	-	-	-	0,27	0,04	-0,01	0,88
λ	4,2	1,4	1,1	5,6	2,0	1,1	1,1	5,0	1,7	1,1	1,0
λ (%)	60,4	19,9	15,5	50,6	18,3	10,2	9,6	49,7	17,1	11,3	10,9
λ ac (%)	60,4	80,3	95,8	50,6	68,9	79,1	88,7	49,7	66,8	78,1	89,0

Cargas fatoriais após rotação *varimax*; ac = acumulada; PG = produtividade grãos; CT_I e CT_{II} = teor de clorofila foliar entre os estágios V6-V8 e entre VT-R1, respectivamente; G_R-CT_I e G_R-CT_{II} = Razão entre PG e CT, em cada estágio, multiplicada pela produção relativa do PG; EP = eficiência produtiva; MG = massa do grão; MSP = massa seca da planta; IC = índice de colheita; CE = comprimento de espiga; AE e AP = altura de inserção de espiga e da planta; NG = número de grãos; TX_I e TX_{II} = taxa de crescimento de altura de plantas entre os estágios V6-V9 e entre V7-V10.

Em estudo com 46 linhagens de milho de diferentes origens, Singh, Singh e Sharma (2014) observaram a extração de três componentes principais. Narez-Jimenéz et al. (2015) avaliaram diversos atributos em 38 milhos criolos no México e observaram a extração de cinco componentes principais. Dessa forma, os resultados obtidos demonstram que a quantidade de fatores (ou componentes principais) extraídos, visando a redução da dimensão de atributos, está em função dos genótipos de milho avaliados e, também, do estado nutricional da planta no florescimento, além, da inter-relação dos atributos avaliados inicialmente.

Valores baixos das cargas fatoriais indicam que determinado fator não explica a variação das amostras coletadas em relação ao atributo avaliado (DANDIKAS et al., 2014), ou seja, quando observados valores altos, o fator (componente principal) explica a variação observada na amostra, com relação ao atributo com alta carga fatorial.

Com o uso da análise multivariada, pode-se formar grupos de atributos correlacionados (AYOUBI; KHORMALI; SAHRAWAT, 2009), agrupando-os em componentes principais e ainda, por esta análise, pode-se

realizar a seleção simultânea de atributos, tomando como base um determinado componente principal (BENIN et al., 2009).

Assim, pelos resultados apresentados na Tabela 2 é possível observar a influência do estágio nutricional do milho no florescimento, quanto ao N, na associação dos atributos que foram avaliados. Cabe destacar que o teor de clorofila foliar ter forte e significativa associação com o teor de N, que é um indicativo do estado nutricional da planta (ARGENTA et al., 2002), o que possibilita fazer a afirmação supracitada.

Com relação ao sinal das cargas fatoriais dos atributos, ele revela, também, o sinal da correlação dos atributos dentro de cada fator (componente principal) extraído (LAUDE; CARENA, 2015). Assim, quando as plantas apresentaram teor Inferior de CT_{II}, os atributos massa seca da planta e índice de colheita, que apresentaram cargas fatoriais altas no CP3 (Tabela 2), também apresentaram associação negativa. Resultado, semelhante, foi observado entre as duas taxas de crescimento diário da altura de plantas, no teor Superior de CT_{II}.

A análise de fatores juntamente com a de componentes principais permite a identificação de atributos menos úteis, em relação ao conjunto de atributos avaliados, na discriminação de genótipos (GRANATO et al., 2014). Esses atributos podem ser descartados na avaliação do grupo de genótipos estudados, bem como, dentro de cada fator, aqueles que apresentam maior dificuldade de mensuração (GRANATO et al., 2014). Por exemplo, DoVale, Fritsche-Neto e Silva (2011) relatam que a altura de inserção da primeira espiga pode ser descartada, de experimentos de avaliação da cultura do milho, por apresentar alta correlação com a altura de plantas.

Um dos problemas que podem ser encontrados na análise trilha é o uso de atributos explicativos que são inter-relacionados que causam a multicolinearidade (AYOUBI; KHORMALI; SAHRAWAT, 2009). Com o uso da análise multivariada, pode-se formar grupos de atributos correlacionados (AYOUBI; KHORMALI; SAHRAWAT, 2009) e dentro destes grupos, selecionar os mais

representativos e, assim, reduzir o efeito da multicolinearidade em análises de trilha (DANDIKAS et al., 2014).

Na análise de trilha, foram incluídos como atributos explicativos da produtividade de grãos aqueles com menores correlações entre eles. A seleção de quais atributos seriam utilizados na análise de trilha foi baseada na análise de fatores (extração via componentes principais), em que de cada componente foi escolhido um atributo e ainda, daqueles que não foram incluídos na análise de fatores, os que apresentam facilidade de mensuração, precisão experimental e, alta variabilidade entre os genótipos.

Dessa maneira os atributos explicativos, em todos os teores CT_{II}, foram: altura de plantas (AP); massa seca da planta (MSP); massa do grão (MG); número de grãos por espiga (NG); taxa de crescimento diário da altura de plantas entre os estágios V7 e V10 (TX_{II}) e; eficiência produtiva (EP - Tabela 3).

Tabela 3 - Análise de trilha entre a produtividade de grãos e os atributos explicativos em 12 genótipos de milho avaliados em condição de semeadura tardia (15/01; 25/02), de acordo com o teor de clorofila foliar entre os estágios VT-R1 (CT_{II}), Gurupi-TO, 2013/14

CT _{II} Inferior					Coeficiente de determinação			0,99
Atributos	AP	MSP	MG	NG	TX _{II}	EP	PG ¹	
AP	0,01	0,00	0,00	0,13	0,00	0,24	0,38**	
MSP	0,00	-0,01	0,11	0,16	0,00	0,20	0,46**	
MG	0,00	0,00	0,51	0,04	0,00	-0,06	0,48**	
NG	0,00	0,00	0,04	0,45	0,00	0,14	0,63**	
TX _{II}	0,00	0,00	0,13	0,11	0,01	0,24	0,50**	
EP	0,00	0,00	-0,05	0,10	0,00	0,65	0,70**	

CT _{II} Intermediário					Coeficiente de determinação			0,98
Atributos	AP	MSP	MG	NG	TX _{II}	EP	PG	
AP	-0,01	0,01	0,10	0,14	0,00	0,21	0,46**	
MSP	0,00	0,05	0,26	0,35	0,00	0,17	0,82**	
MG	0,00	0,02	0,54	0,00	0,00	-0,09	0,47**	
NG	0,00	0,03	0,00	0,55	0,00	0,04	0,62**	
TX _{II}	0,00	-0,01	-0,01	-0,10	0,01	0,10	-0,01	
EP	0,00	0,01	-0,08	0,04	0,00	0,61	0,58**	

CT _{II} Superior					Coeficiente de determinação			0,98
Atributos	AP	MSP	MG	NG	TX _{II}	EP	PG	
AP	0,00	0,04	0,16	0,17	0,00	0,18	0,55**	
MSP	0,00	0,07	0,20	0,27	0,00	0,19	0,74**	
MG	0,00	0,02	0,65	0,05	0,00	-0,31	0,41**	
NG	0,00	0,05	0,07	0,42	0,00	-0,07	0,48**	
TX _{II}	0,00	0,01	0,01	0,09	0,01	0,12	0,25**	
EP	0,00	0,02	-0,24	-0,03	0,00	0,82	0,56**	

¹ Correlação linear dos atributos com a produtividade de grãos (PG); ** = coeficiente significativo a 1% pelo teste t. Coeficientes em negrito indicam os efeitos diretos. EP = eficiência produtiva; MG = massa do grão; MSP = massa seca da planta; AP = altura da planta; NG = número de grãos por espiga; TX_{II} = taxa de crescimento de altura de plantas entre os estágios V7-V10.

Todos os atributos selecionados, para análise de trilha, apresentaram associação significativa com a produtividade de grãos ($p \leq 0,01$) nos três teores de CT_{II}, exceto a taxa de crescimento diário da altura de plantas entre

os estágios V7-V10, no teor Intermediário de CT_{II} (Tabela 3). No entanto, é importante conhecer a magnitude dos coeficientes pelo fato do tamanho da amostra influenciar a significância (CARGNELUTTI FILHO et al., 2011).

Assim, os maiores coeficientes entre a produtividade de grãos e os demais atributos foram observados na: eficiência produtiva ($r = 0,70$), no teor de CT_{II} Inferior; massa seca da planta ($r = 0,82; 0,74$), no teor de CT_{II} Intermediário e Superior. No entanto, com relação aos efeitos diretos (valores em negrito na Tabela 3), foram obtidos os maiores valores na EP, MG e NG, independentemente do teor de CT_{II} .

Esse resultado demonstra que a associação da massa seca da planta com a produtividade de grãos, quando observada, foi decorrente dos efeitos indiretos dos demais atributos e assim, a sua utilização para seleção indireta ou para explicar a produtividade de grãos não seria recomendada em genótipos com ampla base genética.

Com relação a massa do grão e ao número de grãos por espiga, resultados semelhantes foram encontrados por Wu et al. (2011) sob condições de baixo fornecimento de N e em relação a eficiência do mesmo. No entanto, Wu et al. (2011) destacaram que a produtividade de grãos é mais afetada pelo número de grãos do que pela massa dos mesmos. Pela análise de trilha, os valores dos efeitos diretos, sob a produtividade de grãos, da massa do grão foram superiores aos observados no número de grãos por espiga (Tabela 3) quando as plantas apresentaram os teores Inferiores e Superiores de CT_{II} . No teor Intermediário, os valores do efeito direto, de ambos os atributos, foram próximos (0,54; 0,55).

Essa distinção de resultados, pode ter relação com o relato de Filipovic et al. (2014) de que a relação da produtividade de grãos com os seus componentes é afetada pelo material genético avaliado. Ainda, na cultura do milho os atributos que explicam a variação da produtividade de grãos podem ser diferentes com a alteração do local de cultivo (MALLARINO; OYARZABAL; HINZ, 1999).

Dentre os atributos avaliados, a eficiência produtiva (EP) apresentou associação, significativa ($p \leq 0,01$), com a produtividade de grãos em todas as análises ($r = 0,56$ a $0,70$) e, também, maiores efeitos diretos (0,61 a 0,82) sob este atributo (Tabela 3). Resultados que demonstram que o uso da EP na seleção de genótipos pode refletir, de maneira direta, em aumentos na produtividade de grãos, pois, de acordo com Mundim et al. (2013) valores altos do coeficiente de correlação e do efeito direto revelam associação direta, de causa-efeito, entre os atributos utilizados na análise.

A EP resume a relação entre o potencial produtivo da planta e a produtividade de grãos, o que permite identificar a diferença entre o real e o potencial. O conhecimento desta diferença é importante para a definição de estratégias no melhoramento genético (MENG et al., 2013) e revela o intervalo de produção que pode ser explorado (CASSMAN et al., 2003). A diminuição desta diferença pode ser alcançada com o uso de genótipos adequados as condições de cultivo locais (MENG et al., 2013), pois, estes tendem a apresentar desempenhos próximos a do seu potencial produtivo.

Mello et al. (2005) relatam que o melhor genótipo tende a ser aquele que apresenta maior carga fatorial nos componentes principais extraídos. O híbrido duplo HD12 foi o que apresentou maiores cargas fatoriais nos três componentes principais extraídos quando os teores de CT_{II} foram Inferiores (Figura 1), o que revela que a produtividade de grãos superior deste genótipo esteve associada, de forma positiva, com os outros sete atributos (Tabela 2) utilizados na análise fatorial. Nos demais teores de CT_{II} , Intermediário e Superior, o mesmo híbrido duplo, também, apresentou cargas fatoriais altas no componente principal que explicou a variação da produtividade de grãos e no que explicou a eficiência produtiva (Figuras 2A e 2B).

Além do genótipo HD12, destacaram-se a população P3, a variedade V8 e o híbrido duplo HD10 no primeiro componente principal, quando as plantas apresentaram teor de CT_{II} Intermediário (Figura 2A). Enquanto que no teor Superior de CT_{II} , o híbrido duplo HD10, também, apresentou alta carga fatorial no primeiro componente principal (Figura 2B). Por fim, as cargas fatoriais da variedade V7 revelam a não adaptação deste material genético as condições de cultivo que foram impostas.

Com o uso da análise de componentes principais é possível agrupar os genótipos similares, ou seja, menos divergentes, como demonstram os trabalhos realizados na cultura do milho por Mello et al. (2005) e Semagn et al. (2014). Nas análises realizadas, a variedade V7 e o híbrido duplo HD12 foram os mais divergentes entre si, em todas as condições, em que em função dos componentes principais utilizados na dispersão gráfica e do teor de CT_{II} , o agrupamento dos genótipos foi diferente (Figuras 1 e 2).

Os resultados demonstram a influência dos atributos selecionados em um programa de melhoramento e da condição nutricional da planta no florescimento na estimativa da divergência genética. Rotili et al. (2015) observaram diferentes agrupamentos de genótipos em função dos atributos utilizados na análise e com o nível de fornecimento de N em cobertura, na cultura do milho. De acordo com Coque e Gallais (2007) a expressão da variabilidade genética está associada com o nível de N fornecido para o milho, em função do efeito do ambiente na expressão gênica.

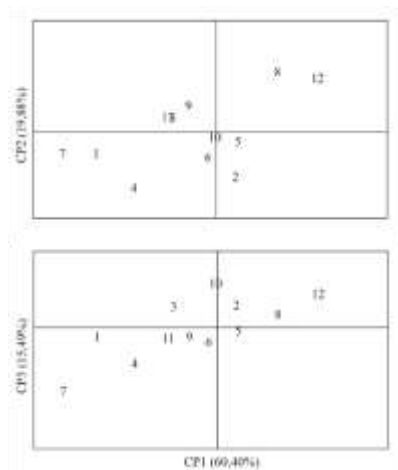


Figura 1 - Cargas fatoriais de 12 genótipos de milho (1 = P1; 2 = P2; 3 = P3; 4 = P4; 5 = P5; 6 = V6; 7 = V7; 8 = V8; 9 = HD9; 10 = HD10; 11 = P11; 12 = HD12) nos componentes principais (CP) com autovalores acima de 1, no teor de clorofila foliar Inferior, entre os estágios VT-R1, Gurupi-TO, safra 2013/14.

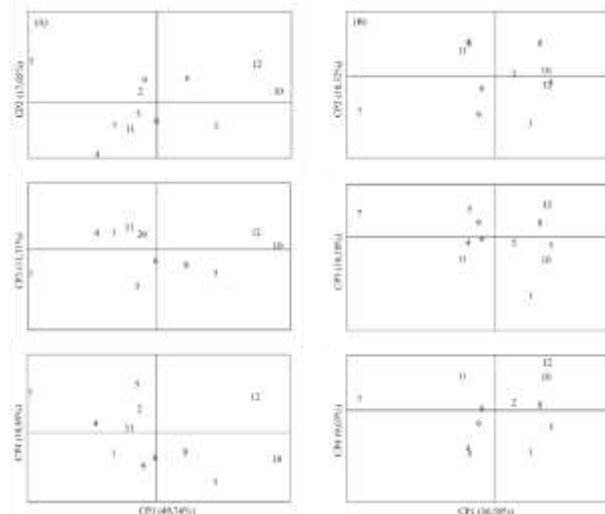


Figura 2 - Cargas fatoriais de 12 genótipos de milho (1 = P1; 2 = P2; 3 = P3; 4 = P4; 5 = P5; 6 = V6; 7 = V7; 8 = V8; 9 = HD9; 10 = HD10; 11 = P11; 12 = HD12) nos componentes principais (CP) com autovalores acima de 1, em função do teor de clorofila foliar, entre os estágios VT-R1: Intermediário (A) e Superior (B), Gurupi-TO, safra 2013/14.

CONCLUSÕES

O teor de clorofila foliar, entre florescimento masculino e feminino, influenciou na estimativa da divergência genética dos genótipos de milho e na associação dos atributos os quais apresentaram menor associação entre si quando em condições de menor teor de clorofila foliar.

O híbrido duplo HD12 foi superior aos demais genótipos, independente do teor de clorofila foliar no florescimento, enquanto que a população P3, a variedade V8 e o híbrido duplo HD10 foram superiores, quando os teores de clorofila foliar no florescimento foram intermediário ou superior. A variedade V7

demonstrou não ser adaptada as condições de cultivo que foram impostas.

Os atributos com maior associação e efeito direto na produtividade de grãos foram: eficiência produtiva; massa do grão e; número de grãos por espiga.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABE, A.; ADETMIRIN, V. C.; MENKIR, A.; MOSSE, S. P.; OLANIYAN, A. B. Performance of tropical maize hybrids under conditions of low and optimum levels of nitrogen fertilizer application – grain yield, biomass production and nitrogen accumulation. *Maydica*, v. 58, n. 1-4, p. 141-150, 2013.

ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; MIELNICZUK, J.; BORTOLINI, C. G. Parâmetros da planta como indicadores do nível de nitrogênio na cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 37, n. 4, p. 519-527, 2002.

AYOUBI, S.; KHORMALI, F.; SAHRAWAT, K. L. Relationships of barley biomass and grain yields to soil properties within a field in the arid region: Use of factor analysis. *Acta Agriculturae Scandinavica Section B – Soil and Plant Science*, v. 59, n. 2, p. 107-117, 2009.

BENIN, G.; SILVA, G. O.; PAGLIOSA, E. S.; LEMES, C.; SIGNORINI, A.; BECHE, E.; CAPELIN, M. A. Capacidade de combinação em genótipos de trigo estimada por meio de análise multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, n. 9, p. 1145-1151, 2009.

BUTRON, A.; ROMAY, M. C.; PEÑA-ASÍN, J.; ALVAREZ, A.; MALVAR, R. A. Genetic relationship between maize resistance to corn borer attack and yield. *Crop Science*, v. 52, n. 3, p. 1176-1180, 2012.

CAÑAS, R. A.; AMIOUR, N.; QUILLERÉ, I.; HIREL, B. An integrated statistical analysis of the genetic variability of nitrogen metabolism in the ear of three maize inbred lines (*Zea mays* L.). *Journal of Experimental Botany*, v. 62, n. 7, p. 2309-2318, 2011.

CARGNELUTTI FILHO, A.; LOPES, S. J.; TOEBE, M.; SILVEIRA, T. R.; SCHWANTES, I. A. Tamanho de amostra para estimação do coeficiente de correlação de Pearson entre caracteres de *Crambe abyssinica*. *Revista Ciência Agronômica*, v. 42, n. 1, p. 149-158, 2011.

CASSMAN, K. G.; DOBERMANN, A.; WALTERS, D. T.; YANG, H. Meeting cereal demand while protecting natural resources and improving environmental quality. *Annual Review of Environment and Resource*, v. 28, n. 1, p. 315-358, 2003.

COQUE, M.; GALLAIS, A. Genetic variation among European maize varieties for nitrogen use efficiency

under low and high nitrogen fertilization. *Maydica*, v. 52, n. 4, p. 383-397, 2007.

DANDIKAS, V.; HEUWINKEL, H.; LICHTI, F.; DREWES, J. E.; KOCH, K. Correlation between biogas yield and chemical composition of energy crops. *Bioresource Technology*, v. 174, p. 316-320, 2014.

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

FALKER AUTOMAÇÃO AGRÍCOLA. *Manual do medidor eletrônico de teor clorofila (ClorofiLOG/CFL 1030)*. Disponível em: http://www.falker.com.br/produto_download.php?id=4. Acesso em: 28 abr. 2014.

FIGUEIREDO FILHO, D. B.; SILVA JÚNIOR, J. A. da. Visão além do alcance: uma introdução à análise fatorial. *Opinião pública*, v. 16, n. 1, p. 160-185, 2010.

FILIPOVIC, M.; BABIC, M.; DELIC, N.; BABIC, V. Determination relevant breeding criteria by the path and factor analysis in maize. *Genetika*, v. 46, n. 1, p. 49-58, 2014.

GRANATO, I. S. C.; BERMUDEZ, F. P.; REIS, G. G.; DOVALE, J. C.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Index selection of tropical maize genotypes for nitrogen use efficiency. *Bragantia*, v. 73, n. 2, p. 153-159, 2014.

HAIR JR, J. F.; BLACK, B.; BABIN, B.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. *Multivariate Data Analysis*. 6. ed. New Jersey, NJ: Pearson Prentice Hall, 2006. 816 p.

KINIRY, J. R.; RITCHIE, J. T. Shade-sensitive interval of kernel number of maize. *Agronomy Journal*, v. 77, n. 5, p. 711-715, 1985.

LAUDE, T. P.; CARENA, M. J. Genetic diversity and heterotic grouping of tropical and temperate maize populations adapted to the northern U.S. Corn Belt. *Euphytica*, v. 204, n. 3, p. 661-667, 2015.

MALLARINO, A. P.; OYARZABAL, E. S.; HINZ, P. N. Interpreting within-field relationships between crop yields and soil and plant variables using factor analysis. *Precision Agriculture*, v. 1, n. 1, p. 15-25, 1999.

MELLO, R.; NORBERG, J. L.; ROCHA, M. G.; DAVID, D. B. Características produtivas e qualitativas de híbridos de milho para produção de silagem. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v. 4, n. 1, p. 74-94, 2005.

MENG, Q.; HOU, P.; WU, L.; CHEN, X.; CUI, Z.; ZHANG, F.; Understanding production potentials and yield gaps in intensive maize production in China. *Fields Crops Research*, v. 143, n. 1, p. 91-97, 2013.

MUNDIM, G. B.; VIANA, J. M. S.; MAIA, C.; PAES, G. P.; DELIMA, R. O. Genetic diversity and path analysis for nitrogen use efficiency in popcorn inbred lines. *Euphytica*, v. 191, n. 2, p. 291-299, 2013.

NAREZ-JIMÉNEZ, C. A.; CRUZ-LÁZARO, E.; GÓMEZ-V-AZQUEZ, A.; CRUZ-HERNÁNDEZ, A.; BRITO-MANZANO, N. P.; MÁRQUEZ-QUIROZ, C. Diversidad morfológica de maíces nativos de la región Grijalva del estado de Tabasco, México. *Revista de la Facultad de Agronomía*, v. 32, n. 1, p.1-20, 2015.

ROTILI, E. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; CARVALHO, E. V.; REIS, A. L. L. E. Características pré e pós maturação fisiológica na divergência genética em milho sob diferentes níveis de nitrogênio. *Enciclopédia Biosfera*, v. 11, n. 21, p. 2940-2949, 2015.

SEMAGN, K.; MAGOROKOSHO, C.; OGUGO, V.; MAKUMBI, D.; WARBURTON, M. L. Genetic relationships and structure among open-pollinated maize varieties adapted to eastern and southern Africa using microsatellite markers. *Molecular Breeding*, v. 34, n. 3, p. 1423-1435, 2014.

SINGH, P.; SINGH, A. K.; SHARMA, M. Genetic divergence study in maize inbred lines (*Zea mays*). *Indian Journal of Agricultural Sciences*, v. 84, n. 10, p. 1211-1216, 2014.

TOLLENAR, M.; DWYER, L.M. Physiology of Maize. In: SMITH, D.L.; HAMEL, C., Eds. *Crop Yield: Physiology and Process*. New York, NY: Springer Berlin Heidelberg, 1999. p. 169-204.

WU Y.; LIU, W.; LI, X.; LI, M.; ZHANG, D.; HAO, Z.; WENG, J.; XU, Y.; BAI, L.; ZHANG, S.; XIE, C. Low-nitrogen stress tolerance and nitrogen agronomic efficiency among maize inbreds: comparison of multiple indices and evaluation of genetic variation. *Euphytica*, v. 180, n. 2, p. 281-290, 2011.