

# Divergência genética em milho de primeira e segunda safra

## Genetic divergence in maize growing at first and second season

Gustavo André Simon<sup>1\*</sup>; Takeshi Kamada<sup>1</sup>; Márcio Moiteiro<sup>2</sup>

### Resumo

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 19 híbridos simples de milho cultivados na safra de verão e safrinha. Foram instalados dois experimentos no município de Rio Verde, Goiás, sendo um na safra 2007/2008 e outro na safrinha 2008/2008. Ambos os experimentos foram conduzidos em espaçamento entre linhas reduzido de 0,5 m, com população aproximada de 65.000 e 55.000 plantas por hectare na safra e safrinha respectivamente, utilizando-se o delineamento blocos casualizados com 3 repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de plantas, altura de inserção da espiga, comprimento de pendão, índice de área foliar, número de fileiras de grãos por espiga, número de grãos por fileira, massa de mil grãos e produtividade de grãos. A divergência genética foi estimada a partir das distâncias de Mahalanobis e os híbridos foram agrupados pelos métodos de otimização de Tocher e das médias aritméticas não-ponderadas (UPGMA). Constatou-se maior divergência genética entre os híbridos 2A525 e DKB177 e entre P30K64 e DKB177, na safra verão e safrinha respectivamente. Os índices de dissimilaridade observados nas duas safras sugerem a obtenção de maior heterose pelo cruzamento de linhagens extraídas dos híbridos AG8060, P30F35, 2B587, AG7088 e DKB390 com linhagens extraídas dos híbridos AG7000 e DKB177.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L., grupo heterótico, UPGMA, extração de linhagens

### Abstract

The objective of this study was to estimate the genetic divergence among 19 corn hybrids growing at the summer and “safrinha” season. Two experiments were carried out in Rio Verde, Goiás, in the 2007/2008 and 2008/2008 season. Both experiments were conducted at reduced spacing of 0.5 m, with population density of about 65,000 plants per hectare at summer and “safrinha” season respectively, using a randomized block design with three replications. Were evaluated the following characters: plant height, ear height, length of tassel, leaf area index, number of kernels rows per ear, number of kernels per row, thousand grain weight and grain yield. The genetic divergence was estimated from Mahalanobis dissimilarity and the hybrids were grouped by the methods of Tocher and non-weighted arithmetic averages (UPGMA). The results show greater genetic divergence between hybrids 2A525 and DKB177 and between P30K64 and DKB177 at the summer and “safrinha” season respectively. The indexes of dissimilarity observed in both seasons suggest the achieving of greater heterosis by crossing lines from the hybrids AG8060, P30F35, 2B587, AG7088 and DKB390 with lines from the hybrids AG7000 and DKB177.

**Key words:** *Zea mays* L., heterotic group, UPGMA, inbred lines extraction

<sup>1</sup> Engº Agrº, Profs. Drs. da Universidade de Rio Verde, FESURV, Rio Verde, GO. E-mail: simon@fesurv.br; kamada@fesurv.br

<sup>2</sup> Discente do curso de Biologia da Universidade de Rio Verde, FESURV, Rio Verde, GO. E-mail: mmoiteiro@coodetec.com.br

\* Autor para correspondência

## Introdução

A escolha adequada dos genótipos como fontes de extração de linhagens pode determinar o sucesso ou retorno econômico de um programa de melhoramento de milho para desenvolvimento de híbridos (MAGNAVACA, 1998). As tendências são no sentido de usar populações F2 originadas de cruzamentos de híbridos simples, sintéticos de linhagens elites e até mesmo híbridos comerciais (HALLAUER; RUSSEL; LAMKEY, 1988).

Diante de inúmeros genitores utilizados frequentemente nos programas de melhoramento de milho, são geradas centenas de novas linhagens a cada ano. Desta forma, surge a dificuldade quanto aos estudos de capacidade de combinação para determinação dos grupos heteróticos, que estão altamente correlacionados com a divergência genética entre os genitores. A determinação da dissimilaridade genética entre genitores contribui na extração de linhagens endogâmicas com considerável capacidade específica de combinação e desta forma, permite explorar o fenômeno da heterose em cruzamentos híbridos (MORO; SILVEIRA; CARGNELUTTI FILHO, 2007).

Existem duas maneiras de se inferir sobre a divergência genética: de forma quantitativa e de forma preditiva. Entre as de natureza quantitativa, citam-se as análises dialélicas, nas quais são necessários os cruzamentos entre os genitores e sua posterior avaliação. As de natureza preditiva têm por base as diferenças morfológicas, de qualidade nutricional, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os genitores (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Como a divergência genética está associada à heterose, as análises de dissimilaridade genética podem ser úteis para a predição preliminar de cruzamentos que otimizem a heterose (MIRANDA et al., 2003).

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética, tem se tornado

comum entre os melhoristas de plantas, em diferentes espécies, como é o caso do melhoramento do feijão (ELIAS et al., 2007; BONETT et al., 2006), da aveia (KUREK et al., 2002; LORENCETTI, et al., 2006), do pimentão (OLIVEIRA; SCAPIM; CASALI, 1998), da mandioca-de-mesa (ZUIN, et al., 2009), bem como no do milho (FUZATTO et al., 2002; MORO; SILVEIRA; CARGNELUTTI FILHO, 2007; CARDOSO et al., 2009).

Diferentes técnicas de análise multivariada têm sido usadas para se estimar a divergência genética, destacando-se as análises de componentes principais e medidas de dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI, 2001). Diversas medidas de dissimilaridade têm sido propostas para a quantificação das distâncias entre genótipos, sendo, contudo, a distância generalizada de Mahalanobis a mais amplamente utilizada quando se dispõem de experimentos com repetições. Esta se diferencia das demais técnicas por levar em consideração as correlações entre os caracteres avaliados (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Desse modo, o objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética, aferida por caracteres morfológicos e componentes da produção de 19 híbridos simples de milho avaliados na safra e safrinha no município de Rio verde, Goiás.

## Material e Métodos

Os experimentos foram instalados no município de Rio Verde, utilizando-se dezenove híbridos simples de milho (2A525, 2B587, 2C520, P30F35, P30K75, P30F53, P30K64, P30K73, P30R32, AG7000, AG8060, AG7088, DKB390, DKB393, DKB177, IMPACTO, MAXIMUS, SOMMA, BRS1031), provenientes de diferentes empresas, e cultivados na região de Rio Verde, Goiás. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas entre si por 0,5 metros. A área útil foi representada apenas pelas duas linhas centrais, sendo as duas linhas laterais consideradas como bordaduras.

O primeiro experimento (safra 2007/2008) foi conduzido na área experimental da FESURV – Universidade de Rio Verde, situada sob as coordenadas 17°48' sul, 51°55' oeste, com altitude de 760 m. A semeadura foi realizada em dezembro de 2007, utilizando-se densidade populacional de aproximadamente 65.000 plantas por hectare. A adubação empregada na semeadura foi equivalente a 400 kg ha<sup>-1</sup> da formulação 08-20-18 de N<sub>2</sub>, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e K<sub>2</sub>O respectivamente. Foi realizada adubação de cobertura nitrogenada com 100 kg ha<sup>-1</sup> de uréia, aproximadamente 45 dias após a semeadura.

O segundo experimento (safrinha 2008/2008) foi estabelecido na fazenda Nossa Senhora da Aparecida, situada sob as coordenadas 17° 53' sul e, 50° 56' oeste e altitude média de 669 m. A semeadura foi realizada em fevereiro de 2008, utilizando-se densidade populacional de aproximadamente 55.000 plantas por hectare. Na adubação de semeadura foi utilizado 330 kg ha<sup>-1</sup> da formulação 08-28-16 de N<sub>2</sub>, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e K<sub>2</sub>O respectivamente. A adubação nitrogenada de cobertura correspondeu à aplicação de 200 kg ha<sup>-1</sup> de sulfato de amônio. Em ambos os experimentos, o controle fitossanitário de pragas e doenças foi realizado conforme recomendação técnica para a cultura.

As características avaliadas foram: altura de plantas (média de cinco plantas, em metro), altura de inserção da espiga (média de cinco plantas, em metro), comprimento de pendão (média de cinco plantas, em centímetro), índice de área foliar (relação da área foliar total pela área do solo ocupada por uma planta) conforme metodologia de Tollenaar (1992), número de fileiras de grãos por espiga (média de cinco espigas), número de grãos por fileira (média de cinco espigas), massa de mil grãos (em gramas) e produtividade de grãos (massa de grãos da parcela corrigido para umidade de 13% e extrapolados para kg ha<sup>-1</sup>).

Foram realizadas análises de variância individuais e, constatada homogeneidade de variâncias residuais pelo teste de Hartley (SNEDECOR; COCHRAN, 1978), realizou-se análise de variância conjunta. As distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D_{ii'}^2$ ), obtidas a partir dos dados padronizados, foram utilizadas como medidas de dissimilaridades. No estudo de divergência genética, utilizando as estimativas de  $D_{ii'}^2$ , foi empregado o método de otimização de Tocher e análise de agrupamento pelo método das médias aritméticas não-ponderadas (UPGMA). As análises de variância, bem como todas as análises multivariadas, foram realizadas utilizando-se o Programa Genes (CRUZ, 2006).

## Resultados e Discussão

Os quadrados médios para híbridos e interação foram significativos, sugerindo haver variabilidade entre os genótipos testados e que o comportamento dos mesmos não foi semelhante entre as safras avaliadas. Os valores dos coeficientes de variação estão classificados como baixos, de acordo com relatos da literatura. As medidas de dissimilaridade estimadas a partir da matriz de distância de Mahalanobis na safra e safrinha são mostradas na Tabela 1. Dentre os híbridos avaliados, os menores valores foram observados entre MÁXIMUS e SOMMA (4,4) e DKB393 e SOMMA (4,4) na safra e safrinha respectivamente. Enquanto que, a maior divergência foi observada entre os pares 2A525 e DKB177 (120,5) e P30K64 e DKB177 (170,9) na safra e safrinha respectivamente. Observa-se ainda, que apesar de não haver completa coincidência nas safras avaliadas, os pares de híbridos mais divergentes, P30K64 e DKB177, 2A525 e DKB177 e DKB393 e 2A525 coincidiram nas duas condições de cultivo.



As amplitudes dos valores das estimativas de dissimilaridade de Mahalanobis observadas entre 4,4 e 120,5 na safra, e entre 4,4 e 170,9 na safrinha sugerem haver ampla variabilidade genética entre os híbridos avaliados, viabilizando desta forma, a escolha de genitores contrastantes para extração de linhagens endogâmicas.

A análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher proporcionou a formação de sete grupos distintos de híbridos em ambas as safras (Tabela 2). Na safra foi formado um grande grupo constituído por nove híbridos, quatro grupos com dois híbridos e dois grupos constituídos por apenas um híbrido. Na safrinha o maior grupo incluiu sete híbridos, o segundo quatro, o terceiro três, o quarto dois e os demais grupos com apenas um híbrido. De modo geral, os caracteres avaliados na época da safrinha permitiram maior separação dos

híbridos para formação dos grupos de similaridade, o que pode estar associado às condições adversas principalmente do clima, influenciando consideravelmente no comportamento dos híbridos avaliados pois foram observados maiores médias de distâncias dos intergrupos na safra (Tabela 3). Os híbridos 2B587, AG8060, P30F35 e DKB390 foram alocados no mesmo grupo tanto na safra quanto na safrinha, bem como os híbridos DKB393, SOMMA e P30F53. Estes resultados sugerem a possibilidade das linhagens extraídas dos híbridos destes grupos distintos apresentarem divergência genética e conseqüentemente heterose em combinações híbridas. Outro ponto que reforça esta hipótese é que os híbridos que constituíram os pares mais divergentes (Tabela 1), com base na matriz de distâncias de Mahalanobis, foram alocados em grupos distintos pelo método de otimização de Tocher (Tabela 2).

**Tabela 2.** Agrupamento dos híbridos simples de milho pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis na safra 2007/2008 e safrinha 2008/2008.

Grupos	Safra 2007/2008	Safrinha 2008/2008
I	P30F53, AG8060, P30F35, 2B587, AG7088, SOMMA, DKB390, DKB393, P30K75	2B587, AG8060, P30F35, P30K73, BRS1031, DKB390, IMPACTO
II	2A525, P30R32	DKB393, SOMMA, P30F53, MAXIMUS
III	AG7000, BRS1031	P30R32, AG7088, P30K75
IV	2C520, IMPACTO	2A525, AG7000
V	P30K64, P30K73	DKB177
VI	MAXIMUS	P30K64
VII	DKB177	2C520

**Fonte:** Elaboração dos autores.

Em programa de melhoramento genético de plantas com ênfase na obtenção de híbridos, é importante na escolha de genitores para extração de linhagens, que sejam complementares para o maior número possível de características de importância agrônômica. A dissimilaridade intergrupos (Tabela 3), obtida também pelo método de otimização de Tocher, permite distinguir entre os grupos formados,

quais são mais divergentes geneticamente. As maiores distâncias médias intergrupos na safra, foram observadas entre os grupos II e VII (114,9) e entre os grupos V e VII (85,1). Por sua vez, na safrinha, os grupos V e VI (170,1) foram mais divergentes, porém, ambos formados por apenas um híbrido. O grupo I, com o maior número de híbridos, apresentou maior distância média intergrupos em

relação ao grupo III (86,5), na safrinha, favorecendo a formação de dois grupos heteróticos contrastantes. Em contrapartida, a distância média intergrupos

envolvendo os grupos I e II (39,7) na safrinha, reforçam o fato destes híbridos terem sido alocados no mesmo grupo na safra.

**Tabela 3.** Distâncias médias intergrupos estimadas pelo método de Otimização de Tocher, envolvendo dezenove híbridos simples de milho avaliadas no período da safra 2007/2008 (acima da diagonal) e no período da safrinha 2008/2008 (abaixo da diagonal).

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII
I		62,1	29,2	47,0	32,3	27,7	48,0
II	39,7		71,8	40,5	54,3	82,5	114,9
III	86,5	35,2		67,9	48,2	56,2	40,6
IV	56,7	26,5	55,4		60,5	42,8	77,9
V	83,3	67,3	121,9	37,9		42,7	85,1
VI	75,4	44,9	50,7	65,7	170,1		56,8
VII	25,5	43,2	51,5	70,4	97,2	93,0	

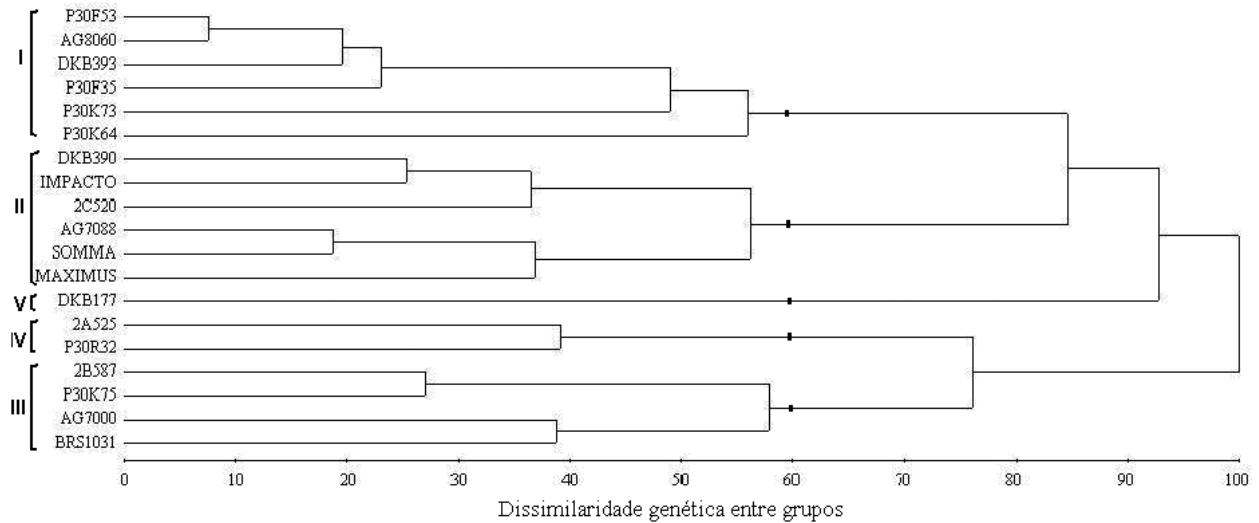
Fonte: Elaboração dos autores.

A dissimilaridade entre híbridos estabelecida pelo método UPGMA constitui uma ferramenta, que associada com o método de otimização de Tocher, confere maior segurança em discriminar os diferentes genótipos avaliados à divergência genética. Ambos os métodos de agrupamento alocaram de forma semelhante os híbridos em grupos com maior similaridade genética, fato que também tem sido observado por outros autores (ELIAS, et al., 2007; ZUIN, et al., 2009). Na safra, o método UPGMA permitiu a formação de cinco grupos distintos considerando ponto de corte de 60% (Figura 1), contendo seis híbridos no grupo I (P30F53, AG8060, DKB393, P30F35, P30K73 e P30K64), seis no grupo II (DKB390, IMPACTO, 2C520, AG7088, SOMMA e MAXIMUS), quatro no grupo III (2B587, P30K75, AG7000 e BRS1031), dois no grupo IV (2A525 e P30R32) e um no grupo V (DKB 177). Na safrinha também foi possível distinguir cinco grupos de similaridade ao considerar ponto de corte em 40% de similaridade

(Figura 2), contendo seis híbridos no grupo I (DKB390, IMPACTO, P30K75, P30R32, AG7088 e BRS1031), cinco no grupo II (DKB393, SOMMA, P30F53, MAXIMUS e 2C520), cinco no grupo III (P30F35, P30K64, 2B587, AG8060 e P30K73), dois no grupo IV (2A525 e AG7000) e um no grupo V (DKB177).

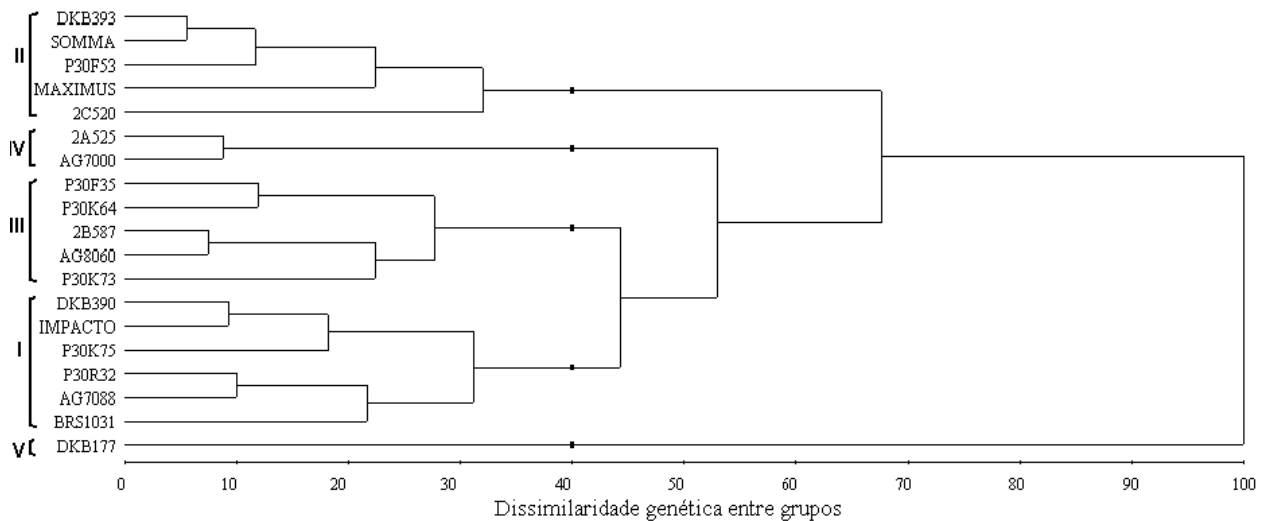
Segundo Hallauer e Miranda Filho (1981), deve-se preferir cruzamentos entre genitores ou populações que apresentem médias e divergências altas nas características de interesse. Desta forma, além da dissimilaridade genética para a escolha dos genitores, o desempenho *per se* dos mesmos, nos ambientes específicos, deve ser considerado. Os híbridos AG7000 e P30K75 foram os mais produtivos, considerando ambas as safras (Tabela 4), contudo, outros híbridos também se destacaram como AG7088, AG8060, BRS1031, DKB177, DKB390, 2A525, 2B587, P30F35, P30K64 e P30R32.

**Figura 1.** Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), para os dezoito híbridos simples de milho através de dados morfológicos na safra 2007/2008.



Fonte: Elaboração dos autores.

**Figura 2.** Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), para os dezoito híbridos simples de milho através de dados morfológicos na safra 2008/2008.



Fonte: Elaboração dos autores.

Com intuito de reduzir esforços e tornar o programa de melhoramento mais eficiente e econômico, é possível selecionar alguns entre os híbridos que foram considerados menos divergentes, porém apresentam alto potencial produtivo e maior probabilidade de extração de linhagens promissoras. Dentre os híbridos considerados menos divergentes,

destacam-se o AG8060, P30F35, 2B587, AG7088 e DKB390 em um grupo e os híbridos P30K75, AG7000 e DKB177 em outro grupo, possibilitando explorar o máximo da heterose pelo cruzamento entre linhagens divergentes e complementares extraídas destes grupos distintos de híbridos.

**Tabela 4.** Médias de produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) referentes aos 19 híbridos simples de milho avaliados na safra 2007/2008 e safrinha 2008/2008.

Híbrido	Safra (2007/2008)	Safrinha (2008/2008)
AG7000	10050 a	8827 a
AG7088	10106 a	7792 b
AG8060	9948 a	7744 b
BRS 1031	9932 a	7984 b
DKB177	9778 a	7699 b
DKB390	9227 a	7028 b
DKB393	9616 a	4234 d
2A525	9758 a	7872 b
2B587	9818 a	7928 b
2C520	8192 b	4584 d
IMPACTO	7928 b	7248 b
MAXIMUS	8659 b	5077 d
P 30F35	9707 a	7362 b
P 30F53	9774 a	3966 d
P 30K64	10026 a	7726 b
P 30K73	8595 b	6215 c
P 30K75	10712 a	8897 a
P 30R32	9642 a	7470 b
SOMMA	9526 a	4756 d
CV(%)	5,06	12,76

Médias seguidas pela mesma letra na coluna, não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ).

**Fonte:** Elaboração dos autores.

As estimativas da contribuição relativa dos oito caracteres avaliados na dissimilaridade genética dos 19 híbridos estudados estão apresentadas na Tabela 5. As características que mais contribuíram para a explicação da divergência genética entre os híbridos, tanto na safra quanto na safrinha foram o índice de área foliar ( $\bar{\chi} = 22,80$ ), peso de mil grãos

( $\bar{\chi} = 18,53$ ), produtividade de grãos ( $\bar{\chi} = 15,47$ ), número de grãos por fileira ( $\bar{\chi} = 13,55$ ) e número de fileiras de grãos por espiga ( $\bar{\chi} = 12,69$ ). Desta forma, justifica-se a utilização destas características na avaliação da divergência genética entre híbridos de milho.

**Tabela 5.** Contribuição relativa dos oito caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos dezenove híbridos simples de milho.

Caracteres	Contribuição relativa (%)	
	Safra (2007/2008)	Safrinha (2008/2008)
Produtividade de grãos (kg ha <sup>-1</sup> )	12,11	18,82
Altura de planta (m)	8,04	2,65
Altura de inserção da espiga (m)	7,18	1,16
Número de fileiras de grãos por espiga	13,80	11,57
Número de grãos por fileira	10,22	16,87
Massa de mil grãos (g)	15,87	21,19
Comprimento do pendão (cm)	6,07	8,86
Índice de área foliar	26,70	18,89

**Fonte:** Elaboração dos autores.



## Conclusões

Existe variabilidade genética entre os híbridos testados. A maior divergência genética foi observada entre os pares 2A525 e DKB177 e P30K64 e DKB177, na safra e safrinha respectivamente, podendo implicar em ganhos heteróticos.

Cruzamentos de linhagens extraídas dos híbridos AG8060, P30F35, 2B587, AG7088 e DKB390 com linhagens extraídas dos híbridos P30K75, AG7000 e DKB177 proporcionam maiores heteroses.

Os métodos de otimização de Tocher e UPGMA, de modo geral, discriminaram de forma semelhante os grupos dos híbridos com maior similaridade.

## Referências

- BONETT, L. P.; VIDIGAL, M. C. G.; SCHULTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 27, n. 4, p. 547-560, 2006.
- CARDOSO, W. S.; PAES, M. C. D.; GALVÃO, J. C. C.; RIOS, S. A.; GUIMARÃES, P. E. O.; SCHAFFERT, R. E.; BORÉM, A. Variabilidade de genótipos de milho quanto à composição de carotenóides nos grãos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 44, n. 2, p. 164-173, 2009.
- CRUZ C. D.; REGAZZI A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.
- CRUZ, C. D. *Programa genes: biometria*. Viçosa: UFV, 2006.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585 p.
- ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, 2007.
- FUZATTO, S. R.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, v. 26, n. 1, p. 22-32, 2002.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 1981. 468 p.
- HALLAUER, A. R.; RUSSEL, W. A.; LAMKEY, K. R. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G. F.; DULLEY, J. W. (Ed.). *Corn and corn improvement*. 3. ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1988. p. 565-607.
- KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; CRUZ, P. J.; LORENCETTI, C.; CARGNIN, A.; SIMIONI, D. Variabilidade em genótipos fixos de aveia branca estimada através de caracteres morfológicos. *Revista Brasileira de Agrociência*, Pelotas, v. 8, n. 1, p. 13-17, 2002.
- LORENCETTI, C.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C.; VALÉRIO, I. P.; BENIN, G.; ZIMMER, P. D.; VIEIRA, E. A. Distância genética e sua associação com heterose e desempenho de híbridos de aveia. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 41, n. 4, p. 591-598, 2006.
- MAGNAVACA, R. Desenvolvimento de híbridos de milho em empresas privadas, In: AGUIAR, A. M.; ROSAL, C. J. S.; MENEZES, C. B.; RAPOSO, F. V.; CORTE, H. R.; FUZZATO, S. R. (Org.). In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2., 1998, Lavras. *Anais...* Lavras: UFLA, 1998. p. 163-170.
- MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A. V.; Potencial de melhoramento e divergência genética de genótipos de milho-pipoca, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 38, n. 6, p. 681-688, 2003.
- MORO, J. R.; SILVEIRA, F. T.; CARGNELUTTI FILHO, A. Dissimilaridade genética em sessenta e quatro linhagens de milho avaliadas para resistência ao complexo enfezamento. *Revista de Biologia e Ciência da Terra*, Campina Grande, v. 7, n. 1, p. 153-160, 2007.
- OLIVEIRA, V. R.; SCAPIM, C. A.; CASALI, V. W. D. Diversidade genética e eficiência da predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.). *Acta Scientiarum*, Maringá, v. 20, n. 3, p. 263-267, 1998.
- SNEDECOR, G. W.; COCHRAN, W. *Statistical methods*. 6. ed. Ames, Iowa: The Iowa State College Press, 1978, 485 p.
- TOLLENAAR, M. Is low plant density a stress in maize. *Maydica*, Bergamo, v. 37, n. 2, p. 305-311, 1992.
- ZUIN, G. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; VIDIGAL, M. C. G.; COIMBRA, G. K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 30, n. 1, p. 21-30, 2009.

