

ANALISE MULTIVARIADA DE CULTIVARES SUPERPRECOSES DE MILHO EM JABOTICABAL-SP

Flávia Alves Marques da Silva¹; Sophia Mangussi Franchi Dutra²; Marcela Marconato²; Camila Baptista do Amaral²; Lucas Tadeu Mazza Revolti²; Carlos Henrique Braz Giorgenon³; Gustavo Vitti Môro⁴.

¹Mestrando em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) – FCAV – UNESP/Jaboticabal-SP/Brasil Bolsista CAPES – e-mail: flavia_alvesms@hotmail.com;

²Doutorandos em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) – FCAV – UNESP/Jaboticabal-SP/Brasil; ³Mestrando em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) – FCAV – UNESP/Jaboticabal-SP/Brasil; ⁴Professor Assistente Doutor – Genética e Melhoramento de Plantas – FCAV – UNESP/Jaboticabal-SP/Brasil.

O milho é uma das principais culturas de grãos no mundo e, com novas cultivares lançadas a cada ano, é necessário escolher o genótipo mais adequado para cada sistema de produção. Os ensaios regionais auxiliam nessa decisão e a análise multivariada possibilita a combinação de múltiplas informações para a seleção de indivíduos mais promissores. O objetivo desse trabalho foi avaliar cultivares de milho de ciclo superprecoce, utilizando técnicas de análise multivariada. O experimento foi conduzido na safra 2013/14, em Jaboticabal-SP, com vinte genótipos superprecoces de milho, em delineamento de blocos ao acaso e duas repetições. Foram avaliados os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), estande final (ST), nº de espigas (NE), umidade de grãos (UM) e peso de grãos (PG). As técnicas de análise multivariada foram realizadas com o uso do software Statistica, executando-se análise de componentes principais e análise de agrupamento, sendo a última não hierárquica com distância euclidiana e algoritmo de Ward. Os três primeiros componentes (CP1, CP2, CP3) foram responsáveis por explicar 85,00% de toda variância existente, com destaque das variáveis PG, NE e ST para o CP1, FM e FF para o CP2 e AP e AE para CP3. Para o plano bidimensional formado pelos componentes CP1 e CP2 foram discriminadas as cultivares Embrapa11923 e Exp95159, com propriedades mais específicas para melhor e pior características de rendimento, respectivamente. Esse resultado também foi constatado no plano formado por CP1 e CP3. No plano bidimensional de CP2 e CP3 houve discriminação da cultivar Al2012 no sentido de variáveis de florescimento e umidade de grãos, caracterizando-a como um genótipo mais tardio entre as cultivares superprecoces. O dendrograma obtido na análise de agrupamento permitiu separar as cultivares em quatro grupos distintos. O primeiro grupo (G1) com três genótipos apresentou plantas mais altas e maior número de espigas, o segundo grupo (G2) formado por cinco genótipos levou mais tempo para florescer e teve uma alta umidade, o terceiro grupo (G3) composto por sete genótipos expressou menor rendimento e o quarto grupo (G4) apresentou menor tempo para florescer e maior peso de grãos. As cultivares Embrapa11923 e Exp95159 compõem diferentes grupos, o que reforça os resultados obtidos com a análise de componentes principais. A análise de agrupamento apresenta metodologia mais simples que a análise de componentes principais, contudo a concordância do resultado de ambas mostra que essas devem ser usadas de forma complementar. A análise multivariada permitiu selecionar as cultivares com propriedades mais específicas para as características favoráveis, contribuindo para o melhoramento genético e auxiliando na escolha de cultivares com características de interesse para recomendação na região.

Palavras Chave: *Zea mays*; componentes principais; análise de agrupamento; recomendação.

Apoio: à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelas bolsas concedidas.