



ISSN: 2525-815X

Journal of Environmental Analysis and Progress

Journal homepage: www.jeap.ufrpe.br/

10.24221/jeap.9.2.2024.6208.065-078



Relações lineares entre caracteres do pendão e da espiga em bases genéticas de milho

Linear relationships between tassel and ear traits in maize genetic bases

Murilo Vieira Loro^{a*}, Alberto Cargnelutti Filho^a, Vithória Morena Ortiz^a, Mikael Brum dos Reis^a, João Augusto Andretta^a, Bruno Raul Schuller^a

^a Universidade Federal de Santa Maria-UFSM, Centro de Ciências Rurais, Departamento de Fitotecnia. Avenida Roraima, n. 1000, Prédio 77, Cidade Universitária, Camobi, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil. CEP: 97105-900. E-mail: muriloloro@gmail.com (*Autor correspondente), alberto.cargnelutti.filho@gmail.com, vithoria.ortiz159@gmail.com, mikareis1999@gmail.com, aundregusto@gmail.com, bruninhoschuller2904@gmail.com.

ARTICLE INFO

Recebido 29 Ago 2023

Aceito 28 Fev 2024

Publicado 03 Abr 2024

ABSTRACT

Understanding the linear relationships between maize traits makes it possible to identify traits suitable for indirect selection to maximize genetic gain. The objectives of this study were to verify, through correlation, path analysis, and regression tree, whether there are linear relationships between genetic bases traits (single, triple, and double hybrids and varieties) of maize and whether there are traits that can be used in indirect selection for grain mass. An experiment was conducted with maize genotypes from four genetic bases (single hybrids, triple hybrids, double hybrids, and varieties), on five sowing dates in the 2021/2022 harvest. In five plants of each genotype and sowing date (n = 1,915 plants), the following traits were measured: length of the tassel, ear diameter, ear length, number of rows of grains per ear, ear mass, cob diameter, cob mass, grain length, and ear grain mass. Among pairs of traits, a greater positive linear association was observed between ear and grain mass. The path analysis confirmed the linear cause-and-effect relationship between ear and grain mass. The regression tree showed that the ear mass was the main node for dividing the grain mass. There are linear relationships between genetic bases traits (single, triple, and double hybrids and varieties) of maize. Regardless of the genetic base, ear mass can be used to select maize plants with greater grain mass indirectly.

Keywords: *Zea mays* L., single hybrid, triple hybrid, double hybrid, variety.

RESUMO

Compreender as relações lineares entre caracteres de milho possibilita identificar caracteres adequados para a seleção indireta, afim de maximizar o ganho genético. Os objetivos desse estudo foram verificar, por meio da correlação, análise de trilha e árvore de regressão, se há relações lineares entre caracteres de bases genéticas (híbridos simples, triplos e duplos e variedades) de milho e, se há caracteres que possam ser utilizados na seleção indireta para a massa de grãos. Foi conduzido um experimento com genótipos de milho de quatro bases genéticas (híbridos simples, híbridos triplos, híbridos duplos e variedades), em cinco datas de semeadura na safra 2021/2022. Em cinco plantas de cada genótipo e data de semeadura (n = 1.915 plantas), foram mensurados os seguintes caracteres: comprimento do pendão, diâmetro da espiga, comprimento da espiga, número de fileiras de grãos por espiga, massa da espiga, diâmetro do sabugo, massa do sabugo, comprimento do grão e massa de grãos da espiga. Foram realizadas análises de correlação, trilha e árvore de regressão. Entre os pares de caracteres, foi observada maior associação linear positiva entre as massas da espiga e de grãos. A análise de trilha confirmou a relação linear de causa e efeito entre as massas da espiga e de grãos. A árvore de



Journal of Environmental Analysis and Progress © 2016.
is licensed under CC BY-NC-SA 4.0

regressão evidenciou que a massa da espiga foi o principal nó de divisão da massa de grãos. Há relações lineares entre caracteres de bases genéticas (híbridos simples, triplos e duplos e variedades) de milho. Independentemente da base genética, a massa da espiga pode ser utilizada para selecionar, indiretamente, plantas de milho com maior massa de grãos.

Palavras-Chave: *Zea mays* L., híbrido simples, híbrido triplo, híbrido duplo, variedade.

Introdução

O melhoramento genético das culturas agrícolas proporcionou o desenvolvimento de cultivares de alta produtividade e qualidade de grãos. Em milho, bases genéticas foram desenvolvidas a fim de atender as demandas por genótipos adaptados, estáveis e de elevada produtividade de grãos. Para isso, híbridos simples, híbridos triplos, híbridos duplos e variedades de polinização aberta foram desenvolvidos e são alternativas para o cultivo de milho (Lima & Borém, 2018).

O objetivo principal dos programas de melhoramento genético de milho é maximizar a produtividade de grãos. Esse caractere apresenta herança genética complexa, governado por vários genes, com grande influência do ambiente (Ertiro et al., 2017; Lima, Leon & Kaeppler, 2022). Isso dificulta os ganhos genéticos por meio da seleção direta para a produtividade de grãos. Estimar a produtividade de grãos de milho é um processo destrutivo e demanda considerável esforço. Assim, são utilizadas estratégias de seleção indireta, por meio de caracteres de fácil mensuração que apresentam alta herdabilidade e estão correlacionadas com a produtividade de grãos (Parajuli, Ojha & Ferrara, 2018).

O coeficiente de correlação linear de Pearson tem sido utilizado para avaliar as relações lineares entre os caracteres de milho (Nardino et al., 2016; Alves & Cargnelutti Filho, 2017; Barbosa et al., 2019). Para uma melhor compreensão das relações lineares entre caracteres é importante desdobrar o coeficiente de correlação em efeitos diretos e indiretos sobre um caractere de interesse, por meio da análise de trilha (Cruz, Carneiro & Regazzi, 2014). Além disso, algoritmos de predição, como a árvore de regressão, são utilizados para identificar a magnitude de caracteres independentes, em que há maior expressão média de um caractere dependente (Loh, 2011).

Em pesquisas envolvendo relações lineares foi identificado que o diâmetro e a massa da espiga se correlacionam positivamente com a

massa de grãos da espiga (Nardino et al., 2016; Rosa et al., 2018; Pinheiro et al., 2021). Alves & Cargnelutti Filho (2017) e Carvalho et al. (2017) revelaram correlação positiva entre a massa da espiga e produtividade de grãos de milho. A ausência de correlação foi observada entre o comprimento e a massa de grãos da espiga (Pedro et al., 2023), bem como entre o comprimento do pendão e a produtividade de grãos (Silveira et al., 2023).

Foram observados efeitos diretos do diâmetro da espiga sobre a massa de grãos da espiga (Lopes et al., 2007) e efeito direto do diâmetro e do comprimento da espiga sobre a produtividade de grãos de milho (Barbosa et al., 2019).

As bases genéticas de milho apresentam respostas fenotípicas distintas devido à constituição genética (Emygdio, Ignaczak & Cargnelutti Filho, 2007; Troyjack et al., 2019). Logo, é importante investigar se essas variações fenotípicas interferem nas relações lineares entre os caracteres. Havendo interferência, a seleção e o desenvolvimento de genótipos superiores devem ser específicos por base genética. Assim, os objetivos desse estudo foram verificar, por meio da correlação, análise de trilha e árvore de regressão, se há relações lineares entre caracteres de bases genéticas (híbridos simples, triplos e duplos e variedades) de milho e, se há caracteres que possam ser utilizados na seleção indireta para a massa de grãos.

Material e Métodos

O experimento foi realizado na área do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Santa Maria, localizada a 29°42'S, 53°49'O e 95 m de altitude (Figura 1). De acordo com a classificação de Köppen (Alvares et al., 2013), o clima da região é classificado como *Cfa* subtropical úmido, com verões quentes e sem estação seca definida. O solo da região é classificado como Argissolo vermelho distrófico arênico (Santos et al., 2018).

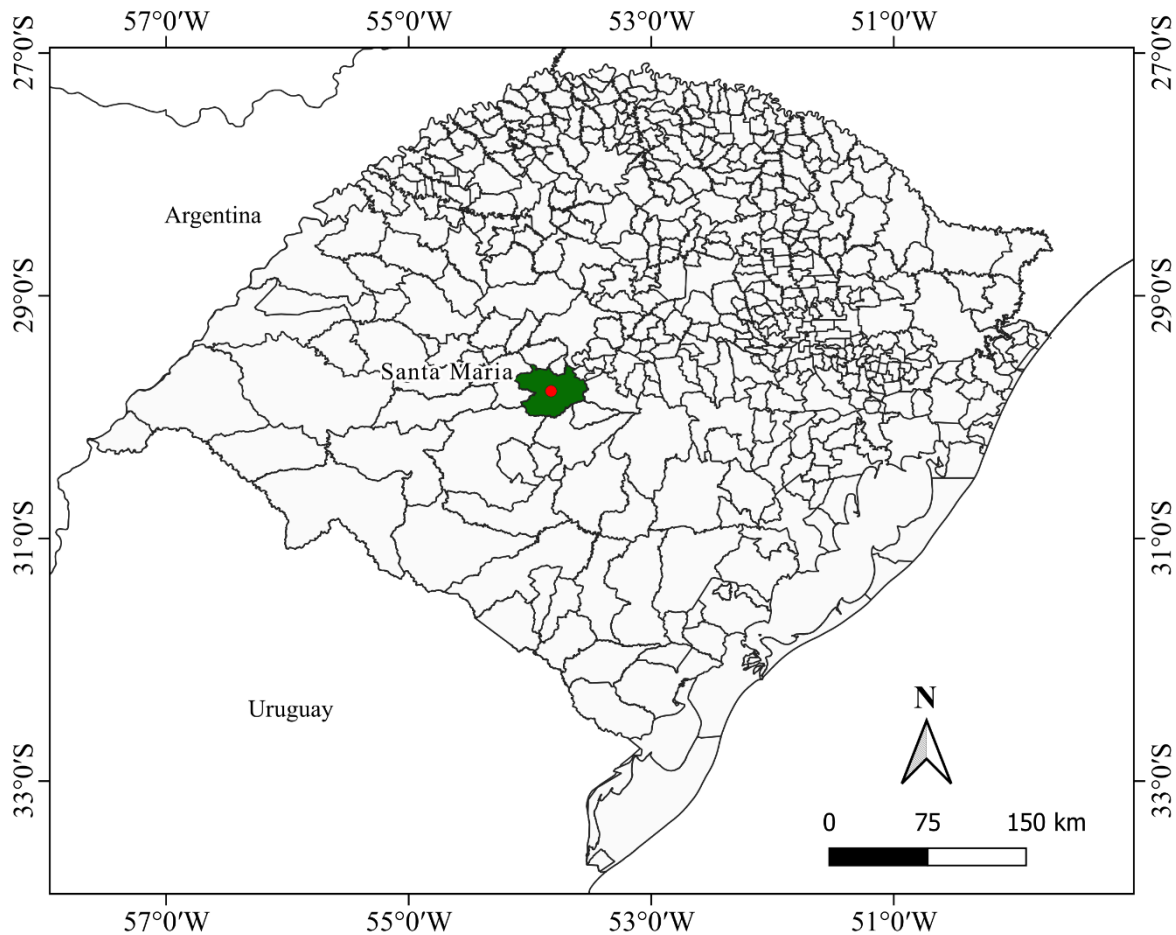


Figura 1. Representação geográfica do local de condução dos experimentos de milho em Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil. Fonte: Loro et al. (2024).

Foram avaliados genótipos de milho em cinco datas de semeadura: 21 de setembro de 2021, 20 de outubro de 2021, 20 de novembro de 2021, 20 de dezembro de 2021 e 30 de janeiro de 2022. Com exceção da semeadura de 21 de

setembro de 2021, que foi composta por 71 genótipos, nas demais datas foram semeados 78 genótipos de milho de diferentes bases genéticas (híbridos simples, híbridos triplos, híbridos duplos e variedades) (Tabela 1).

Tabela 1. Descrição dos genótipos de milho utilizados no experimento. Fonte: Loro et al. (2024).

Genótipo	Base Genética	Tecnologia*	Genótipo	Base Genética	Tecnologia*
36680	Simples	PRO3	NK467	Simples	VIP3
36770	Simples	PRO3	NK520	Simples	VIP3
36790	Simples	PRO3	NS45	Simples	VIP3
36799	Simples	VIP3	NS75	Simples	VIP3
AG8690	Simples	PRO3	NS80	Simples	VIP3
AG8780	Simples	PRO3	NTX454	Simples	VT PRO2
AG9021	Simples	PRO3	NTX468	Simples	Conv
AG9025	Simples	PRO3	P3016	Simples	VYHR
AS1555	Simples	PRO3	20A55	Triplo	PWU
AS1633	Simples	PRO3	20A78	Triplo	PW
AS1677	Simples	PRO3	30A95	Triplo	PW
AS1730	Simples	PRO3	B2688	Triplo	PWU
B2401	Simples	PWU	BM270	Triplo	PRO2
B2418	Simples	VYHR	BM3063	Triplo	PRO3
B2620	Simples	PWU	BM915	Triplo	Conv
B2801	Simples	VYHR	FS400	Triplo	PW
BM3066	Simples	PRO3	FS533	Triplo	PWU
BM3069	Simples	PRO3	MG699	Triplo	PWU

Código	Simple	PWU	NTX303	Triplo	VIP3
DKB177	Simple	PRO3	P3565	Triplo	PWU
DKB230	Simple	PRO3	SHS5560	Triplo	PRO2
DKB235	Simple	PRO3	SHS7939	Triplo	PRO2
DKB240	Simple	PRO3	Soberano	Triplo	Conv
DKB255	Simple	PRO3	AG1051	Duplo	Conv
DKB290	Simple	PRO3	Feroz	Duplo	VIP3
FS670	Simple	PWU	M274	Duplo	Conv
K0167	Simple	PRO2	PR27D28	Duplo	Conv
K3100	Simple	VIP3	PR27D29	Duplo	Conv
K8774	Simple	PRO3	PR27D30	Duplo	Conv
K9300	Simple	PRO3	SH5050	Duplo	Conv
K9606	Simple	VIP3	SH Super	Duplo	Conv
K9660	Simple	PRO2	AL Alvaré	Variedade	Conv
LG3040	Simple	VIP3	AL Bandeirante	Variedade	Conv
Maximus	Simple	VIP3	AL Piratininga	Variedade	Conv
MG300	Simple	PWU	BR 106	Variedade	Conv
MG580	Simple	PWU	BRS Planalto	Variedade	Conv
MG593	Simple	PWU	IPR164	Variedade	Conv
MG618	Simple	PWU	Lavrador	Variedade	Conv
MG652	Simple	PWU	Robusto	Variedade	Conv

* Conv: convencional; PRO2: tolerância a lepidópteros e ao herbicida glifosato; PRO3: tolerância a lepidópteros, *Diabrotica speciosa* e ao herbicida glifosato; PW: tolerância a lepidópteros e ao herbicida glifosato; PWU: tolerância a lepidópteros e aos herbicidas glifosato e glufosinato de amônio; VIP3: tolerância a lepidópteros e ao herbicida glifosato; VT PRO2: tolerância a lepidópteros e ao herbicida glifosato; VYHR: tolerância a lepidópteros e aos herbicidas glifosato e glufosinato de amônio.

Em cada data de semeadura foram semeados os genótipos de milho, em uma parcela de uma fileira, lado a lado. As parcelas foram constituídas por uma fileira de 5 m de comprimento espaçadas em 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas na fileira, totalizando 4 m². A densidade foi ajustada por meio de desbaste para 62.500 plantas ha⁻¹ (25 plantas por parcela).

Foram realizadas bordaduras com plantas de milho para evitar interferência nas plantas das laterais e extremidades das parcelas. Realizou-se o preparo e a adubação da área previamente com 415 kg ha⁻¹ de adubo químico da fórmula (NPK) 05-20-20. A adubação nitrogenada foi realizada de forma fracionada com ureia (N - 46%), sendo a primeira aplicação de 250 kg ha⁻¹ no estágio V4 e a segunda de 150 kg ha⁻¹ no estágio V6 da cultura. Os demais manejos culturais, como controle de plantas daninhas, pragas e doenças, foram realizados de acordo com as indicações técnicas para a cultura de milho, e de maneira uniforme em todos os genótipos (Fancelli & Dourado Neto, 2009).

Após o florescimento, foram marcadas cinco plantas, aleatoriamente, de cada genótipo, em cada data de semeadura, totalizando 1.915 plantas. Nessas plantas foi mensurado o comprimento do pendão (CP, cm) e colhidas as espigas para avaliação dos seguintes caracteres: diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da

espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), diâmetro do sabugo (DS, cm), massa do sabugo (MS, g), comprimento do grão (CG, cm) e massa de grãos da espiga (MG, g).

Foram construídos gráficos *Boxplot* para representar a distribuição dos dados dos caracteres dos híbridos simples, triplos e duplos e variedades, cultivados nas cinco datas de semeadura. Para cada base genética, em cada data de semeadura, foi calculada a matriz de correlação entre os nove caracteres, totalizando 20 matrizes (4 bases genéticas × 5 datas de semeadura). Em cada base genética, calculou-se a matriz de correlação, considerando conjuntamente todas as observações das cinco datas de semeadura. Após, em cada base genética de milho, foram calculados os coeficientes de correlação (r) entre as matrizes de correlação das cinco datas de semeadura (n = 36 pares de caracteres em cada matriz). Em todas as matrizes de correlação, a significância dos coeficientes foi verificada pelo teste t de *Student* a 5%.

Em cada uma das quatro matrizes de correlação, ou seja, uma para cada base genética (híbridos simples, híbridos triplos, híbridos duplos e variedades), formadas com todas as observações das cinco datas de semeadura, realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade, por meio do número de condição (NC), que representa a razão

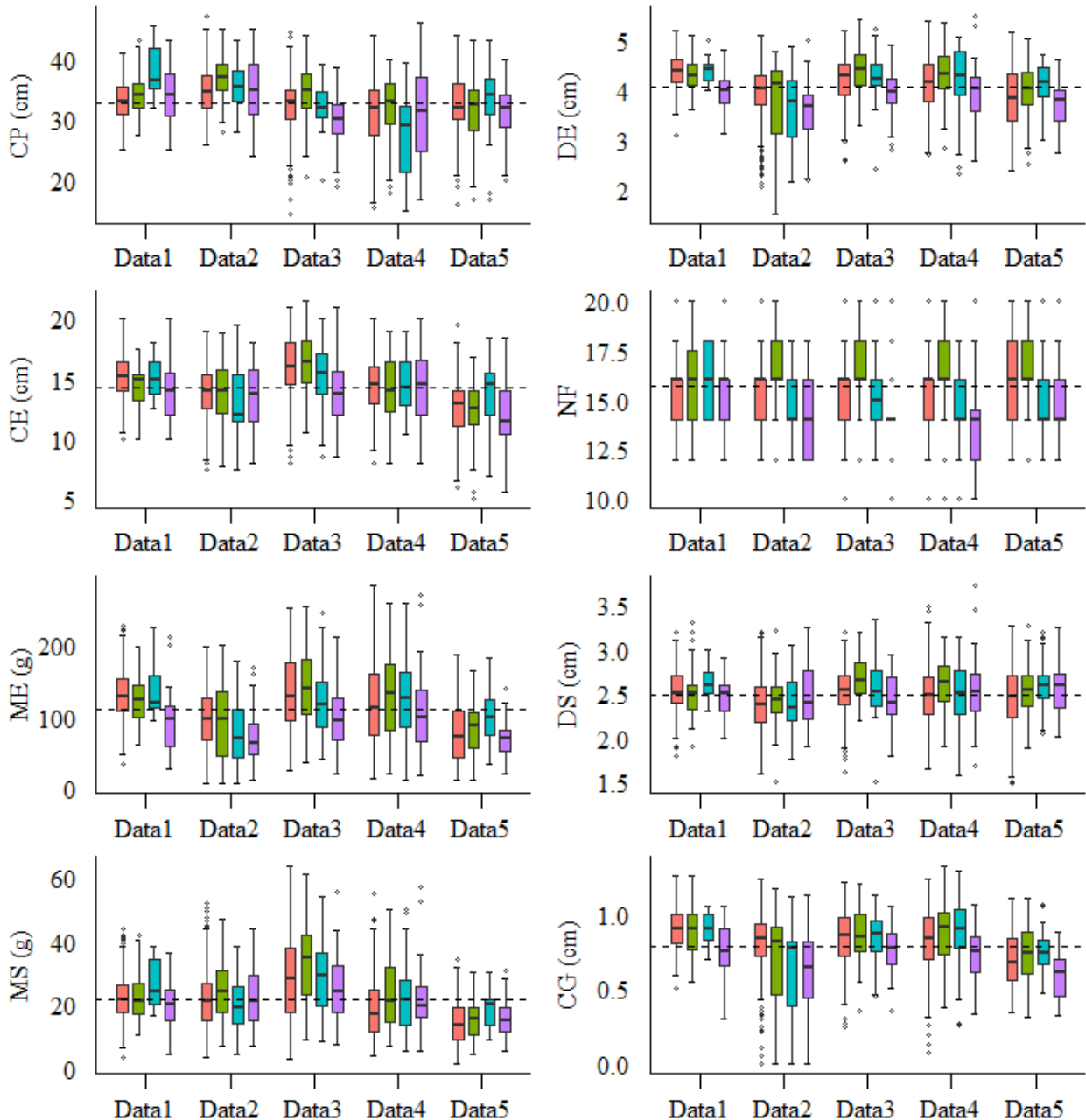
entre o maior e menor autovalor da matriz de correlação (Cruz, Carneiro & Regazzi, 2014). O caractere DS foi removido por causar multicolinearidade na matriz de correlação. Assim, a análise de trilha foi realizada considerando a MG como caractere dependente e os demais caracteres como independentes (CP, DE, CE, NF, ME, MS e CG).

Estimaram-se os parâmetros da árvore de regressão para a predição da MG em função dos demais caracteres (CP, DE, CE, NF, ME, DS, MS e CG). Todas as análises foram realizadas por meio do Microsoft Excel e software R (R Core Team, 2023). Utilizou-se o pacote *rpart* (Therneau & Atkinson, 2022) para estimar os parâmetros do algoritmo de regressão e o pacote

rpart.plot (Milborrow, 2022) para gerar a árvore de regressão.

Resultados e Discussão

As datas de semeadura influenciaram a magnitude da expressão dos caracteres em todas as bases genéticas de milho (Figura 2). Houve respostas distintas entre as bases genéticas em cada data de semeadura. Resultados similares foram observados por Troyjack et al. (2019), onde as bases genéticas responderam de forma distinta, de acordo com as variações do ambiente. Essa relação complexa entre as bases genéticas e as datas de semeadura reforça a importância de considerar a interação genótipo \times ambiente para otimizar os resultados do melhoramento genético do milho.



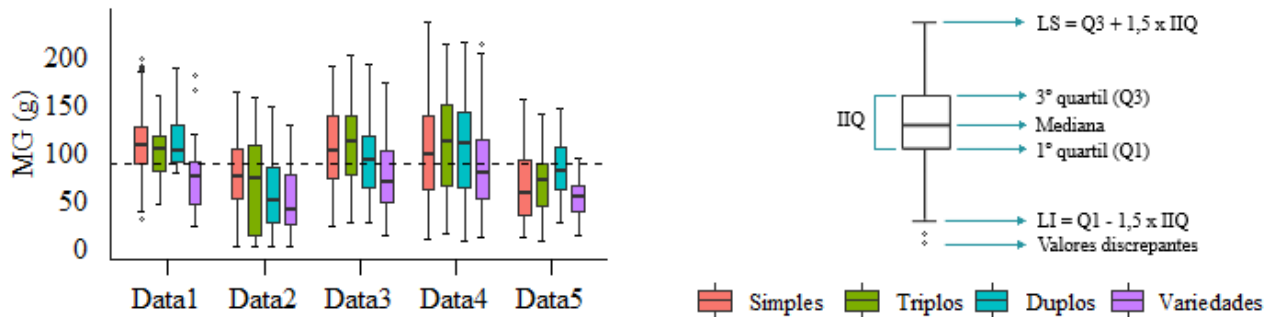


Figura 2. *Boxplot* representando a distribuição dos dados dos caracteres comprimento do pendão (CP, cm), diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), diâmetro do sabugo (DS, cm), massa do sabugo (MS, g), comprimento do grão (CG, cm) e massa de grãos da espiga (MG, g) de híbridos simples, híbridos duplos, híbridos triplos e variedades semeados em cinco datas de semeadura. Data1: 21/09/2021; Data2: 20/10/2021; Data3: 20/11/2021; Data4: 20/12/2021; e Data5: 30/01/2022. LS: limite superior; LI: limite inferior; e IIQ: intervalo interquartil. Linha pontilhada representa a média geral de cada caractere. Fonte: Loro et al. (2024).

Em todas as bases genéticas, os coeficientes de correlação linear de Pearson (r) entre as matrizes de correlação das cinco datas de semeadura ($n = 36$ pares de caracteres em cada matriz) (Tabelas 2, 3, 4 e 5), variaram de 0,449 a 0,972 (Tabela 6). Nos híbridos simples, triplos e duplos e nas variedades a média dos coeficientes de correlação foi de 0,853, 0,799, 0,769 e 0,736, respectivamente. Isso indica que, embora houve

influência das datas de semeadura na magnitude de expressão dos caracteres, as relações lineares entre os pares de caracteres foram similares entre as datas de semeadura, dentro de cada base genética. Por isso, em cada base genética, procedeu-se as análises de correlação, trilha e árvore de regressão considerando conjuntamente todas as observações das cinco datas de semeadura.

Tabela 2. Coeficientes de correlação linear de Pearson (r)⁽¹⁾ entre os caracteres comprimento do pendão (CP, cm), diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), diâmetro do sabugo (DS, cm), massa do sabugo (MS, g), comprimento do grão (CG, cm) e massa de grãos da espiga (MG, g) de híbridos simples de milho, em cada uma das cinco datas de semeadura e no geral (todas as datas de semeadura). Fonte: Loro et al. (2024).

Coeficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 21/09/2021 ($n = 230$) e abaixo da diagonal referem-se à semeadura em 20/10/2021 ($n = 235$).

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		0,105	0,272	-0,061	0,239	0,066	0,135	0,071	0,247
DE	-0,069		0,305	0,294	0,732	0,606	0,651	0,707	0,707
CE	0,206	0,355		-0,037	0,682	0,225	0,484	0,179	0,684
NF	0,075	0,310	0,022		0,058	0,210	0,070	0,180	0,050
ME	-0,027	0,846	0,586	0,229		0,404	0,782	0,552	0,989
DS	0,121	0,412	0,394	0,207	0,422		0,558	-0,135	0,345
MS	0,242	0,119	0,479	0,079	0,321	0,643		0,314	0,685
CG	-0,137	0,882	0,186	0,232	0,709	-0,065	-0,202		0,573
MG	-0,092	0,861	0,493	0,220	0,970	0,279	0,083	0,799	

Coeficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 20/11/2021 ($n = 235$) e abaixo da diagonal referem-se à semeadura em 20/12/2021 ($n = 235$).

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		0,164	0,277	0,071	0,273	0,071	0,206	0,157	0,279
DE	0,200		0,451	0,209	0,798	0,644	0,694	0,790	0,784
CE	0,288	0,550		-0,013	0,692	0,455	0,665	0,224	0,660
NF	0,105	0,401	0,122		0,071	0,210	0,019	0,105	0,082
ME	0,236	0,892	0,669	0,262		0,525	0,853	0,622	0,988
DS	0,135	0,700	0,429	0,317	0,617		0,621	0,041	0,468
MS	0,236	0,791	0,674	0,201	0,886	0,643		0,409	0,763
CG	0,170	0,835	0,426	0,308	0,751	0,192	0,592		0,650
MG	0,231	0,890	0,650	0,268	0,996	0,597	0,844	0,763	

Coefficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 30/01/2022 (n = 235) e abaixo da diagonal referem-se no geral (todas as datas de semeadura) (n = 1.170).

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		-0,016	0,106	-0,080	0,026	0,037	0,095	-0,064	0,011
DE	0,053		0,541	0,217	0,906	0,845	0,849	0,846	0,899
CE	0,182	0,509		0,057	0,658	0,598	0,729	0,318	0,632
NF	0,026	0,272	0,032		0,108	0,290	0,110	0,077	0,110
ME	0,123	0,845	0,714	0,142		0,768	0,902	0,764	0,997
DS	0,057	0,653	0,447	0,253	0,565		0,821	0,430	0,744
MS	0,185	0,575	0,669	0,080	0,754	0,598		0,615	0,867
CG	0,029	0,842	0,347	0,175	0,703	0,142	0,325		0,777
MG	0,099	0,850	0,673	0,147	0,988	0,518	0,643	0,743	

⁽¹⁾ $r \geq 0,13$ ou $r \leq -0,13$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 228 graus de liberdade. $r \geq 0,13$ ou $r \leq -0,13$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 233 graus de liberdade e $r \geq 0,06$ ou $r \leq -0,06$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 1.168 graus de liberdade.

Tabela 3. Coeficientes de correlação linear de Pearson (r) ⁽¹⁾ entre os caracteres comprimento do pendão (CP, cm), diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), diâmetro do sabugo (DS, cm), massa do sabugo (MS, g), comprimento do grão (CG, cm) e massa de grãos da espiga (MG, g) de híbridos triplos de milho, em cada uma das cinco datas de semeadura e no geral (todas as datas de semeadura). Fonte: Loro et al. (2024).

Coefficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 21/09/2021 (n = 70) e abaixo da diagonal referem-se à semeadura em 20/10/2021 (n = 75)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		-0,139	0,195	0,066	-0,025	0,093	0,111	-0,248	-0,071
DE	-0,186		0,217	0,371	0,764	0,564	0,627	0,640	0,757
CE	0,201	0,334		0,203	0,479	0,132	0,385	0,130	0,468
NF	0,044	0,330	0,096		0,335	0,405	0,352	0,056	0,305
ME	-0,117	0,872	0,423	0,344		0,523	0,846	0,403	0,987
DS	0,169	0,577	0,482	0,330	0,442		0,699	-0,273	0,438
MS	0,241	0,320	0,567	0,341	0,388	0,736		0,080	0,754
CG	-0,282	0,950	0,206	0,260	0,852	0,292	0,092		0,475
MG	-0,174	0,860	0,333	0,298	0,983	0,320	0,213	0,884	

Coefficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 20/11/2021 (n = 75) e abaixo da diagonal referem-se à semeadura em 20/12/2021 (n = 75)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		-0,123	0,146	0,274	-0,012	0,149	0,129	-0,260	-0,052
DE	0,311		0,480	-0,032	0,802	0,615	0,701	0,834	0,797
CE	0,366	0,519		-0,106	0,808	0,351	0,805	0,361	0,773
NF	0,243	0,251	0,030		-0,162	0,313	-0,066	-0,259	-0,184
ME	0,351	0,884	0,704	0,125		0,484	0,884	0,675	0,990
DS	0,260	0,575	0,335	0,322	0,442		0,568	0,078	0,439
MS	0,372	0,792	0,712	0,134	0,856	0,597		0,489	0,812
CG	0,207	0,839	0,411	0,093	0,786	0,038	0,571		0,700
MG	0,332	0,870	0,677	0,119	0,994	0,392	0,796	0,803	

Coefficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 30/01/2022 (n = 75) e abaixo da diagonal referem-se no geral (todas as datas de semeadura) (n = 370)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		-0,014	0,121	-0,199	-0,090	0,097	-0,001	-0,087	-0,111
DE	-0,069		0,507	0,174	0,852	0,640	0,653	0,842	0,852
CE	0,251	0,444		-0,026	0,669	0,637	0,802	0,207	0,610
NF	0,096	0,183	0,050		0,171	0,180	-0,021	0,099	0,192
ME	0,065	0,813	0,689	0,134		0,655	0,787	0,641	0,993
DS	0,089	0,595	0,423	0,295	0,512		0,801	0,125	0,597
MS	0,264	0,496	0,746	0,157	0,751	0,594		0,280	0,715
CG	-0,133	0,896	0,309	0,061	0,713	0,176	0,279		0,681
MG	0,010	0,829	0,622	0,118	0,987	0,452	0,635	0,766	

⁽¹⁾ $r \geq 0,24$ ou $r \leq -0,24$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 68 graus de liberdade. $r \geq 0,23$ ou $r \leq -0,23$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 73 graus de liberdade e $r \geq 0,11$ ou $r \leq -0,11$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 368 graus de liberdade.

Tabela 4. Coeficientes de correlação linear de Pearson (r) ⁽¹⁾ entre os caracteres comprimento do pendão (CP, cm), diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), diâmetro do sabugo (DS, cm), massa do sabugo (MS, g), comprimento do grão (CG, cm) e massa de grãos da espiga (MG, g) de híbridos duplos de milho, em cada uma das cinco datas de semeadura e no geral (todas as datas de semeadura). Fonte: Loro et al. (2024).

Coeficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 21/09/2021 (n = 15) e abaixo da diagonal referem-se à semeadura em 20/10/2021 (n = 40)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		-0,073	0,289	0,149	-0,074	0,006	-0,037	-0,097	-0,083
DE	-0,208		0,347	-0,378	0,797	0,625	0,745	0,631	0,770
CE	-0,086	0,003		-0,511	0,745	0,316	0,655	0,120	0,741
NF	0,162	0,504	0,207		-0,503	0,077	-0,458	-0,550	-0,503
ME	-0,140	0,879	0,289	0,581		0,464	0,858	0,535	0,992
DS	0,110	0,591	0,384	0,522	0,613		0,593	-0,212	0,406
MS	0,069	0,377	0,586	0,433	0,597	0,682		0,343	0,788
CG	-0,303	0,923	-0,180	0,359	0,766	0,236	0,130		0,560
MG	-0,165	0,897	0,196	0,558	0,985	0,531	0,451	0,827	

Coeficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 20/11/2021 (n = 40) e abaixo da diagonal referem-se à semeadura em 20/12/2021 (n = 40)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		-0,008	0,167	0,192	0,132	0,084	0,287	-0,099	0,079
DE	0,345		0,269	0,255	0,768	0,804	0,522	0,791	0,791
CE	0,012	0,457		0,232	0,692	0,394	0,711	0,030	0,650
NF	0,337	0,657	0,415		0,131	0,472	-0,004	-0,072	0,152
ME	0,325	0,846	0,644	0,578		0,686	0,834	0,537	0,990
DS	0,258	0,771	0,434	0,596	0,714		0,543	0,271	0,684
MS	0,275	0,713	0,635	0,558	0,887	0,782		0,286	0,750
CG	0,310	0,880	0,341	0,512	0,698	0,376	0,455		0,575
MG	0,327	0,854	0,626	0,564	0,994	0,678	0,832	0,736	

Coeficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 30/01/2022 (n = 40) e abaixo da diagonal referem-se no geral (todas as datas de semeadura) (n = 175).

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		0,008	-0,249	0,033	-0,133	0,122	-0,064	-0,109	-0,143
DE	-0,019		0,505	0,234	0,838	0,786	0,731	0,788	0,829
CE	-0,082	0,347		0,025	0,784	0,440	0,802	0,355	0,753
NF	0,232	0,372	0,196		0,050	0,370	0,077	-0,001	0,045
ME	-0,025	0,834	0,629	0,271		0,643	0,836	0,676	0,994
DS	0,135	0,704	0,417	0,465	0,637		0,741	0,239	0,612
MS	0,120	0,548	0,669	0,243	0,775	0,627		0,410	0,776
CG	-0,114	0,885	0,193	0,196	0,705	0,292	0,327		0,693
MG	-0,053	0,849	0,581	0,260	0,990	0,602	0,678	0,748	

⁽¹⁾ $r \geq 0,52$ ou $r \leq -0,52$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 13 graus de liberdade. $r \geq 0,32$ ou $r \leq -0,32$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 38 graus de liberdade e $r \geq 0,15$ ou $r \leq -0,15$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 173 graus de liberdade.

Tabela 5. Coeficientes de correlação linear de Pearson (r) ⁽¹⁾ entre os caracteres comprimento do pendão (CP, cm), diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), diâmetro do sabugo (DS, cm), massa do sabugo (MS, g), comprimento do grão (CG, cm) e massa de grãos da espiga (MG, g) de variedades de milho, em cada uma das cinco datas de semeadura e no geral (todas as datas de semeadura). Fonte: Loro et al. (2024).

Coeficientes de correlação acima da diagonal referem-se à semeadura em 21/09/2021 (n = 40) e abaixo da diagonal referem-se à semeadura em 20/10/2021 (n = 40)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
--	----	----	----	----	----	----	----	----	----

CP		0,331	0,509	0,058	0,435	0,164	0,520	0,277	0,403
DE	-0,233		0,674	-0,005	0,835	0,467	0,752	0,854	0,820
CE	0,177	0,158		-0,212	0,862	0,461	0,804	0,489	0,843
NF	-0,264	0,404	-0,031		-0,221	0,108	-0,177	-0,070	-0,218
ME	0,022	0,837	0,354	0,240		0,466	0,854	0,668	0,993
DS	-0,312	0,346	0,019	0,542	0,021		0,510	-0,062	0,445
MS	0,358	0,314	0,309	0,154	0,474	0,265		0,549	0,791
CG	-0,058	0,834	0,152	0,101	0,856	-0,228	0,170		0,664
MG	-0,062	0,837	0,311	0,222	0,977	-0,042	0,278	0,893	

Coefficientes de correlação acima da diagonal referem-se à sementeira em 20/11/2021 (n = 40) e abaixo da diagonal referem-se à sementeira em 20/12/2021 (n = 40)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		0,034	0,098	-0,359	0,075	0,052	0,296	-0,002	-0,013
DE	0,288		0,297	0,279	0,788	0,767	0,681	0,743	0,742
CE	0,107	0,470		-0,294	0,692	0,285	0,581	0,161	0,663
NF	-0,128	0,486	0,364		-0,041	0,120	-0,102	0,304	-0,019
ME	0,327	0,866	0,608	0,421		0,517	0,777	0,676	0,976
DS	0,129	0,807	0,406	0,652	0,664		0,577	0,140	0,442
MS	0,186	0,796	0,575	0,602	0,849	0,865		0,449	0,622
CG	0,330	0,733	0,313	0,057	0,675	0,190	0,328		0,683
MG	0,342	0,846	0,592	0,363	0,993	0,593	0,783	0,724	

Coefficientes de correlação acima da diagonal referem-se à sementeira em 30/01/2022 (n = 40) e abaixo da diagonal referem-se no geral (todas as datas de sementeira) (n = 200)

	CP	DE	CE	NF	ME	DS	MS	CG	MG
CP		0,316	0,491	0,214	0,357	0,296	0,384	0,161	0,323
DE	0,064		0,504	0,153	0,787	0,728	0,711	0,717	0,775
CE	0,222	0,412		-0,003	0,720	0,402	0,682	0,326	0,678
NF	-0,040	0,258	-0,038		0,077	0,420	0,197	-0,203	0,033
ME	0,173	0,822	0,644	0,079		0,558	0,816	0,581	0,989
DS	0,039	0,567	0,263	0,389	0,395		0,786	0,045	0,482
MS	0,251	0,578	0,575	0,091	0,726	0,517		0,238	0,727
CG	0,049	0,793	0,305	0,025	0,704	-0,052	0,318		0,640
MG	0,137	0,814	0,608	0,066	0,985	0,334	0,599	0,740	

⁽¹⁾ $r \geq 0,32$ ou $r \leq -0,32$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 38 graus de liberdade e $r \geq 0,14$ ou $r \leq -0,14$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 198 graus de liberdade.

Tabela 6. Coeficientes de correlação linear de Pearson (r) ⁽¹⁾ entre as matrizes de correlação das cinco datas de sementeira (n = 36 pares de caracteres em cada matriz), em cada base genética de milho. Fonte: Loro et al. (2024).

Datas de sementeira	Híbridos simples	Híbridos triplos	Híbridos duplos	Varietades
21/09/2021 vs 20/10/2021	0,736	0,758	0,449	0,559
21/09/2021 vs 20/11/2021	0,972	0,776	0,857	0,825
21/09/2021 vs 20/12/2021	0,951	0,764	0,608	0,594
21/09/2021 vs 30/01/2022	0,863	0,835	0,859	0,894
20/10/2021 vs 20/11/2021	0,728	0,701	0,742	0,730
20/10/2021 vs 20/12/2021	0,741	0,663	0,866	0,726
20/10/2021 vs 30/01/2022	0,697	0,819	0,714	0,626
20/11/2021 vs 20/12/2021	0,966	0,932	0,821	0,791
20/11/2021 vs 30/01/2022	0,918	0,893	0,911	0,829
20/12/2021 vs 30/01/2022	0,954	0,852	0,861	0,791
Média	0,853	0,799	0,769	0,736

⁽¹⁾ $r \geq 0,33$ ou $r \leq -0,33$ é significativo a 5% pelo teste t de *Student* com 34 graus de liberdade.

Nas quatro matrizes de correlação com todas as observações das cinco datas de sementeira (uma matriz para cada base genética), os coeficientes entre os pares dos caracteres

variaram de -0,133 (CG vs CP) a 0,990 (MG vs ME) (Tabelas 2, 3, 4 e 5). Nas quatro bases genéticas a MG correlacionou-se positivamente com DE, CE, ME, DS, MS e CG. A ME

apresentou correlação positiva com a MG, com coeficiente de correlação de alta magnitude ($r \geq 0,985$). Isso permite realizar a seleção indireta de plantas com maior MG por meio da ME. O DE também exibiu altas magnitudes de correlação com a MG, variando de 0,814 a 0,850. Esses resultados são consistentes com os resultados relatados por Lopes et al. (2007), Nardino et al. (2016) e Rosa et al. (2018), que observaram coeficiente de correlação $\geq 0,92$ entre a massa da espiga e a massa de grãos da espiga. Pedro et al. (2023) relataram ausência de correlação entre CE e MG. Alves & Cargnelutti (2017) e Barbosa et al. (2019) relataram coeficiente de correlação de 0,99 entre a massa da espiga e a produtividade de grãos de milho. Nas quatro bases genéticas, a correlação média entre o comprimento do pendão (CP) e a massa de grãos (MG) foi de 0,08, indicando uma correlação de baixa magnitude. Silveira et al. (2023) observaram um coeficiente de correlação similar ($r = -0,006$) entre o comprimento do pendão e a produtividade de grãos de milho

Nas quatro bases genéticas, no mínimo 87,50% dos caracteres explicativos

correlacionaram-se positivamente com a MG. Carvalho et al. (2017) verificaram que a MG se correlacionou com 11 dos 12 caracteres explicativos. Isso evidencia a complexidade das interações presentes nos caracteres avaliados. Essas relações dificultam a seleção indireta, uma vez que torna mais desafiadora a identificação dos caracteres de maior importância. Dessa forma, realizou-se a decomposição dos coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos, permitindo avaliar a importância de cada caractere explicativo no caractere dependente (Cruz, Carneiro & Regazzi, 2014).

Após a análise de multicolinearidade na matriz de correlação de cada base genética, foi removido o caractere DS, devido à alta colinearidade. Com a remoção do DS, o número de condição variou de 30,742 a 53,811, indicando baixa colinearidade nas matrizes de correlação das bases genéticas. Em todas as bases genéticas, observou-se elevado coeficiente de determinação ($R^2 = 0,999$), indicando alta explicação da MG pelos caracteres independentes (Tabela 7).

Tabela 7. Estimativas dos coeficientes de correlação linear de Pearson e dos efeitos diretos e indiretos da análise de trilha dos caracteres comprimento do pendão (CP, cm), diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), massa do sabugo (MS, g) e comprimento do grão (CG, cm) sobre a massa de grãos da espiga (MG, g) em híbridos simples, triplos e duplos e variedades de milho, com os dados de cinco datas de semeadura. Fonte: Loro et al. (2024).

Efeito	Simple	Triplos	Duplos	Variedades
Direto de CP sobre MG	0,000	-0,003	0,003	-0,002
Indireto via DE	0,000	0,001	0,000	0,000
Indireto via CE	0,000	-0,002	0,000	0,000
Indireto via NF	0,000	0,000	-0,001	0,000
Indireto via ME	0,143	0,076	-0,029	0,201
Indireto via MS	-0,043	-0,062	-0,026	-0,062
Indireto via CG	0,000	-0,001	0,000	0,000
Correlação de Pearson	0,099	0,010	-0,053	0,137
Direto de DE sobre MG	0,004	-0,010	0,006	0,004
Indireto via CP	0,000	0,000	0,000	0,000
Indireto via CE	-0,001	-0,003	0,001	-0,001
Indireto via NF	0,000	0,000	-0,001	-0,001
Indireto via ME	0,982	0,953	0,962	0,958
Indireto via MS	-0,135	-0,117	-0,121	-0,143
Indireto via CG	0,000	0,006	0,002	-0,004
Correlação de Pearson	0,850	0,829	0,849	0,814
Direto de CE sobre MG	-0,002	-0,006	0,002	-0,001
Indireto via CP	0,000	-0,001	0,000	0,000
Indireto via DE	0,002	-0,004	0,002	0,002
Indireto via NF	0,000	0,000	-0,001	0,000
Indireto via ME	0,830	0,807	0,725	0,751
Indireto via MS	-0,156	-0,176	-0,147	-0,142
Indireto via CG	0,000	0,002	0,000	-0,002
Correlação de Pearson	0,673	0,622	0,581	0,608
Direto de NF sobre MG	0,000	0,000	-0,003	-0,004

Indireto via CP	0,000	0,000	0,001	0,000
Indireto via DE	0,001	-0,002	0,002	0,001
Indireto via CE	0,000	0,000	0,000	0,000
Indireto via ME	0,165	0,157	0,313	0,092
Indireto via MS	-0,019	-0,037	-0,053	-0,023
Indireto via CG	0,000	0,000	0,000	0,000
Correlação de Pearson	0,147	0,118	0,260	0,066
Direto de ME sobre MG	1,162	1,172	1,153	1,167
Indireto via CP	0,000	0,000	0,000	0,000
Indireto via DE	0,003	-0,008	0,005	0,003
Indireto via CE	-0,001	-0,004	0,001	-0,001
Indireto via NF	0,000	0,000	-0,001	0,000
Indireto via MS	-0,176	-0,177	-0,170	-0,179
Indireto via CG	0,000	0,005	0,002	-0,004
Correlação de Pearson	0,988	0,987	0,990	0,985
Direto de MS sobre MG	-0,234	-0,236	-0,220	-0,247
Indireto via CP	0,000	-0,001	0,000	0,000
Indireto via DE	0,002	-0,005	0,003	0,002
Indireto via CE	-0,001	-0,004	0,001	-0,001
Indireto via NF	0,000	0,000	-0,001	0,000
Indireto via ME	0,876	0,880	0,894	0,847
Indireto via CG	0,000	0,002	0,001	-0,002
Correlação de Pearson	0,643	0,635	0,678	0,599
Direto de CG sobre MG	-0,001	0,007	0,002	-0,005
Indireto via CP	0,000	0,000	0,000	0,000
Indireto via DE	0,003	-0,009	0,005	0,003
Indireto via CE	-0,001	-0,002	0,000	0,000
Indireto via NF	0,000	0,000	-0,001	0,000
Indireto via ME	0,817	0,835	0,813	0,821
Indireto via MS	-0,076	-0,066	-0,072	-0,079
Correlação de Pearson	0,743	0,766	0,748	0,740
Coefficiente de determinação	0,999	0,999	0,999	0,999
Efeito da variável residual	0,001	0,001	0,001	0,001
Número de condição	38,825	53,649	53,811	30,742

A análise de trilha revelou maior efeito direto da ME sobre a MG em todas as bases genéticas, variando de 1,153 a 1,172. Além disso, as correlações de DE, CE, MS e CG com MG são explicadas pelos efeitos indiretos de ME (Tabela 7). Isso indica que a ME pode ser utilizada para selecionar indiretamente plantas de milho com maior MG. Essa estratégia de seleção pode ser utilizada independentemente da base genética a ser desenvolvida (híbridos simples, triplos e duplos e variedades), uma vez que as relações lineares entre os pares de caracteres foram similares. A vantagem da utilização da ME como critério de seleção é que não é necessário debulhar os grãos das espigas, o que facilita o processo de identificação de plantas com maior MG.

Embora o DE apresentou correlação positiva de alta magnitude com a MG, exibiu baixo efeito direto sobre a MG, em razão do maior efeito indireto via ME. Isso indica que a ME apresenta maior importância para a determinação da MG. Estudos realizados por Lopes et al. (2007)

e Barbosa et al. (2019), revelaram maior efeito direto do DE sobre a MG. No entanto, nesses estudos a ME foi removida na análise de trilha, justificando o maior efeito direto do DE. Isso indica a importância de considerar a ME no estudo de relações lineares entre caracteres de milho.

Foi possível identificar valores dos caracteres independentes que corresponderam à maior média da MG dos genótipos de milho (Figura 3). A ME foi o principal nó de divisão da árvore de regressão. Isso indica que a ME foi o caractere de maior influência na MG dos genótipos de milho. A maior média da MG (183 g) correspondeu a espigas com massa superior a 202 gramas (4,9% das observações). As espigas com massa superior a 163 gramas, mas inferior a 202 gramas apresentaram MG de 146 gramas (10,8% das observações). Esses resultados confirmam que a ME é o principal caractere preditor da MG. Logo, em programas de melhoramento genético, é possível selecionar os

genótipos com maior MG, simplesmente, realizando a pesagem da ME.

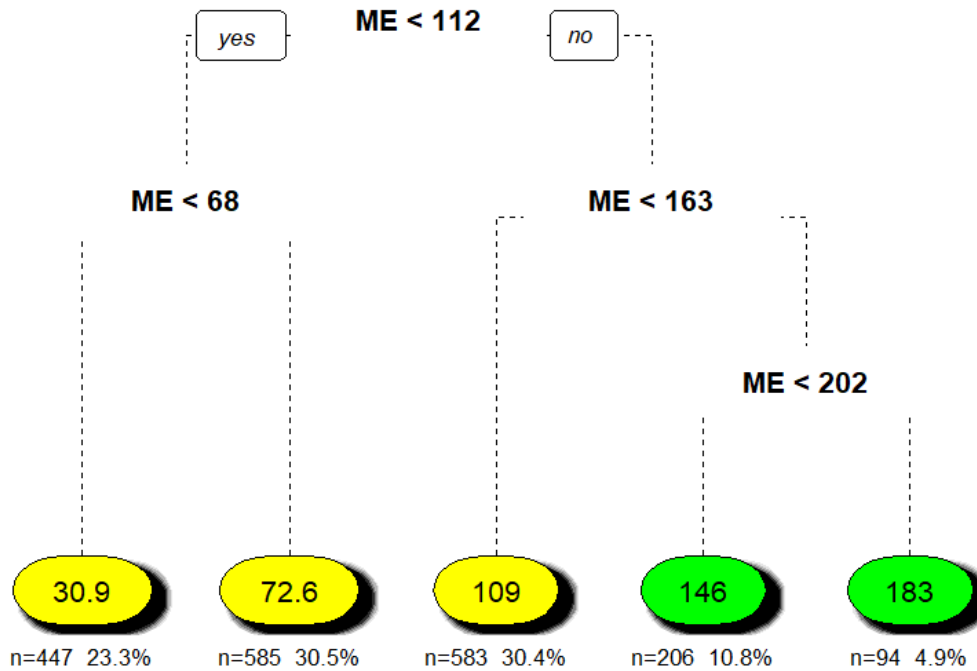


Figura 3. Representação gráfica da árvore de regressão para predição da massa de grãos da espiga (MG, g), por meio do comprimento do pendão (CP, cm), diâmetro da espiga (DE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos por espiga (NF), massa da espiga (ME, g), diâmetro do sabugo (DS, cm), massa do sabugo (MS, g), comprimento do grão (CG, cm) e massa de grãos da espiga (MG, g) em híbridos simples, triplos e duplos e variedades de milho, em cinco datas de semeadura (n = 1.915 observações). Fonte: Loro et al. (2024).

O modelo de árvore de regressão apresenta grande capacidade de generalização, uma vez que foi desenvolvido com 78 genótipos de milho de quatro bases genéticas cultivados em cinco datas de semeadura (n = 1.915 observações). Isso promove maior precisão e eficiência de seleção de genótipos superiores com base em caracteres de fácil mensuração, sem necessidade de debulhar as espigas.

Os resultados indicam que a ME possui forte correlação positiva com a MG em todas as bases genéticas de milho. Por meio dos efeitos diretos da análise de trilha e das faixas de valores dos caracteres na árvore de regressão, fica evidente que a ME é um preditor confiável para selecionar, indiretamente, plantas com maior MG, corroborando os resultados de Nardino et al. (2016), Rosa et al. (2018) e Pinheiro et al. (2021), para a cultura do milho.

A relação positiva entre ME e MG têm implicações significativas, pois permitem uma seleção eficiente de genótipos superiores de alta MG. Em programas de melhoramento genético, o melhorista pode selecionar genótipos de milho com maior MG por meio da pesagem da espiga. Essa abordagem economiza tempo e recursos, agilizando o processo de desenvolvimento e seleção de genótipos superiores.

Conclusão

Há relações lineares entre caracteres de bases genéticas (híbridos simples, triplos e duplos e variedades) de milho. Independentemente da base genética, a massa da espiga pode ser utilizada para selecionar, indiretamente, plantas de milho com maior massa de grãos.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processos 304652/2017-2 e 304878/2022-7), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) (Murilo Vieira Loro e Vithória Morena Ortiz) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS) (Bruno Raul Schuller) pela concessão de bolsa aos autores.

Referências

- Alvares, C. A.; Stape, J. L.; Sentelhas, P. C.; Gonçalves, J. L. M.; Sparover, G. 2013. Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22, 711-728. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>
- Alves, B. M.; Cargnelutti Filho, A. 2017. Genotypic correlation and path analysis in early and super-early maize genotypes.

- Genetics and Molecular Research, 16, 1-12.
<https://doi.org/10.4238/gmr16029671>
- Barbosa, M. H.; Carvalho, I. R.; Szareski, V. J.; Conte, G. G.; Pelegrin, A. J.; Ferrari, M.; Rosa, T. C.; Mambrim, R. B.; Nardino, M.; Oliveira, A. C.; Maia, L. C.; Souza, V. Q. 2019. Path analysis and canonical variables of intervarietal maize hybrids. *Plant Omics*, 12, 1-8.
<http://dx.doi.org/10.21475/poj.12.01.19.pt848>
- Carvalho, I. R.; Nardino, M.; Demari, G. H.; Pelegrin, A. J.; Ferrari, M.; Szareski, V. J.; Oliveira, V. F.; Barbosa, M. H.; Souza, V. Q.; Oliveira, A. C.; Maia, L. C. 2017. Components of variance and inter-relation of important traits for maize (*Zea mays*) breeding. *Australian Journal of Crop Science*, 11, 982-988.
<http://dx.doi.org/10.21475/ajcs.17.11.08.pne474>
- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S.; Regazzi, A. J. 2014. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 ed. Viçosa: UFV. 668p.
- Emygdio, B. M.; Ignaczak, J. C.; Cargnelutti Filho, A. 2007. Potencial de rendimento de grãos de híbridos comerciais simples, triplos e duplos de milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 6, 95-103.
<https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v6n01p%25p>
- Ertiro, B. T.; Beyene, Y.; Das, B.; Mugo, S.; Olsen, M.; Oikeh, S.; Juma, C.; Labuschagne, M.; Prasanna, B. M. 2017. Combining ability and testcross performance of drought-tolerant maize inbred lines under stress and non-stress environments in Kenya. *Plant Breeding*, 136, 197-205.
<https://doi.org/10.1111/pbr.12464>
- Fancelli, A. L.; Dourado Neto, D. 2009. Milho: manejo e produtividade. Piracicaba: ESALQ/USP, 181p.
- Lima, D. C.; Leon, N.; Kaepler, S. M. 2022. Utility of anthesis-silking interval information to predict grain yield under water and nitrogen limited conditions. *Crop Science*, 63, 151-163.
<https://doi.org/10.1002/csc2.20854>
- Lima, R. O.; Borém, A. 2018. Melhoramento de milho. Editora: UFV, 396p.
- Loh, W. Y. 2011. Classification and regression trees. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Data Mining and Knowledge Discovery*, 1, 14-23.
<https://doi.org/10.1002/widm.8>
- Lopes, S. J.; Lúcio, A. D. C.; Storck, L.; Damo, H. P.; Brum, B.; Santos, V. J. D. 2007. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. *Ciência Rural*, 37, 1536-1542.
<https://doi.org/10.1590/S0103-84782007000600005>
- Milborrow, S. 2022. *rpart.plot: Plot 'rpart' Models: an Enhanced Version of 'plot.rpart'*. R package version 3.1.1. Available at: <https://CRAN.R-project.org/package=rpart.plot>
- Nardino, M.; Baretta, D.; Carvalho, I. R.; Follmann, D. N.; Konflanz, V. A.; Souza, V. Q.; Oliveira, A. C.; Maia, L. C. 2016. Correlações fenotípica, genética e de ambiente entre caracteres de milho híbrido da Região Sul do Brasil. *Revista Brasileira de Biometria*, 34, 379-394.
- Parajuli, S.; Ojha, B. R.; Ferrara, G. O. 2018. Quantification of secondary traits for drought and low nitrogen stress tolerance in inbreds and hybrids of maize (*Zea mays* L.). *Journal of Plant Breeding and Genetics*, 2, 106-118.
- Pedro, C.; Marçola, M. A.; Charimba, A. M.; Queiroz, L. G. C. D.; Souza, J. C. 2023. Genetic potential of maize full-sib progenies subjected to a reciprocal recurrent selection. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 58, e03134.
<https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.03134>
- Pinheiro, L. S.; Vieira, R. C.; Barata, H. S.; Mota, R. S.; Sousa, R. F.; Vieira, M. M.; Nascimento, M. R.; Silva, V. F. A.; Oliveira, J. T.; Silva, P. A. 2021. Analysis of the path of the corn cob mass and its physical attributes. *Research, Society and Development*, 10, e41510111912.
<https://doi.org/10.33448/rsd-v10i1.11912>
- R Core Team. 2023. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org>
- Rosa, T. C. D.; Carvalho, I. R.; Szareski, V. J.; Pelegrin, A. J.; Barbosa, M. H.; Santos, N. L.; Martins, T. S.; Uliana, A. S.; Souza, V. Q. 2018. Agronomic performance and multivariate analysis applied to three-waycross maize hybrids. *Journal of Agricultural Science*, 10, 319-328.
<https://doi.org/10.5539/jas.v10n5p319>
- Santos, H. G.; Jacomine, P. K. T.; Anjos, L. H. C.; Oliveira, V. A.; Lumberras, J. F.; Coelho, M. R.; Almeida, J. A.; Araújo Filho, J. C.; Oliveira, J. B.; Cunha, T. J. F. 2018. Sistema brasileiro de classificação de solos. 5. ed. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 590p.

Silveira, D. L.; Cargnelutti Filho, A.; Neu, I. M.; Bubans, V. E.; Osmari, B. F.; Osmari, L. F. 2023. Canonical correlations in phenological, morphological, production and tassel traits of maize. *Revista Caatinga*, 36, 561-571. <https://doi.org/10.1590/1983-21252023v36n309rc>

Therneau, T.; Atkinson, B. 2022. `rpart`: Recursive Partitioning and Regression Trees. R package version 4.1.19. Available

at: <https://CRAN.R-project.org/package=rpart>

Troyjack, C.; Pimentel, J. R.; Carvalho, I. R.; Szarecki, V. J.; Junior, G. T.; Dubal, Í. T. P.; Demari, G. H.; Lautenchleger, F.; Martins, A. B. N.; Villela, F. A.; Aumonde, T. Z.; Pedó, T. 2019. Research article productive performance and multivariate interrelations of open-pollinated and hybrid maize in Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 18, 1-9. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18180>