

MARINA FREITAS E SILVA

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE MILHO DOCE POR FENOTIPAGEM
CONVENCIONAL E DE ALTO DESEMPENHO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2020

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

S586e
2020

Silva, Marina Freitas e, 1993-
Estratégias de seleção de milho doce por fenotipagem convencional
e de alto desempenho [recurso eletrônico] / Marina Freitas e Silva. -
2020.

Orientador: Gabriel Mascarenhas Maciel.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia.
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2020.3913>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.

1. Agronomia. I. Maciel, Gabriel Mascarenhas, 1982-, (Orient.). II.
Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em
Agronomia. III. Título.

CDU:631

Glória Aparecida – CRB-6/2047



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia			
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 014/2020, PPGAGRO			
Data:	Vinte e sete de fevereiro de dois mil e vinte	Hora de início:	14:00	Hora de encerramento: 17:20
Matrícula do Discente:	11812AGR017			
Nome do Discente:	Marina Freitas e Silva			
Título do Trabalho:	Estratégias de seleção de milho doce por fenotipagem convencional e de alto desempenho			
Área de concentração:	Fitotecnia			
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas			

Reuniu-se na sala 104, bloco 1A, Campus Monte Carmelo, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Rodrigo Bezerra de Araújo Gallis - UFU; Ramon Macedo Rangel - Syngenta; Daniel Lucas Magalhães Machado - Syngenta; Gabriel Mascarenhas Maciel - UFU orientador(a) do(a) candidato(a).

Iniciando os trabalhos o(a) presidente da mesa, Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença do público, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

A seguir o senhor(a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(as) examinadores(as), que passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

Aprovada.

Esta defesa faz parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.

Documento assinado eletronicamente por **Gabriel Mascarenhas Maciel, Professor(a) do Magistério Superior**, em 27/02/2020, às 17:21, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º,



§ 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Rodrigo Bezerra de Araujo Gallis, Professor(a) do Magistério Superior**, em 27/02/2020, às 17:22, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Daniel Lucas Magalhães Machado, Usuário Externo**, em 27/02/2020, às 17:26, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Ramon Macedo Rangel, Usuário Externo**, em 27/02/2020, às 17:31, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1845006** e o código CRC **79E15471**.

AGRADECIMENTOS

À Deus por estar sempre ao meu lado, me acompanhando e ser a base de tudo em minha vida. Sou muito grata ao seu amor por mim.

Aos meus pais Paulo Henrique Nascimento Silva e Fernanda Augusta de Freitas Theodoro por todo o carinho, apoio e amor incondicional. Agradeço-os imensamente pela educação que me proporcionaram e por todos os valores que me ensinaram.

Ao meu orientador Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel pela orientação, conselhos e por ser sempre prestativo. Agradeço-o pela confiança e por ter me proporcionado um excelente trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos que possibilitou a realização desta pesquisa.

À Universidade Federal de Uberlândia e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia pela oportunidade e estrutura.

Ao grupo GEN-HORT (Grupo de Estudos em Melhoramento Genético de Hortalícias) que foi essencial na condução dos experimentos, desde a instalação à conclusão.

A todos meus amigos de graduação e pós-graduação por me auxiliarem na condução dos experimentos e diversos outros trabalhos.

Aos membros constituintes da banca examinadora, Prof.^a Dr. Rodrigo Bezerra de Araujo Gallis, Dr. Ramon Macedo Rangel e Dr. Daniel Lucas Magalhães Machado pelas considerações enriquecedoras ao trabalho.

À todas as pessoas que contribuíram de forma direta e indireta para a realização deste trabalho e para o meu crescimento pessoal e profissional.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	1
Referências.....	3
CAPÍTULO I: Índices de seleção para caracteres agronômicos e químicos em populações segregantes de milho doce	5
1 Introdução	8
2 Material e métodos	9
3 Resultados e discussão	11
4 Conclusão	19
Referências.....	20
CAPÍTULO II: Fenotipagem de alto desempenho por análise de imagens digitais em genótipos de milho doce	24
1 Introdução	27
2 Material e métodos	28
2.1. Configuração experimental.....	28
2.2. Aquisição da imagem	28
2.3. Processamento da imagem.....	29
2.4. Extração de atributos	29
2.5. Análises estatísticas.....	32
3 Resultados.....	32
4 Discussão	35
5 Conclusão	38
Referências.....	39

RESUMO

SILVA, Marina Freitas. **Estratégias de seleção de milho doce por fenotipagem convencional e de alto desempenho.** 2020. 47p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2020.¹

O milho doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) é uma hortaliça de alto valor agregado, destinado principalmente para o processamento industrial. No Brasil, esse segmento gera cerca de 550 milhões de reais ao ano. Apesar da expansão do mercado de milho doce e do advento de novas tecnologias nas indústrias de conservas alimentícias, a produção comercial brasileira dessa hortaliça ainda não atende à demanda atual do país. Com isso, a demanda por novas cultivares mais produtivas e adaptadas ao cultivo no Brasil tem aumentado. Para o processo de seleção de genótipos superiores de milho doce, além do atendimento das exigências em produtividade e resistência a doenças, é preciso também atender a requisitos impostos pelas indústrias de processamento, voltados à aprovação dos consumidores. Além disso, é necessário tornar os processos de avaliações mais eficientes. Nesse sentido, importantes estratégias para a seleção simultânea de caracteres e para a garantia da eficiência nas avaliações são o uso de índices de seleção e da fenômica, respectivamente. O índice de seleção é uma ferramenta que permite combinar múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que seja possível a seleção com base em um complexo de variáveis consideradas importantes. Já a fenômica é o conjunto de metodologias e protocolos utilizados para avaliar diversas características das plantas com rapidez, alta precisão e baixo custo, com a obtenção de informações fenotípicas no decorrer do ciclo da cultura, de modo não destrutivo e em uma grande quantidade de indivíduos. Entretanto ainda são escassos os trabalhos que relatam a eficiência de ambas as ferramentas no melhoramento de milho doce. Observada a necessidade de melhoria no processo de obtenção e análise de dados fenotípicos em milho doce, os objetivos deste trabalho foram (i) comparar a eficiência de diferentes índices de seleção com base nas características que possuem efeito direto na produtividade de grãos em populações segregantes de milho doce e (ii) verificar se a fenotipagem de alto desempenho por análise de imagem digital é eficiente no processo de seleção de indivíduos superiores de milho doce.

Palavras-chave: *Zea mays* L. subsp. *sacharatta*, melhoramento de plantas, índice de seleção, fenômica.

¹ Orientador: Gabriel Mascarenhas Maciel – UFU.

ABSTRACT

SILVA, Marina Freitas. **Strategies for selecting sweet corn by conventional phenotyping and high-throughput phenotyping.** 2020. 47p. Dissertation (Master Program Agronomy/Crop Science) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia, 2020.¹

Sweet corn (*Zea mays* L. subsp. *Saccharata*) is a vegetable with high added value, intended mainly for industrial processing. In Brazil, this segment generates approximately R\$ 550 million per year. Despite the expansion of the sweet corn market in Brazil and the advent of new technologies in the canned food industries, the commercial production of sweet corn has not met the current Brazilian demand. As a result, the demand for new cultivars that are more productive and adapted in Brazil has increased. To select superior sweet corn genotypes and meet the requirements for productivity and disease resistance, it is also necessary to meet requirements imposed by the processing industries, which seek consumers' approval. In addition, evaluation processes need to be more efficient. Important strategies for simultaneous character selection that ensure efficiency in evaluations include (i) the use of selection indices and (ii) high-throughput phenotyping. The selection index allows combining multiple information contained in the experimental unit, so that we can select characters from a set of important variables. In turn, phenomics is a set of methodologies and protocols used to evaluate various characteristics in the plant fast, with high precision and low cost. It provides phenotypic information during the culture cycle in a non-destructive way and in many individuals. However, few studies have reported the efficiency of both tools in improving sweet corn. Given the need for improvement to obtain and analyze phenotypic data on sweet corn, this study aimed to (i) compare the efficiency of different selection indices based on the characters that have a direct effect on grain yield in segregating sweet corn populations and (ii) verify whether high-performance phenotyping by digital image analysis is efficient in the selection process of superior sweet corn individuals.

Keywords: *Zea mays* L. subsp. *sacharatta*, plant breeding, selection index, phenomics.

¹Major professor: Gabriel Mascarenhas Maciel – UFU

INTRODUÇÃO GERAL

O milho doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) é uma hortaliça de alto valor agregado, sendo destinado exclusivamente para o consumo humano. A produção desse tipo de milho é voltada principalmente para o processamento industrial, porém ele pode ser consumido *in natura*, apesar de esse uso ser mais restrito. No Brasil, esse segmento ocupa aproximadamente 38 mil hectares, que gera cerca de 550 milhões de reais ao ano. O estado de Goiás tem 32 mil hectares cultivados, sendo o principal produtor nacional, e Minas Gerais tem somente mil hectares de milho doce (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016). O milho doce diferencia-se do milho convencional por possuir pelo menos um gene mutante, que afeta a biossíntese de carboidratos no endosperma, deixando os grãos com maiores teores de sacarose e menor concentração de amido (DODSON-SWENSON; TRACY, 2015). Entretanto, esse alto teor de sacarose no grão normalmente está relacionado a certas características indesejadas, como baixa produtividade e maior sensibilidade ao ataque de pragas e doenças, quando se compara o milho doce às cultivares de milho convencional (CHEN, 2014).

A expansão do mercado de milho doce no Brasil é evidente em função da demanda cada vez maior das indústrias de conservas alimentícias, que, com equipamentos modernos, priorizam a qualidade do envasamento do produto (ARAGÃO et al., 2003). A produção de sementes das cultivares comerciais movimentou, em 2018, valores próximos de 60 milhões de reais na comercialização de sementes (ABCSEM, 2017). Apesar do valor expressivo do mercado de sementes, a produção comercial de milho doce não atende à demanda atual do Brasil (PENA et al., 2012; VITTORAZZI et al., 2013), já que esta tem aumentado.

Para o processo de identificação e seleção de genótipos superiores, durante o melhoramento genético da cultura, é fundamental o levantamento eficiente de dados fenotípicos (CRUZ et al., 2012). Os principais caracteres objetivados no melhoramento genético de milho doce são produtividade de grãos e rendimento industrial. Além desses, existem vários outros caracteres de importância, como diâmetro de espiga, resistência a doenças e características organolépticas (COAN et al., 2018). Logo é fundamental identificar meios eficientes para a seleção simultânea em mais de uma característica na cultura do milho doce, visando a seleção de genótipos superiores. Além disso, também é necessário tornar os processos de avaliações fenotípicas mais eficientes (preciso, viável e rápido) e que acompanhem o mesmo ritmo de crescimento dos dados genômicos (RAHAMAN et al., 2015; ZHANG et al., 2017). Nesse sentido, uma importante estratégia para seleção

simultânea de caracteres é a adoção da análise de índices de seleção. Outra importante ferramenta na seleção de indivíduos superiores é o uso da fenotipagem de alto desempenho, que permite rapidez, precisão e menores custos no levantamento de informações fenotípicas (FRITSCHE-NETO; BORÉM, 2016).

O índice de seleção consiste em uma função linear dos diferentes caracteres, podendo ser dado algum peso diferencial em razão da importância do caractere (RAMALHO et al., 2012). Essa análise permite combinar múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que seja possível a seleção com base em um complexo de variáveis que reúna vários caracteres de interesse econômico (CRUZ et al., 2012). São escassos os trabalhos que relatam a eficiência do uso de índices de seleção no melhoramento de milho doce (ASGHAR; MEHDI, 2010). Por isso, há necessidade de mais trabalhos dessa natureza para identificar os índices mais adequados a serem utilizados no melhoramento de milho doce.

A fenômica, também denominada fenotipagem de alto desempenho, é o conjunto de metodologias e protocolos utilizados para avaliar diversas características na planta com rapidez, alta precisão e baixo custo na obtenção de informações fenotípicas ao decorrer do ciclo da cultura, de modo não destrutivo e em uma grande quantidade de indivíduos (FIORANI; SCHURR, 2013). Muito do que atualmente é considerado fenômica é baseado em processamento digital de imagens adquiridas por meio do sensoriamento remoto, como o uso de sensores ópticos acoplados em drones (ARAUS et al., 2018). Makanza et al. (2018) concluíram que técnicas de fenotipagem de alto desempenho possuem grande potencial para monitorar características relacionadas ao dossel vegetativo em milho e contribuem para a eficiência de seleção. Assim como discutido anteriormente, em relação aos índices de seleção, também são necessários estudos abordando fenômica em milho doce, dada a escassez de trabalhos dessa natureza nessa cultura.

Observada a necessidade de melhoria no processo de obtenção e análise de dados fenotípicos em milho doce, os objetivos deste trabalho foram (i) comparar a eficiência de diferentes índices de seleção com base nas características que possuem efeito direto na produtividade de grãos em populações segregantes de milho doce e (ii) verificar se a fenotipagem de alto desempenho por análise de imagem digital é eficiente no processo de seleção de indivíduos superiores de milho doce.

REFERÊNCIAS

ARAGÃO, C.A. **Avaliação de híbridos simples braquíticos de milho super doce (*Zea mays* L.) portadores do gene shrunken-2 (sh2sh2) utilizando o esquema dialélico parcial.** 2002. 101 p. Tese (Doutorado) – Faculdade de Ciências Agronomicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu.

ARAUS, J.L.; KEFAUVER, S.C.; ZAMAN-ALLAH, M.; OLSEN, M.S.; CAIRNS, J.E. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, Cambridge, v. 23, n. 5, p. 451-466, 2018, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2018.02.001>.

ASGHAR, M.J; MEHDI, S.S. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. **Pakistan Journal of Botany**, Karachi, v. 42, n. 2, p. 775-789, 2010.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DO COMÉRCIO DE SEMENTES E MUDAS. **Mapeamento e Quantificação da Cadeia Produtiva das Hortaliças**. Brasília, DF: ABCSEM, 2017. Disponível em: https://www.cnabrasil.org.br/assets/arquivos/bibliotecas/livro_final3_mapeamento_e_quantificacao_da_cadeia_de_hortalicas_08.pdf. Acesso em: 28 set 2019.

CHEN, L.Q. Sweet sugar transporters for phloem transport and pathogen nutrition. **New Phytologist**, Cambridge, v. 201, p. 1150-1155, 2014.

COAN, M.M.D.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A. Melhoramento de Milho Especiais. In: LIMA, R.; BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. 1 ed. Viçosa, MG: UFV, 2018.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. 4 ed. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012.

DODSON-SWENSON, HG; TRACY, WF. Endosperm carbohydrate composition and kernel characteristics of shrunken2-intermediate (sh2-i/sh2-i Su1/Su1) and shrunken2-intermediate-sugary1-reference (sh2-i/sh2-i su1-r/su1-r) in sweet corn. **Crop Science**, [s.l] v. 55, n. 6, p. 2647-2656, 2015, DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.03.0188>.

FIORANI, F.; SCHURR, U. Future Scenarios for Plant Phenotyping. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 64, n. 1, p. 267–291, 2013, DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120137>.

FRITSCHE-NETO, R.; BORÉM, A. **Fenômica: como a fenotipagem de próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas**. 1 ed. Viçosa, MG: UFV, 2016.

MAKANZA, R.; ZAMAN-ALLAH, M.; CAIRNS, J.E.; MAGOROKOSHO, C.; TAREKEGNE, A.; OLSEN, M.; PRASANNA, B.M. High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. **Remote Sensing**, Basiléia, v. 10, n. 2, p. 330, 2018 (a), DOI: <https://doi.org/10.3390/rs10020330>.

PEREIRA FILHO, I. A.; TEIXEIRA, F. F. **O cultivo do milho-doce**. 1 ed. Brasília, DF: Embrapa, 2016.

RAHAMAN, M.M.; CHEN, D.; GILLANI, Z.; KLUKAS, C.; CHEN, M. Advanced phenotyping and phenotype data analysis for the study of plant growth and development. **Frontiers in Plant Science**, [s.l], v. 6, p. 619, 2015, DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00619>.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012.

ZHANG, J.; NAIK, H.S.; ASSEFA, T.; SARKAR, S., REDDY, R.V.C.; SINGH, A.; GANAPATHYSUBRAMANIAN, B.; SINGH, A.K. Computer vision and machine learning for robust phenotyping in genome-wide studies. **Scientific Reports**, Londres, v.7, n.1, p. 1-11, 2017, DOI: <https://doi.org/10.1038/srep44048>.

CAPÍTULO I

ÍNDICES DE SELEÇÃO PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E QUÍMICOS EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE MILHO DOCE

ÍNDICES DE SELEÇÃO PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E QUÍMICOS EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE MILHO DOCE

RESUMO

No melhoramento genético de milho doce, o processo de seleção de genótipos superiores deve considerar simultaneamente diversos tipos de caracteres, como agronômicos, físicos e químicos, pois, além do atendimento das exigências em produtividade e resistência a doenças, é preciso também atender a requisitos impostos pelas indústrias de processamento, voltados à aprovação dos consumidores. A melhor estratégia para a seleção simultânea de caracteres é o uso de índice de seleção. O índice de seleção é uma análise de seleção simultânea estabelecida pela combinação linear dos caracteres avaliados, de modo a maximizar os ganhos de seleção em todos os atributos considerados no cálculo. Visto isso, o objetivo do presente trabalho foi comparar a eficiência de diferentes índices de seleção com base em características que têm efeito direto na produtividade de grãos (PG) em populações segregantes de milho doce. O experimento foi instalado em delineamento experimental de blocos casualizados (DBC) com três repetições, sendo avaliados 18 caracteres em oito genótipos de milho doce em geração F₃. Os dados foram submetidos à análise de variância; após isso, foi feita a análise de trilha para verificar as variáveis com efeito direto sobre a produtividade de grãos (PG), para, então, comporem os índices de seleção. Foram utilizados os critérios de seleção direta e indireta, o índice-base, o índice de seleção clássico, o índice de ganhos desejados e o índice da distância genótipo-ideótipo. De acordo com a análise de trilha, os caracteres que apresentam efeito direto com a PG foram estande (STD), número de espigas (NE), diâmetro de espiga (DE), número de grãos por fileira (NGF) e rendimento industrial (RI), os quais compuseram os índices. Os genótipos foram ranqueados de acordo com as novas médias estimadas por cada índice e, então, selecionaram-se os três com maiores médias. Por fim, calculou-se o ganho de seleção genético proporcionado por cada índice nesses genótipos selecionados. O índice-base foi o mais eficiente na seleção simultânea de características no milho doce, ao proporcionar o maior ganho de seleção total, ganhos desejáveis positivos em todas as características, distribuição uniforme dos ganhos entre as características avaliadas e ganho satisfatório no rendimento de grãos. O índice-base permite grande ganho de seleção, simultaneamente, em muitas características importantes no milho doce, que tornam o processo de seleção mais eficiente.

Palavras-chave: *Zea mays* L. subsp. *sacharatta*, melhoramento de plantas, ganho de seleção, seleção simultânea de caracteres.

SELECTION INDICES FOR AGRONOMIC AND CHEMICAL TRAITS IN SEGREGATING POPULATIONS OF SWEET CORN

ABSTRACT

In sweet corn breeding, the selection of superior genotypes should consider many traits simultaneously, such agronomic, physical and chemical. Besides meeting the demands of yield and disease resistance, this selection should meet the requirements of processing industries, which seek consumers' approval. The selection index is the best strategy to simultaneously select linear combinations of characters to maximize the selection gains in all attributes evaluated in the calculation. This study aimed to compare the efficiency of different selection indices based on traits with direct effect on grain yield in segregating populations of sweet corn. Eighteen traits were evaluated in eight genotypes of sweet corn on generation F_3 . The data were submitted to the analyses of variance; after this, we performed a path analysis to check variables with direct effect on grain yield (PG) and then compose the selection indices. We compared the direct and indirect selection and the following indices: base, classical, desired gains, and genotype-ideotype distance. According to the path analysis, the traits that showed a direct effect on PG were stand (STD), number of ears (NE), ear diameter (DE), number of grains per row (NGF) and industrial yield (RI), which composed the indices. The genotypes were ranked according to the new average estimated for each index; then we selected the three top-ranked averages. Finally, we calculated the genetic selection gain provided by each index of these selected genotypes. The base index was the most efficient in the simultaneous selection of traits in sweet corn; it provided the highest total selection gain, positive desirable gains in all traits, uniform gain distribution between the traits evaluated and satisfactory gain in grain yield. The base index allows a great simultaneous gain selection in many important sweet corn traits, which makes the selection process more efficient.

Keywords: *Zea mays* L. subsp. *sacharatta*, plant breeding, selection gain, simultaneous selection of traits.

1 INTRODUÇÃO

O milho doce (*Zea mays* L. subsp. *sacharatta*) é um tipo especial de milho que possui maior concentração de açúcares nos grãos em relação ao milho comum. Essa característica é governada por um ou mais genes de caráter recessivo, tais como os genes *shurnken* e *sugary*, que inibem a conversão de açúcares em amido no endosperma, conferindo-lhe maior palatabilidade (DODSON-SWENSON; TRACY, 2015). Além disso, o milho doce é destinado exclusivamente ao consumo humano, principalmente após o processamento industrial (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016).

A demanda de milho doce tem aumentado no Brasil, porém o número de cultivares adaptadas às regiões de cultivo ainda é reduzido, com somente 77 cultivares registradas (MAPA, 2019). Portanto, é necessário intensificar o desenvolvimento de novas cultivares, além de pesquisas relacionadas ao melhoramento dessa cultura, para fomentar futuros programas de melhoramento. As cultivares de milho doce, além de serem produtivas, devem apresentar boas características organolépticas e atender às particularidades da indústria, como comprimento e diâmetro de espiga adequados para o processamento (PERFEITO et al., 2017). Por isso, no melhoramento genético de milho doce, o processo de seleção de genótipos superiores deve considerar simultaneamente diversos tipos de caracteres, como agronômicos, químicos e organolépticos.

Nesse contexto, a seleção baseada em apenas um caractere (seleção direta), como produtividade, não é considerada a estratégia mais adequada, pois não garante ganhos genéticos satisfatórios em outros caracteres também importantes, que podem ou não estar correlacionados ao caractere de principal interesse (JAHUFER; CASLER, 2015). Para a seleção de genótipos superiores, considerando-se várias características (seleção simultânea de caracteres), uma alternativa é o uso de índice de seleção.

O índice de seleção é uma análise de seleção simultânea estabelecida pela combinação linear dos caracteres avaliados, de modo a maximizar os ganhos de seleção em todos os atributos considerados (CRUZ, et al. 2012). Há vários relatos da eficiência do uso de índice de seleção em relação à seleção direta em culturas como milho (DOVALE et al., 2011), soja (ANDRADE et al., 2016), cenoura (CARVALHO et al., 2017) e maracujá (NEVES et al., 2011).

Várias metodologias de índice de seleção têm sido descritas, como Smith-Hazel (HAZEL, 1943; SMITH, 1936), Pesek-Baker (PESEK; BAKER, 1969) e distância genótipo-

ideótipo (CRUZ, 2006). A comparação entre os índices pode ser realizada por meio dos ganhos genéticos preditos por cada índice ou pela coincidência na seleção dos genótipos superiores (LEITE et al., 2018). Há diversos trabalhos que compararam a eficiência entre os índices de seleção (ANDRADE et al., 2016; BIZARI et al., 2017; MISSANJO; MATSUMURA, 2017). Porém, ainda são escassos trabalhos com essa abordagem na cultura do milho doce.

Visto isso, o objetivo do trabalho foi comparar a eficiência desses diferentes índices de seleção com base nas características que possuem efeito direto na produtividade de grãos em populações segregantes de milho doce.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido sob irrigação por aspersão no período de 3 de março a 20 de junho de 2018, na estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) – Campus Monte Carmelo, localizada no município de Monte Carmelo, Minas Gerais ($18^{\circ} 43' S$; $47^{\circ} 31' W$; 903 m de altitude). De acordo com a classificação de Köppen, a região apresenta clima tropical.

O experimento foi instalado em delineamento experimental de blocos casualizados (DBC), com 8 tratamentos e três repetições. Os tratamentos foram oito acessos de milho doce da geração F₃ (L6P2, L6P15, L7P3, L8P7, L8P10, L8P12, L8P18 e L9P5), pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFU – Campus Monte Carmelo. Esse material foi proveniente de três sucessivas gerações de autofecundações, em espigas coletadas de feiras livres, iniciadas em 2016.

Para instalação do experimento, as sementes foram semeadas em bandejas de isopor de 200 células para posterior transplantio, de forma a garantir o estabelecimento da população almejada de 50 mil plantas ha⁻¹ em campo. As bandejas foram preenchidas com substrato e acondicionadas em casa de vegetação. O transplantio para o campo foi realizado quando as plântulas atingiram o estádio V₂.

A profundidade de transplantio em campo foi de 4 cm, com espaçamento entre linhas e entre plantas de 70 cm e 30 cm, respectivamente. Cada parcela foi constituída por duas linhas de 5,4 m de comprimento, seguidas por 0,6 m de carreador, com 32 plantas por parcela e área útil de 7,56 m². Realizaram-se os tratos culturais durante todo o ciclo de acordo com o recomendado para a cultura (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016).

No estádio R₁ (florescimento feminino), foram avaliados estande de plantas (STD), número de plantas prolíficas por parcela (PP), número de plantas fasciadas por parcela (PF), número de folhas por planta (NFP), diâmetro de colmo (DC, cm) altura de planta (AP, cm) e altura de espiga (AE, cm). Após a colheita no estádio R₄ (grão pastoso), foram mensurados comprimento de espiga (CE, cm), diâmetro de espiga (DE, cm), número de fileiras por espiga (NFE), número de grãos por fileira (NGF), produtividade de grãos (PG, t ha⁻¹) e rendimento industrial (RI, relação entre peso de grãos e peso de espiga com palha, em %). Além das características agronômicas, também foram realizadas as avaliações químicas nos grãos referentes ao teor de sólidos solúveis (SS) e à quantidade de carboidratos (CAR, %), proteína bruta (PB, %) e lipídeos (LIP, %), de acordo com a metodologia do Instituto Adolfo Lutz (2007).

A partir dos dados obtidos, foram verificadas as pressuposições da análise de variância. Em seguida, os dados foram submetidos à análise de variância com nível de significância de 0,05. Depois de verificada a existência de variabilidade genética para os caracteres avaliados e estimados os componentes de variância, foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade dos dados por meio da matriz de correlação fenotípica pelo número de condição da matriz (NC), proposto por Montgomery e Peck (1981). Em seguida, com o resultado do diagnóstico, as correlações foram desdobradas em efeitos diretos e indiretos, pela análise de trilha, considerando a colinearidade, com uma cadeia, conforme descrito por Cruz et al. (2012). Para isso, determinou-se a constante k no valor de 5,26. Com base na análise de trilha, foram selecionadas as características para a composição dos índices, considerando apenas aquelas com alto efeito direto sobre PG.

Por fim, foram calculados o índice-base (WILLIAMS, 1962), o índice clássico (HAZEL, 1943; SMITH, 1936), o índice de ganhos desejados (PESEK; BAKER, 1969) e o índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006), sendo o ideótipo o genótipo com valores genotípicos máximos observados. Para os índices de seleção estudados, o peso econômico adotado para PG foi 2, e 1 para as demais características, em que todos os caracteres foram avaliados no sentido de acréscimo. Quando se utilizou o índice de ganhos desejados, foram estabelecidos ganhos desejados equivalentes ao desvio-padrão genotípico para cada caractere. Além da seleção simultânea de caracteres, foram realizadas análises de seleção direta e indireta considerando apenas um caractere. Nesse tipo de seleção, os genótipos foram selecionados com base nos valores de uma única característica e calcularam-se os ganhos nessa mesma característica (seleção direta) bem como em todas as demais (seleção indireta). Diferentemente dos índices, as seleções direta e indireta foram

realizadas com base em todos os caracteres, porém um por vez.

De acordo com cada índice, os genótipos foram classificados e, então, selecionaram-se os três com maiores escores. Com base nos genótipos superiores selecionados, foram feitas a avaliação e a comparação dos índices de seleção pelo cálculo do ganho de seleção para cada característica. O ganho de seleção foi estimado pela expressão $G\% = (DS h^2)100$, em que $\Delta G\%$ é o ganho esperado com a seleção em valor percentual; DS, o diferencial de seleção (a diferença entre a média dos indivíduos selecionados e a média dos indivíduos da população segregante original em F_3); e h^2 , o coeficiente de determinação genotípico. Todas as análises estatísticas foram realizadas pelo programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferenças significativas entre os genótipos para os caracteres plantas fasciadas (PF), número de folhas (NFP), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de espigas (NE), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE), número de grãos por fileira (NGF), produtividade de grãos (PG) e rendimento industrial (RI) (Tabela 1). Já para as outras características (STD, PP, DC, CAR, PB, LIP, SS) não houve diferença entre as médias. A existência de variabilidade genética observada entre os genótipos avaliados possibilita a obtenção de ganhos genéticos pela seleção (CRUZ et al., 2012).

Um dos parâmetros mais importantes no melhoramento de planta é a herdabilidade, pois está diretamente relacionado ao ganho genético. Os coeficientes de determinação genotípico no experimento variaram de 23,57% (SS) a 94,71% (AP), sendo que PG apresentou herdabilidade de 66,08%, considerada alta em relação ao encontrado por Asghar e Mehdi (2010) em milho doce (38%). Asghar e Mehdi (2010) também verificaram NFE com herdabilidade de 84%, valor próximo ao encontrado no presente trabalho (88,71%). Cruz et al. (2012) afirmaram que o uso de caracteres secundários com alta herdabilidade e alta correlação com o caractere de interesse podem contribuir para o acréscimo do ganho genético.

TABELA 1 — Resumo da análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres de oito genótipos de milho doce. Monte Carmelo, UFU, 2018.

Fonte de Variação	GL	Quadrado médio					
		STD	PP	PF	NFP	DC	AP
Genótipos	7	3.02	30.57	56.19**	0.79**	0.11	540.70**
Blocos	2	4.87	49.62	10.16	1.35	0.09	472.72
Resíduo	14	1.40	19.48	5.12	0.12	0.07	28.56
Média		32.75	12.50	5.16	10.47	2.33	117.32
CV		3.61	35.31	43.79	3.28	11.85	4.55
CVg		2.24	15.38	79.85	4.53	4.38	11.13
CVg/CVe		0.62	0.43	1.82	1.38	0.37	2.44
h^2		53.74	36.27	90.88	85.14	29.15	94.71
		AE	NE	CE	DE	NFE	NGF
Genótipos	7	254.51**	238.08**	1.59*	0.34**	1.58**	31.39*
Blocos	2	287.89	114.87	1.91	0.16	0.60	15.45
Resíduo	14	14.86	40.30	0.55	0.03	0.17	7.36
Média		57.41	49.12	18.05	4.53	14.64	24.02
CV		6.71	12.92	4.12	3.98	2.88	11.29
CVg		15.56	16.52	3.26	7.16	4.67	11.78
CVg/CVe		2.31	1.27	0.79	1.79	1.61	1.04
h^2		94.16	83.07	65.28	90.63	88.71	76.54
		PG	RI	CAR	CP	LIP	SS
Genótipos	7	7.30*	183.55**	1.29	0.78	0.38	1.43
Blocos	2	16.68	52.97	0.07	0.37	0.10	3.13
Resíduo	14	2.47	13.50	0.70	0.31	0.23	1.09
Média		7.51	45.18	19.92	6.32	2.63	11.47
CV		20.94	8.13	4.22	8.90	18.17	9.13
CVg		16.87	16.66	2.21	6.20	8.74	2.92
CVg/CVe		0.80	2.04	0.52	0.69	0.48	0.32
h^2		66.08	92.64	45.04	59.28	40.99	23.57

** e * significativos a 0,01 e a 0,05% de significância pelo teste F respectivamente; GL: grau de liberdade; CV, CVg e CVe: coeficiente de variação geral (%), genético (%) e experimental (%), respectivamente; h^2 : coeficiente de determinação genotípico; STD: estande, PP: plantas prolíficas, PF: plantas fasciadas, NFP: número de folhas por planta, DC: diâmetro de colmo (cm), AP e AE: altura de planta e espiga (cm), NE: número de espigas, CE: comprimento de espiga (cm), DE: diâmetro de espiga (cm), NFE: número de fileiras por espiga, NGF: número de grãos por fileira, PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$), RI: rendimento industrial (%), CAR, CP e LIP: quantidade de carboidrato, proteína bruta e lipídeos nos grãos (%), SS: sólidos solúveis nos grãos ($^{\circ}\text{Brix}$). Fonte: A autora.

O conhecimento sobre os efeitos direto e indireto de caracteres secundários sobre o caractere principal, obtido pela análise de trilha, pode otimizar os índices de seleção, pois permite descartar caracteres de pouca relevância no estudo (CRUZ et al., 2012). De acordo com a análise de trilha do presente estudo, 97% da variação total da PG foi explicada pelos demais caracteres estudados (Tabela 2). Dentre eles, os caracteres STD, NE, DE, NGF e RI possuíram efeito direto sobre a PG, uma vez que apresentaram efeitos diretos superiores ao efeito residual (0,16). Sesay et al. (2017) também observaram efeitos diretos entre as características de espiga, como número de fileiras, diâmetro e comprimento sobre a produtividade de grãos em híbridos de milho. Teodoro et al. (2016) concluíram que características não consideradas como de interesse principal influenciam diretamente a produtividade de grãos em pinhão-manso. Portanto, em um processo de seleção simultânea de caracteres, variáveis com efeito direto sobre PG podem favorecer o ganho nesta característica. Os demais caracteres não apresentaram efeito direto sobre produtividade de grãos, com valores inferiores a 0,16.

A seleção direta com base em PG proporcionou ganho de 11,65% para essa característica e ganhos positivos em todas as demais características. Entretanto a seleção em uma única característica pode ocasionalmente causar alterações não desejadas em vários outros caracteres não considerados (CRUZ et al., 2012). Carvalho et al. (2017) relataram redução em caracteres importantes, como massa e diâmetro de raízes, nos quais almejava-se acréscimo em genótipos de cenoura pela seleção apoiada apenas na característica coloração de raízes.

O índice-base foi o que proporcionou maior ganho de seleção total (somatório dos ganhos em todas as características), com valor de 38,69% (Tabela 4), e também apresentou maior ganho para RI (13,53%) e NGF (8,71%) entre todos os índices estudados. Busca-se, no melhoramento de milho doce, genótipos com alto RI e maior NGF, por serem características importantes para o rendimento no processamento industrial das espigas (LUZ et al., 2014). Além disso, o índice-base foi o único que não apresentou estimativas de ganhos indesejáveis. Embora esse índice tenha apresentado um ganho total adequado, não foi o que apresentou maior ganho na produtividade de grãos (PG). Vivas et al. (2013) destacaram o índice-base como o mais adequado para seleção de genótipos superiores em mamoeiro.

TABELA 2 — Efeitos diretos (diagonal em negrito) e indiretos das variáveis consideradas primárias sobre a variável principal produtividade de grãos (PG), avaliadas em oito genótipos de milho doce. Monte Carmelo, UFU, 2018.

EI	STD	PP	PF	NFP	DC	AP	AE	NE	CE	DE	NFE	NGF	RI	CAR	CP	LIP	SS
STD	0.28	0.08	0.18	-0.01	0.15	-0.01	-0.03	0.20	0.03	0.01	0.03	0.12	0.03	-0.07	0.02	0.11	0.11
PP	0.01	0.03	0.03	0.02	0.02	0.00	0.01	0.03	0.00	-0.01	0.00	0.02	0.00	-0.01	0.01	0.00	-0.01
PF	0.10	0.13	0.15	0.06	0.10	0.05	0.05	0.14	0.06	-0.05	-0.03	0.08	0.00	-0.08	0.08	0.02	-0.01
NFP	0.00	0.03	0.02	0.06	0.00	0.04	0.02	0.03	0.02	-0.01	0.01	0.00	-0.02	-0.01	0.04	-0.03	0.02
DC	-0.04	-0.05	-0.05	0.00	-0.07	0.02	0.01	-0.05	0.02	0.01	0.01	-0.05	-0.01	0.02	0.00	-0.03	0.00
AP	0.00	0.00	-0.01	-0.01	0.00	-0.02	-0.01	0.00	-0.02	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	-0.01	0.00	-0.01
AE	0.01	-0.02	-0.03	-0.03	0.02	-0.07	-0.08	-0.02	-0.07	0.06	0.04	0.03	0.04	0.20	-0.05	0.00	0.01
NE	0.12	0.14	0.16	0.08	0.11	0.04	0.04	0.17	0.05	-0.04	0.01	0.09	0.00	-0.08	0.09	0.00	0.02
CE	0.02	0.02	0.06	0.06	-0.03	0.14	0.14	0.04	0.15	-0.07	-0.08	-0.06	-0.08	-0.10	0.00	0.02	0.02
DE	0.01	-0.10	-0.14	-0.04	-0.07	-0.24	-0.30	-0.11	-0.19	0.41	0.09	0.15	0.27	0.25	0.16	-0.12	0.02
NFE	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01	0.01	0.02	0.00	0.02	-0.01	-0.04	0.00	0.00	-0.01	0.00	0.02	-0.01
NGF	0.08	0.13	0.10	0.01	0.13	-0.10	-0.07	0.10	-0.07	0.07	-0.01	0.19	0.13	0.06	0.05	-0.03	-0.06
RI	0.03	0.04	-0.01	-0.12	0.02	-0.22	-0.14	-0.01	-0.15	0.19	0.02	0.20	0.29	0.20	0.14	-0.09	-0.18
CAR	-0.01	-0.01	-0.02	-0.01	-0.02	-0.03	-0.02	-0.02	-0.03	0.03	0.01	0.01	0.03	0.05	0.03	-0.03	-0.02
CP	0.01	0.05	0.06	0.08	0.00	0.10	0.08	0.06	0.09	-0.05	0.00	-0.03	-0.06	-0.09	0.12	-0.01	0.02
LIP	-0.02	0.01	-0.01	0.03	-0.03	0.00	0.00	0.00	-0.01	0.02	0.03	0.01	0.02	0.04	0.01	-0.06	-0.02
SS	0.02	-0.02	0.00	0.02	0.00	0.02	-0.01	0.01	0.01	0.00	0.02	-0.02	-0.03	-0.02	0.01	0.02	0.05
Total	0.63	0.45	0.52	0.20	0.34	-0.03	-0.28	0.58	-0.07	0.60	0.10	0.77	0.63	0.20	0.04	-0.22	-0.04

Efeito residual = 0,16; coeficiente de determinação = 0,97; constante k = 5,26; EI: efeito indireto; STD: estande; PP: plantas prolíficas; PF: plantas fasciadas; NFP: número de folhas por planta; DC: diâmetro de colmo (cm); AP e AE: altura de planta e espiga (cm); NE: número de espigas; CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm); NFE: número de fileiras por espiga; NGF: número de grãos por fileira; RI: rendimento industrial (%); CAR, CP e LIP: quantidade de carboidrato, proteína bruta e lipídeos nos grãos (%), SS: sólidos solúveis nos grãos (°Brix). Fonte: A autora.

A maior estimativa de ganho em PG (9,76%) foi observada com o índice clássico. Da mesma forma, em outro trabalho com milho doce, esse também foi o índice que proporcionou maior ganho em PG (ASGHAR; MEHDI, 2010). Por outro lado, Freitas et al. (2013) verificaram que, para PG em milho pipoca, não houve ganhos desejáveis pelo índice clássico. As estimativas dos ganhos pelo mesmo índice nem sempre apresentam resultados similares, pois as variáveis que compõem o índice, o tipo e o número de genótipos avaliados,

a interação genótipo ambiente, os valores dos pesos econômicos e a precisão das matrizes de variâncias e covariâncias interferem no índice (CRUZ et al., 2012).

TABELA 3 — Estimativas de ganhos de seleção (GS) pela seleção direta (diagonal em negrito) e indireta (nas linhas), para os caracteres de oito genótipos de milho doce. Monte Carmelo, UFU, 2018.

Caracteres pela seleção direta	Genótipos selecionados	Ganhos de seleção direto e indireto (%)					
		STD	NE	DE	NGF	PG	RI
STD	L6P15, L8P12 e L8P7	1.50	12.0	1.09	3.44	9.90	-2.26
NE	L6P15, L8P10 e L8P12	1.32	16.70	-1.62	5.67	9.76	1.77
DE	L6P2, L7P3 e L8P7	0.05	-10.73	5.56	1.03	2.54	9.37
NGF	L6P15, L6P2 e L7P3	0.19	1.10	2.52	9.60	5.82	10.74
PG	L6P15, L7P3 e L8P12	0.77	11.06	1.89	8.86	11.65	4.42
RI	L6P15, L7P3 e L8P10	0.41	7.49	0.03	8.71	8.52	13.53

STD: estande; NE: número de espigas; DE: diâmetro de espiga (cm); NGF: número de grãos por fileira; PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$); RI: rendimento industrial (%). Fonte: A autora.

Conforme já dito, os índices utilizados neste trabalho, com exceção do índice-base, não apresentaram ganhos desejáveis positivos para todas as características. Analogamente, Oliveira et al. (2008) verificaram que os índices clássico e de ganhos desejados também proporcionaram ganhos negativos em alguns caracteres em progênie de maracujá. Entretanto, Santos et al. (2007) usaram diferentes pesos econômicos e verificaram que o índice clássico permitiu a obtenção de ganhos positivos para as características principais em milho pipoca, enquanto o índice de ganhos desejados proporcionou ganhos consideráveis somente quando se utilizou peso econômico igual ao desvio padrão genético.

Visto isso, para que o índice de seleção seja eficiente, além de apresentar ganhos genéticos favoráveis em todos caracteres, principalmente naqueles de interesse principal, também é necessário que os ganhos estejam bem distribuídos dentre todos caracteres (BHERING et al., 2012). Apesar dos índices de ganhos desejados e da distância genótipo-ideótipo terem apresentado ganhos totais menores que o índice-base, eles foram os que obtiveram os ganhos mais equilibrados entre as características avaliadas (Figura 1). Há

trabalhos que relataram o índice da distância genótipo-ideótipo como a estratégia de seleção mais adequada para o melhoramento simultâneo de caracteres, por proporcionar distribuição equilibrada de ganhos esperados para todos os caracteres avaliados (BHERING et al., 2012; CARVALHO et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2008). Ademais, no presente trabalho, o índice distância genótipo-ideótipo foi o único que apresentou ganho satisfatório em DE. Os demais índices proporcionaram ganho irrisório (índice-base) ou negativo (clássico e ganhos desejados) nessa característica.

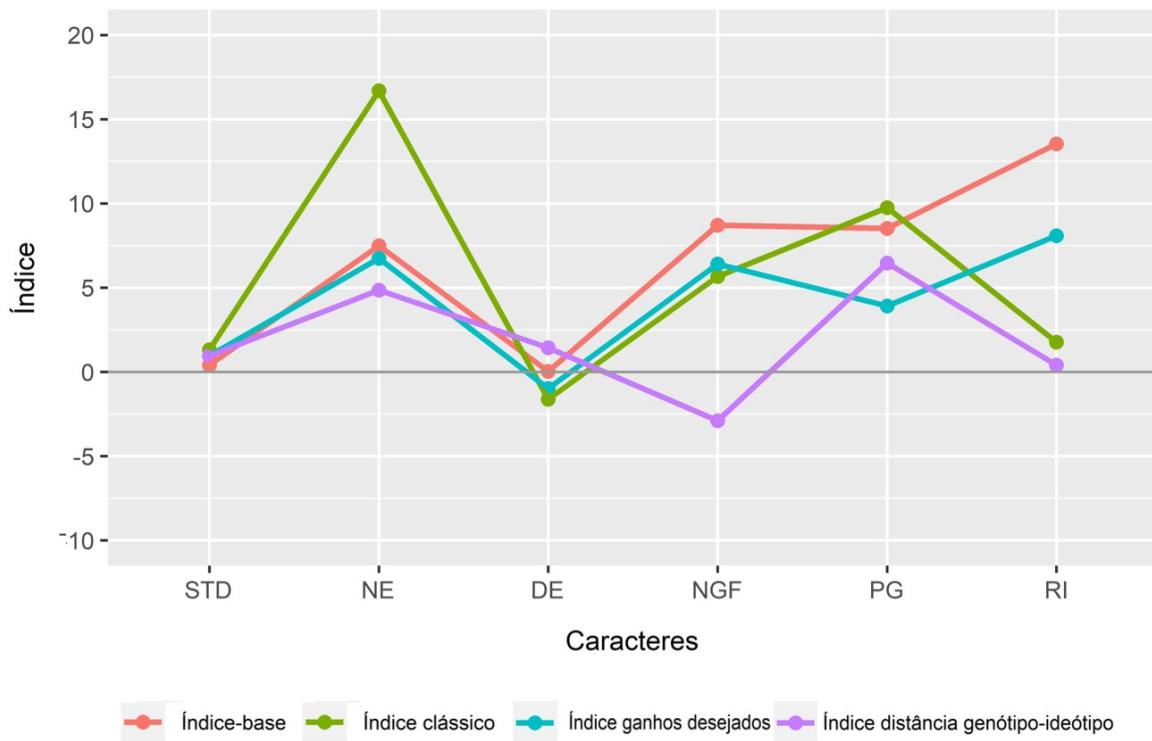


FIGURA 1 — Distribuição das estimativas de ganho de seleção genético em gráfico de linhas pelo índice-base, índice clássico, índice de ganhos desejados e índice distância genótipo-ideótipo para os caracteres em oito genótipos de milho doce. Monte Carmelo, UFU, 2018. Fonte: A autora.

O índice clássico proporcionou maior ganho para NE, portanto esse índice selecionou genótipos mais prolíficos. A proliferação não tem sido uma característica priorizada pelos programas de melhoramento de milho (ELIAS et al., 2010). Além disso, para a cultura de

milho doce, a qualidade da primeira espiga para processamento industrial é prioridade (ASSUNÇÃO et al., 2010). Para a característica NGF, somente o índice da distância genótipo-ideótipo conferiu ganho negativo (-2,90%; Tabela 4).

Verificou-se que não houve coincidências em relação aos genótipos selecionados entre os índices estudados e também pela seleção direta baseada em PG (Tabelas 3 e 4). No entanto, o índice-base e a seleção direta baseada em RI selecionaram os mesmos genótipos (L6P15, L7P3 e L8P10). Além disso, observou-se que os genótipos L8P18 e L9P5 foram os únicos não selecionados por nenhum dos índices.

TABELA 4 — Estimativas de ganho de seleção genético com o uso de índices de seleção para os caracteres em oito genótipos de milho doce. Monte Carmelo, UFU, 2018.

Caracteres	Ganho de seleção genético (%)			
	Índice-base	Índice clássico	Índice ganhos desejados	Índice distância genótipo-ideótipo
STD	0.41	1.32	0.96	0.96
NE	7.49	16.70	6.74	4.86
DE	0.03	-1.62	-0.99	1.43
NGF	8.71	5.67	6.41	-2.90
PG	8.52	9.76	3.92	6.47
RI	13.53	1.77	8.08	0.40
Total	38.69	33.60	25.12	11.22
Genótipos selecionados	L6P15, L7P3 e L8P10	L6P15, L8P10 e L8P12	L6P15, L6P2 e L8P10	L8P10, L8P12 e L8P7

STD: estande; NE: número de espigas; DE: diâmetro de espiga (cm); NGF: número de grãos por fileira; PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$); RI: rendimento industrial (%). Fonte: A autora.

Outro fator importante na seleção simultânea de caracteres é a determinação dos pesos econômicos dos caracteres principais e secundários, embora no presente trabalho não tenham sido avaliadas variações nos pesos para um mesmo índice (CRUZ et al., 2012). De maneira geral, os valores estabelecidos para os pesos nos índices podem influenciar nos ganhos esperados. Bizari et al. (2017) observaram que para determinados índices, a variação nos pesos econômicos influenciou os ganhos genéticos em populações segregantes de soja. Por outro lado, foi observado em progênie de tomateiro estimativas de ganho total iguais, independentemente do peso econômico usado (NICK et al., 2013). Porém há índices mais

recentes que não levam em consideração pesos econômicos, como a análise de fatores associada a componentes principais, PPG-ESIM e FAI-BLUP (CERÓN-ROJAS et al., 2016; DOVALE et al., 2011; ROCHA et al., 2018).

A superioridade dos índices de seleção em relação aos outros métodos de seleção e de um índice sobre o outro é variável (OLIVEIRA et al., 2008). Essa variação depende principalmente da acurácia na estimativa das variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas, do número de genótipos avaliados e selecionados, e, caso utilizado, a exatidão na determinação dos pesos econômicos ou ganhos desejados para cada caractere (ASGHAR; MEDHI, 2010; CRUZ et al., 2012).

4 CONCLUSÃO

Neste estudo, o índice-base foi o mais eficiente na seleção simultânea de caracteres em milho doce, por proporcionar o maior ganho de seleção total, ganhos desejáveis positivos em todos caracteres, distribuição uniforme dos ganhos entre as características avaliadas e ganho satisfatório em produtividade de grãos. O índice-base permite ganho de seleção simultaneamente em muitas características importantes no milho doce, o que otimiza o processo de seleção.

REFERÊNCIAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DO COMÉRCIO DE SEMENTES E MUDAS. **Mapeamento e Quantificação da Cadeia Produtiva das Hortaliças**. Brasília, DF: ABCSEM, 2017. Disponível em: https://www.cnabrasil.org.br/assets/arquivos/bibliotecas/livro_final3_mapeamento_e_quantificacao_da_cadeia_de_hortalicas_08.pdf. Acesso em: 28 set 2019.

ANDRADE, A.C.B.; SILVA, A.J.; FERRAUDO, A.S.; UNÉDA-TREVISOLI, S.H.; DI MAURO, A.S. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, [s.l], v.11, p.23-31, 2016. DOI: <https://doi.org/10.5897/AJAR2015.9715>.

ASGHAR, M.J; MEHDI, S.S. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. **Pakistan Journal of Botany**, Karachi, v. 42, n. 2, p. 775-789, 2010.

ASSUNÇÃO, A.; BRASIL, E.M.; OLIVEIRA, J.P.; REIS, A.J.S.; PERREIRA, A.F.; BUENO, L.G.; RAMOS, M.R. Heterosis performance in industrial and yield components of sweet corn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 3, p. 183-190, 2010, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332010000300001>.

BHERING, L.L.; LAVIOLA, B.G.; SALGADO, C.C.; SANCHEZ, C.F.B.; ROSADO, T.B.; ALVES, A.A. Genetic gains in physic nut using selection indexes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n.3, p. 402-408, 2012, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000300012>.

BIZARI, E.H.; VAL, B.H.P.; PEREIRA, E.M.; DI MAURO, A.O.; UNÉDA-TREVISOLI, S.H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017, DOI: <http://dx.doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>.

CARVALHO, A.D.F.; NOGUEIRA, M.T.M.; SILVA, G.O.; LUZ, J.M.Q.; MACIEL, G.M.; RABELO P.G. Seleção de genótipos de cenoura para caracteres fenotípicos de raiz. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 97-102, 2017, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620170115>.

CERÓN-ROJAS, J.J.; CROSSA, J.; TOLEDO, F.H.; SAHAGÚN-CASTELLANOS, J. A predetermined proportional gains eigen selection index method. **Crop Science**, [s.l], v. 56, n. 5, p. 2436-3447, 2016, DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.11.0718>.

CRUZ, C.D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013, DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa, MG: UFV, 2012.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006.

DODSON-SWENSON, HG; TRACY, WF. Endosperm carbohydrate composition and kernel characteristics of shrunken2-intermediate (sh2-i/sh2-i Su1/Su1) and shrunken2-intermediate-sugary1-reference (sh2-i/sh2-i su1-r/su1-r) in sweet corn. *Crop Science*, [s.l] v. 55, n. 6, p. 2647-2656, 2015, DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.03.0188>.

DOVALE, J.C.; FRITSCHE-NETO, R.; SILVA, P.S.L. Índice de seleção para cultivares de milho com dupla aptidão: minimilho e milho verde. *Bragantia*, Campinas, v. 70, n. 4, p. 781-787, 2011, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052011000400008>.

ELIAS, H.T.; VOGT, G.A.; VIEIRA, L.C.; PINHO, R.G.V.; NASPOLINI, V.; COVER, C. Melhoramento genético do milho. In: FILHO, J.A.W.; ELIAS, H.T. (eds). **A cultura do milho em Santa Catarina**. Florianópolis, SC: Epagri, 2010

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987.

FREITAS, I.L.J.; AMARAL JUNIOR, A.T.; VIANA, A.P.; PENA, G.F.; CABRAL, O.S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T.R.C. Ganhos genéticos avaliados com índices de seleção com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, 2013, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013001100007>.

HAAG, L.A.; HOLMAN, J.D.; RANSOM, J.; ROBERTS, T.; MAXWELL, S.; ZARNSTORFF, M.E.; MURRAY, L. Compensation of corn yield components to late season stand reductions in the central and northern great plains. *Agronomy Journal*, Madison, v. 109, n. 2, p. 524-531, 2017, DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj2015.0523>.

HAZEL, H.N. The genetics basis for constructing selection indexes. *Genetics*, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Métodos físico-químicos para análise de alimentos**. 1 ed. São Paulo, SP: Valera, 2007.

JAHUFER, M.Z.Z.; CASLER, M.D. Application of the Smith-Hazel selection index for improving biomass yield and quality of switch grass. *Crop Science*, [s.l], v. 55, n. 3, p. 1212-1222, 2015, DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.08.0575>.

LEITE, W.S.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; SILVA, F.M.; SILVA, A.J.; DI MAURO, A.O. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 49, n. 3, p. 491-500, 2018, DOI: <http://dx.doi.org/10.5935/1806-6690.20180056>.

LUZ, J.M.Q.; CAMILO, J.S.; BARBIERI, V.H.B.; RANGEL, R.M.; OLIVEIRA, R.C. Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita. *Horticultura Brasileira*, Vitoria da Conquista, v. 32, n. 2, p. 163-167, 2014, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362014000200007>.

SISTEMA NACIONAL DE PROTEÇÃO DE CULTIVARES. **Cultivar web**. Brasília, DF: MAPA, 2019. Disponível em: http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. Acesso em: 26 março 2019.

MISSANJO, E.; MATSUMURA, J. Multiple Trait Selection Index for Simultaneous Improvement of Wood Properties and Growth Traits in *Pinus kesiya* Royle ex Gordon in Malawi. **Florest**, Basiléia, v. 8, n. 4, p. 96, 2017, DOI: <https://doi.org/10.3390/f8040096>.

MONTGOMERY, D.C; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York, NY: John Wiley, 1981.

NEVES, L.G.; BRUCKNER, C.H.; CRUZ, C.D.; VIANA, A.P.; BARELLI, M.A.A. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, n. 4, p. 1322-1330, 2011, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-29452011000400033>.

NICK, C.; LAURINDO, B.S.; ALMEIDA, V.S.; FREITAS, R.D.; AGUILERA, J.G.; SILVA, E.C.F.; CRUZ, C.D.; SILVA, D.J.H. Seleção simultânea para qualidade do fruto e resistência à requeima em progênies de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 1, p. 59-65, 2013, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013000100008>.

OLIVEIRA, E.J.; SANTOS, V.S.; LIMA, D.S.; MACHADO, M.D.; LUCENA, R.S.; MOTTA, T.B.N.; CASTELLEN, M.S. Seleção de progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, 2008, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2008001100013>.

PEREIRA FILHO, I. A.; TEIXEIRA, F. F. **O cultivo do milho-doce**. 1 ed. Brasília, DF: Embrapa, 2016.

PERFEITO, D.G.A.; LOPES, M.C.M.; SALOMÃO, L.C.; SOUZA, M.L.C.; BENETT, C.G.S.; LIMA, B.P. Caracterização pós colheita de milho doce submetido ao parcelamento de fertirrigação nitrogenada. **Brazilian Journal of Food Technology**, Campinas, v. 20, p. 2-7, 2017, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1981-6723.14016>.

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.

ROCHA, J.R.A.S.C.; MACHADO, J.C.; CARNEIRO, P.C.S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, [s.l], v. 10, n. 1, p. 52-60, 2018, DOI: <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>.

SANTOS, F.S.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; RANGEL, R.M.; PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v. 66, v. 3, p. 389-396, 2007, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000300004>.

SESAY, S.; OJO, D.K.; ARIYO, O.J.; MESEKA, S.; FAYEUN, L.S.; OMIKUNLE, A.O.; OYETUNDE, A.O. Correlation and path coefficient analysis of top-cross and three-way cross hybrid maize populations. **African Journal of Agricultural Research**, [s.l], v. 12, n. 10, p. 780-789, 2017, DOI: <https://doi.org/10.5897/ajar2016.11997>.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, [s.l], v. 7, n. 3, p. 240-250, 1936, DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>.

VIVAS, M.; SILVEIRA, S.F.; VIVAS, J.M.S.; PEREIRA, M.G. Prediction of genetic gain and progenies selection of papaya for resistance to black-spot. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 142-178, 2013, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S1982-56762013000200008>.

WILLIAMS, J.S. The Evalution of a selection index. **Biometrics**, v. 18, n. 3, p. 375-393, 1962, DOI: <http://dx.doi.org/10.2307/2527479>.

CAPÍTULO II

**FENOTIPAGEM DE ALTO DESEMPENHO POR ANÁLISE DE IMAGENS
DIGITAIS EM GENÓTIPOS DE MILHO DOCE**

FENOTIPAGEM DE ALTO DESEMPENHO POR ANÁLISE DE IMAGENS DIGITAIS EM GENÓTIPOS DE MILHO DOCE

RESUMO

A fenotipagem de alto desempenho por meio da análise de imagens digitais é uma alternativa promissora na seleção de genótipos superiores de milho doce, sendo um método preciso, não destrutivo, rápido e de baixo custo. No entanto a aplicação dessa metodologia a campo ainda é um desafio. Os objetivos deste trabalho foram (i) verificar se a fenotipagem de alto desempenho por análise de imagem digital é eficiente em diferenciar genótipos de milho doce e (ii) correlacionar os caracteres avaliados de forma convencional com valores obtidos pelas imagens. O experimento foi realizado em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Foram avaliadas oito populações de milho doce na geração F₃ e dois híbridos comerciais. As informações extraídas da imagem RGB foram a área do dossel vegetativo (ADV), o índice de resistência à atmosfera na região visível vegetativa (VARI) e as médias da reflectância dos canais verde (G), vermelho (R) e azul (B). Já da imagem infravermelho, foram extraídos a média da reflectância do canal infravermelho próximo (NIR) e o índice de vegetação de diferença normalizada (NDVI). Além destas, também se avaliou o índice spad (SPAD), a produtividade de espigas (PE) e de grãos (PG) por meio de avaliações convencionais (uso do clorofilômetro portátil e colheita das espigas). A aquisição da imagem foi feita no estádio V₇ por aeronave remotamente pilotada com câmera RGB e infravermelho. Para a mensuração dos atributos extraídos da imagem foi feita a segmentação da imagem em dois grupos (pixels de coloração verde e pixels de colorações diferentes de verde). Para isso, utilizou-se o método de clustering k-means. Todas as informações extraídas da imagem foram realizadas em dimensão de parcela e em linguagem computacional Python. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, ao teste de agrupamento de médias Scott-Knott e ao grafo de rede de correlação genotípica. Os genótipos apresentaram diferença em média para todas características avaliadas através das imagens aéreas digitais (R, ADV, VARI e NDVI) com exceção das características G, B e NIR. Os híbridos apresentaram maior desenvolvimento vegetativo e produtivo em relação às populações F₃. Houve correlação alta e positiva entre as variáveis SPAD, PE e PG com as características de dossel vegetativo extraídas das imagens (ADV, VARI e NDVI). Por outro lado, essas mesmas características e as avaliadas de forma convencional, também apresentaram altas correlações com R, porém no sentido negativo. Portanto conclui-se que a fenotipagem de alto desempenho por análise de imagens digitais é uma ferramenta promissora para os estudos de melhoramento genético no milho doce.

Palavras-chave: *Zea mays* L. subsp. *sacharatta*, melhoramento genético, fenômica, rede de correlação.

HIGH-THROUGHPUT PHENOTYPING OF GENOTYPES IN SWEET CORN

ABSTRACT

High-throughput phenotyping through digital image analysis is a promising alternative in the selection of superior sweet corn genotypes; it is a precise, non-destructive, fast and low-cost method. However, the application of this methodology in the field is still a challenge. The objectives of this work were to (i) verify whether high throughput phenotyping by digital image analysis is efficient in differentiating sweet corn genotypes and (ii) correlate the characters evaluated in a conventional way with values obtained by the images. The experiment was carried out in a randomized block design with three replications. Eight populations of sweet corn in the F₃ generation and two commercial hybrids were evaluated. The information extracted from the RGB image was the area of the vegetative canopy (ADV), the visible atmospherically resistant index in the visible vegetative region (VARI), and the reflectance averages of the green (G), red (R) and blue (B) channels. In the infrared image, the reflectance average of the near infrared channel (NIR) and the normalized difference vegetation index (NDVI) were extracted. In addition, the spad index (SPAD), ear yield (PE) and grain yield (PG) were also evaluated through conventional assessments (with a portable chlorophyll meter and ear harvest). Image acquisition was made at the V₇ stage by unmanned aerial vehicle with a RGB and an infrared camera. To measure the attributes extracted from the image, the image was segmented into two groups (green colored pixels and pixels with colors other than green). For this, the k-means clustering method was used. All information extracted from the image was carried out in a plot size and in Python computational language. The data obtained were subjected to the analysis of variance, to the Scott-Knot test, and to the genotypic correlation network graph. The genotypes showed difference on average for all characteristics evaluated through digital aerial images (R, ADV, VARI, and NDVI), except for characteristics G, B, and NIR. The hybrids showed greater vegetative and productive development in relation to the F₃ populations. There was a high and positive correlation between the variables SPAD, PE, and PG with the characteristics of vegetative canopy extracted from the images (ADV, VARI, and NDVI). On the other hand, these same characteristics and those evaluated in a conventional manner also showed high correlations with R, but in a negative sense. Therefore, high-throughput phenotyping by digital image analysis is a promising tool for studies on genetic breeding in sweet corn.

Keywords: *Zea mays* L. subsp. *sacharatta*, plant breeding, phenomics, correlation network.

1 INTRODUÇÃO

A produção de milho doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) no Brasil é comumente voltada para o processamento industrial, sendo ainda pouco destinada para o consumo *in natura* (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016). O milho doce difere-se do milho comum por conter um ou mais genes de caráter recessivo que provocam mudanças na concentração de açúcares nos grãos. Tais genes impedem a conversão de açúcares em amido no endosperma, o que torna o milho doce mais adocicado que o milho comum (LUZ et al., 2014; DODSON-SWENSON; TRACY, 2015). A produção de sementes das cultivares comerciais movimentou, em 2018, valores próximos de 60 milhões de reais na comercialização de sementes (ABCSEM, 2017). Apesar do valor expressivo do mercado de sementes, vale ressaltar que há poucas cultivares disponíveis para uso direto. Adicionalmente, a produção comercial de milho especial não atende à demanda atual do Brasil (MOTERLE et al., 2011; PENA et al., 2012; RIBEIRO et al., 2012; VITTORAZZI et al., 2013).

O melhoramento genético é uma das formas mais vantajosas para se conseguir incrementos na produtividade agrícola e na qualidade dos grãos (CRUZ et al., 2012). Diversos métodos têm sido utilizados em programas de melhoramento de milho doce (SANTOS et al., 2014; GONÇALVES et al., 2018; CARVALHO et al., 2019). Apesar do sucesso obtido, as avaliações majoritariamente se baseiam em vastas operações de campo e/ou laboratório, resultando em maior demanda de tempo e custo nos programas de melhoramento. A fenotipagem de alto desempenho tem se mostrado uma alternativa promissora, pois apresenta rapidez, alta precisão e baixo custo na obtenção de informações fenotípicas ao decorrer do ciclo da cultura, de modo não destrutivo e em uma grande quantidade de indivíduos (FRITSCHE-NETO; BORÉM, 2016; MACIEL et al., 2019).

Na última década, aumentou-se o interesse em explorar técnicas de fenotipagem de alto desempenho para inferir sobre características agronômicas em programas de melhoramento genético em algumas espécies (SANTOS et al., 2015; MAKANZA et al., 2018a; MACIEL et al., 2019). Nesse contexto, pesquisas que visem otimizar tempo e custos durante as etapas de seleção são de fundamental importância. Os objetivos deste trabalho foram (i) verificar se a fenotipagem de alto desempenho por análise de imagem digital é eficiente em diferenciar genótipos de milho doce e (ii) correlacionar os caracteres avaliados de forma convencional com valores obtidos pelas imagens.

2 MATERIAL E METÓDOS

2.1. Configuração experimental

O experimento foi conduzido sob irrigação por aspersão no período de 3 de março a 20 de junho de 2018, na estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia – Campus Monte Carmelo ($18^{\circ}42'43.19''$ S, $47^{\circ}29'55.8''$ W, 873 m altitude). O experimento foi instalado em delineamento experimental de blocos casualizados (DBC), com 10 tratamentos e três repetições. Os tratamentos foram constituídos de dois híbridos comerciais de milho doce, provenientes das empresas Seminis (Híbrido A) e Syngenta (Híbrido B), e oito populações de milho doce de geração F₃ (L6P2, L6P15, L7P3, L8P7, L8P10, L8P12, L8P18 e L9P5), pertencentes ao banco de germoplasma do programa de melhoramento de milho doce da UFU – Campus Monte Carmelo. Esse material foi proveniente de três sucessivas gerações de autofecundações, em espigas coletadas de feiras livres, iniciadas em 2016.

A semeadura ocorreu em bandejas de isopor acondicionadas em casa de vegetação para posterior transplantio, de forma a garantir o estabelecimento da população almejada de 50 mil plantas ha⁻¹ em campo. O transplantio para o campo foi realizado quando as plântulas atingiram o estádio V₂ (estádio vegetativo do milho em que são observadas duas folhas totalmente expandidas). A profundidade de transplantio em campo foi de 4 cm, com espaçamento entre linhas e entre plantas de 70 cm e 30 cm, respectivamente. Cada parcela foi constituída por duas linhas de 5,4 m de comprimento, seguidas por 0,6 m de carreador, com 32 plantas por parcela e área útil de 7,56 m². As plantas infestantes foram controladas durante todo o ciclo com capina manual. Além disso, realizaram-se os tratos culturais de acordo com o recomendado para a cultura de milho doce (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016).

2.2. Aquisição da imagem

As imagens aéreas da área experimental foram adquiridas no estádio V₇ (estádio vegetativo do milho em que são observadas sete folhas totalmente expandidas) por meio de um veículo aéreo não tripulado – VANT (modelo Phantom 4 Advanced ®), equipado com dois sensores ópticos. Antes da realização do voo, foi definido o plano de voo em modo de

piloto automático no aplicativo DroneDeploy®. Após isso, foi feita a calibração do VANT, que percorreu a área experimental à velocidade de 3 ms^{-1} e a 20 m de altura. As imagens foram capturadas usando uma câmera RGB (Câmera DJI Phantom 4 Advanced®) e uma câmera infravermelho (MAPIR Survey 3®), acopladas ao VANT. Em relação à câmera RGB, esta possuía resolução de 12 megapixels e incluía uma bateria (5350 mAh), um sensor CMOS e uma lente focal fixa de 9 mm. As imagens foram coletadas com dimensão de 4864×3648 pixels e com sobreposição longitudinal e lateral de 80% e 75%, respectivamente, portanto resolução espacial de 4 cm pixel^{-1} . Já a câmera infravermelho tinha resolução de 12 megapixels, com uma bateria (12000 mAh), e capturava as bandas do vermelho, verde e infravermelho. Para minimizar os efeitos de sombra, as imagens foram capturadas ao meio-dia, período que tem maior uniformidade de radiação solar sob a superfície terrestre. Após o voo, as imagens brutas foram armazenadas na memória da câmera e posteriormente transferidas para um computador em formato JPEG para processamento.

2.3. Processamento da imagem

As imagens armazenadas no computador foram carregadas no software Pix4D e, em seguida, duas ortofotos foram geradas, que é o conjunto das imagens brutas obtidas, georreferenciadas, de forma a representarem toda área experimental. As ortofotos resultantes consistiram em uma ortofoto RGB, com os canais vermelho (banda 1), verde (banda 2) e azul (banda 3) e outra ortofoto infravermelho, com os canais vermelho (banda 1), verde (banda 2) e infravermelho próximo (banda 3). O georreferenciamento foi realizado de acordo com o sistema de coordenadas EPSG:32723 – WSG 84 / UTM zone 23S. A GSD (distância da amostra do solo) utilizada foi de 4 cm e foram realizados os ajustes necessários nas ortofotos.

2.4. Extração de atributos

Os atributos extraídos da ortofoto RGB foram a área do dossel vegetativo (ADV), o índice de resistência à atmosfera na região visível vegetativa (VARI) e as médias da reflectância dos canais verde (G), vermelho (R) e azul (B). Já na ortofoto infravermelho, foram extraídos a média da reflectância do canal infravermelho próximo (NIR) e o índice de vegetação de diferença normalizada (NDVI). As extrações de todos os atributos das imagens foram realizadas com auxílio da linguagem Python.

Primeiramente, cada parcela foi delimitada e recortada manualmente em ambas as ortofotos, por meio do software QGIS 3.4.12, resultando assim em 30 imagens por ortofoto (sendo cada imagem representativa de uma única parcela experimental, Figura 1). Após, foi realizada a segmentação de todas as imagens em dois grupos (pixels com coloração verde e pixels restantes), utilizando-se a metodologia de agrupamento k-means, com os canais “a” e “b” da escala Lab.

Por meio das imagens RGB segmentadas, calculou-se a ADV pela quantidade de pixels verdes em cada parcela, que posteriormente foram quantificados em área (m^2), por meio da multiplicação entre o número de pixels verdes e o tamanho do pixel ($1.96 \times 10^{-5} m^2$). Nas mesmas imagens, foram calculados os valores médios de refletância dos canais vermelho (R), verde (G) e azul (B) para cada parcela. Além disso, também foi calculado o índice VARI conforme descrito por Gitelson et al. (2002):

$$VARI = \frac{Green - Red}{Green + Red - Blue}$$

Os outros atributos avaliados (NIR e NDVI) foram extraídos das imagens infravermelho já segmentadas. A refletância do canal infravermelho (IR) foi estimada pelo histograma referente ao canal do infravermelho próximo; já para o cálculo do índice NDVI, foram utilizados os canais do infravermelho próximo e do vermelho, de acordo com o descrito por Rouse et al. (1973):

$$NDVI = \frac{(NIR - Red)}{(NIR + Red)}$$

As avaliações realizadas de maneira convencional foram índice SPAD, produtividade de espiga (PE) e de grãos (PG). Em cada uma das linhas da parcela, a partir da sétima planta, avaliaram-se cinco plantas consecutivas para a determinação do SPAD, totalizando em dez plantas por parcela. Para tanto, foi utilizado o clorofilômetro portátil (Minolta SPAD 502), sendo realizadas seis leituras por planta nas duas últimas folhas completamente desenvolvidas no estádio V₇. Nas mesmas plantas, avaliaram-se PE e PG por meio da colheita manual e da pesagem das espigas e dos grãos em uma balança. Devido às diferentes datas de florescimento feminino existentes entre os genótipos, a colheita das espigas foi realizada escalonadamente ao atingir o ponto de colheita (estádio R₄). Para a determinação

do ponto de colheita das espigas, foi feito o monitoramento da maturidade do grão, até ele atingir textura de grão leitoso, para que as espigas fossem colhidas. A PE foi estimada pela extração do peso de espigas de 10 plantas por parcela para kg ha^{-1} . Posteriormente, os grãos dessas mesmas espigas foram cortados rente ao sabugo, com auxílio de uma faca, para obtenção da PG, também extraída para kg ha^{-1} .

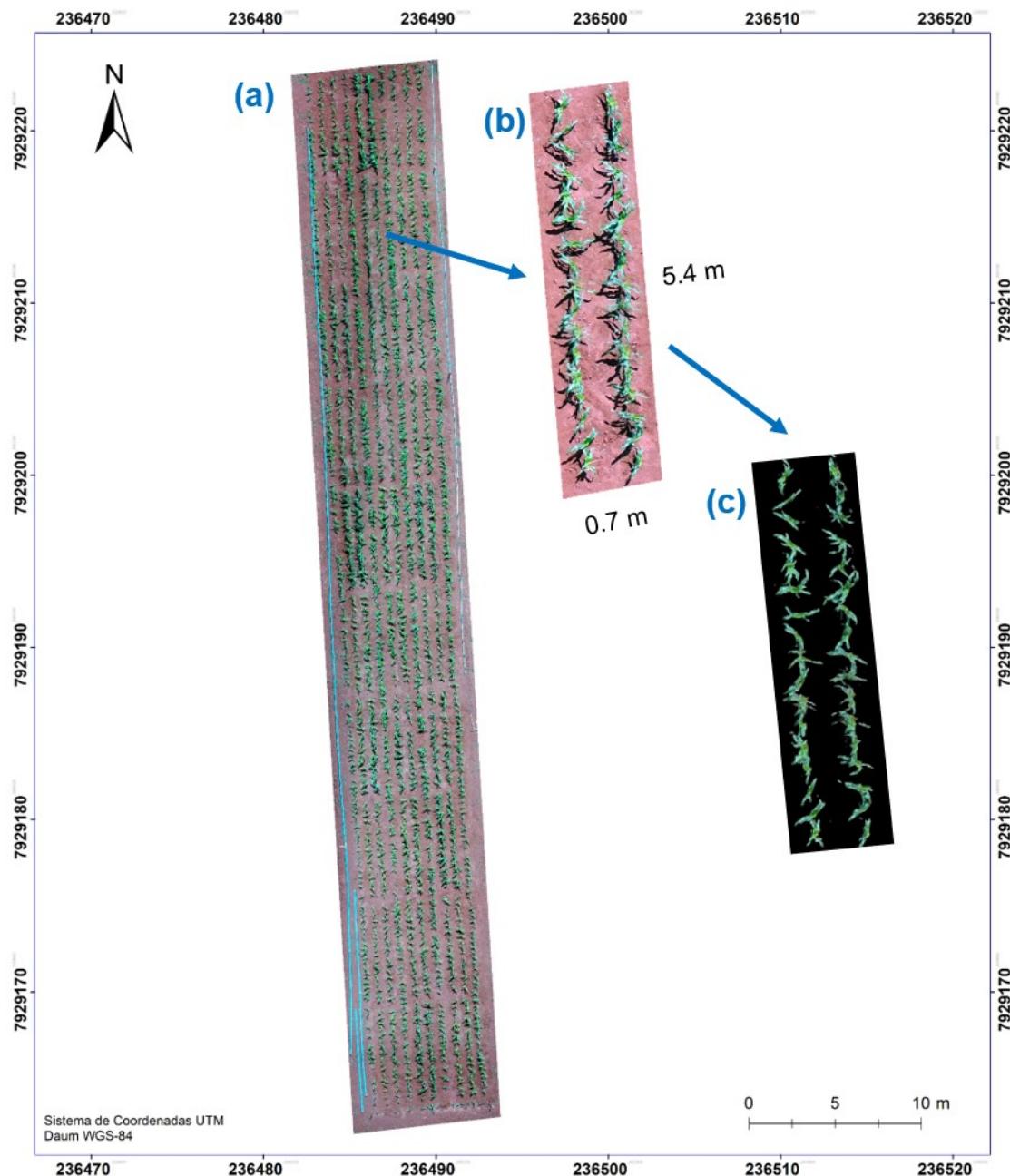


FIGURA 1 — (a) Ortofoto RGB do experimento com 30 parcelas de genótipos de milho doce adquiridas através de um veículo aéreo não tripulado, (b) configuração experimental com as dimensões de parcela e (c) imagem de parcela segmentada pela metodologia de agrupamento k-means. Fonte: A autora.

2.5. Análises estatísticas

Com base nos dados obtidos, foram verificadas as pressuposições da análise de variância com nível de significância de 0,01. Em seguida, os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott. A partir da matriz de correlação fenotípica, construiu-se um grafo de rede de correlações entre caracteres que apresentaram significância na análise de variância. No grafo, a espessura e a cor dos traços (arestas) que conectam as variáveis (vértices) representam a magnitude e o sentido das correlações, respectivamente. Para isso, determinou-se o valor de corte igual a 0,7, o que permitiu destaque somente em matriz de correlação (E_{ij}) maior ou igual a 0,7. Todas as análises foram realizadas com auxílio do software R (R CORE TEAM, 2019), sendo utilizados os pacotes ExpDes (FERREIRA et al., 2017) e qgraph (EPSKAMP et al., 2012) para o teste de médias e para construção dos grafos, respectivamente.

3 RESULTADOS

Os genótipos apresentaram diferença em média para todos caracteres avaliados por meio das imagens aéreas digitais (R, ADV, VARI e NDVI), com exceção dos caracteres G, B e NIR (Tabela 1). Da mesma forma, as características avaliadas pelas metodologias convencionais (SPAD, PE e PG) também foram eficazes na diferenciação dos genótipos.

Os híbridos apresentaram maior desenvolvimento vegetativo e produtivo em relação às populações F_3 , de modo que o “Híbrido A” produziu 25% a mais de grãos que o “Híbrido B” (Tabela 2). O índice NDVI foi o único atributo capaz de se diferenciar entre as populações F_3 , sendo os genótipos L6P15 e L8P18 com os menores valores de NDVI. Desse modo, é possível observar variação de tonalidades de cor entre os genótipos de melhor (Híbrido A) e pior (L8P18) desempenhos, de forma que, quanto maior a quantidade de tons verdes escuros e tons azuis presentes na escala de cores escolhida, maiores são os valores nos índices VARI e NDVI, respectivamente, e consequentemente indicação de maior vigor foliar (Figura 2).

TABELA 1 — Resumo da análise de variância para as características de dez genótipos de milho doce. Monte Carmelo, UFU, 2018.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio				
		R	G	B	NIR	ADV
Genótipos	9	287.7978*	185.2674 ^{ns}	55.6944 ^{ns}	14.3640 ^{ns}	0.1325*
Blocos	2	82.2543	230.7041	40.8084	6.0470	0.2115
Média		111.3034	165.3695	234.6246	140.0106	1.0645
CV (%)		6.4990	6.3226	2.2908	2.1925	14.8381
		VARI	NDVI	SPAD	PE	PG
Genótipos	9	0.0008*	0.0001*	26.8582*	222683*	962957*
Blocos	2	0.0002	0.0001	57.3579	2733548	1847227
Média		0.1420	-0.1395	44.3904	11879	5586
CV (%)		8.7815	-3.3777	6.3253	10.5840	14.4390

* significativo a 0,05% de significância pelo teste F; GL: grau de liberdade; CV: coeficiente de variação geral; R, G, B e NIR: médias da reflectância dos canais vermelho, verde, azul e infravermelho, respectivamente; ADV: área do dossel vegetativo (m^2); VARI: índice de resistência à atmosfera na região visível vegetativa; NDVI: índice de vegetação de diferença normalizada; SPAD: índice spad; PE: produtividade de espigas ($kg\ ha^{-1}$); PG: produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$). Fonte: A autora.

TABELA 2 — Médias de dez características de dez genótipos de milho doce. Monte Carmelo, UFU, 2018.

Genótipos	Características									
	R	G	B	NIR	ADV	VARI	NDVI	SPAD	PE	PG
Híbrido A	88.63 a	153.11 a	232.69 a	139.90 a	1.74 a	0.17 a	-0.13 a	47.95 a	18.213 a	9.605 a
Híbrido B	99.96 a	160.20 a	226.29 a	139.63 a	1.22 b	0.17 a	-0.13 a	49.36 a	14.347 b	7.145 b
L6P15	111.68 b	158.22 a	230.29 a	137.24 a	1.05 b	0.13 b	-0.15 c	43.99 a	9.255 c	4.436 c
L6P2	114.89 b	171.45 a	237.32 a	142.54 a	0.89 b	0.14 b	-0.13 a	46.27 a	10.846 c	5.242 c
L7P3	120.78 b	176.50 a	240.24 a	142.72 a	1.02 b	0.14 b	-0.14 b	43.25 a	11.436 c	6.366 c
L8P10	113.19 b	164.86 a	233.87 a	140.09 a	1.12 b	0.13 b	-0.14 b	44.59 a	9.186 c	4.778 c
L8P12	114.12 b	166.51 a	234.83 a	141.69 a	0.95 b	0.14 b	-0.14 b	44.44 a	12.637 c	4.860 c
L8P18	113.45 b	157.73 a	233.60 a	135.77 a	0.81 b	0.12 b	-0.15 c	38.87 a	10.737 c	4.700 c
L8P7	120.16 b	173.87 a	239.90 a	140.81 a	0.97 b	0.13 b	-0.14 b	41.82 a	12.226 c	5.647 c
L9P5	116.15 b	171.25 a	237.24 a	139.66 a	1.05 b	0.14 b	-0.13 a	43.35 a	10.090 c	3.079 c

As médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo, de acordo com o teste de Scott-Knott (0,05 significância); R, G, B e NIR: médias da reflectância dos canais vermelho, verde, azul e infravermelho, respectivamente; ADV: área do dossel vegetativo (m^2); VARI: índice de resistência à atmosfera na região visível vegetativa; NDVI: índice de vegetação de diferença normalizada; SPAD: índice spad; PE: produtividade de espigas ($kg\ ha^{-1}$); PG: produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$). Fonte: A autora.

Algumas características apresentaram alto grau de associação, ou seja, alta probabilidade de um caractere ser utilizado na seleção indireta de genótipos, o que foi dado pelo coeficiente de correlação (E_{ij} ; Figura 3). Verificou-se alto grau de associação entre os atributos extraídos da imagem (fenotipagem de alto desempenho) e as avaliações realizadas de forma convencional (fenotipagem convencional) na rede de correlação fenotípica, de forma que é possível identificar, no grafo apresentado, altas correlações entre as variáveis SPAD, PE e PG com as características de dossel vegetativo extraídas das imagens (ADV, VARI e NDVI). Em contrapartida, todas essas mesmas características, tanto as extraídas das imagens quanto as convencionais, também apresentaram altas correlações com R, porém no sentido negativo.

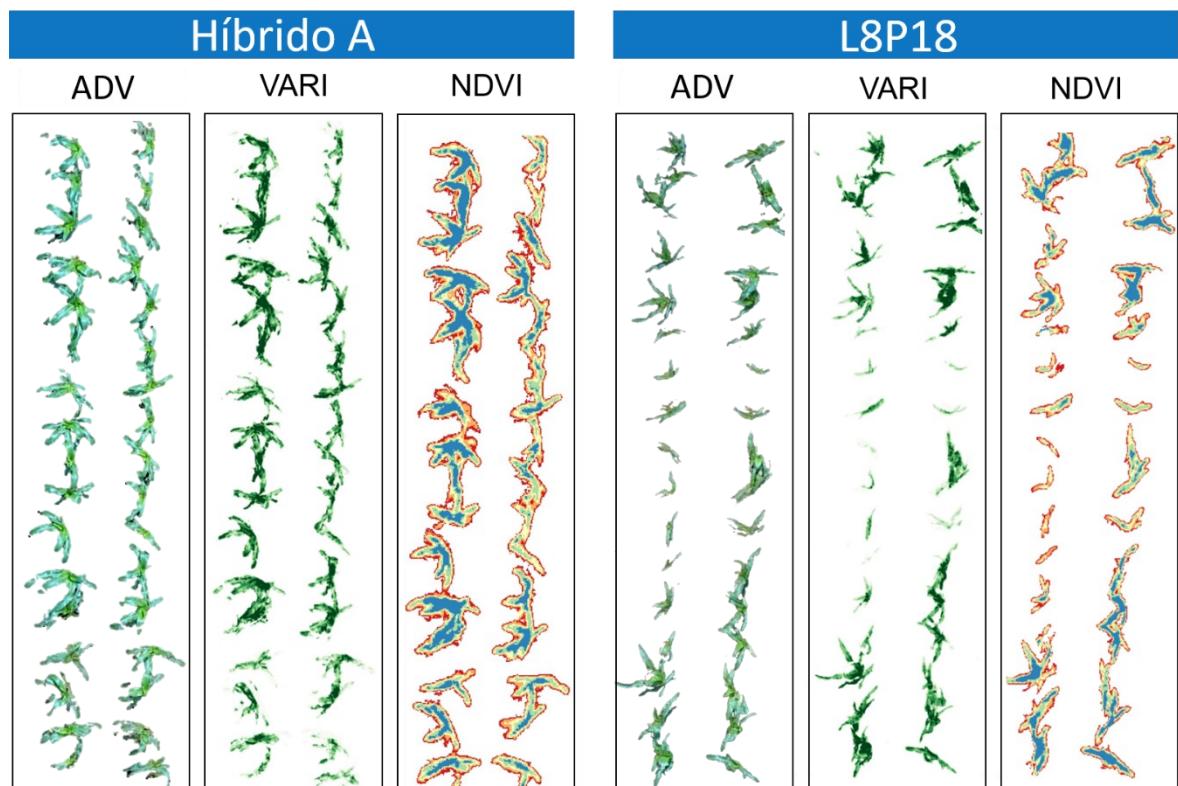


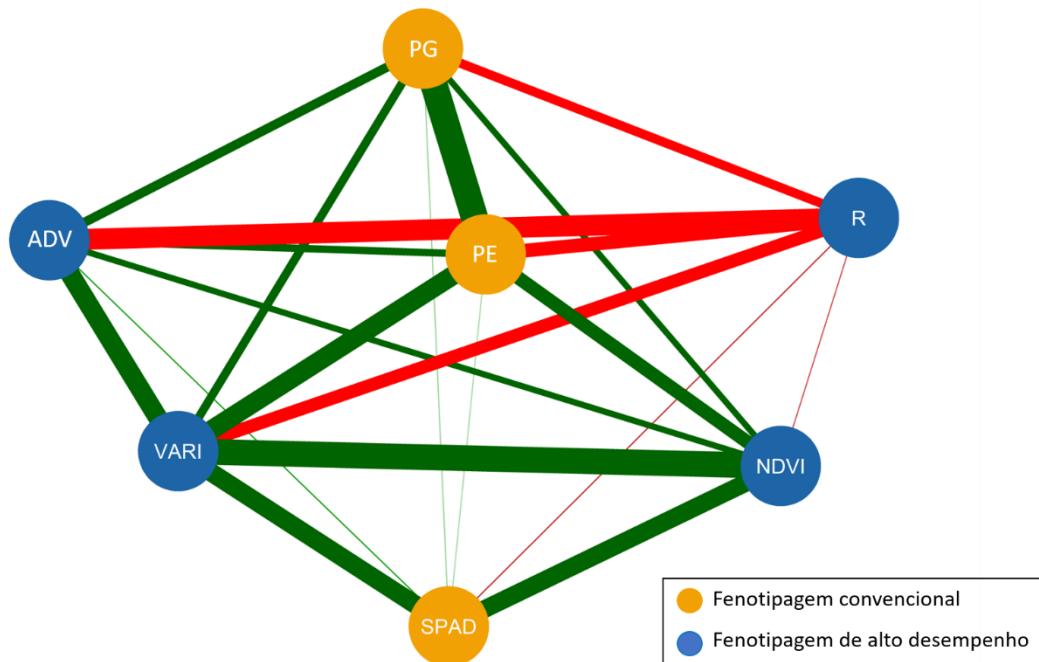
FIGURA 2 — Características do dossel vegetativo extraídas da imagem (ADV, VARI e NDVI). Plantas com maior coloração em azul representam plantas mais vigorosas (o valor NDVI tende a ser mais próximo de 1) e as com coloração em vermelho correspondem a plantas estressadas ou não persistentes (o valor NDVI tende a ser mais próximo de 0).

Fonte: A autora.

Em relação à posição e à distribuição dos atributos no grafos, PE apresentou-se como a característica mais centralizada, visto que as características de dossel (ADV, SPAD, VARI

e NDVI) e de produtividade (PE e PG) apresentaram distâncias menores entre seus vértices, proporcionando agrupamento dessas características de menor distância no grafo.

FIGURA 3 — Rede de correlação fenotípica entre características mensuradas por fenotipagem convencional (vértices amarelos) e por fenotipagem de alto desempenho (vértices azuis). As correlações positivas foram destacadas em verde, enquanto as correlações negativas foram destacadas em vermelho; a espessura dos traços é proporcional à magnitude da correlação.



Fonte: A autora.

4 DISCUSSÃO

Nas últimas décadas, o levantamento de dados fenotípicos no melhoramento genético de plantas não conseguiu acompanhar, no mesmo ritmo, o progresso e o crescimento dos dados genômicos, estes adquiridos por intermédio de novas tecnologias genômicas, como seleção genômica com o uso de marcadores moleculares (RESENDE et al., 2008; RAHAMAN et al., 2015). A seleção de genótipos superiores, quando praticada considerando-se as relações genótipo-fenótipo por meio de dados fenotípicos avaliados a campo associados a marcadores moleculares, torna a seleção mais eficaz (TOPP et al., 2013;

ARAUS; CAIRNS, 2014; ZHANG et al., 2017). Além disso, muitas metodologias utilizadas para o levantamento de dados fenotípicos são realizadas visualmente, sendo avaliações incapazes de identificar pequenas variações fenotípicas, não representativas por consistirem em amostras, e métodos trabalhosos e demorados (ANDRADE-SANCHEZ et al., 2014; MILLER et al., 2017; ZHANG et al., 2017; FERNANDEZ-GALLEGOS et al., 2018). Esses gargalos existentes na fenotipagem convencional impulsionaram intensos esforços de pesquisadores para adaptar novas tecnologias no levantamento de dados fenotípicos. Isso resultou em uma ampla variedade de métodos não invasivos e não destrutivos de fenotipagem de alto desempenho (ARAUS; CAIRNS, 2014; ARAUS et al., 2018; FERNANDEZ-GALEGO et al., 2018; GRACIA-ROMERO et al., 2018; MAKANZA et al., 2018^a). Neste trabalho, foram encontrados, em milho doce, resultados semelhantes aos estudos já realizados, sendo as imagens aéreas RGB e infravermelhas ferramentas eficazes para a aquisição de dados fenotípicos e, consequentemente, para a diferenciação de genótipos de milho doce (Tabela 1).

Como pode ser observado pelos resultados obtidos, o desenvolvimento vegetal e produtivo dos híbridos é maior quando comparado aos dos outros genótipos avaliados (Tabela 2); possivelmente, isso se deve ao fato de que esses híbridos apresentam maior ADV, conferindo maior área fotossinteticamente ativa e consequentemente maior produção de grãos (REZENDE et al., 2015). Outro fator importante resultante da maior ADV é o fechamento foliar mais rápido das entrelinhas, proporcionando menor infestação de plantas invasoras. Todos esses fatores são determinantes para maiores produtividades de espigas e grãos (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016).

Os dados gerados por imagens aéreas apresentaram alta correlação com os caracteres avaliados pela fenotipagem convencional, como a produtividade de grãos (Figura 3; CAIRNS et al., 2012; MAKANZA et al., 2018^a). O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento vegetal, principalmente se um dos caracteres apresentar baixa herdabilidade ou for de difícil mensuração (CRUZ et al., 2012). Portanto, a correlação observada entre as variáveis SPAD, PE e PG e as características de dossel vegetativo extraídas das imagens (ADV, VARI e NDVI) pode ser uma indicação para inferir em quanto a seleção praticada em um caractere X pode alterar a média de um caractere Y (seleção indireta.; CARVALHO et al., 2019). Visto isso, avaliações trabalhosas ou de mensuração inviável, como o índice SPAD e as dimensões de grãos, poderiam ser substituídas por atributos extraídos das imagens (MILLER et al., 2017; MAKANZA et al., 2018b). Esses mesmos índices também podem ser utilizados para seleção

precoce ou pré-seleção em PE e PG (GRACIA-ROMERO et al., 2018; MAKANZA et al., 2018^a; HINOJOSA et al., 2019), reduzindo custos e tempo em grandes programas de melhoramento. No entanto, apesar de a aquisição das imagens desse trabalho ter sido realizada no estádio V₇ do milho doce, o estádio fenológico, no momento da aquisição da imagem, interfere nos resultados de correlações entre caracteres (FERNANDEZ-GALEGO et al., 2018), bem como o manejo cultural utilizado ao decorrer do ciclo da cultura (CANDIAGO et al., 2015; VERGARA-DÍAZ et al., 2016; GRACIA-ROMERO et al., 2018).

Os índices vegetativos deste trabalho são indicadores do estado fisiológico vegetal da planta, mas também podem ser relacionados à resposta de uma planta ao estresse e, portanto, são rotineiramente usados para seleção de genótipos superiores. A avaliação visual do estado fisiológico vegetal da planta, no entanto, consome tempo, é imprecisa e subjetiva. A correlação do índice NDVI baseado na imagem entre o SPAD foi alta e positiva (Figura 3). Trabalhos anteriores também mostraram associação entre os valores de NDVI com índice de área foliar, teor de clorofila foliar e concentração de nitrogênio nas folhas (CAIRNS et al., 2012; ZAMAN-ALLAH et al., 2015; VERGARA-DIAZ et al., 2016). Todavia, em detrimento do custo de novos sensores, neste estudo, foi possível somente a estimativa de alguns índices, com a extração de vários outros índices e informações relevantes por meio do uso de sensores que captam maior quantidade de bandas do espectro eletromagnético, como os sensores termais (ARAUS et al., 2012).

Plantas consideradas com boa condição fisiológica vegetal apresentam altos valores de NDVI, ou seja, com alta refletância nos canais G e NIR, enquanto no canal R há o predomínio de valores baixos (TUCKER, 1979; HUANG et al., 2012). Esse comportamento pode ser observado no presente trabalho, sendo o canal R com menores valores nos híbridos A e B (88,63 e 99,96, respectivamente) e correlação negativa com todas as características de dossel vegetativo extraídas das imagens (ADV, VARI e NDVI), além das variáveis avaliadas por fenotipagem convencional (SPAD, PE e PG). Além disso, dentre os canais estudados (R, G, B e NIR), o canal R foi o único com existência de variabilidade genética para os genótipos e com correlação entre as variáveis estudadas, portanto, possivelmente, será o canal mais interessante para se trabalhar com imagens RGB, visando a seleção de genótipos superiores.

5 CONCLUSÃO

O uso de tecnologias baseadas em fenotipagem de alto desempenho por meio da análise de imagens digitais é eficaz na obtenção de caracteres fenotípicos, otimizando o progresso do melhoramento convencional e o melhoramento molecular, para que este atinja todo seu potencial. A principal vantagem da fenotipagem de alto desempenho é que ela permite fenotipar grande quantidade de indivíduos em qualquer momento do ciclo da cultura, de modo não destrutivo, com alta precisão, rapidez e com redução nos custos. Além disso, tal tecnologia mostrou-se útil no processo de seleção referente a este estudo, por apresentar altas correlações entre os atributos extraídos da imagem e as avaliações realizadas por meio de metodologias de forma convencional, o que possibilita a seleção indireta para caracteres de difícil mensuração, a seleção precoce e a seleção em características de baixa herdabilidade por meio de caracteres secundários.

REFERÊNCIAS

ANDRADE-SANCHEZ, P.; GORE, M.A.; HEUN, J.T.; THORP, K.R.; CARMO-SILVA, A.E.; FRENCH, A.N.; SALVUCCI, M.E.; WHITE, J.W. Development and evaluation of a field-based high-throughput phenotyping platform. **Functional Plant Biology**, [s.l.], v. 41, n. 1, p. 68-79, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1071/FP13126>.

ARAÚJO, E.F.; ARAUJO, R.F.; SOFIATTI, V.; SILVA, R.F. Maturação de sementes de milho-doce-grupo super doce. **Revista Brasileira de Sementes**, Pelotas, v.28, n.2, p.69-76, 2006, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0101-31222006000200009>.

ARAUS, J.L.; KEFAUVER, S.C.; ZAMAN-ALLAH, M.; OLSEN, M.S.; CAIRNS, J.E. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, Cambridge, v. 23, n. 5, p. 451-466, 2018, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2018.02.001>.

ARAUS, J.L.; CAIRNS, J.E. Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier. **Trends in Plant Science**, Cambridge, v. 19, n. 1, p. 52-61, 2014, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2013.09.008>.

ARAUS, J.L.; SERRET M.D.; EDMEADES, G.O. Phenotyping Maize for adaptation to drought. **Frontiers in Physiology**, [s.l] v.3, p. 305, 2012, DOI: <https://doi.org/10.3389/fphys.2012.00305>.

CAIRNS, J.E.; SANCHEZ, C.; VARGAS, M.; ORDOÑEZ, R.; ARAUS, J.L. Dissecting Maize Productivity: Ideotypes Associated with Grain Yield under Drought Stress and Well-watered Conditions. **Journal of Integrative Plant Biology**, Beijing, n. 54, v. 12, p. 1007-1020, 2012, DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7909.2012.01156.x>.

CANDIAGO, S.; REMONDINO, F.; DE GIGLIO, M.; DUBBINI, M.; GATTELLI, M. Evaluating multispectral images and vegetation indices for precision farming applications from UAV images. **Remote sensing**, Basileia, v. 7, n. 4, p. 4026-4047, 2015, DOI: <https://doi.org/10.3390/rs70404026>.

CARVALHO, L.P.; FARIAS, F.J.C.; RODRIGUES, J.I.S.; CASTRO, K.S.; ZUFFO, A.M.; TEODORO, P.E. CARVALHO. Correlations and selection of parents to technological traits of upland cotton. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 49, n. 6, 2019, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20180701>.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. 4 ed. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012.

DODSON-SWENSON, HG; TRACY, WF. Endosperm carbohydrate composition and kernel characteristics of shrunken2-intermediate (sh2-i/sh2-i Su1/Su1) and shrunken2-intermediate-sugary1-reference (sh2-i/sh2-i su1-r/su1-r) in sweet corn. **Crop Science**, [s.l] v. 55, n. 6, p. 2647-2656, 2015, DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.03.0188>.

EPSKAMP, S.; CRAMER, A. O. J.; WALDORP, L. J.; SCHMITTMANN, V. D.; BORSBOOM, D. qgraph: Network visualizations of relationships in psychometric data. **Journal of Statistical Software**, Innsbruck, v. 48, n. 4, p. 1-18, 2012.

FERNANDEZ-GALLEGOS, J.A.; KEFAUVER, S.C.; GUTIÉRREZ, N.A.; NIETO-TALADRIZ, M.T.; ARAUS, J.L. Wheat ear counting in-field conditions: high throughput and low-cost approach using RGB images. **Plant Methods**, Melbourne, v. 14, n. 1, p. 22, 2018, DOI: <https://doi.org/10.1186/s13007-018-0289-4>.

FERREIRA, E.B., CAVALCANTI, P.P., NOGUEIRA, D.A. **ExpDes.pt: Experimental Designs pacakge (Portuguese)**. R package version 1.1.2, 2013.

FRITSCHE-NETO, R.; BORÉM, A. **Fenômica: como a fenotipagem de próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas**. 1 ed. Viçosa, MG: UFV, 2016.

GITELSON, A.A.; KAUFMAN, Y.J.; STARK, R.; RUNDQUIST, D. Novel algorithms for remote estimation of vegetation fraction. **Remote sensing of Environment**, [s.l.], v. 80, n. 1, p. 76-87, 2002, DOI: [https://doi.org/10.1016/S0034-4257\(01\)00289-9](https://doi.org/10.1016/S0034-4257(01)00289-9).

GRACIA-ROMERO, A.; VERGARA-DÍAZ, O.; THIERFELDER, C.; CAIRNS, J.E.; KEFAUVER, S.C.; ARAUS, J.L. Phenotyping conservation agriculture management effects on ground and aerial remote sensing assessments of maize hybrids performance in Zimbabwe. **Remote Sensing**, Basiléia, v. 10, n. 2, p. 349, 2018, DOI: <https://doi.org/10.3390/rs10020349>.

HINOJOSA, L. KUMAR, N.; GILL, K.S.; MURPHY, K.M. Spectral reflectance indices and physiological parameters in quinoa under contrasting irrigation regimes. **Crop Science**, Madison, v. 59, n. 5, p. 1927-1944, 2019.

HUANG, J.; LIAO, H.; ZHU, Y.; SUN, J.; SUN, Q.; LIU, X. Hyperspectral detection of rice damaged by rice leaf folder (*Cnaphalocrocis medinalis*). **Computers and electronics in agriculture**, [s.l.], v. 82, p. 100-107, 2012, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.compag.2012.01.002>.

KWIATKOWSKI, A.; CLEMENTE, E. Características do milho doce (*Zea mays L.*) para industrialização. **Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial**, Ponta Grossa, v. 1, n. 2, p. 93-103, 2007.

LUZ, J.M.Q.; CAMILO, J.S.; BARBIERI, V.H.B.; RANGEL, R.M.; OLIVEIRA, R.C. Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 32, n.2, p. 163-167, 2014.

MAKANZA, R.; ZAMAN-ALLAH, M.; CAIRNS, J.E.; MAGOROKOSHO, C.; TAREKEGN, A.; OLSEN, M.; PRASANNA, B.M. High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. **Remote Sensing**, Basiléia, v. 10, n. 2, p. 330, 2018 (a), DOI: <https://doi.org/10.3390/rs10020330>.

MAKANZA, R.; ZAMAN-ALLAH, M.; CAIRNS, J.E.; EYRE, J.; BURGUEÑO J.; PACHECO, A.; DIEPENBROCK, C.; MAGOROKOSHO, C.; TAREKEGNE, A.; OLSEN, M.; PRASANNA, B.M. High-throughput method for ear phenotyping and kernel weight estimation in maize using ear digital imaging. **Plant Methods**, Melbourne, v. 14, n. 1, p. 49, 2018 (b), DOI: <https://doi.org/10.1186/s13007-018-0317-4>.

MILLER, N.D.; HAASE, N.J.; LEE, J.; KAEPPLER, S.M.; LEON, N.; SPALDING, E.P. A robust, high-throughput method for computing maize ear, cob, and kernel attributes automatically from images. **The Plant Journal**, Oxford, v. 89, n. 1, p. 169-178, 2017, DOI: <https://doi.org/10.1111/tpj.13320>.

MORTELE, L.M.; BRACCINI, A.L.; SCAPIM, C.A.; PINTO, R.J.B.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Euphytica**, [s.l.], v. 185, n.1, p. 337-347, 2012. DOI: 10.1007/s10681-011-0458-2.

PEREIRA FILHO, I. A.; TEIXEIRA, F. F. **O cultivo do milho-doce**. 1 ed. Brasília, DF: Embrapa, 2016.

RAHAMAN, M.M.; CHEN, D.; GILLANI, Z.; KLUKAS, C.; CHEN, M. Advanced phenotyping and phenotype data analysis for the study of plant growth and development. **Frontiers in Plant Science**, [s.l.], v. 6, p. 619, 2015, DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00619>.

RESENDE, M.D.V.; LOPES, P.S.; SILVA, R.L.; PIRES, I.E. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 56, p. 63, 2008.

REZENDE, W.S.; BRITO, C.H.; BRANDÃO, A.M.; FRANCO, C.J.F.; FERREIRA, M.V.; FERREIRA, A.S. Desenvolvimento e produtividade de grãos de milho submetido a níveis de desfolha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 3, p. 203-209, 2015, DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2015000300003>.

RIBEIRO, R.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; SILVA, T.R.C.; PENA, G.F. Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 1417-1423, 2012.

ROUSE, J.W.; HAAS, R.H.; SCHELL, J.A.; DEERING D.W. Monitoring vegetation systems in the Great Plains with ERTS. In: **Proceedings of the Third ERTS Symposium**, NASA: Washington, DC, USA; NASA SP-351; p. 309–317, 1973.

R TEAM, R.C. **R: A language and environment for statistical computing**. 2013.

TOPP, C.N.; IYER-PASCUZZI, A.S.; ANDERSON, J.T.; LEE, C.; ZUREK, P.R.; SYMONOVA, O.; ZHENG, Y.; BUCKSCH, A.; MILEYKO, Y.; GALKOVSKYI, T.; MOORE, B.T.; HARER, J.; EDELSBRUNNER, H.; MITCHELL-OLDS, T.; WEITZ, J.S.; BENFEY, P.N. 3D phenotyping and quantitative trait locus mapping identify core regions of the rice genome controlling root architecture. **PNAS – Proceedings of the National**

Academy of Sciences, Washington, v. 110, n. 18, p. E1695-E1704, 2013, DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1304354110>.

TUCKER, C.J. Red and Photographic Infrared Linear Combinations for Monitoring Vegetation. **Remote Sensing of Environment**, [s.l], v.8, n.1, p.127-150, 1979.

VERGARA-DÍAZ, O.; ZAMAN-ALLAH, M.A.; MASUKA, B.; HORNERO, A.; ZARCO-TEJADA, P.; PRASANNA, B.M.; CAIRNS, J.E.; ARAUS, J.L. A Novel Remote Sensing Approach for Prediction of Maize Yield Under Different Conditions of Nitrogen Fertilization. **Frontiers in Plant Science**, [s.l], v.7, n.1, p.1-13, 2016, DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00666>.

VITTORAZZI, C., AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; SILVA, T.R.C. Selecting pre-cultivars of popcorn maize based on nonparametric indices. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 44, n. 2, p. 356-362, 2013.

ZAMAN-ALLAH, M.; VERGARA-DÍAS, O.; ARAUS, J.L.; TAREKEGNE, A.; MAGOROKOSHO, C.; ZARCO-TEJADA, P.J.; HORNERO, A.; ALBÀ, A.H.; DAS, B.; CRAUFURD, P.; OLSEN, M.; PRASANNA, B.M.; CAIRNS, J. Unmanned aerial platform-based multi-spectral imaging for field phenotyping of maize. **Plant Methods**, Melbourne, v.11, n.35, p.2-10, 2015, DOI: <https://doi.org/10.1186/s13007-015-0078-2>.

ZHANG, J.; NAIK, H.S.; ASSEFA, T.; SARKAR, S., REDDY, R.V.C.; SINGH, A.; GANAPATHYSUBRAMANIAN, B.; SINGH, A.K. Computer vision and machine learning for robust phenotyping in genome-wide studies. **Scientific Reports**, Londres, v.7, n.1, p. 1-11, 2017, DOI: <https://doi.org/10.1038/srep44048>.