



DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MILHO A PARTIR DE CARACTERES MORFO-AGRÔNICOS

Jéssica de Carvalho Martelli Miura⁽¹⁾, Liliam Silvia Candido⁽²⁾, Lívia Maria Chamma Davide⁽³⁾, Priscila Carvalho da Silva⁽⁴⁾, Natany Kellen da Silva⁽⁵⁾, Natasha Rios Leite⁽⁶⁾, Adriano dos Santos⁽⁷⁾

Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é um conhecido cereal, cultivado em grande parte do mundo, e extensivamente utilizado como alimento humano e ração animal, devido às suas qualidades nutricionais. É considerado como uma das principais culturas agrícolas brasileira. Em Mato Grosso do Sul, representa a segunda maior cultura de grãos, sendo cultivado em grande escala no período de 2ª safra. De acordo com a CONAB (2013), a produtividade média do milho safrinha no estado foi cerca de 5.100 kg ha⁻¹, bem próxima a média nacional de 5.132 kg ha⁻¹.

A cultura do milho safrinha é uma importante alternativa econômica para o estado, sobretudo nas regiões sul e sudoeste. O cultivo do mesmo tem evoluído, tornando-se uma atividade com alta renda para a economia. Dessa forma, a inclusão de um programa de melhoramento genético da cultura, que vise à obtenção de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas da safrinha nessas regiões é fundamental quando se pensa em incremento da produção de grãos.

Para isso torna-se fundamental o conhecimento da divergência genética entre os genótipos de uma população de trabalho, uma vez que possibilita a quantificação da variabilidade, além de fornecer parâmetros para escolha de genitores que, ao serem

¹Graduanda em Biotecnologia, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. jemartelli@gmail.com

²Bióloga, Dra., Professora da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. liliamcandido@ufgd.edu.br

³Engenheira-Agrônoma, Dra., Professora da Faculdade de Ciências Agrárias, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. liviadavide@ufgd.edu.br

⁴Graduanda em Biotecnologia, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. priscilamartinsborges@hotmail.com

⁵Graduanda em Biotecnologia, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. nah.33@hotmail.com

⁶Graduanda em Biotecnologia, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. natasha_riosleite@hotmail.com

⁷Engenheiro-Agrônomo, Mestrando, Faculdade de Ciências Agrárias, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. adriano.agro84@yahoo.com.br



cruzados, possibilitem maior efeito heterótico na progênie, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes. Tais estimativas são de grande utilidade nos programas de melhoramento e também na escolha de genitores para mapeamento de genes (BUZAR et al., 2007).

A quantificação da diversidade genética pode fundamentar-se em informações agronômicas, morfológicas, bioquímicas ou moleculares (MOHAMMADI e PRASANNA, 2003). A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética, tem se tornado comum entre os melhoristas de plantas, em diferentes espécies, a exemplo do milho, no trabalho de Simon et al. (2012). Entre os diversos métodos propostos para análise, os mais utilizados no melhoramento de plantas tem sido os métodos de agrupamento hierárquicos e o de otimização de Tocher, bem como a análise por variáveis canônicas. Nos métodos hierárquicos, os indivíduos são agrupados em vários níveis até que seja constituído um dendrograma, ou diagrama de árvore (CRUZ et al., 2004). No método de otimização proposto por Tocher, é adotado o critério de manter a distância média intragrupos sempre inferior a qualquer distância intergrupos (RAO, 1952). Já a análise por variáveis canônicas possibilita a identificação de indivíduos similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais (CRUZ et al., 2004).

Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética, aferida por caracteres morfológicos e componentes da produção de 40 progênies S_2 de milho, avaliadas na safrinha, em Dourados-MS, visando à identificação de genótipos promissores para utilização em programa de melhoramento genético.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido na safrinha/2013, na área experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizada na latitude 22° 14' 02" S, longitude de 54° 59' 17" W e 406 metros de altitude. O clima da região é classificado como do tipo Cwa (Köppen), ou seja, clima mesotérmico úmido com verões quentes e invernos secos, apresentando precipitação média acumulada de 1427 mm.

Foram avaliadas 40 progênies S_2 , obtidas de diferentes populações. Cada progênie foi semeada em uma parcela de 5 m, com espaçamento de 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. O preparo de solo foi realizado no sistema convencional com uma aração e uma



gradagem. A vegetação espontânea foi controlada através de capinas. Para obtenção do estande recomendado foi realizado o desbaste.

Foram avaliadas 10 características morfo-agronômicas: número de folhas acima (NFAE) e abaixo (NFABE) da espiga superior; altura da planta (AP), medido do solo até a inserção da folha bandeira, em cm; altura de espiga (AE), medido do solo até a inserção da espiga superior, em cm; diâmetro do colmo (DC), medido com auxílio de paquímetro, acima da espiga superior, em mm; diâmetro de espiga (DE), medido com paquímetro, em mm; comprimento de espiga (CE), medido com régua, em cm; número de fileira de grãos na espiga (NFGE); massa de cem grãos (MCG), em g e produtividade de grãos (PROD), corrigido para o estande ideal, em kg/ha⁻¹.

Primeiramente, foram realizadas análises de variâncias individuais das 10 características. No estudo de divergência genética, foram utilizados os métodos de agrupamento de Tocher e hierárquico da distancia média (UPGMA) e a análise baseada em variáveis canônicas, todos fundamentados na distância generalizada de Mahalanobis, como medida de dissimilaridade. As análises foram realizadas com o auxílio do software genético-estatístico Genes (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

Houve efeito significativo, pelo teste F, para todas as características avaliadas, exceto para o NFAE, indicando a presença de variabilidade entre as progênies, o que favoreceu a expressão das diferenciações genéticas entre os genótipos avaliados.

Utilizando o método de Tocher para o agrupamento foram encontrados 6 grupos, sendo que os genótipos que fazem parte do mesmo grupo apresentam similaridade genética entre os mesmos (Tabela 1). O grupo I, foi formado por 18 genótipos, o qual destacou-se por apresentar um maior número de genótipos, indicando que 45% das progênies, estiveram contidos no mesmo grupo. O grupo II apresentou treze genótipos, o grupo III apresentou cinco genótipos, o IV contou com dois genótipos e os grupos V e VI com um genótipo cada. De acordo com Vieira et al. (2005) grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que tais indivíduos sejam mais divergentes em relação aos demais. Isto facilita a projeção dos trabalhos de melhoramento, encontrando-se genótipos distintos para futuros cruzamentos. Assim, de acordo com o agrupamento de



Tocher os genótipos dos grupos V e VI, podem ser utilizados em cruzamentos com qualquer genótipo dos outros grupos obtendo-se assim potenciais híbridos para o desenvolvimento futuro de cultivares, por serem resultantes de genitores contrastantes.

Tabela 1. Agrupamento de 40 progênies de milho pelo método de otimização de Tocher.

| Grupos | Linhagens | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|--------|-----------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|---|----|----|----|---|--|
| I | 19 | 29 | 33 | 2 | 24 | 14 | 18 | 25 | 11 | 37 | 23 | 1 | 9 | 3 | 22 | 10 | 40 | 6 | |
| II | 13 | 27 | 5 | 30 | 36 | 26 | 16 | 21 | 4 | 17 | 31 | 15 | 20 | | | | | | |
| III | 7 | 28 | 38 | 32 | 8 | | | | | | | | | | | | | | |
| IV | 12 | 35 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| V | 34 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| VI | 39 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

Nos resultados obtidos por meio da avaliação por variáveis canônicas também foram encontrados 6 grupos de genótipos similares (Figura 1). Foi possível perceber grupos idênticos aos formados pelo método de Tocher (Tabela 1), a exemplo dos agrupamentos G4 com as progênies 12 e 35, e o G6 formado pela progênie 34, correspondendo ao grupo V, de Tocher. Outro resultado similar foi o grupo III de Tocher que é correspondente ao grupo G2 somado ao G3, formado pelas variáveis canônicas.

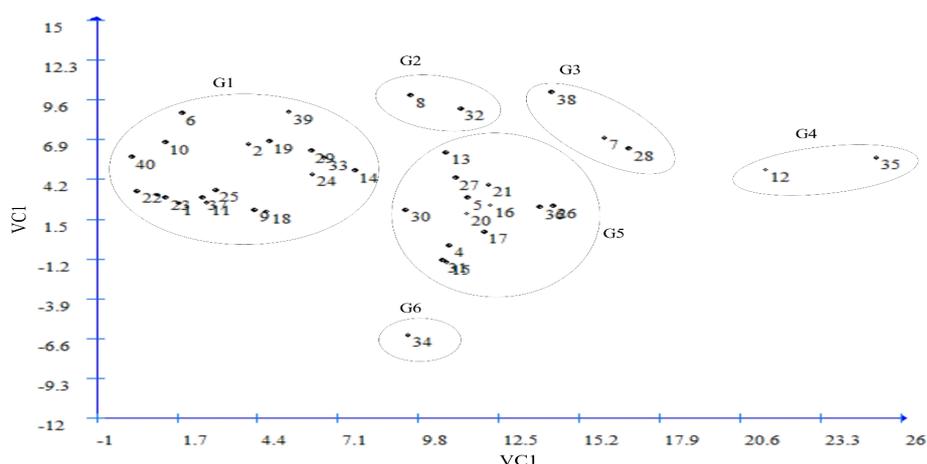


Figura1. Dispersão de escores de 40 progênies de milho em relação a duas variáveis canônicas (VC1, VC2), tendo como base a avaliação de características morfo-agronômicas.

Cruzamentos entre linhagens de grupos distintos em relação a duas variáveis canônicas resultarão em genitores que apresentarão a maior exploração da heterose, e a



distancia de um grupo para o outro contribuirá ainda mais para este resultado, de acordo com Cruz et al. (2004).

Na avaliação dos grupos formados por meio da técnica de agrupamento hierárquico UPGMA, observou-se a formação de cinco grupos. O primeiro grupo foi constituído pela progênie 35, o segundo pela progênie 12, ficando estes isolados dos demais. O terceiro grupo foi constituído pelas progênies 38, 28 e 7, o quarto pelas progênies 21, 36, 8, 26, 17, 16, 32, 13, 20, 27, 5; e o quinto pelas demais progênies (Figura 2).

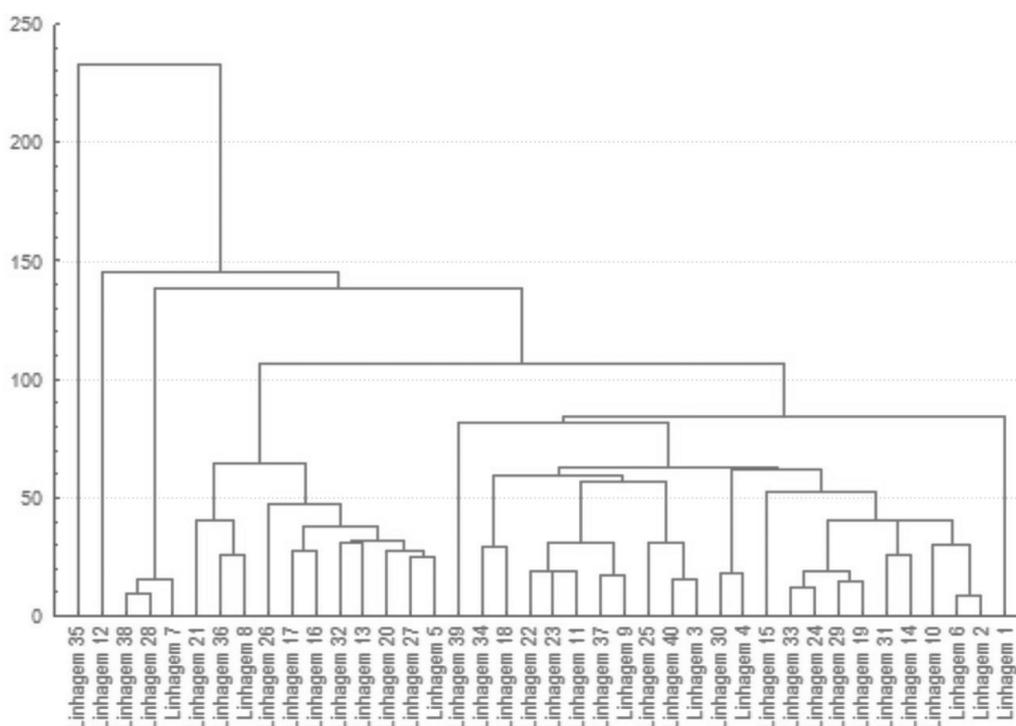


Figura 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 40 progênies estudadas, obtidas pela ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Correlação cofenética (0,77).

Com relação à distância máxima de D2 obtida entre todas as possíveis combinações de cada uma das progênies estudadas, observou-se que todas as progênies apresentaram suas respectivas D2 máximas quando combinados com a progênie 35, indicando ser a mais divergente em relação às outras. Este resultado foi diferente dos obtidos nos outros métodos, uma vez que agruparam a progênies 35 juntamente com a 12. Pelo método de UPGMA, a linhagem 34 foi agrupada como uma das mais divergente, juntamente com a progênie 39, no grupo que conteve o maior número de genótipos.



Conclusões

Existe variabilidade genética entre as progênies, de acordo com as características morfo-agronômicas avaliadas.

Os métodos de agrupamentos foram eficientes em representar a distância genética entre as progênies avaliadas e foram parcialmente concordantes formando grupos similares.

As progênies 34, 12 e 35 são as mais promissoras para incremento de variabilidade genética, e indicadas para cruzamentos com outras progênies.

Referências

BUZAR, A. G. R.; OLIVEIRA V. R.; BOITEUX L. S. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 4, p. 513-518, 2007.

CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2012/2013** – Décimo Segundo Levantamento – Setembro/2013. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_09_10_16_05_53_boletim_portugues_setembro_2013.pdf>. Acesso em: 02 de Outubro de 2013.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume 1**. Viçosa-MG: UFV, 2004, 480 p.

MOHAMMADI, A.S. and PRASANNA, B.M. Analysis of genetic diversity in crop plantssalient statistcal tools and considerations. **Crop Science** 43: 1235-1248, 2003.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390p.

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina**. v. 33, n. 2, p. 449-458, 2012

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; FALEIRO, F. G.; FUKUDA; W. M. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11., 2005, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Embrapa. 1 CD-ROM.