



Diversidade genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) a partir de caracteres morfoagronômicos

Angelo Gabriel Mendes Cordeiro^{1,*}, Joameson Antunes Lima¹, Guilherme Ferreira Pena¹, Ana Aparecida Bandini Rossi¹, Vicente de Paulo Campos Godinho² e Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães³

¹ Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular da Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado. Alta Floresta – MT.

² Pesquisador da Embrapa Rondônia, Vilhena – RO.

³ Pesquisador Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas – MG.

*Autor Correspondente: angelo.gabriel@unemat.br

Recebido: 16/09/2019; Aceito: 15/09/2021.

Resumo: O milho (*Zea mays* L.) possui uma grande diversidade de tipos e raças, sendo que os híbridos comerciais apresentam-se como uma boa alternativa para o cultivo, devido ao longo processo de melhoramento, inerente ao seu desenvolvimento. O êxito dos programas de melhoramento depende, principalmente, da variabilidade genética, sendo esta explorada pelo inter cruzamento dos genótipos mais divergentes. O presente trabalho teve por objetivo avaliar a divergência genética, por meio de caracteres morfoagronômicos, de 36 híbridos de milho cultivados nas regiões norte de Mato Grosso e sudeste de Rondônia. As características analisadas, em delineamento experimental do tipo látice 6x6, com duas repetições e em três ambientes foram: florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de espigas (NE), produtividade dos grãos (PG) e massa do sabugo (MS). Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa computacional GENES. A partir da utilização do método de otimização de Tocher foi possível observar a formação de sete grupos, sendo que o grupo 1 reuniu o maior número de genótipos. Com base no método de agrupamento UPGMA foram formados três grupos, sendo que o grupo 1 reuniu 34 genótipos. AP e PG foram as características que apresentaram maior e menor contribuição relativa para diversidade, respectivamente. Os genótipos 7 e 25 ficaram isolados em ambos os métodos de agrupamento, assim como no gráfico de representação das distâncias, apresentando maior divergência genética e, tornando-os mais indicados para formação de grupos heteróticos divergentes em futuros programas de melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: Distância genética; UPGMA; Tocher; Melhoramento genético.

Genetic diversity among maize genotypes (*Zea mays* L.) based on agronomic traits

Abstract: Maize (*Zea mays* L.) has a great diversity of types and races, being that the commercial hybrids are a good alternative for the growth, due to the long breeding process inherent to its development. The success of breeding programs depends mainly of genetic variability, which is exploited by the crossbreed between of the most divergent genotypes. The present work aimed to evaluate the genetic divergence, through agronomic traits, of 36 corn hybrids cultivated in the northern of Mato Grosso and southeast of Rondônia. The characteristics analyzed, in a square lattice (6x6) design with two replications and three environments were: female flowering (FF), plant height (PH), ear height (EH), number of ears (NE), yield grains (YG) and cob mass (CM). All analyzes were realized using the GENES statistical program. From the Tocher optimization method, it was possible to observe the formation of seven groups, with group 1 having the largest number of genotypes. Based on the UPGMA grouping method, three groups were formed, and group 1 gathered 34 genotypes. PH and YG were the traits that presented the highest and lowest relative contribution to diversity, respectively. The genotypes 7 and 25 were isolated in both grouping methods, as well as in the in the graphic representing the distances, showing greater genetic divergence, making them more suitable for the formation of divergent heterotic groups in future genetic breeding programs for the species.

Key-words: Genetic distance; UPGMA; Tocher; Crop Breeding.

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) possui uma grande variedade de tipos e raças, sendo uma das espécies de maior variabilidade genética entre as plantas cultivadas (PATERNIANI et al., 2000). Com isso, verifica-se uma variação considerável nos tipos de sementes disponíveis no mercado, que vão desde variedades de polinização aberta com baixo custo e menor potencial produtivo até híbridos simples de alto rendimento. Uma das formas de explorar o vigor híbrido de materiais superiores em programas de melhoramento genético de milho consiste em obter linhagens parcialmente endogâmicas (S2 ou S3) de genótipos que apresentam divergência genética considerável e, explorar assim a capacidade combinatória dessas progênies em ensaios dialélicos ou de topcross. Deste modo, a utilização de híbridos comerciais é uma boa alternativa, pois são adaptados, estáveis e apresentam elevada produtividade média, devido ao longo processo de melhoramento e à pressão de seleção durante as etapas de seu desenvolvimento (ALBUQUERQUE et al., 2008; PFANN et al., 2009).

Uma forma segura de se obter êxito em um programa de melhoramento quase sempre está associada à variabilidade genética de suas populações base, sendo esta maximizada pelo intercruzamento dos genótipos mais divergentes e selecionada por meio de avaliações fenotípicas das características agrônômicas de interesse (ERTIRO et al. 2013). Para estimar a divergência genética, entre indivíduos ou populações, são utilizados modelos biométricos, normalmente analisados por métodos estatísticos multivariados, com informações múltiplas de cada acesso, expressas em medidas de dissimilaridade (SUDRÉ et al., 2005). Dentre as medidas de dissimilaridade, destaca-se a distância generalizada de Mahalanobis (1936), pois esta leva em consideração as médias e as covariâncias das características avaliadas.

Dentre as formas de utilizar as distâncias genéticas entre os acessos para inferir sobre a diversidade genética dos mesmos, as metodologias de agrupamento são muito utilizadas e buscam reunir genótipos com característica similares dentro de um determinado grupo e os genótipos mais divergentes em grupos distintos. Dois dos métodos de agrupamento usados de maneira recorrente em estudos de diversidade são o UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages) e o de otimização de Tocher. O primeiro citado trata-se de um método hierárquico que faz a aproximação levando em consideração os pares de genótipos mais próximos, o segundo método apresenta a distância média dentro dos grupos sempre menor que a distância média entre os grupos, ou seja, há mais homogeneidade entre os acessos a serem alocados em um mesmo grupo. (CRUZ & REGAZZI 1994; CRUZ & CARNEIRO 2006; KOPP et al. 2007).

A análise da divergência genética é importante para o conhecimento da variabilidade das populações, pois esta fornece parâmetros para escolha acertada de genitores que, ao serem transmitidos para progênie, aumentam as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes, sendo que, tais estimativas são de grande utilidade nos programas de melhoramento (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Diante do exposto, o presente trabalho teve por objetivo avaliar a divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos de 36 híbridos de milho cultivados nas regiões Norte de Mato Grosso e Sudeste de Rondônia).

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em três locais, sendo o primeiro ambiente implantado na cidade de Vilhena-RO, no campo experimental da Embrapa, nas coordenadas 60° 09' 38" longitude oeste e 12° 78' 98" latitude sul, com temperatura média aproximada de 25.2 °C e precipitação pluviométrica de 2465 mm. O segundo ambiente, localizado na zona rural do município de Alta Floresta - MT, nas coordenadas geográficas 56° 06' 52" longitude oeste e 9° 87' 30" latitude sul, com temperatura média anual aproximada de 26.3 °C, com precipitação pluviométrica aproximada de 3032 mm. O terceiro e último ambiente foi conduzido na cidade de Carlinda-MT, entre as coordenadas geográficas de 55° 49' 52" longitude oeste e 09° 49' 52" latitude sul, apresenta médias de temperatura de 26.4°C e pluviosidade de 3014 mm. Todos os dados climáticos foram obtidos segundo a classificação de Köppen, atualizados por Alvares et al. (2013).

Os tratamentos foram realizados com 36 híbridos simples que fazem parte do ensaio elite centro-oeste e norte 2017/2018, pertencentes ao Centro Nacional de Milho e Sorgo (CNMS/Embrapa) de Sete Lagoas-MG. Para cada um dos 3 ambientes foram conduzidos experimentos em látice quadrado (6x6), em 2 repetições, totalizando 144 parcelas experimentais, uma vez que cada parcela foi composta de duas fileiras. As fileiras tiveram quatro metros de comprimento, espaçadas em 0.7 m.

Antes da instalação dos experimentos foi realizado o preparo do solo para a homogeneização e nivelamento da área. Foram realizadas duas adubações, uma de fundação, no momento da semeadura (350 kg.ha⁻¹ de N-P-K 8-28-16) e duas adubações de cobertura (200 kg.ha⁻¹ de N-P-K 20-00-20 e 200 kg.ha⁻¹ de uréia 45%), aplicados aos 20

e 30 dias após o plantio, respectivamente. Os tratos culturais, bem como o controle de pragas e doenças foi realizado de acordo com recomendações da cultura para a região.

Na semeadura foram utilizadas 20 sementes por fileira em profundidade de 0.05 m, espaçadas a 0.2 m entre plantas. Aos 21 dias da emergência das plântulas foi efetuado o desbaste, permanecendo apenas as plantas mais vigorosas, perfazendo um stand de 40 plantas por parcela.

As características avaliadas foram: FF - florescimento feminino (50% das plantas com emissão de estilo-estigma), AP - altura da planta da base até a folha bandeira, em centímetros, AE - altura de espiga, da base da planta até a inserção da primeira espiga, em centímetros, NE - número de espigas; PG - produtividade dos grãos, peso dos grãos debulhados, em g/parcela-1, e MS - massa do sabugo. Para estas duas últimas características, foi realizado o método de correção de stand, a partir da análise de covariância, com correção para stand ideal (SCHMILDT, 2001), além disso ambas foram corrigidas para 13% de umidade, conforme a fórmula a seguir:

$$P(13\%) = (P_i \cdot (100 - U))/87, \text{ onde:}$$

P (13%) = Peso corrigido a 13% de umidade;

P_i = Peso de grãos inicial; e

U = Umidade dos grãos no momento da pesagem.

Foi realizada a análise de variância conjunta para os três ambientes, onde foram obtidos as médias, o quadrado médio e o coeficiente de variação para cada uma das seis características estudadas. A partir da distância generalizada de Mahalanobis (D²), como medida de dissimilaridade, foi obtida a matriz de distâncias genéticas. A partir destas, para o estabelecimento de grupos, foi aplicado o método aglomerativo de otimização proposto por Tocher e também o método hierárquico UPGMA, além do gráfico de projeção de distâncias e, por fim, foram calculadas as medidas de contribuição relativa dos caracteres morfoagronômicos para a diversidade (Singh, 1981). Todas as análises foram realizadas através do programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância, bem como os valores do quadrado médio, média e os coeficientes de variação para cada um dos caracteres morfoagronômicos avaliados estão expostos na Tabela 1.

Tabela 1. Quadrado médio (QM), média e coeficiente de variação (CV) das seis características avaliadas nos 3 ambientes.

	PG	NE	AE	MS	FF	AP
QM	1000234,89	72,64	532,75	303897,61	43,15	746,92
Média	5694,17	35,70	122,61	1146,73	56,45	253,05
CV (%)	9,25	13,21	7,49	24,35	7,36	3,61

O mais baixo coeficiente de variação encontrado foi para o caracter altura da planta (3,61%). Segundo Pimentel-Gomes (1985), o CV é considerado baixo desde que os valores sejam inferiores a 10% e isso pode ser conferido para a maioria dos caracteres morfoagronômicos (PG, AE, FF e AP), atribuindo a elas uma elevada precisão experimental. Ainda segundo Pimentel-Gomes (1985), valores entre 10% e 20% e entre 20% e 30% são considerados médios e altos, respectivamente, podendo assim classificar o número de espigas (NE) e a massa do sabugo (MS) obtidos (Tabela 1). Os resultados expostos acima são bem próximos aos obtidos por Toebe et al. (2014). Estes, em estudos com milho híbrido simples, duplos e triplos, em duas safras diferentes, também constataram coeficientes de variação menores para AP e AE e elevados quando referidos a MS.

De acordo com o método de otimização de Tocher, para os 36 genótipos de milho foi possível observar a formação de sete grupos (Tabela 2). O grupo 1 destacou-se por reunir um maior número de genótipos, com cerca de 64,4% das cultivares. Deste modo, os genótipos presentes no mesmo grupo apresentam similaridade genética, evidenciando um certo padrão entre a maioria dos cultivares híbridos avaliados. O grupo 2 reuniu seis genótipos, já os demais grupos reuniram apenas um genótipo cada. De acordo com Barros et al. (2005), a formação de grupos com apenas um genótipo evidencia que estes sejam divergentes em relação aos demais, o que reforça a presença de divergência genética entre os híbridos presentes nos grupos 3, 4, 5, 6 e 7, e entre os genótipos presentes nos grupos 1 e 2.

A detecção de genótipos divergentes em populações de milho é essencial para o programa de melhoramento genético dessa cultura, pois possibilita identificar grupos heteróticos distintos geneticamente e que possam ser utilizados em programas de obtenção de linhagens.

Tabela 2. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher dos 36 híbridos avaliados.

Grupos	Genótipos
1	13; 33; 21; 9; 36; 29; 30; 5; 4; 22; 11; 12; 6; 3; 34; 31; 14; 24; 28; 2; 8; 17; 15; 26; 16
2	27; 35; 23; 20; 32; 10
3	19
4	1
5	25
6	18
7	7

O método de agrupamento UPGMA realizado possibilitou a formação de três grupos após o corte com base no método de Mojena (1977). Os genótipos 7 e 25 foram os mais divergentes, formando os grupos 2 e 3 respectivamente, divergindo do grupo 1 que agrupou 94,4% dos genótipos totais. Entre os indivíduos alocados no grupo 1, observa-se que os genótipos 13 e 33 foram os mais similares (apresentando na matriz de dissimilaridade uma distância de apenas 0,14 entre si). (Figura 1).

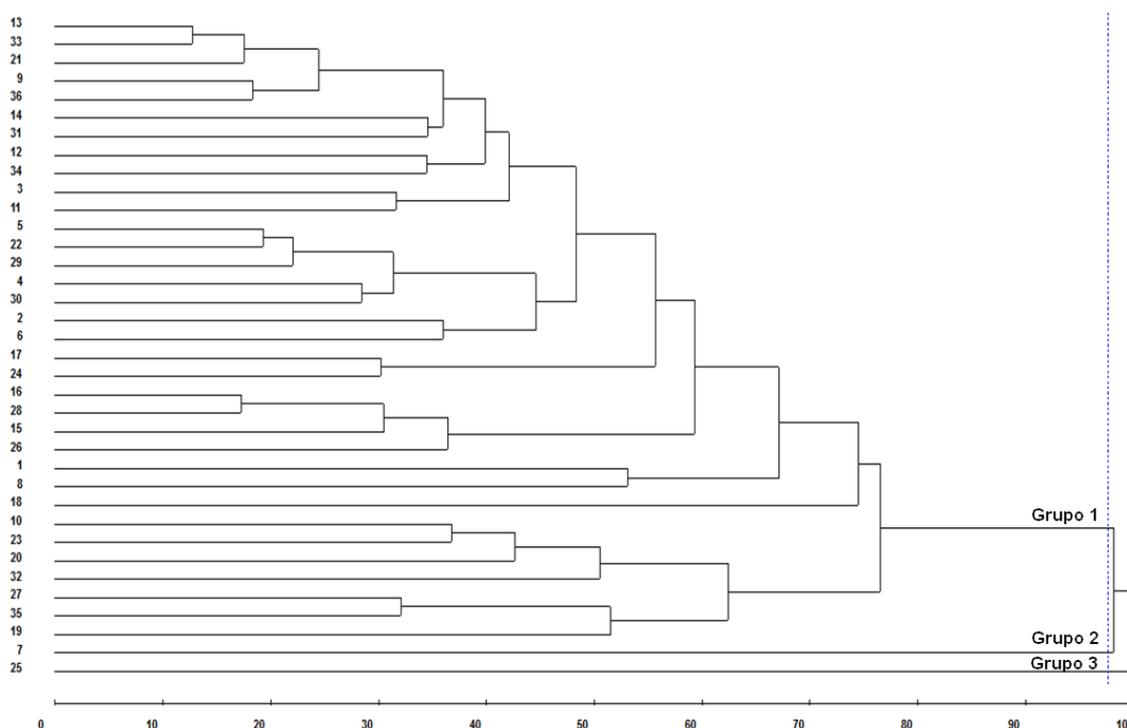


Figura 1. Agrupamento UPGMA com base na distância de Mahalanobis, para 36 genótipos de milho. Corte estabelecido de acordo com Mojena (1977). Coeficiente de Correlação Cofenético: CCC = 0,77.

Ao compararmos os dois métodos de agrupamento podemos notar que o "isolamento" dos genótipos 7 e 25 também foi identificado pelo método de Tocher (Tabela 2 e Figura 1), evidenciando que estes são genótipos mais divergentes entre os avaliados.

Utilizando a distância de Mahalanobis, como medida de distância genética entre os genótipos, com base nos seis caracteres morfoagronômicos, os híbridos foram projetados em um gráfico bidimensional (Figura 2), onde pode-se observar que os genótipos 7 e 24 foram os mais distantes geneticamente, corroborando com os resultados obtidos com os dois métodos de agrupamentos utilizados.

Bertan et al. (2006) afirma que há elevada concordância entre as técnicas de projeção bidimensional e o auxílio dos agrupamentos hierárquico UPGMA e de otimização de Tocher na discriminação dos genótipos mais

divergentes, fornecendo, portanto, subsídios para a realização de inferências mais seguras a respeito das distâncias entre os genótipos avaliados.

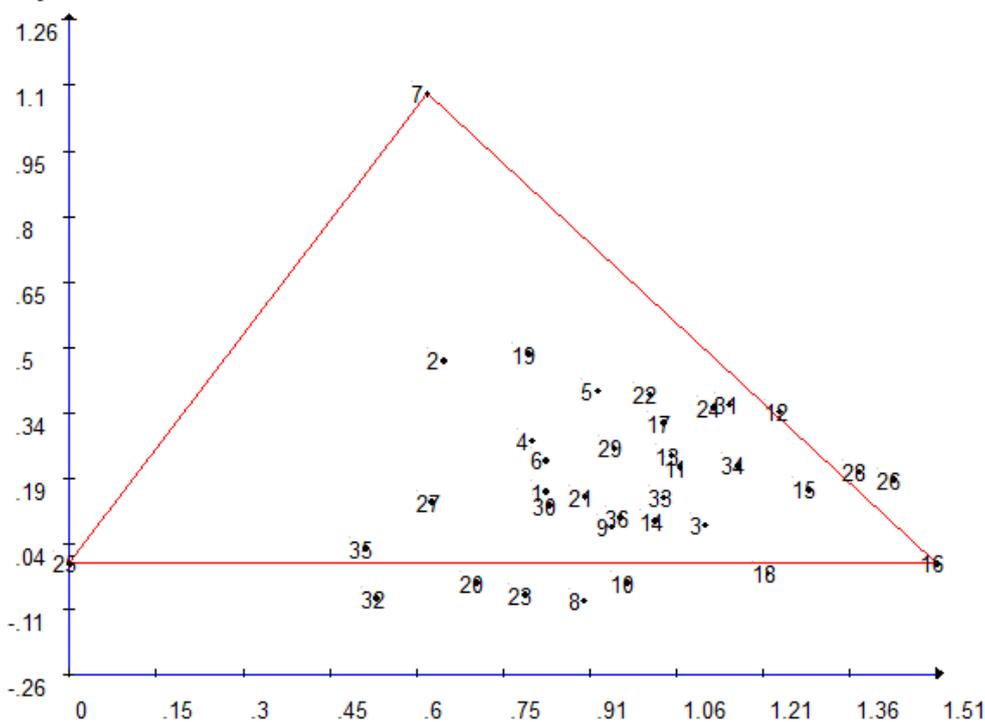


Figura 2. Projeção em espaço bidimensional das medidas de distâncias genéticas dos 36 híbridos avaliados.

Os valores da contribuição relativa de cada característica para a divergência genética estão apresentados na Figura 3. Entre as seis variáveis analisadas, a altura de planta foi a que mais contribuiu para a divergência, com pouco mais de 27%. Esses dados são semelhantes com os encontrados por Paixão et al. (2008) e Santos et al. (2017) que, ao analisarem a divergência entre genótipos de milho, constataram que a variável altura da planta contribuiu em maior proporção. Em contrapartida, a característica que apresentou a menor contribuição foi a produtividade dos grãos, com 10,76%. Alves et al. (2015), em trabalho sobre a divergência genética de milho transgênico também obteve em seus resultados a característica produtividade de grãos entre as variáveis com contribuições relativas mais baixas.

Silva et al. (2015) enfatizaram que o maior interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres está na possibilidade de se utilizar apenas características que mais contribuíram para discriminar os genótipos, diminuindo, neste sentido, mão-de-obra, tempo e custos despendidos na experimentação.

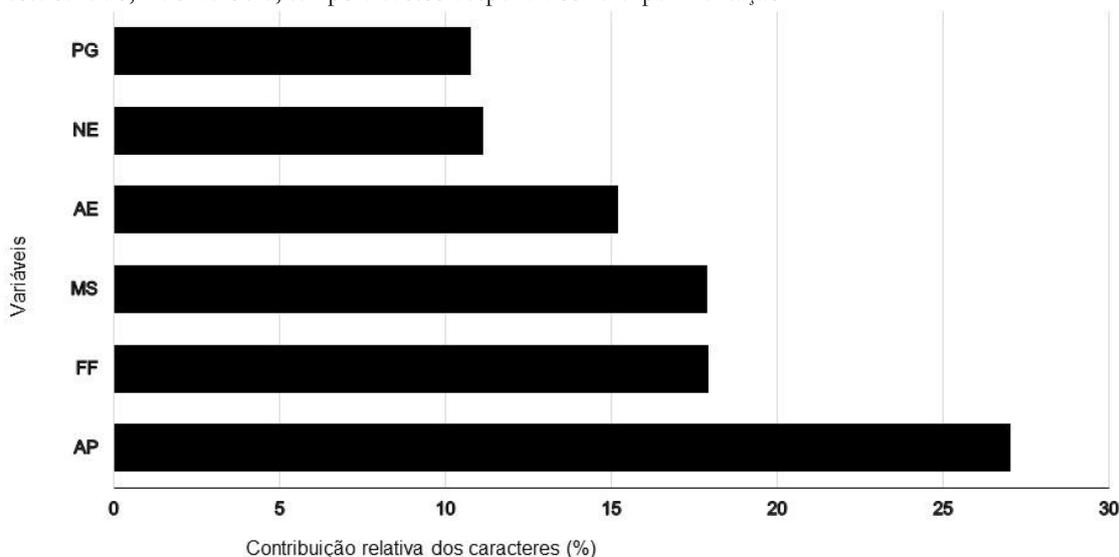


Figura 3. Contribuição relativa dos caracteres morfoagronômicos para diversidade, de acordo com o método de Singh (1981).

4. CONCLUSÕES

Os dois métodos de agrupamento foram capazes de evidenciar a dissimilaridade a partir das características morfoagronômicas para os 36 genótipos de milho híbrido.

O método de otimização de Tocher proporcionou a formação de um maior número de grupos em relação ao método hierárquico UPGMA, no entanto, houve certa concordância na definição dos genótipos mais divergentes.

A característica Altura da planta foi a que apresentou maior contribuição relativa para a diversidade.

Os genótipos 7 e 25 foram os que apresentaram maior divergência genética, sendo estes os mais indicados para uma possível utilização em programas de melhoramento genético da espécie em questão.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, C.J.B.; VON PINHO, R.G.; SILVA, R. Produtividade de híbridos de milho verde experimentais e comerciais. **Bioscience Journal**, v.24, n.2, p.69-76, 2008.
- ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, n.6, p.711-728, 2013.
- ALVES, B.M.; FILHO, A.C.; BURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L.P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, v.45, n.5, p.884-891, 2015.
- BARROS, A.M.; FALEIRO, F.G.; KARIA, C.T.; SHIRATSUCHI, L.S.; ANDRADE, R.P.; LOPES, G.K.B. Variabilidade genética e ecológica de *Stylosanthes macrocephala* determinadas por RAPD e SIG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, n.9, p.899-909, 2005.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VIEIRA, E.A.; HARTWIG, I.; SILVA, J.A.G.; SHIMIDT, D.A.M.; VALÉRIO, I.P.; BUSATO, C.C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.12, n.3, p.279-286, 2006.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora da UFV, p.585, 2003.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora da UFV. 2006.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora da UFV. 1994.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- ERTIRO, B.T.; TWUMASI-AFRIYIE, S.; BLÜMMEL, M.; FRIESEN, D.; NEGERA, D.; WORKU, M.; KITENGE, K. Genetic variability of maize stover quality and the potential for genetic improvement of fodder value. **Field Crops Research**, v.153, p.79-85, 2013.
- KOPP, M.M.; SOUZA, V.Q.; COIMBRA, J.L.M.; LUZ, V.K.; MARINI, N.; OLIVEIRA, A.C. Melhoria da correlação cofenética pela exclusão de unidades experimentais na construção de dendrogramas. **Revista da Faculdade de Zootecnia, Veterinária e Agronomia**, v.14, p.46-53, 2007.
- MAHALANOBIS, P.C. On the generalised distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Science**, v.2, p.49-55, 1936.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v.20, n.4, p.359-363, 1977.
- PAIXÃO, S.L.; CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P.V.; MADALENA, J.A.S, PEREIRA, R.G. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de Alagoas. **Revista Caatinga**, v.21, n.04, p.191-195, 2008.
- PATERNIANI, E.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: UDRY, C. W.; DUARTE, W. (Org.). **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15. p.11- 41, 2000
- PFANN, A.Z.; FARIA, M.V.; ANDRADE, A.A.; NASCIMENTO, I.R.; FARIA, C.M.D.R.; BRINGHENTTI, R.M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, v.39, n.3, p.635-641, 2009.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. Editora Nobel, p.467, 1985.
- ROTLI, E.A.; CANCELLIER, L.L.; DOTTO, M.A.; PELUZIO, J.M.; CARVALHO, E.V. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Ciência Agronômica**, v.43, n.3, p.516-521, 2012.
- SANTOS, W.F.; MACIEL, L.C.; SODRÉ, L.F.; SILVA, R.M.; AFFÉRI, F.S.; FREITAS, J.H.; SILVA, J. Diversidade genética em genótipos de milho para baixo nível tecnológico em Gurupi, TO. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v.11, n.2, p.21-24, jun. 2017.
- SCHMILDT, E.R.; CRUZ, C.D.; ZANUNCIO, J.C.; PEREIRA, P.R.G.; FERRÃO, R.G. Avaliação de métodos de correção do estande para estimar a produtividade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.8, p.1011-1018, 2001.

- SILVA, K.C.L.; SILVA, K.P.; CARVALHO, E.V.; ROTILI, E.A.; AFFÉRI, F.S.; PELUZIO, J.M. Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura. **Agro@ambiente On-line**, v.9, n.2, p.102-110, 2015.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.
- SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.22-27, 2005.
- TOEBE, M.; FILHO, A.C.; BURIN, C.; CASAROTTO, G.; HAESBAERT, F.M. Tamanho de amostra para estimação da média e do coeficiente de variação em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.49, n.11, p.860-871, 2014.