

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE MILHO NO ESTADO DO PARÁ

LUCAS CARNEIRO MACIEL¹, IGOR MORAIS DOS REIS², RAFAEL MARCELINO DA SILVA³, DARGONIELSIN DE ANDRADE MILHOMEM⁴ e WEDER FERREIRA DOS SANTOS⁵

¹Graduando em Agronomia, UFT, Gurupi-TO, lucarneiromaciel@gmail.com;

²Graduando em Agronomia, UFT, Gurupi-TO, igormoraisdosreis@gmail.com;

³Graduando em Agronomia, UFT, Gurupi-TO, r.marcelino.97@gmail.com;

⁴Graduando em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia, UFT, Gurupi-TO, dadamilhomem@hotmail.com;

⁵Dr. em Biodiversidade e Biotecnologia, Prof. Titular, UFT, Gurupi-TO, eng.agricola.weder@gmail.com

Apresentado no

Congresso Técnico Científico da Engenharia e da Agronomia – CONTECC

Palmas/TO – Brasil

17 a 19 de setembro de 2019

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi estudar a divergência genética de genótipos de milho no estado do Pará. O experimento foi conduzido na safra 2017/18 no Sítio Vitória no estado do Pará. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com nove tratamentos e três repetições, os tratamentos foram nove genótipos de milho. As características utilizadas para avaliar a divergência genética foram: altura da espiga (cm), altura da planta (cm), comprimento da espiga (cm), diâmetro da espiga (mm), número de fileiras, número de grãos por fileira e produtividade de grãos (kg ha⁻¹). Os genótipos foram separados em cinco grupos utilizando o método de otimização de Tocher. As combinações AG 8088 x CATIVERDE e AG 1051 x AL BANDEIRANTE, as mais divergentes e promissoras para cruzamentos futuros.

PALAVRAS-CHAVE: Dissimilaridade, melhoramento, *Zea mays*.

GENETIC DIVERGENCE OF CORN GENOTYPES IN THE STATE OF PARÁ

ABSTRACT: The objective of this work was to study a genetic divergence of maize genotypes in the state of Pará. The experiment was conducted in the 2017/18 season at Sítio Vitória in the state of Pará. The experimental design was a randomized block with nine replicates and the three treatments were nine maize genotypes. The characteristics used to evaluate a divergence were: ear height (cm), plant height (cm), ear length (cm), ear diameter (mm), number of rows, number of grains per row and grain yield (kg ha⁻¹). The genotypes were separated into groups using the Tocher optimization method. The associations AG 8088 x CATIVERDE and AG 1051 x AL BANDEIRANTE, as more divergent and promising for future crossings.

KEYWORDS: Dissimilarity, breeding, *Zea mays*.

INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais cultivados mais importante mundialmente, devido a sua utilização na alimentação humana e de animais de produção (RIGON et al., 2013). Cerca de 70% deste cereal é processado diretamente em rações para produção de proteína animal (ALVES et al., 2015). No Brasil a quantidade de milho total produzido em 2018/19 foi estimada em 95,2 milhões de toneladas (CONAB et al., 2019).

A produtividade média do estado do Pará, na safra 2018/19, foi de 3.055 kg ha⁻¹, inferior à média nacional de 5.605 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019). Essa baixa produtividade está relacionada a vários fatores, entre eles, ao baixo nível tecnológico empregado e a falta genótipos melhorados para as condições da região (SANTOS et al., 2014).

Seguindo o raciocínio da seleção de materiais promissores para a região de interesse, os estudos de divergência genética são essenciais para o conhecimento da variabilidade genética existente nos bancos de germoplasmas, possibilitando o monitoramento, auxiliando na identificação de possíveis duplicatas e fornecendo parâmetros para escolha de progenitores, que possibilitem maior

efeito heterótico, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (CRUZ et al., 2014).

A divergência genética na cultura do milho têm sido estudado por diversos autores (SANTOS et al, 2014; SANTOS et al, 2015; SILVA et al., 2015; SODRE et al., 2017; SANTOS et al., 2018), porém são poucos os trabalhos desenvolvidos no estado do Pará. Diante do exposto, o presente trabalho tem como objetivo estudar divergência genética de genótipos de milho no estado do Pará.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado no Sítio Vitória (8°18'32" S, 50°36'58" W), localizado no município de Santa Maria das Barreiras, estado do Pará. O clima da região é do tipo Aw segundo a classificação de Köppen com estação seca no inverno (DUBREUIL et al., 2017).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com 9 tratamentos e três repetições. Os tratamentos foram um híbrido simples: AG8088; três híbridos duplos: PR27D28, AG1051 e BR206; dois híbridos triplos: 2B655PW e BRS3046; e três população de polinização aberta (PPA): AL BANDEIRANTE, ANHEMBI e CATIVERDE. A parcela experimental utilizada foi composta por quatro fileiras de 5,0 m, espaçadas 0,9 m entre linhas. A área útil da parcela foi apenas as duas fileiras centrais, descartando-se 0,5 m das extremidades destas fileiras.

A adubação na semeadura foi realizada manualmente, utilizando 300 kg ha⁻¹ de N-P₂O₅-K₂O formulação 5-25-15 + 0.5% Zn. A adubação de cobertura foi realizada com um 120 kg ha⁻¹ de N, a fonte utilizada foi a ureia parcelada em duas aplicações nos estádios: 4 folhas completamente abertas (V4) e 8 folhas completamente abertas (V8).

Os tratos culturais, para controle de plantas infestantes, doenças e pragas foram realizados de acordo com as recomendações técnicas da cultura (BORÉM et al., 2015).

As variáveis foram mensuradas quando as plantas atingiram o estágio de maturidade fisiológica (R6). Para o estudo da divergência genética foram utilizadas no modelo multivariado as seguintes variáveis: altura de planta (cm), altura de espiga (cm), comprimento de espiga (mm), diâmetro de espiga (mm), número de fileiras por espiga, número de grãos por fileira e produtividade de grãos (kg ha⁻¹).

As medidas de dissimilaridades foram determinadas segundo o modelo de análise multivariada, o que permitiu a obtenção das matrizes de dissimilaridades e de covariâncias residuais e das médias das populações. Foi aplicado o método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D²) (MAHALANOBIS, 1936), e o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das sete características. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa Genes (CRUZ, 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A combinação entre os genótipos AG 8088 x CATIVERDE (Tabela 1) foi considerada a mais divergente (D² = 270,61), seguida por AG 1051 x AL BANDEIRANTE (D² = 230,45). As menores distâncias foram entre as combinações AG 8088 x BRS 3046 (D² = 11,78) e 2B655PW x BRS 3046 (D² = 19,88).

Observa-se que maiores distâncias representam materiais que provavelmente vieram de bancos de germoplasma distintos, e menores distâncias, os materiais que provavelmente são do mesmo banco de germoplasma. Dessa maneira, a análise da distância genética entre os materiais leva a uma maior rapidez, menor uso de mão-de-obra e recursos financeiros que serão utilizados nos programas futuros de melhoramento da cultura do milho, pois permite avaliar materiais distintos e promissores para inserir em programas de melhoramento (SIMON et al., 2012).

Segundo Ramalho et al. (2012), para se alcançar, o tão almejado, máximo nível de heterose é necessário fazer combinações entre materiais que são complementares, ou seja, no loco onde houver alelos recessivos em um material, no outro o alelo deve ser dominante e vice-versa, gerando assim um maior grau de heterose.

Tabela 1. Estimativa das distâncias de Mahalanobis (D^2) máxima e mínima dos genótipos de milho.

Genótipo	Maior distância		Menor distância	
PR27D28	156,84	(AG 8088)	33,09	(BR 206)
2B655PW	159,67	(CATIVERDE)	19,88	(BRS 3046)
AG 1051	230,45	(AL ANDEIRANTE)	38,91	(PR27D28)
AG 8088	270,61	(CATIVERDE)	11,78	(BRS 3046)
AL BANDEIRANTE	230,45	(AG 1051)	25,54	(ANHEMI)
ANHEMI	182,94	(AG 1051)	25,54	(AL ANDEIRANTE)
BR 206	97,14	(CATIVERDE)	25,94	(BRS 3046)
BRS 3046	198,09	(CATIVERDE)	11,78	(AG 8088)
CATIVERDE	270,61	(AG 8088)	42,12	(PR27D28)
Maior distância		270,61		(AG 8088 e CATIVERDE)
Menor distância		11,78		(AG 8088 e BRS 3046)

A análise de agrupamento pelo método de Tocher separa os materiais em grupos distintos, para que haja homogeneidade intragrupo e heterogeneidade intergrupo (CRUZ et al., 2014). Após obtidas as medidas de dissimilaridade (D^2) os cultivares são agrupados em cinco grupos (Tabela 2).

Tabela 2. Agrupamento de nove genótipos de milho pelo método de Tocher (RAO, 1952), com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Grupo	Acessos
I	2B655PW, AG 8088 e BRS 3046
II	AL ANDEIRANTE e ANHEMI
III	PR27D28 e BR 206
IV	AG 1051
V	CATIVERDE

O primeiro grande grupo separado pelo método de Tocher é composto por três genótipos (2B655PW, AG 8088 e BRS 3046), o segundo por dois (AL BANDEIRANTE e ANHEMI), o terceiro grupo também é formado por dois genótipos (PR27D28 e BR 206), enquanto que o quarto (AG 1051) e o quinto (CATIVERDE) grupo são formados por apenas um genótipo cada. Grupos que são formados apenas por um material indica que este seja divergente em relação aos demais, facilitando a prospecção dos trabalhos em programas de melhoramento (ROTILI et al., 2012)

Também através do método de otimização de Tocher, são obtidas as distâncias médias intergrupos (Tabela 3), detalhando mais a fundo quais os grupos que mais divergem entre si.

Tabela 3. Distâncias médias entre os grupos formados pela análise de divergência genética em nove genótipos de milho.

Grupos	II	III	IV	V
I	89,45	80,85	158,38	209,46
II		88,39	206,70	87,32
III			48,42	69,63
IV				118,69

As menores distâncias obtidas entre os grupos foram entre III e IV (48,42) e III e V (69,63). Por outro lado, as maiores distâncias obtidas foram entre os grupos I e V (209,46) e II e IV (206,70), indicando os grupos mais divergentes. Esses altos valores representados na Tabela 3 ressaltam a divergência entre os genótipos de grupos distintos (SANTOS et al., 2018).

Grupos divergentes podem ser utilizados como base para se desenvolverem linhagens que servirão como futuros cruzamentos híbridos, visto que estes necessitam de locos complementares (BERNINI et al., 2013).

Das sete características avaliadas na Tabela 4, a que mais contribuiu para a divergência foi a AE (47,69%), seguido pelo DE (18,66%) e as menores contribuições foram do NF (2,26%) e CE (1,85%). Portanto, as características do NF e CE podem ser descartadas das avaliações futuras, pois contribuem pouco para discriminar os materiais avaliados, podendo então, reduzir tempo, mão-de-obra e custos nos programas de melhoramento (ROTILI et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2006).

Tabela 4. Contribuição relativa dos caracteres de nove genótipos de milho, para a divergência através da distância generalizada de Mahalanobis, seguindo o critério de Singh (1981).

Caracteres	Contribuição (%)
AE	47,69
AP	7,83
CE	1,85
DE	18,66
NF	2,26
NGF	8,40
PROD	13,31

CONCLUSÃO

A combinação AG 8088 x CATIVERDE e AG 1051 x AL BANDEIRANTE são as mais divergentes e promissoras para cruzamentos futuros. As características AP, DE e PROD foram as que mais contribuíram para divergência genética.

REFERÊNCIAS

- Alves, M.B.; Filho, C.A.; Burin, C.; Toebe, M.; Silva, P.L. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. *Revista Ciência Rural*, v.45, n.5, p.884-891, 2015.
- Bernini, C. S.; Paterniani, M. E. A. G. Z.; Guimarães, P. S.; Rovaris, S. R. S.; Duarte, A. P.; Gallo, P. B. Depressão endogâmica e heterose de híbridos de populações F2 de milho no estado de São Paulo. *Bragantia*, Campinas, v. 72, n. 3, p. 217-223, 2013.
- Borém, A.; Galvão, J. C. C.; Pimentel, M. A. Milho: do plantio à colheita. Viçosa: Editora UFV, 2015.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: nono levantamento. 2019. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 11 jun. 2019.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014.
- Cruz, C.D. Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2007.
- Dubreuil, V.; Fante, K.P.; Planchon, O.; Sant’anna Neto, J.L. Les types de climats annuels au Brésil: une application de la classification de Köppen de 1961 à 2015. *EchoGéo*, v. 41, p. 1-27, 2017.
- Mahalanobis, P. C. On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Sciences of India*, v.2, p.49-55, 1936.
- Oliveira, M. D. S. P.; Ferreira, D. F.; Santos, J. B. Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 41, n. 7, p. 1133-1140, 2006.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B.; Pinto, C. A. B.; Souza, E. A.; Gonçalves, F. M. A.; Souza, J. C. Genética na agropecuária. 5. Ed. Lavras: UFLA, 2012.
- Rao, R. C. Advanced statistical methods in biometric research. New York: J. Wiley, 1952.
- RESENDE, M; ALBUQUERQUE, P. E. P.; COUTO, L. A cultura do milho irrigado. Brasília: Embrapa, 2003.
- Rigon, C.A.G.; Rigon, J. P.G.; Capuani, S. Produção de híbridos de milho na região das missões do Rio Grande do Sul. *Tecnologia e Ciência Agropecuária*, v.7, n.2, p.29-34, 2013.

- Rotili, E. A.; Cancellier, L. L.; Dotto, M. A.; Carvalho, E. V.; Pelúzio, J. M. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 43, n. 3, p. 516-521, 2012.
- Santos, W. F.; Pelúzio, J. M.; Sodré, L. F.; Afférri, F. S.; Santana, W. R. Épocas de semeadura, doses de nitrogênio e rendimento de proteína em populações de milho. *Revista Tecnologia & Ciência Agropecuária*, João Pessoa, v. 8, n. 4, p. 13-16, 2014.
- Santos, W. F.; Afférri, F. S.; Peluzio, J. M. Eficiência ao uso do nitrogênio e biodiversidade em genótipos de milho para teor de óleo. *Enciclopédia Biosfera*, v. 11, n. 21, p. 2916-2925, 2015.
- Santos, W. F.; Afférri, F. S.; Pelúzio, J. M.; Sodré, L. F.; Rotili, E. A.; Cerqueira, F. B.; Ferreira, T.P.S. Diversidade genética em milho sob condições de restrição ao nitrogênio. *Journal Bioenergy and Food Science*, v. 5, n. 2, p. 44-53, 2018.
- Silva, K. C. L.; Silva, K. P.; Carvalho, E. V.; Rotili, E. A.; Afférri, F. S.; Peluzio, J. M. Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura. *Revista Agro@mbiente On-line*, Boa Vista, v. 9, n. 2, p. 102-110, 2015.
- Simon, G. A.; Kamada, T.; Moiteiro, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 33, n. 2, p. 449-458, 2012.
- Singh, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, v.41, p.237-245, 1981.
- Sodré, L. F.; Santos, W. F.; Ascêncio, S. D.; Peluzio, J. M.; Silva, R. M.; Reina, E. Divergência genética em milho para baixo e alto nitrogênio visando à produção de óleo e proteína. *Pesquisa Agropecuária Pernambucana*, Recife, v. 22, n. 1, p. 1-7, 2017.