

Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins¹

Genetic divergence in populations of maize, in Tocantins State, Brazil

Eliane Aparecida Rotili^{2*}, Leandro Lopes Cancellier³, Michel Antônio Dotto⁴, Joênes Mucci Peluzio⁵ e Edmar Vinícius de Carvalho⁴

RESUMO - Este trabalho objetivou avaliar a divergência genética em genótipos de milho no sul do estado do Tocantins. O experimento foi realizado no município de Gurupi - TO. As populações foram obtidas de 70 híbridos *top cross* pelo cruzamento de linhagens S_6 com um testador, utilizando-se 11 cultivares como testemunha, totalizando 81 genótipos. O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com duas repetições. As características avaliadas foram: altura da planta, altura da espiga, prolificidade, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, peso de 100 grãos, peso hectolítrico e produtividade de grãos. A divergência genética foi avaliada por procedimentos multivariados como a distância generalizada de Mahalanobis e pelos métodos de agrupamento de otimização de Tocher e vizinho mais próximo. Encontrou-se divergência genética entre as populações estudadas promovendo a formação de grupos diferentes entre o método de Tocher e do vizinho mais próximo. As características produtividade e comprimento de espiga foram as que mais e menos, respectivamente, contribuíram na diversidade genética dos genótipos.

Palavras-chave: *Zea mays*. Plantas-melhoramento genético. Análise multivariada.

ABSTRACT - This study aimed to evaluate the genetic diversity in maize genotypes in the southern of Tocantins. The experiment was conducted at Gurupi - TO, Brazil. The populations were obtained from 70 *top cross*, with crossing the lineages S_6 with a tester, and using 11 cultivars as a witness, totaling 81 genotypes. The experimental design was randomized blocks with two replications. The characteristics assessed were: plant height, ear height, prolificacy, ear length, ear diameter, weight of 100 grains, hectoliter weight and grain yield. Genetic divergence was assessed by multivariate procedures: Mahalanobis distance, clustering methods of Tocher and nearest neighbor. It was found genetic divergence among populations and the formation of non congruent groups between the method of Tocher and nearest neighbor. The yield grain was the major contributor to the genetic diversity and the ear length was the least.

Key words: *Zea mays*. Plant-breeding. Multivariate analysis.

*Autor para correspondência

¹Recebido para publicação em 07/10/2010; aprovado em 09/01/2012

Pesquisa desenvolvida junto a Universidade Federal do Tocantins, Campus Universitário de Gurupi

²Universidade Federal do Tocantins, Avenida Rio de Janeiro, 296, Qd. 332 Lt 11, Centro, Gurupi-TO, Brasil, 77.402-970, elianerotili@yahoo.com.br

³Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia/UFLA, Lavras-MG, Brasil, leandrocancellier@hotmail.com

⁴Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal/UFT/Campus Universitário de Gurupi, Caixa Postal 66, Gurupi-TO, Brasil, micheldotto@hotmail.com, ed.vinicius_carvalho@hotmail.com

⁵Universidade Federal do Tocantins/Campus Universitário de Palmas, Caixa Postal 66, Palmas-TO, Brasil, joenesp@mail.uft.edu.br

INTRODUÇÃO

A cultura do milho nos últimos anos está sendo bastante explorada, mesmo com a evolução gradativa das quantidades produzidas e rendimentos obtidos. Entretanto, a produção de grãos por unidade de área ainda não traduz o potencial genético das cultivares disponíveis, levando a constantes buscas por alternativas que aumentem a produtividade (CUNHA *et al.*, 2010).

A avaliação de linhagens com base no seu comportamento em combinações híbridas é uma das etapas mais importantes e dispendiosas do programa de híbridos. Entre os métodos desenvolvidos para facilitar essa avaliação destaca-se o uso de *top cross*, que representa o cruzamento de linhagens com um testador comum de base genética ampla, para avaliação da capacidade geral de combinação, ou base restrita, para avaliação da capacidade específica de combinação (MIRANDA FILHO; VIEGAS, 1987; SAWAZAKI *et al.*, 2000).

Entre as decisões que os melhoristas de plantas tomam constantemente, uma das mais importantes é a escolha de populações para um programa de seleção, que deve ser a mais acertada, uma vez que escolha inadequada de população implicará em perda do tempo e dos recursos destinados ao melhoramento (FUZZATTO, 2002).

O conhecimento da divergência genética fornece parâmetros para escolha de genitores que, ao serem cruzados, possibilitam 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; OLIVEIRA; BOITEUX, 2007; PAIXÃO *et al.*, 2008). Conforme Cruz e Carneiro (2003) a divergência genética é importante para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilita o monitoramento de bancos de germoplasmas, pois gera informações úteis para preservação e uso dos acessos.

No estudo da diversidade genética de uma população, são utilizados caracteres agrônômicos e morfológicos que, por sua vez, são submetidos às técnicas biométricas multivariadas, permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (CRUZ; REGAZZI, 2004). Este trabalho objetivou avaliar a divergência genética em genótipos de milho no sul do estado do Tocantins.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado no município de Gurupi, no Estado do Tocantins, situado a 11°43' de latitude Sul e 49°15' de longitude Oeste, numa altitude média de 300 m, solo do tipo Latossolo Vermelho-Amarelo

Distrófico, com clima tropical semi-úmido classificado de AW (tropical de verão úmido e período de estiagem no inverno), a vegetação predominante é cerrado (87% de seu território) com a floresta de transição (13%) amazônica. A semeadura foi realizada no dia 11 de dezembro de 2008. Os tratamentos foram constituídos de 70 híbridos *top cross* obtido de cruzamento de linhagens S_0 com um testador, que foi constituído de uma massa de grãos em igual proporção das linhagens, formando combinações híbridas, e 11 cultivares como testemunha, totalizando 81 genótipos (Tabela 1).

O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com duas repetições. O espaçamento utilizado foi 0,9 m entre linha e as parcelas constaram de duas linhas de quatro metros lineares. Na instalação do experimento, foi utilizado o sistema de preparo de solo tipo convencional, com uma gradagem. O plantio das sementes e a adubação no sulco foram feitos manualmente. A adubação de plantio foi realizada utilizando 400 kg ha⁻¹ de 5-25-15+0,5% Zn de NPK. Plantou-se o milho na parcela a fim de obter 55 mil plantas ha⁻¹. A adubação de cobertura foi realizada aos 25 e 45 dias após o plantio, com 60 kg ha⁻¹ de N em cada aplicação utilizando como fonte o sulfato de amônio. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas da cultura (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000).

As características avaliadas foram: altura da planta (AP) - foi medida, em centímetros, após o florescimento masculino, do nível do solo à inserção da folha bandeira; altura da espiga (AE) - foi medida, em centímetros, após o florescimento masculino, do nível do solo até a inserção da espiga superior no colmo; prolificidade (PROL) - foi obtida pela razão entre o número de espigas e respectivo número de plantas; comprimento de espiga (COMP) - comprimento em milímetros da base ao ápice da espiga; diâmetro de espiga (DESP) - diâmetro da parte mediana da espiga em milímetros; peso de 100 grãos (P100G) - peso em gramas, de amostras de 100 grãos, corrigido para 13% de umidade; peso hectolítrico (PH) - peso em gramas, de cem litros de grãos, corrigido para 13% de umidade; produtividade de grãos (PG) - foi obtida por pesagem dos grãos debulhados, em kg parcela⁻¹, corrigidos para 13% de umidade em kg ha⁻¹.

Na análise dos dados, foi realizada a análise de variância nas características para procedimento da análise da divergência genética, empregando-se as técnicas multivariadas. Na aplicação da técnica de agrupamento dos genótipos, adotou-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), como medida de dissimilaridade, levando em consideração o grau de dependência entre as variáveis estudadas. Com relação ao estabelecimento de grupos similares, foi aplicado o método hierárquico aglomerativo de otimização proposto por Tocher, cujos cálculos foram igualmente embasados na distância generalizada de Mahalanobis e o método do vizinho mais próximo. Para a

Tabela 1 - Relação dos genótipos

Nº	Genótipo	Trat.	Nº	Genótipo	Trat.	Nº	Genótipo	Trat.
1	UFT118-1-2	1	28	UFT12	1	55	UFT12-1	1
2	HS 1	2	29	HD 1	2	56	UFT33-1-2	1
3	HS 2	2	30	UFT134-4-2	1	57	UFTPO	2
4	UFT134-2-1	1	31	UFT113-2	1	58	UFT118-1-1V	1
5	HS 3	2	32	UFT29-1-1	1	59	UFT65-2	1
6	HS 4	2	33	UFT73-1-2	1	60	UFT67-1-2	1
7	UFT118-2	1	34	UFT96-1-2	1	61	UFT73-2	1
8	HS 5	2	35	UFT96-1-1	1	62	UFT8	1
9	UFT67-1	1	36	UFT55-1-3	1	63	HSm	2
10	UFTVERM.F1	1	37	UFT12PVHIB	1	64	UFT65-2-2	1
11	UFT134-3-1	1	38	V 1	2	65	UFT67-2-1	1
12	UFT134-1-1	1	39	UFT65-1-3	1	66	UFT38-2-1	1
13	UFT68-1-2	1	40	UFT111-1-9	1	67	UFT118-1	1
14	UFT29-1-2	1	41	UFT127	1	68	UFT73-3-2	1
15	UFT65-1-1	1	42	UFT153-2	1	69	UFT111-2	1
16	UFT67-1-6	1	43	UFT73-1	1	70	UFT67-1-1	1
17	UFT68-2-1	1	44	UFT29-2	1	71	UFT68-2	1
18	UFT65-1-2	1	45	UFT8-1-1	1	72	UFT55-2	1
19	UFT33-1-1	1	46	UFT8-1-2	1	73	UFT111-1-1	1
20	UFT65-1-3	1	47	UFT118-2-1	1	74	UFT134-3	1
21	UFT113-1	1	48	UFT73-3-1	1	75	UFT153-1	1
22	UFT65-2-1	1	49	UFT68-1-1	1	76	UFT134-4-1B	1
23	UFT73-1-1	1	50	UFT111M	1	77	UFT80-1	1
24	HT 1	2	51	V 2	2	78	UFT118-2-2	1
25	HS 6	2	52	UFT55-1-2	1	79	UFT68-1	1
26	UFT118-1-1	1	53	UFT55-2-1	1	80	UFT134-1	1
27	UFT38-1-1	1	54	UFT38-1-2	1	81	UFT134-3-2	1

Nº: número do genótipo. Trat.: 1. híbridos *top cross* obtidos cruzamento de linhagens S₆; 2. cultivares comerciais. HS: híbrido simples; HT: híbrido triplo; HD: híbrido duplo; V: variedade; HSm: híbrido simples modificado

realização das análises de variância, divergência genética e contribuição relativa das características utilizou-se o programa Genes (CRUZ, 2004).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Utilizando o Método de Tocher para o agrupamento de população em milho, a partir da avaliação de 81 genótipos foram encontrados 17 grupos (Tabela 2), sendo que os genótipos que fazem parte do mesmo grupo apresentam similaridade genética entre os mesmos. A análise de agrupamento tem por finalidade reunir

por critério de classificação, os genitores (ou qualquer outro tipo de unidade amostral) em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ; REGAZZI, 2004; BERTAN *et al.*, 2006). O grupo 1, foi formado por 41 genótipos, o qual destacou-se por apresentar um maior número de genótipos, indicando que 63% das cultivares, estão contidos no mesmo grupo.

Na busca de divergência genética entre as populações, a porcentagem elevada de genótipos similares, reduz a possibilidade de obtenção de híbridos interpopulacionais. Neste sentido, a escolha de populações de grupos que apresentem maiores divergências, podem

Tabela 2 - Agrupamento em população de milho de 81 genótipos, pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), considerando oito características agronômicas, em ensaios realizados em Gurupi - TO, na safra de 2008/09

Grupos	Genótipos
1	6; 44; 19; 24; 54; 7; 9; 58; 41; 38; 16; 25; 80; 68; 52; 42; 76; 11; 12; 15; 56; 63; 36; 8; 77; 66; 79; 2; 10; 3; 57; 55; 72; 53; 69; 65; 13; 45; 30; 33; 17
2	1; 48; 49; 34; 67
3	20; 50; 18; 21; 26
4	5; 51; 70; 59; 39
5	32; 46; 28; 40; 27
6	37; 74; 75; 4
7	47; 62
8	71; 78; 14
9	23; 81
10	43; 64
11	61
12	35
13	22
14	60
15	29
16	73
17	31

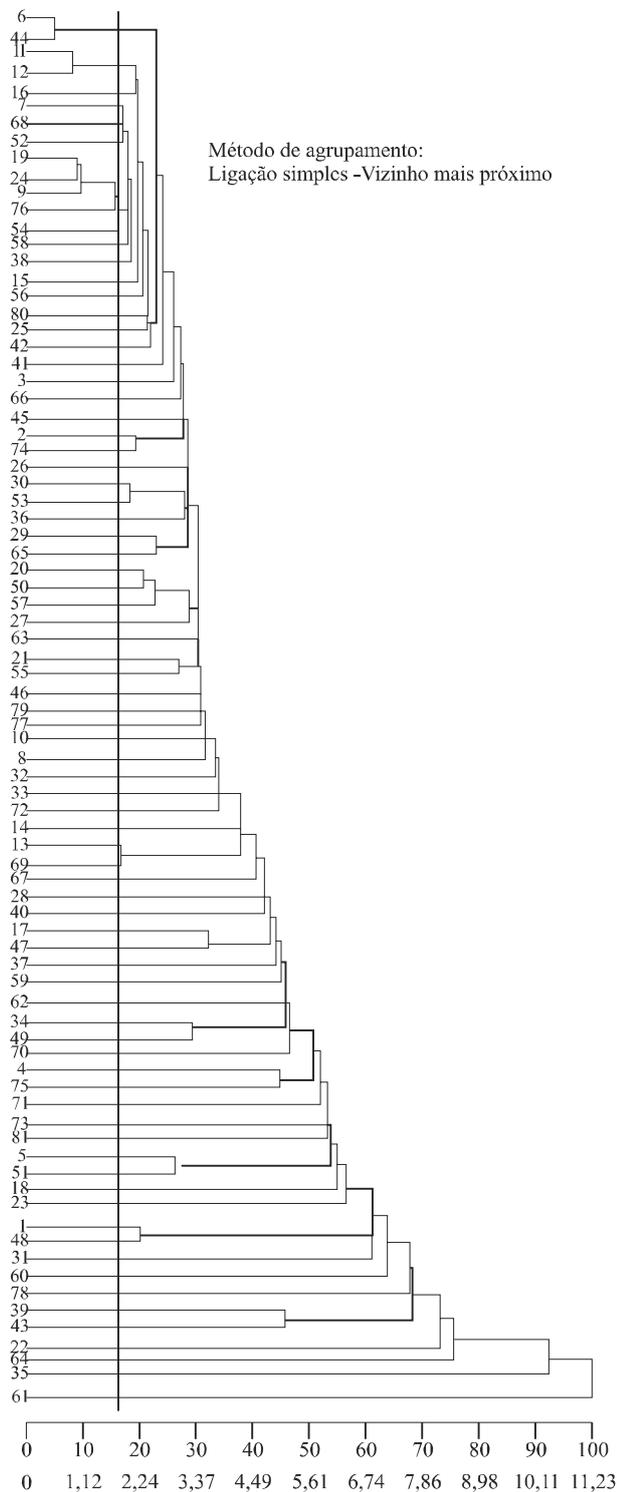
ser usados na busca de cruzamentos contrastantes, pois podem explorar a heterose, mas para isso é necessário que a semente híbrida seja acessível, sobretudo no que se refere ao custo. A exemplo de populações, uma opção são os híbridos interpopulacionais, como indicado por Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (2002).

Pelo método de Tocher (Tabela 2), os grupos de 2 a 5 apresentaram cinco genótipos, o grupo 6 apresentou quatro genótipos, o grupo 8 apresentou três genótipos, os grupos 7; 9 e 10 com dois genótipos e os grupos de 11 a 17 com um genótipo, mostrando que 41% dos grupos formados, apresentam apenas um genótipo, e 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. Neste sentido, há interesse na obtenção de populações distintas no programa de melhoramento de milho, aumentando as possibilidades de cruzamentos. Portanto, os genótipos dos grupos de 14 a 17, podem ser cruzados com os genótipos do grupo 1 (6; 44; 19; 30; 33; 17), obtendo-se assim, híbridos interpopulacionais para o desenvolvimento futuro de possíveis cultivares, pois tais cruzamentos poderão ser resultantes de genitores contrastantes.

O método do vizinho mais próximo identifica os genitores mais similares na matriz de dissimilaridade, os quais são reunidos para formar o grupo inicial (CRUZ; REGAZZI, 2004). A aplicação desse método resulta em um dendrograma, que permite identificar grupos homogêneos e tem como objetivo acumular as informações intra e inter grupos. A partir do dendrograma representativo das populações de 81 genótipos de milho (Figura 1), utilizando a linha de corte em 1,86, foi possível identificar a formação de vários grupos. O genótipo 61 foi o mais divergente formando o primeiro grupo, divergindo do restante do segundo grupo, formado a partir do genótipo 35, seguido dos demais grupos. A divergência do genótipo 61 também foi identificada pelo método de Tocher (Tabela 2), o qual encontra-se isolado dentro de apenas um grupo.

O estudo comparativo entre o método de Tocher e vizinho mais próximo revelou que 80% dos 41 genótipos que constituíam o grupo 1 oriundos do método de Tocher, os quais podem ser comparados pelo método do vizinho mais próximo (D^2 , significativo a 5%), indicando que o método do vizinho mais próximo, através dessa linha de corte pode apresentar uma maior diferenciação entre os genótipos deste estudo. O método de Tocher permitiu visualizar maior similaridade entre as populações utilizadas. Portanto, hibridação das linhagens

Figura 1 - Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 81 genótipos de milho, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, em ensaios realizados em Gurupi - TO, na safra de 2008/09



do programa de melhoramento, através de cruzamentos *top cross*, promoveu a formação de genótipos divergentes,

concordando com Arnhold *et al.* (2009) que considera o método de cruzamento *top cross*, como muito utilizado na seleção de linhagens para produção de híbridos em milho.

No caso em que se necessite de um método para avaliar a divergência genética com o objetivo de comparar os pares, em determinado genótipo nesta pesquisa, pode optar pela utilização do método do vizinho mais próximo, na perspectiva da busca em visualizar a divergência genética entre determinados genótipos dentro deste trabalho.

A Tabela 3 apresenta a contribuição das características para a divergência, observa-se que das oito características avaliadas, a característica que mais contribuiu para a divergência foi à produtividade (21,8%), já a característica que apresentou uma menor contribuição foi comprimento de espiga (6,9%). Estes dados diferem dos encontrados por Paixão *et al.* (2008) que analisaram a divergência genética em populações de milho e constataram que a característica mais importante no melhoramento que é a produtividade contribuiu em menor proporção na determinação da divergência genética. A identificação de genitores menos divergentes pode ser de grande valia em retrocruzamentos, quando se deseja recuperar características do parental recorrente. Porém, a maior contribuição relativa da característica produtividade é importante no estudo de populações, em função da escolha das mais divergentes, mas que apresentem elevada produtividade, sendo muitas vezes esta, a característica prioritária no melhoramento.

Tabela 3 - Contribuição relativa dos caracteres para diversidade pelo método de Singh (1981) distância generalizada de Mahalanobis

Variável (Característica)	Valor em %
1. Altura de plantas (m)	11,8
2. Altura de espigas (m)	13,3
3. Prolificidade	7,0
4. Comprimento de espigas (mm)	6,9
5. Diâmetro de espigas (mm)	13,7
6. Peso de 100 grãos (g)	12,7
7. Peso de cem litros de grãos (g)	12,8
8. Produtividade de grãos (kg)	21,8

O método de Singh (1981), baseado em D² de Mahalanobis, considera de menor importância características que expressam menor variabilidade. Sugere-se, portanto, que seja descartada neste caso, a variável comprimento de espiga (Tabela 3) que apresentou

menor contribuição para a divergência. Conforme Alves *et al.* (2003), o grande interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres reside na possibilidade de se descartarem características que contribuem pouco para a discriminação do material avaliado, reduzindo dessa forma, mão-de-obra, tempo e custo despendidos na experimentação. De acordo com Lopes *et al.* (2007), as relações entre as características de espigas são dependentes dos genótipos, e este fato pode complicar a tarefa dos melhoristas de plantas ao selecionar genótipos. Portanto, embora a contribuição relativa do comprimento de espiga tenha obtido um valor baixo, para outros estudos pode haver a necessidade desta informação. O comprimento médio de espiga é um dos caracteres que pode interferir, diretamente, no número de grãos por fileira e, conseqüentemente, na produtividade do milho (KAPPES *et al.*, 2009). Coimbra *et al.* (2010) ao avaliarem genótipos de milho, na maioria das populações, também não encontraram diferenças significativas no comprimento de espigas.

CONCLUSÕES

1. Houve divergência genética entre os genótipos estudados;
2. Os métodos utilizados foram importantes para o estudo da divergência desta pesquisa;
3. As características produtividade e comprimento de espiga foram as que mais e menos, respectivamente, contribuíram na diversidade genética das populações.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq - Brasil, pelo apoio financeiro. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES - Brasil, pela concessão das bolsas de mestrado e PNPd.

REFERÊNCIAS

ALVES R. M. *et al.* Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 07, p. 807-818, 2003.

ARNHOLD, E.; VIANA, J. M. S.; SILVA, R. G. Associação de desempenho entre famílias S3 e seus híbridos topcross de milho-pipoca. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, n. 03, p. 396-399, 2009.

BERTAN, I. *et al.* Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 12, n. 03, p. 279-286, 2006.

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. 04, p. 513-518, 2007.

COIMBRA, R. R. *et al.* Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 01, p. 159-166, 2010.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e estatística versão Windows. Viçosa-MG: UFV, 2004. 442 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa-MG: UFV, 2003. 585 p.

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

CUNHA, J. P. A. R. *et al.* Aplicação aérea e terrestre de fungicida para o controle de doenças do milho. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 03, p. 366-372, 2010.

FANCELLI, A. L.; DOURADO-NETO, D. **Produção de milho**. 2. ed. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

FUZATTO, S. R. *et al.* Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 01, p. 22-32, 2002.

KAPPES, C. *et al.* Influência do nitrogênio no desempenho produtivo do milho cultivado na segunda safra em sucessão à soja. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 03, p. 251-259, 2009.

LOPES, S. J. *et al.* Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v. 37, n. 06, p. 1536-1542, 2007.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. *In*: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. cap. 7, p. 277-340.

PAIXÃO, S. L. *et al.* 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.

SAWAZAKI, E. *et al.* Potencial de linhagens de populações locais de milho pipoca para síntese de híbridos. **Bragantia**, v. 59, n. 02, p. 143-151, 2000.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, n. 02 p. 237-245, 1981.

SOUZA SOBRINHO, F. de.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. de. Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 01, n. 01, p. 70-76, 2002.

VIEIRA, E. A. *et al.* 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.