

## **Diversidade genética entre variedades de polinização aberta de milho tropical<sup>1</sup>**

Renata Oliveira Batista<sup>2</sup>, Roberto Fritsche-Neto<sup>3</sup>, Lauro José Moreira Guimarães<sup>4</sup>, Humberto Fanelli Carvalho, Lorena Guimarães Batista, Débora Santos Caixeta, Italo Stefanine Correia Granato.

2,3 - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais. 2- [renata.o.batista@ufv.br](mailto:renata.o.batista@ufv.br); 3- [roberto.neto@ufv.br](mailto:roberto.neto@ufv.br); 4- Centro Nacional de Pesquisa Milho e Sorgo, Sete Lagoas – Minas Gerais. [lauro@cnpms.embrapa.br](mailto:lauro@cnpms.embrapa.br).

**RESUMO** – A caracterização de acessos de bancos de germoplasma através da fenotipagem é essencial para o estabelecimento de estratégias de seleção e recombinação de genótipos divergentes em programas de melhoramento de plantas. Objetivou-se estimar e analisar a divergência genética entre 42 variedades de milho tropical com base em caracteres morfológicos e descritores. Cada parcela foi avaliada com base em 18 caracteres. Posteriormente, foi mensurada e avaliada a divergência genética das variedades quanto a esses caracteres. A partir da Distância Euclidiana Média comparou-se os métodos de agrupamento hierárquico (UPGMA) e otimização (Tocher). Foram discriminados cinco grupos pelo agrupamento UPGMA e seis pelo método de Tocher, entretanto houve grande concordância entre os métodos. Alta similaridade entre as variedades foi constatada ao serem dispostas no mesmo agrupamento a 70% de dissimilaridade. De acordo com a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade, os descritores diâmetro de espiga, comprimento de espigas e altura da primeira espiga são passíveis de eliminação por contribuírem com menor magnitude para a formação dos grupos. Por outro lado, peso de grãos debulhados e peso de espigas apresentaram maior variância e importância para distinguir as variedades. As variedades de milho não apresentaram alta variabilidade genética em relação aos caracteres morfológicos analisados.

**Palavras-chave:** variabilidade, germoplasma, recursos genéticos.

### **Introdução**

A cada safra os programas de melhoramento de milho disponibilizam novos materiais genéticos que superem o desempenho dos presentes no mercado e atendam às necessidades do produtor e da cadeia produtiva da cultura. Na safra 2011/2012 foram disponibilizadas 489 cultivares de milho, sendo 15% de novas variedades (CRUZ et al., 2011). A obtenção desses novos genótipos foi possível graças à seleção e fixação de alelos favoráveis de caracteres de interesse com base no estudo das linhagens da população base. Entretanto, quando a seleção dos alelos favoráveis é realizada numa população, sua variabilidade genética tende a ser reduzida (WANG et al., 1999).

Neste sentido, Netto et al. (2002) ressaltam que a caracterização de acessos de bancos de germoplasma através da avaliação das variáveis morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e agronômicas é de grande importância para o melhoramento no estabelecimento de estratégias de cruzamento e seleção. Essa caracterização permite o conhecimento do potencial fenotípico do genótipo e de parâmetros que contribuam para a seleção adequada de genitores.

A metodologia mais adequada para auxiliar esta caracterização é a utilização de técnicas multivariadas onde é possível simplificar a fenotipagem dos genótipos quanto aos descritores avaliados e concluir sobre a seleção dos genitores. Dentre estas técnicas, a diversidade genética é amplamente utilizada por ser um método preditivo e que permite explorar a variabilidade entre subamostras. Além disso, a estimação da diversidade possibilita ao melhorista concentrar esforços apenas em combinações específicas promissoras para maximizar a heterose e o ganho genético na obtenção de uma progênie (GOMES et al., 2004).

Diante do exposto, o objetivo foi estimar e analisar a diversidade genética entre variedades de polinização aberta de milho tropical por meio de caracteres fenotípicos.

### **Material e métodos**

Um ensaio com 42 variedades de milho (Tabela 1) pertencentes ao Centro Nacional de Pesquisa Milho e Sorgo foi instalado no campo experimental Prof. Diogo Alves de Mello do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa – (UFV) (20°45'14"S; 42°52'53"W), em novembro de 2011. Adotou-se o delineamento experimental látice retangular 6x7, com duas repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de 4m de comprimento espaçadas por 0,80 m. A densidade de semeadura foi 5,5 sementes por metro. A adubação de plantio foi realizada com 250 kg.ha<sup>-1</sup> de NPK (formulado 8-28-16) e a adubação de cobertura com 90 kg.ha<sup>-1</sup> de nitrogênio aplicado no estágio V6. Os tratos culturais adotados foram os recomendados para a cultura.

Na ocasião do florescimento, as parcelas foram avaliadas quanto ao florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura da primeira espiga (AE), número de folhas acima da primeira espiga (NFAE) e número de perfilhos por pendão (NPP). Após a maturação dos grãos foram avaliados os caracteres: acamamento (AC), quebramento (QB), número de plantas na parcela (ST), número de espigas colhidas na parcela (NE), número de espigas doentes colhidas na parcela (ED), peso de espigas colhidas na parcela (PE) e peso de grãos debulhados da parcela (PG).

Na avaliação da divergência genética entre as variedades foi realizada a análise multivariada utilizando a Distância Euclidiana Média Padronizada como medida de

dissimilaridade. No agrupamento das variedades utilizou-se o método hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages) e o método de otimização Tocher. As metodologias de agrupamento foram comparadas a fim de aumentar a confiabilidade das conclusões sobre as variedades. Todas as análises foram realizadas por meio do programa estatístico Genes (CRUZ, 2011).

### **Resultados e Discussão**

Com base no dendrograma (Figura 1) é possível observar que a maior distância é entre as variedades BRS Caimbé e CMS EAO 2008 e a menor entre a Sint 10723 e Sint 10781.

Apesar das variedades CMS EAO 2008 e DSS-0402 não serem dispostas em nenhum grupo, três grupos podem ser observados, os quais são compostos por 32, três e cinco variedades de milho, respectivamente. No dendrograma, o corte foi realizado em 1,43 da Distância Euclidiana Média, correspondendo a 70% da diversidade entre as linhagens. CRUZ (1990) recomenda que o corte seja feito onde possa ser observada mudança brusca de nível. Assim, a partir desse ponto, foram obtidos os cinco grupos citados, visto que o primeiro englobou 32 variedades.

Como foram avaliadas 42 variedades quanto a 18 caracteres morfológicos, é possível analisar a alta similaridade entre as variedades do primeiro agrupamento que abrangeu 76,19% dos genótipos em estudo. O agrupamento não foi suficiente para distinguir as variedades quanto à produção de grãos (peso de 500 grãos debulhados) distribuindo as de melhor e pior performance em agrupamentos distintos e a diferentes distâncias. Tal afirmativa é comprovada ao observar a variedade DSS-0402 que, sendo a mais produtiva, não foi agrupada com nenhum outro material. Divergente à maior produção, na quinta ramificação do dendrograma houve maior agrupamento das variedades menos produtivas (Sint 10697, Sint 10805 e HDS NE 4x3). A variedade CMS EAO 2008 que não apresentou similaridade com outras variedades, se destacou quanto ao tamanho de planta e altura da primeira espiga, entretanto, apresentou caracteres indesejados como acamamento e espigas doentes. Apesar de apresentar maior dissimilaridade com a maioria das variedades, utilizá-la como genitor pode diminuir o ganho pela provável frequência de alelos desfavoráveis em caracteres de interesse.

Com exceção da variedade 11934 com superioridade nos caracteres: peso de espiga, número de fileiras por espiga, diâmetro de espiga e de sabugo o agrupamento de Tocher apresentou alta similaridade de resultados no agrupamento das variedades.

Em plantas alógamas o objetivo da caracterização de materiais para auxiliar a seleção é fundamentar a divergência entre genitores que, por sua vez, está diretamente relacionada com a capacidade específica de combinação. Todavia, Cress (1966) destaca que apesar de estar relacionada com a heterose, a diversidade genética pode não ser suficiente para que ela ocorra, sendo imprescindível considerar o desempenho superior dos genitores em combinações híbridas.

Pela estimativa da importância de caracteres, nota-se que diâmetro de espiga, comprimento de espigas e altura da primeira espiga seriam passíveis de eliminação caso fosse necessário reduzir o número de descritores. Por outro lado, pode-se observar que as contribuições mais importantes dos descritores foram peso de grãos debulhados e peso de espigas.

### **Conclusão**

As variedades de milho avaliadas não apresentaram alta diversidade genética em relação aos caracteres morfológicos analisados.

### **Agradecimentos**

A Fapemig, Capes e CNPq, pelo apoio financeiro.

### **Literatura Citada**

CRESS, C.E. Heterosis of hybrid related to gene frequency differences between two populations. *Genetics*, v.53, p.269-274, 1966.

CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A.; SILVA, G.H. Mais de 170 cultivares transgênicas são disponibilizadas no mercado de sementes do Brasil para a safra 2011/12. *Milho - Cultivares para 2011/2012*. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>. Acesso em: 13/05/2012.

CRUZ, C.D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Tese de doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 188 p. 1990.

CRUZ, C.D. Programa Genes - aplicativo computacional em genética e estatística. Versão 2011b. Disponível em: [www.ufv.br/dbg/biodata.htm](http://www.ufv.br/dbg/biodata.htm).

GOMES, M.S.; PINHO, R.G.V.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.V.; BRITO, A.H. Variabilidade genética em linhagens de milho nas características relacionadas com a produtividade de silagem. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.39, n.9, p.879-885, 2004.

MELO, W.M.C.; PINHO, R.G.V.; SANTOS, J.B.; FERREIRA, D.F. Utilização de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares para a avaliação da divergência genética entre híbridos de milho. *Revista Ceres*, v. 48, n.276, p.195-207, 2001.

NETTO, D.A.M.; OLIVEIRA, A.C.; ANDRADE, R.V. Análise da variabilidade genética da coleção nuclear de milho tipo duro. Resumos expandidos. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24, 2002, Florianópolis.

WANG, R.L.; STEC, A.; HEY, J.; LUKENS, L.; DOEBLEY, J. The limits of selection during maize domestication. *Nature*, v. 398, p. 236-239, 1999.

## Tabelas e Figuras

Tabela 1 – Identificação das variedades de polinização aberta utilizadas no ensaio.

Codificação	Variedades	Codificação	Variedades
1	BRS 2020	22	DSS HI 02
2	BRS 1055	23	Sint 10783
3	Sint 10731	24	Sint 10717
4	BRS 3060	25	Bio 4
5	Sint 10771	26	CMS EAO 2008
6	DSS-0402	27	PC 0402 = IPR 164
7	DSS-0404	28	PC 0904
8	BRS Caimbé	29	Eldorado
9	Sintético 1X	30	MC 20
10	BRS 4103	31	Sol da Manhã
11	Sintético RxS Spod	32	PC 0905
12	Sintético 256 L	33	PC 0903
13	Sint 10697	34	AL Avaré
14	BR 106	35	Sint Super-Precoce 1
15	Sint. Mult. TL	36	2E530
16	Sint. Pro Vit A	37	Sint 10723
17	Sint 10707	38	1I934
18	VSL BS 42 C 60	39	BRS Gorutuba
19	Sint 10795	40	Sint 10699
20	Sint 10805	41	HDS NE 4x3
21	DSS HI 01	42	Sint 10781

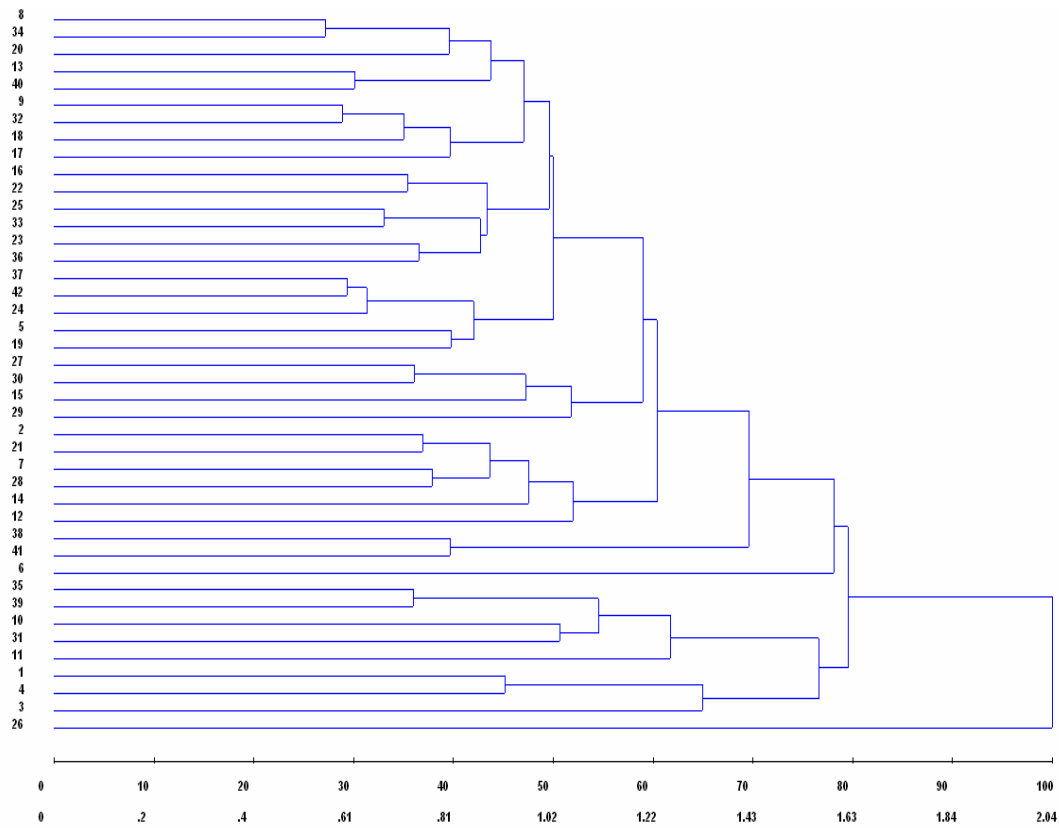


Figura 1- Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 42 variedades de polinização aberta de milho tropical, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a Distância Euclidiana Média Padronizada como medida de dissimilaridade com base em caracteres fenotípicos.