

Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos

Genetic divergence among corn (*Zea mays* L.) genotypes in distinct environments

Maicon Nardino^{1*}, Diego Baretta¹, Ivan R. Carvalho¹, Diego N. Follmann², Mauricio Ferrari¹, Alan J. de Pelegrin¹, Vinícius J. Szarecki³, Valmor A. Konflanz⁴ e Velci Q. de Souza⁵

¹ Departamento de Agronomia, Centro de Genômica e Fitomelhoramento, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel – Universidade Federal de Pelotas, C.P. 354, 96010-900, Capão do Leão, Brasil;

² Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, CEP 97105-900, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil;

³ Programa de Pós Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Departamento de Fitotecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, C.P. 354, 96010-900, Capão do Leão, Brasil;

⁴ KSP Sementes e Pesquisas Ltda, CEP 85504-050, Pato Branco – PR, Brasil;

⁵ Universidade Federal do Pampa, Campus Dom Pedrito – RS, C.P. 96450-000, Dom Pedrito, Brasil.

(*E-mail: nardinomn@gmail.com)

<http://dx.doi.org/10.19084/RCA16013>

Recebido/received: 2016.01.29

Recebido em versão revista/received in revised form: 2016.05.19

Aceite/accepted: 2016.05.31

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi caracterizar morfológicamente a dissimilaridade genética entre 25 genótipos de milho (*Zea mays* L.), visando a seleção dos mais divergentes e de maior potencial produtivo, por meio da análise multivariada, em cinco ambientes de cultivo do Sul do Brasil. As linhagens endogâmicas dos dois grupos heteróticos foram provenientes do banco de germoplasma da empresa KSP Sementes Ltda. Utilizaram-se 15 linhagens como genitores femininos e oito linhagens como genitores masculinos. Os ensaios foram conduzidos na safra agrícola 2011/2012 em cinco ambientes, com delineamento de blocos completos ao acaso com três repetições por local. Foram avaliados 15 caracteres de interesse agrônomo. A divergência genética foi avaliada por meio do método de agrupamento de Tocher e UPGMA. As estimativas da D^2 indicam os pares de genótipos 6 e 22 como mais distantes geneticamente, e 1 e 14 os pares mais similares. Foram identificados nove grupos divergentes em ambos os métodos de agrupamento. Os caracteres profundidade de grãos, diâmetro do sabugo, massa de sabugo, diâmetro de espiga e peso de 100 grãos foram os principais determinantes na quantificação da divergência genética. Para o melhoramento de milho, os genótipos com maiores potenciais são 5, 15, 12, 20, 9, 25 e 10.

Palavra-chave: Análise multivariada, dissimilaridade genética, desempenho agrônomo

ABSTRACT

The aim of this study was to morphologically characterize the genetic dissimilarity among 25 maize (*Zea mays* L.) genotypes in order to select the most divergent and higher yield potential, by multivariate analysis, in five cultivation environments in southern Brazil. The inbred lines of the two heterotic groups were from the genbank company KSP Seeds Ltda. Fifteen inbred lines were used as female parents and eight inbred lines as male parents. The tests were conducted during the harvest 2011/2012 in five environments, in randomized complete block design with three replications per location. We evaluated 15 characters of agronomic interest. Genetic divergence was assessed by the clustering method of Tocher and UPGMA. Estimates of D^2 indicated genotype pairs 6 and 22 as genetically more distant, and 1 and 14 the most similar pairs. Nine different groups were identified in both clustering methods. The depth of grain, cob diameter, cob weight, ear diameter and weight of 100 grains characters were the main determinants in the quantification of genetic divergence. For breeding purposes, genotypes 5, 15, 12, 20, 9, 25 and 10 are those of higher potential.

Keywords: genetic dissimilarity, multivariate analysis, agronomic performance.

INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) destaca-se economicamente como uma importante cultura, empregada para fonte de alimento, fibras, combustível e rações. O cereal é usado como ingrediente em uma inúmeras lista de produtos manufaturados e empregados na nutrição da população mundial (Hallauer *et al.*, 2010). O Brasil se destaca como um dos maiores produtores de milho do mundo, superado apenas pelos Estados Unidos e China (Faostat, 2014). De acordo com levantamento realizado pela Conab, na safra de 2013/2014, a produção brasileira de milho foi de 78,96 milhões de toneladas em 15,49 milhões de hectares, com uma produtividade média de 5.095 kg ha⁻¹ (Conab, 2014). Entretanto, algumas regiões brasileiras atingem produtividades, superiores a 8.000 kg por hectare (Dotto *et al.*, 2010).

A avaliação da divergência genética é amplamente utilizada pelos melhoristas de milho para seleção de genitores. Este método visa selecionar materiais mais promissores, diminuindo custos e tempo necessário para realização de vários cruzamentos, muitas vezes desnecessários. Dessa forma, esforços são concentrados em combinações híbridas entre genitores mais divergentes (Rinaldi *et al.*, 2007). O conhecimento da divergência genética fornece parâmetros para a correta escolha de genitores que, ao serem cruzados, resultem em elevado efeito heterótico nas progênes, maximizando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (Rotili *et al.*, 2012).

A divergência genética tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, destacando-se as análises dialélicas, ou por processos preditivos. Nos dialelos, quando o número de genitores é elevado. Por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas, os métodos preditivos tem merecido considerável ênfase. Na predição de divergência genética, vários métodos de análise multivariada podem ser aplicados, entre os quais citam-se a análise de componentes principais, variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. Os métodos aglomerativos dependem de medidas de dissimilaridades estimadas previamente, como a distância euclidiana ou a distância generalizada de Mahalanobis. Contudo, a distância de Mahalanobis tem sido amplamente utilizada, por levar em consideração

as matrizes de covariância residuais estimadas a partir de ensaios experimentais com repetição (Cruz *et al.*, 2012).

A divergência genética tem sido estudada em várias culturas com base em caracteres morfoagronômicos, moleculares e ambos, visando a seleção de genitores para formação de combinações híbridas e/ou formação de novas populações segregantes oriundas de cruzamentos com genótipos mais divergentes (Rinaldi *et al.*, 2007; Ganesan *et al.*, 2010; Vogt *et al.*, 2010; Quintal *et al.*, 2012; Rotili *et al.*, 2012; Silva *et al.*, 2012; Kage *et al.*, 2013). Quanto mais divergentes forem os genitores, maior é a variabilidade resultante na população segregante, e maior é a probabilidade de reagrupar alelos em novas combinações favoráveis (Barbieri *et al.*, 2005).

O objetivo deste trabalho foi caracterizar morfológicamente a dissimilaridade genética entre 25 genótipos de milho, visando a seleção dos mais divergentes e de maior potencial produtivo, por meio de análise multivariada, em cinco ambientes de cultivo no Sul do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Os cruzamentos artificiais entre as linhagens endogâmicas foram conduzidos na estação de pesquisa da empresa KSP Sementes Ltda. no município de Clevelândia-PR no ano agrícola de 2010/2011. Para condução do trabalho foram utilizadas 15 linhagens endogâmicas como genitores femininos, que apresentavam características de elevado rendimento de grão e oito como genitores masculinos, com características de rusticidade, formando dois grupos heteróticos distintos. Os grupos heteróticos foram cruzados artificialmente conforme o modelo dialélico parcial, resultando consequentemente, em 25 combinações híbridas. O germoplasma utilizado foi oriundo do programa de melhoramento genético da empresa KSP Sementes Ltda., com sede no município de Pato Branco – PR. As sementes híbridas obtidas dos cruzamentos foram colhidas manualmente, secadas e preparadas para a sementeira dos ensaios nos cinco locais.

A sementeira foi conduzida na safra agrícola 2011/2012 em cinco locais distintos dos três estados da região Sul do Brasil. No Rio Grande do Sul, o

ensaio foi conduzido no Município de Frederico Westphalen, sendo as coordenadas (27°23'47"S, 53°25'35"O, 480 m). Em Santa Catarina, o ensaio foi conduzido no município de Itapiranga, sendo as coordenadas (27°10'10"S, 53°42'44"O, 206 m). No Paraná, os ensaios foram conduzidos em três locais: Pato Branco, com as coordenadas (26°13'44"S, 52°40'15"O, 760 m), Ampére com as coordenadas (25°54'20"S, 53°25'54" O, 718 m), Clevelândia com as coordenadas (26°21'17"S, 52°28'56" O, 860 m).

As unidades experimentais foram compostas por duas linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas 0,70 metros. As linhas de sementeira foram demarcadas com sementeira de sistema de sementeira direta, realizando-se na mesma operação a adubação das linhas. As sementes híbridas provenientes dos cruzamentos dos dois grupos heteróticos foram semeadas manualmente. A época de sementeira foi realizada de acordo com o zoneamento agroclimático de cada local. O manejo do solo, e os tratamentos culturais foram os mesmos para os cinco locais obedecendo aos estádios fenológicos e às necessidades da cultura, onde após a emergência e estabelecimento da mesma, realizou-se o raleio manual, para ajuste do estande de 42 plantas por unidade experimental, equivalente a 60.000 plantas ha⁻¹.

Os seguintes caracteres agrônômicos foram mensurados: altura de planta (AP, em cm), altura de inserção da espiga (AE, em cm), prolificidade (PROL, em unidades), rendimento de grãos de parcela (RG, em kg), diâmetro da espiga (DE, em mm), comprimento da espiga (CE, em cm), número de fileiras por espiga (NF, em unidades), número de grãos por fileira (NC, em unidades), número total de grãos por espiga (NG, em unidades), peso da espiga (PE, em g), profundidade de grãos (PFG, em mm), peso total de grãos da espiga (PG, em g), diâmetro do sabugo (DS, em mm), peso do sabugo (PS, em g) e peso de 100 grãos (MCG, em g).

Na análise dos dados, foi realizada a análise de variância individual e, constatada a homogeneidade de variâncias residuais pelo quociente entre o maior e menor quadrado médio residual ter ficado abaixo de 7 (Gomes e Garcia, 2002), realizou-se a análise de variância conjunta. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento de médias pelo teste Scott e Knott (1974) a 95%, para o caráter

RG. Na aplicação da técnica de agrupamento, adotou-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), como medida de dissimilaridade, sendo efetuada a importância relativa dos caracteres, estimada pela partição dos componentes de D^2 , relativos a cada caráter, no total da dissimilaridade observada (Singh, 1981). No estudo da divergência genética, foi empregado o método de otimização de Tocher (Rao, 1952) e análise de agrupamento pelo método das médias aritméticas não-ponderadas (Unweighted pair group method using arithmetic average – UPGMA). Todas as análises foram realizadas através do programa computacional GENES (Cruz, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variação associada a híbridos, locais de cultivo e interação híbridos x locais de cultivo revelou significância ($p < 0,05$) para todos os caracteres analisados, indicando que o comportamento entre os mesmos diferiu em função das variações ambientais existentes entre os locais de cultivo, possibilitando a identificação de constituições genéticas de melhor desempenho *per se* sobre os caracteres analisados (Quadro 1). Os coeficientes de variação apresentaram amplitude de 3,13% para DE até 7,69% para PFG, indicando boa precisão experimental segundo a escala proposta por Scapim *et al.* (1995).

Os resultados da análise de variância multivariada (MANOVA), referente a 15 caracteres avaliados em 25 híbridos de milho em cinco locais de cultivo, encontram-se sumarizados no Quadro 2. A análise MANOVA evidenciou, da mesma forma, diferenças significativas entre os vetores de médias para todos os efeitos principais (híbridos e locais) e para o efeito da interação híbrido x locais. Dessa forma, com a rejeição da hipótese de que os vetores de médias são iguais, justifica-se o uso de outras técnicas multivariadas, objetivando estudos de dissimilaridade genética.

As medidas de dissimilaridade estimadas a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) relativa aos 25 híbridos nos cinco locais são indicadas no Quadro 3. Dentre os híbridos avaliados, os menores valores de D^2 foram observados entre KSP1 e KSP14 (2,3), e a maior distância ocorreu entre os híbridos

Quadro 1 - Análise de variância para caracteres avaliados em 25 híbridos simples de milho em cinco locais de cultivo

Caracteres ¹	Quadrado Médio					Média	CV (%)
	Bloco	Híbrido (H)	Local (L)	H x L	Resíduo		
AE	75,49	605,71**	25466,87**	309,76**	41,87	118,38	5,47
AP	474,22	689,65**	686173,63**	425,97**	106,88	228,57	4,52
PROL	0,00	0,01**	0,10**	0,01**	0,00	0,99	7,06
RG	0,43	3,23**	242,49**	1,83**	0,25	7,81	6,41
DE	3,83	14,35**	261,21**	4,72**	2,34	48,90	3,13
CE	1,19	3,55**	109,01**	2,35**	0,53	16,90	4,31
NF	1,91	2,95**	19,99**	1,59**	0,59	15,91	4,82
NC	2,12	21,42**	577,55**	13,23**	2,44	34,89	4,47
NG	1480,50	4741,15**	268306,10**	5503,40**	1312,41	555,95	6,52
PE	65492,20	1282,78**	65492,20**	1364,71**	209,12	206,34	7,01
PFG	2,52	5,09**	40,45**	1,45**	0,59	9,96	7,69
PG	755,33	815,90**	54576,49**	844,04**	115,07	172,57	6,22
DS	2,62	15,85**	22,75**	3,42**	1,14	28,98	3,69
PS	16,16	157,00**	1161,60**	52,78**	5,58	34,49	6,85
MCG	1,51	42,20**	419,02**	20,03**	1,78	32,65	4,08

*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F; ** Significativo a 1% de probabilidade de erro pelo teste F. 1AE = altura da espiga em cm, AP = altura da planta em cm, PROL=prolificidade em unidades, RG = rendimento de grãos de parcela em Kg, DE = diâmetro da espiga em mm, CE = comprimento da espiga em cm, PE = peso da espiga em g, NF = número de fileiras por espiga em unidades, NC=número de grãos por fileira em unidades, NG = número total de grãos por espiga em unidades, PG = peso de grãos por espiga em g, PFG = profundidade de grãos por espiga em mm, DS = diâmetro do sabugo em mm, PS = peso do sabugo em g e MCG = peso de cem grãos em g.

Quadro 2 - Análise de variância multivariada (MANOVA), por meio de quatro testes estatísticos, indicando a probabilidade do teste F para 15 caracteres avaliados simultaneamente, com dois fatores de tratamento, sendo o primeiro fator o local de cultivo, com 25 níveis, e o segundo fator o híbrido, com cinco níveis

Efeito	Teste estatístico	Valor	Valor F	Pr > F
Local (L)	Lambda de Wilks	0,0000	261,3600	0,0001
	Pillai's Trace	3,5431	122,5100	0,0001
	Hotelling-Lawley	151,0595	585,7500	0,0001
	Roy's Greatest Root	120,5173	1904,1700	0,0001
Híbrido (H)	Lambda de Wilks	0,0005	6,9500	0,0001
	Pillai's Trace	4,9713	5,1200	0,0001
	Hotelling-Lawley	14,6196	9,4300	0,0001
	Roy's Greatest Root	5,5001	56,8300	0,0001
LxH	Lambda de Wilks	0,0000	4,1100	0,0001
	Pillai's Trace	8,6573	3,5300	0,0001
	Hotelling-Lawley	29,6684	4,7800	0,0001
	Roy's Greatest Root	5,5669	14,3800	0,0001

KSP6 e KSP22 (77,2). A relação entre o maior e o menor valor observado de D^2 foi da ordem de 33,6 caracterizando, assim, a presença de variabilidade genética entre os materiais estudados, corroborando os resultados obtidos por Paixão *et al.* (2008) que estudando seis populações de milho obteve como estimativa de D^2 o valor de 39.

As amplitudes dos valores das estimativas de dissimilaridade observadas sugerem que há variabilidade genética entre o conjunto de híbridos analisados, visto que, tais constituições híbridas foram originadas de distintos grupos heteróticos, viabilizando desta maneira, a extração de linhagens endogâmicas e/ou possibilitando ganho heterótico com exploração de híbridos duplos.

Quadro 3 - Estimativa da variância generalizada de Mahalanobis(D²) relativa a 25 híbridos simples de milho em cinco locais de cultivo

Híbridos	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
1	9,3	7,9	7,8	14,3	11,4	5,3	7,2	15,5	18,5	23,2	27,1	20,5	2,3	10,1	11,4	12,0	17,0	9,7	11,7	17,7	38,7	22,4	24,4	29,6
2		6,6	19,2	14,8	21,2	13,3	9,0	16,1	17,0	19,6	18,7	18,8	7,4	14,5	9,5	11,6	15,3	10,4	14,9	12,0	31,8	17,1	23,3	22,2
3			15,4	10,8	13,6	8,5	4,7	10,0	19,3	19,4	19,7	17,9	6,9	11,3	6,7	8,0	12,5	10,8	7,5	11,2	39,0	21,7	17,8	21,8
4				26,2	12,4	18,4	8,6	24,3	36,3	29,1	39,1	19,3	8,5	24,7	14,7	16,3	19,2	24,4	25,6	30,2	47,5	37,8	25,8	49,3
5					17,0	13,1	17,2	9,0	12,0	38,2	19,8	35,7	13,1	5,9	15,7	14,4	34,5	18,7	8,7	22,5	51,7	30,0	36,2	22,3
6						18,5	18,7	14,7	30,0	50,2	48,0	37,8	14,6	23,2	16,5	17,7	35,1	29,2	24,1	40,6	77,2	52,7	46,8	54,7
7							12,2	16,5	15,3	26,1	25,6	29,3	7,7	6,3	18,0	12,9	19,2	8,7	9,9	17,2	40,8	21,3	27,5	23,6
8								16,1	23,3	13,3	18,4	8,7	5,1	12,9	6,0	10,1	9,8	10,9	12,4	11,8	27,5	18,5	13,3	25,5
9									16,4	40,2	32,9	32,6	15,8	14,9	19,7	11,2	29,5	19,0	6,8	30,5	62,2	38,6	37,0	23,4
10										44,0	33,7	49,1	21,5	14,0	29,6	24,6	35,6	19,4	15,5	28,5	54,6	21,8	46,0	26,2
11											15,8	13,0	16,4	26,4	15,9	18,4	7,7	13,0	23,7	9,4	9,8	25,7	7,7	20,0
12												18,3	15,9	12,3	14,0	19,9	26,5	14,7	19,0	7,8	13,3	23,5	17,9	11,7
13													12,3	25,0	11,1	18,1	17,8	16,5	26,9	18,3	19,8	33,9	16,3	32,0
14														7,7	5,7	8,4	13,8	6,8	10,7	11,4	27,0	22,0	17,0	22,3
15															13,4	13,7	27,1	8,7	8,1	14,6	33,5	22,9	28,4	15,9
16																10,8	16,0	12,5	16,3	11,6	29,9	31,5	16,5	27,1
17																	12,9	8,9	12,1	20,3	34,8	34,4	23,6	20,5
18																		14,6	21,0	12,3	24,7	25,5	11,3	24,8
19																			10,4	12,0	20,6	21,7	20,0	13,2
20																				14,2	40,0	23,7	19,5	9,6
21																					15,5	13,2	8,3	12,5
22																						26,1	18,3	24,9
23																							26,3	25,4
24																								21,1

11=KSP1, 2=KSP2, 3=KSP3, 4=KSP4, 5=KSP5, 6=KSP6, 7=KSP7, 8=KSP8, 9=KSP9, 10=KSP10, 11=KSP11, 12=KSP12, 13=KSP13, 14=KSP14, 15=KSP15, 16=KSP16, 17=KSP17, 18=KSP18, 19=KSP19, 20=KSP20, 21=KSP21, 22=KSP22, 23=KSP23, 24=KSP24 e 25=KSP25.

Segundo Cruz e Carneiro (2006) dois pais não distantes geneticamente entre si tendem a compartilhar muitos genes e alelos em comum, apresentando pouca complementariedade quando os mesmos são cruzados, apresentando baixo vigor híbrido como consequência do baixo nível de heteroziguidade alélica. Entretanto, quando dois pais são mais distantes geneticamente, é admitido que eles difiram no número de *loci* no qual o efeito de dominância é evidente, refletindo uma maior manifestação da heterose.

O método de otimização de Tocher, utilizando as médias dos híbridos nos cinco ambientes (análise conjunta), proporcionou a formação de nove grupos distintos, onde o grupo I formou o maior número de genótipos, representado por 11 híbridos, que juntos incorporaram 44% do conjunto dos 25 híbridos estudados, seguido do grupo II que apresentou quatro híbridos, grupo III, IV e V com dois híbridos e grupos VI, VII, VIII e IX com um híbrido cada (Quadro 4). Pode verificar-se elevada dissimilaridade entre o conjunto de híbridos, explicando a formação de nove grupos. A elevada dissimilaridade genética observada entre os genótipos é principalmente devido à origem e composição genética das linhagens endogâmicas utilizadas, pertencentes aos grupos heteróticos distintos. Os grupos de híbridos formados apresentam menor

distância média intragrupo que a distância média intergrupo (Cruz e Carneiro, 2006).

Segundo Simon *et al.* (2012) em programas de melhoramento genético de plantas com ênfase para produção de híbridos, a escolha de genitores para extração de linhagens, que sejam complementares para um maior conjunto de caracteres agrônômicos de interesse é de extrema relevância.

A dissimilaridade intergrupo (Quadro 5) obtida pelo método de otimização de Tocher, permitiu discriminar entre os grupos formados, quais os que se revelaram mais divergentes geneticamente. A menor distância intragrupo foi revelada no grupo III (9,010), em contrapartida a maior distância foi verificada pelo grupo V (12,437). Para os demais grupos não foi possível estimar as distâncias intragrupos, por ambos possuírem somente um representante cada. Por sua vez, as maiores distâncias médias intergrupos observadas foram entre os grupos V e IX (62,374), seguido do grupo III e IX (56,951), enquanto que as menores distâncias intergrupos foram evidenciadas entre o grupo I e III (14,002) e o grupo III e IV (14,177). O grupo I revelou o maior número de genótipos agrupados, apresentando a maior distância média em relação ao grupo IX (33,035), seguido do grupo VIII (23,387) e IV (19,846) e proporcionando dessa

maneira, a formação de distintos grupos heróticos. A correta alocação dos grupos heteróticos é fundamental, pois segundo Ferreira *et al.* (1995) a capacidade de combinação e a heterose são diretamente proporcionais a dissimilaridade genética, e dessa forma, maiores são as chances de alcançar combinações híbridas promissoras.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete por vários níveis, até que se estabeleça um dendrograma ou o diagrama de árvore (Cruz e Carneiro, 2006). Dessa forma, o método UPGMA aliado ao método de otimização de Tocher, confere maior eficiência em discriminar os genótipos quanto as suas distâncias genéticas. O método UPGMA (Figura 1) permitiu a formação de nove grupos distintos, sendo considerado como ponto de corte a 50% do eixo das

abscissas, que foram: grupo G1 (KSP1, KSP14, KSP7, KSP19, KSP3, KSP8, KSP16, KSP2 e KSP17); grupo G2 (KSP5, KSP15, KSP9 e KSP20); grupo G3 (KSP4 e KSP6); grupo G4 (KSP10), grupo G5 (KSP11, KSP24 e KSP18); grupo G6 (KSP13); grupo G7 (KSP12, KSP21 e KSP25); grupo G8 (KSP22) e grupo G9 (KSP23). O coeficiente de correlação cofenético, que estima a representatividade dos dados da matriz de dissimilaridade do dendrograma, revelou magnitude de 0,60, indicando que os dados da matriz apresentaram ajuste satisfatório na representação gráfica apresentada pelo dendrograma.

Observa-se que ambos os métodos (Tocher e UPGMA) foram parcialmente concordantes quanto à dissimilaridade genética entre o conjunto de genótipos, com a formação do mesmo número de grupos. Da mesma forma, foi observado que

Quadro 4 - Agrupamento de 25 híbridos simples de milho, pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D2), considerando 15 caracteres de importância agrônômica, em cinco locais de cultivo

Grupos	Híbridos ¹
I	1; 14; 8; 3; 16; 2; 17; 19; 7; 15; 20
II	11; 24; 21; 18
III	5; 9
IV	12; 25
V	4; 6
VI	13
VII	10
VIII	23
IX	22

11=KSP1, 2=KSP2, 3=KSP3, 4=KSP4, 5=KSP5, 6=KSP6, 7=KSP7, 8=KSP8, 9=KSP9, 10=KSP10, 11=KSP11, 12=KSP12, 13=KSP13, 14=KSP14, 15=KSP15, 16=KSP16, 17=KSP17, 18=KSP18, 19=KSP19, 20=KSP20, 21=KSP21, 22=KSP22, 23=KSP23, 24=KSP24 e 25=KSP25.

Quadro 5 - Distâncias médias intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher, considerando 15 caracteres de importância agrônômica, envolvendo 25 híbridos simples de milho em cinco locais de cultivo

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
I	9,743	17,728	14,002	19,846	17,828	18,652	19,806	23,387	33,035
II		9,426	33,579	18,288	34,635	16,327	38,535	22,693	17,086
III			9,010	24,613	20,562	34,168	14,177	34,311	56,951
IV				11,700	47,763	25,159	29,903	24,416	19,076
V					12,437	28,561	33,125	45,272	62,374
VI						-	49,088	33,894	19,813
VII							-	21,789	54,579
VIII								-	26,144
IX									-

11=KSP1, 2=KSP2, 3=KSP3, 4=KSP4, 5=KSP5, 6=KSP6, 7=KSP7, 8=KSP8, 9=KSP9, 10=KSP10, 11=KSP11, 12=KSP12, 13=KSP13, 14=KSP14, 15=KSP15, 16=KSP16, 17=KSP17, 18=KSP18, 19=KSP19, 20=KSP20, 21=KSP21, 22=KSP22, 23=KSP23, 24=KSP24 e 25=KSP25.

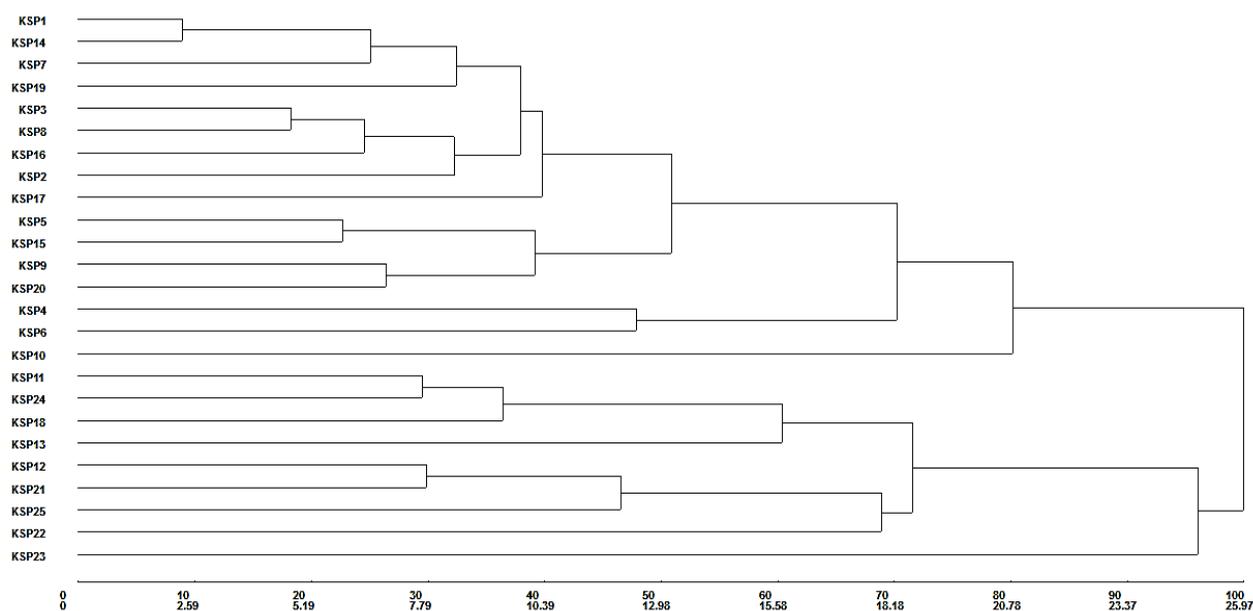


Figura 1 - Dendrograma representativo da dissimilaridade genética, entre 25 híbridos de milho, obtidos pelo método UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D2). O coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,60.

Quadro 6 - Médias relativas ao rendimento de grãos (kg/parcela) referentes aos 25 híbridos simples de milho em cinco locais de cultivo e média de todos os ambientes

Híbridos	Ambientes					Conjunta
	Ampère	Clevelândia	Itapiranga	Pato Branco	Frederico W.	
1	7,18 b	10,73 a	7,37 c	8,20 d	4,59 c	7,61 b
2	6,98 c	9,21 c	8,08 b	8,00 e	3,86 d	7,23 b
3	7,01 c	10,19 a	8,51 b	7,53 e	5,53 b	7,75 b
4	6,19 d	10,35 a	7,49 c	8,71 d	5,00 b	7,55 b
5	8,21 a	11,40 a	8,47 b	10,57 b	5,44 b	8,82 a
6	7,33 a	9,46 b	7,98 b	9,03 d	5,08 b	7,78 b
7	7,68 b	8,58 c	8,40 b	9,34 c	5,24 b	7,85 b
8	8,68 a	10,59 a	6,41 d	8,71 d	4,59 c	7,80 b
9	7,38 b	10,57 a	8,47 b	8,64 d	6,51 a	8,31 a
10	7,72 b	10,67 a	8,66 b	8,72 d	4,55 c	8,06 a
11	7,46 b	9,79 b	7,29 c	7,17 e	4,52 c	7,25 b
12	7,33 b	9,23 c	9,45 a	11,34 a	4,83 c	8,44 a
13	7,34 b	9,66 b	7,66 b	8,14 e	6,07 a	7,77 b
14	6,72 c	10,49 a	8,34 b	7,83 e	5,17 b	7,71 b
15	7,38 b	11,19 a	9,12 a	9,36 c	6,20 a	8,65 a
16	8,08 a	9,08 c	8,33 b	8,25 d	5,16 b	7,78 b
17	7,95 a	9,62 b	8,57 b	7,37 e	4,72 c	7,64 b
18	5,64 d	8,61 c	8,45 b	7,43 e	3,64 d	6,75 b
19	6,90 c	9,25 c	7,89 b	7,84 e	5,97 a	7,57 b
20	7,69 b	10,49 a	9,12 a	9,56 c	5,08 b	8,39 a
21	6,81 c	10,74 a	8,72 b	7,88 e	4,04 d	7,64 b
22	5,70 d	10,05 a	7,92 b	8,60 d	5,09 b	7,47 b
23	7,64 b	9,84 b	6,40 d	8,85 d	5,26 b	7,60 b
24	8,41 a	10,21 a	5,65 d	7,89 e	5,62 b	7,56 b
25	7,49 b	9,04 c	8,59 b	10,27 b	5,66 b	8,21 a
Média Geral	7,32	9,96	8,05	8,61	5,10	7,81

Médias seguidas pela mesma letra na coluna, não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$). 11=KSP1, 2=KSP2, 3=KSP3, 4=KSP4, 5=KSP5, 6=KSP6, 7=KSP7, 8=KSP8, 9=KSP9, 10=KSP10, 11=KSP11, 12=KSP12, 13=KSP13, 14=KSP14, 15=KSP15, 16=KSP16, 17=KSP17, 18=KSP18, 19=KSP19, 20=KSP20, 21=KSP21, 22=KSP22, 23=KSP23, 24=KSP24 e 25=KSP25.

a maior proporção dos genótipos foram alocados no primeiro grupo, em ambos métodos de agrupamento, assim como grupos isolados com apenas um híbrido. Estas diferenças devem-se, segundo Büttow *et al.* (2010), à maneira distinta de cada método realizar o cálculo da variabilidade genética. A semelhança de ambos os métodos de agrupamento na discriminação de genótipos pela dissimilaridade genética corrobora os estudos realizados por outros autores (Neitzke *et al.*, 2009; Büttow *et al.*, 2010; Simon *et al.*, 2012).

Segundo Carpentieri-Pípolo *et al.* (2000) a seleção de genótipos para cruzamento com base somente na divergência genética, sem considerar seus rendimentos, pode não ser uma estratégia eficiente para um programa de melhoramento. Dessa forma, além da dissimilaridade genética para seleção de genitores, o desempenho *per se* dos mesmos, nos ambientes específicos, merece atenção. De acordo com a análise de agrupamento de médias obtidas pelo teste de Scott e Knott (1974) (Quadro 6), os híbridos com maior rendimento de grão (RG) para o local Ampére foram KSP8, KSP24, KSP5, KSP16 e KSP17. Destacaram-se em Clevelândia os híbridos KSP5, KSP15, KSP21, KSP1, KSP10, KSP8, KSP9, KSP20, KSP14, KSP4, KSP24, KSP3 e KSP22 que apresentaram valores de rendimento de grão (RG) superior a 10 Kg por parcela. Em Itapiranga os híbridos KSP12, KSP15 e KSP20 formaram o grupo mais produtivo. Para Pato Branco o híbrido KSP12 obteve o melhor desempenho, com produtividade superior a 11 Kg por parcela. Em Frederico Westphalen os híbridos KSP9, KSP15, KSP13 e KSP19 formaram o grupo mais produtivo. Em relação à média conjunta, envolvendo os cinco ambientes, o caráter RG evidenciou uma variação de 8,82 Kg para o híbrido KSP 5 a 6,75 Kg para o híbrido KSP 18, representando uma amplitude de variação de 30,7%, destacando os híbridos KSP5, KSP15, KSP12, KSP20, KSP9, KSP25 e KSP10 que formaram o grupo de produtividade superior.

Embora a interação genótipo x ambiente tenha sido significativa, verificou-se que o desempenho de um genótipo pode ser superior num determinado ambiente não se mantendo em todos os locais em que a experimentação decorre. Dotto *et al.* (2010) reporta que, levando em consideração a demanda por mão-de-obra no desenvolvimento de programas de melhoramento de milho, específicos

para uma micro-região, ser uma tarefa onerosa, os primeiros cruzamentos necessitam ser amplos. Dessa forma, a melhor estratégia seria utilizar informações provenientes de análises conjuntas dos ambientes, podendo no futuro serem feitas avaliações e seleções das cultivares comerciais para ambientes específicos.

O híbrido KSP22, formando o grupo IX e G8 pelo método de Tocher e UPGMA respectivamente, apesar de destacar-se pela elevada divergência dos demais grupos, não apresentou resultados desejáveis em relação ao seu desempenho *per se* nos ambientes individuais e de forma conjunta, mostrando não ser um genitor em potencial, visto que, a recomendação de cruzamentos, seja realizada entre genótipos divergentes, e que apresentem superioridade para caracteres de importância agrônômica (Cruz *et al.*, 2012).

As estimativas da contribuição relativa dos 15 caracteres para a dissimilaridade genética entre 25 híbridos simples de milho foram avaliadas pelo método de Singh (1981) estão apresentadas no Quadro 7. Os caracteres que mais contribuíram para divergência genética levando em consideração a análise conjunta dos cinco ambientes foram: a profundidade de grão (PGF – 33,33%), o diâmetro do sabugo (DS – 18,22%), o peso do sabugo (PS – 9,62%), o diâmetro da espiga (DE – 9,01%) e o peso de 100 grãos (MCG – 6,66%), totalizando 76,84% da divergência genética entre os híbridos. Já os caracteres prolificidade (PROL – 0,54%), número de grãos por fileira (NC – 1,09%), altura da planta (AP – 1,23%), número de fileiras (NF – 1,37%) e peso da espiga (PE – 1,51%) foram os que menos contribuíram para a divergência genética. Segundo Dotto *et al.* (2010) é fundamental conhecer a influência das principais características na divergência genética entre os materiais, pois estas irão direcionar os trabalhos de melhoramento, assim como aumentar a eficiência na síntese de híbridos promissores. Azad *et al.* (2012) observaram, em 30 linhagens de milho, que o diâmetro da espiga foi um dos caracteres com maior contribuição para a divergência genética. Kage *et al.* (2013) reportaram em um estudo envolvendo 82 linhagens endogâmicas de milho, que a altura da planta e a altura da inserção da espiga foram os caracteres que mais contribuíram na divergência genética com 30,6% e 16,65% respectivamente, sendo os caracteres

Quadro 7 - Contribuição relativa dos caracteres para dissimilaridade genética pelo método de Singh (1981)

Caracteres ¹	Contribuição relativa em %
PFG	33,33
DS	18,22
PS	9,62
DE	9,01
MCG	6,66
NG	4,95
AE	4,16
RG	4,02
PG	2,16
CE	2,11
PE	1,51
NF	1,37
AP	1,23
NC	1,09
PROL	0,54

1AE = altura da espiga em cm, AP = altura da planta em cm, PROL = prolificidade em unidades, RG = rendimento de grãos de parcela em Kg, DE = diâmetro da espiga em mm, CE = comprimento da espiga em cm, PE = peso da espiga em g, NF = número de fileiras em unidades, NC = número de grãos por fileira em unidades, NG = número total de grãos em unidades, PG = peso de grãos em g, PFG = profundidade de grãos em mm, DS = diâmetro de sabugo em mm, PS = peso de sabugo em g e MCG = peso de cem grãos em g.

rendimento de grão (8,70%), número de grãos por fileira (6,14%), número de grãos por espiga (1,96%) e comprimento da espiga (1,48%) os que tiveram menores contribuições. Para Nagalakshmi *et al.* (2010) a contribuição depende principalmente dos genótipos utilizados no estudo e nas influências ambientais sobre o caráter.

Os resultados revelam perspectivas de trabalhos futuros com a exploração da variabilidade genética entre o conjunto de híbridos avaliados, visando a obtenção de híbridos duplos e/ou formação de futuras populações para extração de linhagens. Genitores que apresentaram destaque podem ser incluídos em cruzamentos dialélicos, por exemplo, para se ter confirmação dos resultados pela análise multivariada, uma vez que são de natureza preditiva,

permitindo a estimação de parâmetros como heterose e a capacidade de combinação e maximizando as chances de cruzamentos mais promissores.

CONCLUSÃO

Os cruzamentos entre os híbridos KSP5, KSP15, KSP12, KSP20, KSP9, KSP25 e KSP10 podem resultar em novas combinações gênicas por serem divergentes e reunirem desempenho *per se* desejável.

Os caracteres profundidade de grãos, diâmetro do sabugo, massa de sabugo, diâmetro de espiga e peso de 100 grãos são os principais determinantes na quantificação da divergência genética entre os genótipos de milho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Azad, M.A.K.; Biswas, B.K.; Alam, N. e Alam, S.S. (2012) – Diversity in maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *The Agriculturists*, vol. 10, n. 1, p. 64-70. <http://dx.doi.org/10.3329/agric.v10i1.11066>
- Barbieri, R.L.; Leite, D.L.; Choer, E. e Sinigaglia, C. (2002) – Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. *Ciência Rural*, vol. 35, n. 2, p. 303-308. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782005000200009>
- Büttow, M.V.; Barbieri, R.L.; Neitzke, R.S.; Heiden, G. e Carvalho, F.I.F. (2010) – Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. *Ciência Rural*, vol. 40, n. 6, p. 1264-1269. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782010000600004>
- Carpentieri-Pípulo, V.; Destro, D.; Prete, C.E.C.; Gonzales, M.G.N.; Popper, I.; Zanatta, S. e Silva, F.D. (2000) – Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 35, n. 8, p. 1613-1619. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2000000800014>
- Conab (2014) – *Acompanhamento da safra brasileira de grãos: sétimo levantamento, safra 2013/2014*. Brasília, vol. 1, n. 7, p. 1-86. <http://www.conab.gov.br> [cit. 2014.02.01]. Companhia Nacional de Abastecimento.
- Cruz, C.D. (2013) – Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, vol. 35, n. 3, p. 271-276. <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>
- Cruz, C.D. e Carneiro, P.C.S. (2006) – *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.^a ed. Editora UFV, Viçosa-MG, Brasil, 585 p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J. e Carneiro, P.C.S. (2012) – *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4.^a ed. Editora UFV, Viçosa-MG, Brasil, 514 p.
- Dotto, M.A.; Afférrri, F.S.; Peluzio, J.M.; Melo, A.V. e Carvalho, E.V. (2010) - Divergência genética entre cultivares comerciais de milho em baixas altitudes no Tocantins, safra 2007/2008. *Revista Ciência Agronômica*, vol. 41, n. 4, p. 630-637. <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902010000400017>
- FAOSTAT (2014) – *Production: crops/maize*. <http://faostat.fao.org/> [cit. 2014.02.01]. Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics.
- Ferreira, D.F.; Oliveira, A.C.; Santos, M.X. e Ramalho, M.A.P. (1995) – Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 30, n. 9, p. 1189-1194.
- Ganesan, K.N.; Nallathambi, G.; Senthil, T.N. e Tamilarasi, P.M. (2010) - Divergence analysis in indigenous maize germplasms (*Zea mays* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, vol. 1, n. 4, p. 1241-1243.
- Gomes, F.P. e Garcia, C.H. (2002) – *Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos*. 14.^a ed. Editora FEALQ, Piracicaba-SP, Brasil, 309 p.
- Hallauer, A.R.; Carena, M.J. e Miranda Filho, J.B. (2010) – *Quantitative genetics in maize breeding*. 3.^a ed. Springer. New York, 663 p. <http://dx.doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0>
- Kage, U.; Madalageri, D.; Malakannavar, L. e Ganagashetty, P. (2013) – Genetic diversity studies in newly derived inbred lines of maize (*Zea mays* L.). *Molecular Plant Breeding*, vol. 4, n. 9, p. 77-83. <http://dx.doi.org/10.5376/mpb.2013.04.0009>
- Nagalakshmi, R.M.; Kumari, R.U. e Boranayaka, M.B. (2010) – Assessment of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata*). *Electronic Journal of Plant Breeding*, vol. 1, n. 4, p. 453-461.
- Neitzke, R.S.; Barbieri, R.L.; Heiden, G.; Büttow, M.V.; Oliveira, C.S.; Corrêa, L.B.; Schwengber, J.E. e Carvalho, F.I.D. (2009) – Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. *Horticultura Brasileira*, vol. 27, n. 4, p. 534-538. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362009000400021>
- Paixão, S.L.; Cavalcante, M.; Ferreira, P.V.; Madalena, J.A.S. e Pereira, R.G. (2008) - Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de Alagoas. *Revista Caatinga*, vol. 21, n. 4, p.191-195.
- Quintal, S.S.R.; Viana, A.P.; Gonçalves, L.S.A.; Pereira, M.G. e Amaral Júnior, A.T. (2012) - Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. *Semina: Ciências Agrárias*, vol. 33, n. 1, p. 131-142. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n1p131>
- Rao, R.C. (1952) - *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley & Sons, 390 p.

- Rinaldi, D.A.; Carpentieri-Pípolo, V.; Gerage, A.C.; Ruas, C.F.; Fonseca Júnior, N.S.; Souza, A.; Souza, S.G.H. e Garbuglio, D. (2007) – Correlação entre heterose e divergência genética estimadas por cruzamentos dialélicos e marcadores moleculares RAPD em populações de milho-pipoca. *Bragantia*, vol. 66, n. 2, p.183-192. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000200002>
- Rotili, E.A.; Cancellier, L.L.; Dotto, M.A.; Peluzio, J.M. e Carvalho, E.V. (2012) – Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, vol. 43, n. 3, p. 516-521. <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902012000300014>
- Scapim, C.A.; Carvalho, C.G.P. e Cruz, C.D. (1995) – Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 30, n. 5, p. 683-686.
- Scott, A.J. e Knott, M. (1974) – A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, vol. 30, n. 3, p. 507-512. <http://dx.doi.org/10.2307/2529204>
- Silva, G.O.; Ponijaleki, R. e Suinaga, F.A. (2012) – Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando caracteres fenotípicos de raiz. *Horticultura Brasileira*, vol. 30, n. 4, p. 595-599. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000400006>
- Simon, G.A.; Kamada, T. e Moiteiro, M. (2012) – Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias*, vol. 33, n. 2, p. 449-458. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n2p449>
- Singh, D. (1981) – The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, vol. 41, n. 2, p. 237-245.
- Vogt, G.A.; Balbinot Júnior, A.A. e Souza, A.M.D. (2010) – Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte catarinense. *Scientia Agrária*, vol. 11, n. 4, p. 307-315. <http://dx.doi.org/10.5380/rsa.v11i4.18265>