

# Seleção de genótipos de milho para obtenção de genitores potenciais

Weder Ferreira dos Santos<sup>1</sup>, Jefferson da Silva Pereira<sup>2</sup>, Eduardo Tranqueira da Silva<sup>2</sup>, Layanni Ferreira Sodré<sup>3</sup>, Thiago Pereira dourado<sup>4</sup>, Fernando Barnabé Cerqueira<sup>5</sup> e Mateus da Silva Pereira<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Professor, Doutor, Universidade Federal do Tocantins, Gurupi-TO, Brasil. E-mail: eng.agricola.weder@gmail.com (\*Autor para correspondência).

<sup>2</sup>Graduação em Agronomia, Universidade Federal do Tocantins. E-mail: manimejefferson@gmail.com; tranqueira2015@hotmail.com. <sup>3</sup>Mestre em Agroenergia, Universidade Federal do Tocantins. E-mail: farm.layannisd@gmail.com. <sup>4</sup>Gestor Público. E-mail: thiago.dourado@seagro.to.gov.br.

<sup>5</sup>Professor, Doutor, Faculdade Guaraí, Guaraí-TO, Brasil. E-mail:fernando1.981@hotmail.com. <sup>6</sup>Graduação em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia, Universidade Federal do Tocantins. E-mail: mateussilva@mail.uft.edu.br

Resumo - O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 15 genótipos de milho cultivados na safra 2017/2018. Foi instalado um experimento no município de Gurupi, Tocantins. Experimento foi conduzido em espaçamento entre linhas reduzido de 0,9 m, com população aproximada de 55.555 plantas por hectare, utilizando-se o delineamento blocos casualizados com 3 repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de plantas, altura de inserção da espiga, comprimento de espiga, diâmetro de espiga e produtividade de grãos. A divergência genética foi estimada a partir das distâncias de Mahalanobis e os genótipos foram agrupados pelos métodos de otimização de Tocher. Constatou-se maior divergência genética entre genótipos de milho. A melhor combinação foi entre os genótipos J-5 e J-15 e J-10 e J-15.

Palavras-chave: Extração de linhagens, melhoramento de plantas, *zea mays*.

## Selection of maize genotypes to obtain potential parents

Abstract - The objective of this work was to estimate the genetic divergence among 15 maize genotypes grown in the 2017/2018 harvest. An experiment was installed in the municipality of Gurupi, Tocantins, Brazil. Experiment was conducted at 0.9 m between rows spacing, with an approximate population of 55,555 plants per hectare, using the randomized block design with 3 replicates. The following characters were evaluated: plant height, ear insertion height, ear length, ear diameter and grain yield. The genetic divergence was estimated from the Mahalanobis distances and the genotypes were grouped by the Tocher optimization methods. There was a greater genetic divergence among maize genotypes. The best combination was between genotypes J-5 and J-15 and J-10 and J-15.

Keywords: Lineage extraction, plant breeding, *Zea mays*.

### Introdução

O milho é cultivado em todo o Brasil, tanto na agricultura familiar quanto nas grandes empresas agropecuárias, estando presente em todas as cadeias produtivas de animais. É uma cultura de grande e diversificada utilização na sociedade moderna, e um dos produtos agrícolas de mais ampla distribuição mundial, tanto na produção, quanto no consumo em todo o mundo (Galvão & Miranda, 2011).

A safra de milho no Brasil em 2017 foi de 89.207,6 milhões de toneladas, apresenta uma redução de 8,8% sobre a safra 2016/2017. A produção média do Estado do Tocantins é de (4.225 kg ha<sup>-1</sup>) sendo superior quando comparado à região Norte do país (3.823 kg ha<sup>-1</sup>), e apresenta menores valores de produtividades quando comparados as regiões Centro-Oeste, Sudestes e Sul (Conab, 2018). Esta produtividade baixa pode ser explicada pela falta de programas de melhoramento de milho regional, ou seja, a falta de genótipos de milho adaptados as condições do Estado do Tocantins (Santos et al., 2017).

Com objetivo de selecionar genótipos mais produtivos para a seleção de programas de melhoramento, características relacionadas a produtividade de grãos devem ser estudadas. A análise da diversidade genética destina se a identificação de genitores adequados a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e proporcione maior segregação em recombinações (Cruz et al., 2014).

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 (Nardino et al., 2017).

A divergência genética tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas. 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., 2014).

A divergência genética tem sido estudada em várias culturas, como o açaí (Yokomizo et al., 2017), alho (Viana et al., 2016), arroz (Streck et al., 2017), café (Guedes et al., 2013), mamão (Lucena & Dantas, 2015), manga (Oliveira et al., 2018), maracujá (Chagas et al., 2016; Rodrigues et al., 2017), milho (Melo et al., 2017; Nardino et al., 2017; Prazeres et al., 2016; Rotili et al., 2012; Santos et al., 2014; Santos et al., 2015; Silva et al., 2015; Silva et al., 2016; Simon et al., 2012), pimenta (Araújo et al., 2018) 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 (Santos et al., 2017).

Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a divergência genética e o comportamento per se de 15 genótipos de milho pertencentes ao banco de germoplasma da Universidade Federal de Tocantins.

### Material e Métodos

No ano de 2017, se realizou o experimento entre genótipos de milho na Universidade Federal do Tocantins (UFT), Campus de Gurupi, 11°43' de latitude sul, 49°15' de longitude oeste e altitude de 287 metros, em solo do tipo Latossolo Vermelho-amarelo, textura arenosa distrófico. A semeadura foi realizada em 02 de Dezembro de 2017.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com 15 tratamentos e três repetições. Os tratamentos foram constituídos por 15 genótipos de polinização aberta oriundas do programa de melhoramento de milho da UFT, sendo denominadas: J-1, J-2, J-3, J-4, J-5, J-6, J-7, J-8, J-9, J-10, J-11, J-12, J-13, J-14, J-15.

A parcela experimental foi representada por duas linhas de três metros, espaçadas por 0,90 m entre linhas.

Foi utilizado o sistema de preparo de solo tipo convencional, com uma gradagem seguida do nivelamento da área. O plantio e a adubação de pré-semeadura foram realizados manualmente, utilizando 300 kg ha<sup>-1</sup> de NPK (5-25-15). A semeadura foi realizada com o intuito de se obter 55.555 plantas ha<sup>-1</sup>.

Os tratos culturais, como o controle fitossanitário contra doenças, pragas e plantas daninhas foram realizados seguindo as recomendações técnicas utilizada para a cultura do milho de acordo com Borém et al. (2015).

Na área útil da parcela, foram avaliadas as seguintes características agronômicas utilizadas nas análises de divergência genética entre os genótipos, sendo: 1) altura da planta em centímetro; 2) altura de espiga em

centímetro; 3) comprimento de espiga em milímetros; 4) diâmetro da espiga em milímetros, 5) produtividade de grãos em kg ha<sup>-1</sup>.

Realizou-se estudo da divergência genética, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), como medida de dissimilaridade, levando em consideração o grau de dependência entre as características estudadas.

Para o estabelecimento de grupos similares, foi aplicado o método hierárquico aglomerativo de otimização indicado por Tocher (Rao, 1952), cujos cálculos foram igualmente embasados na distância generalizada de Mahalanobis.

As análises do trabalho foram realizadas utilizando o programa Computacional Genes, versão 2007 (Cruz, 2007).

### Resultados e Discussões

Na Tabela 1, observam-se as medidas de dissimilaridade dos genótipos estudados que são a partir da distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), as quais apresentaram uma elevada magnitude de 1,76 a 428,81, indicando assim a presença de dissimilaridade entre os genótipos avaliados.

**Tabela 1.** Estimativas de dissimilaridade de 15 genótipos de milho utilizando a distância de Mahalanobis ( $D^2$ )

Genótipos	Maior	Genótipos	Menor	Genótipos
1	284,41	(5)	28,56	(15)
2	170,70	(15)	6,00	(14)
3	253,00	(15)	6,21	(12)
4	346,21	(15)	5,16	(8)
5	428,81	(15)	16,08	(10)
6	164,17	(15)	16,05	(3)
7	183,42	(15)	20,86	(6)
8	314,26	(15)	1,76	(12)
9	133,59	(5)	7,02	(14)
10	383,59	(15)	5,15	(8)
11	284,56	(15)	10,94	(12)
12	316,07	(15)	1,76	(8)
13	148,08	(5)	10,37	(9)
14	130,86	(5)	6,00	(2)
15	428,81	(5)	28,56	(1)
Menor			1,76	(8 e 12)
Maior			428,81	(5 e 15)

Entre parenteses estão representados os genótipos

A melhor combinação foi entre os genótipos J-5 e J-15 sendo o mais divergente com uma média ( $D^2 = 428,81$ ), seguida pelas as combinações J-10 e J-15 ( $D^2 = 383,59$ ) e pelos J-4 e J-15 ( $D^2 = 346,21$ ) ilustrada na Tabela 1. Já a menor distância foi entre os genótipos J-8 e J-12 ( $D^2 =$

1,76), seguida pelas combinações J-8 e J-10 ( $D^2 = 5,15$ ) e pelos J-4 e J-8 ( $D^2 = 5,16$ ).

Observa que entre as maiores distância o genótipo J-15 está presente na maioria das combinações. Análise de distância genética pode auxiliar em genitores que poderá ser utilizados em futuros cruzamentos, além disso, reduzindo tempo, mão-de-obra e recursos financeiros com estudos futuros (Santos et al., 2017). Outro ponto que reforça essa hipótese é que os genótipos que formarão os pares, mas divergentes na (Tabela 1), é que estão em grupos distintos no método de Tocher a seguir (Tabela 2).

A análise de agrupamento proposto pelo método de Tocher proporcionou cinco grupos distintos (Tabela 2). A escolha pelo método de Tocher por ser comumente empregados no melhoramento genético (Rao, 1952). O método de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de progenitores mais similar. Esses progenitores formarão o grupo inicial. A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos progenitores (Cruz et al., 2014).

**Tabela 2.** Agrupamento dos genótipos de milho pelo método de Tocher, usando como base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis na de 2016/2017

Grupo	Acessos
I	J-8, J-12, J-10, J-4, J-3 e J-11
II	J-2, J-14, J-9, J-13 e J-6
III	J-1 e J-15
IV	J-7
V	J-5

O primeiro grande grupo foi formado por seis genótipos (J-8, J-12, J-10, J-4, J-3 e J-11), segundo grupo por cinco genótipos (J-2, J-14, J-9, J-13 e J-6), terceiro grupo por dois genótipos (J-1 e J-15), quarto grupo com um genótipo (J-7) e o quinto grupo com um genótipo (J-5). No entanto, apesar das distâncias terem alta representatividade, as análises de agrupamento tornam-se fundamentais para escolha dos progenitores, pois os novos híbridos a serem estabelecidos devem ser baseados nas dissimilaridades observadas (Simon et al., 2012).

A dissimilaridade intergrupos (Tabela 3) obtida também pelo método de otimização de Tocher, nos permite distinguir entres os grupos formados, quais são os mais divergentes entre si de acordo com Guedes et al. (2013).

As maiores distâncias obtidas foram entre os grupos III e V (356,61) seguidos pelos grupos I e III (255,45) indicando os grupos mais divergentes. Por outro lado as menores distâncias obtidas entre os grupos I e V (30,48),

entre os grupos II e IV (54,19) e entre os grupos I e II (60,01). As maiores distâncias intergrupos reforçam o fato de que genótipos em grupos distintos são divergentes (Santos et al., 2017). A maior distância observada foi entre o grupo III e V (356,61), onde estão os genótipos 5 e 15 (428,81), que apresentaram a maior distância  $D^2$  (Tabela 1).

**Tabela 3.** Distâncias de médias intergrupos estimadas pelo método de Otimização de Tocher, envolvendo 15 genótipos de milho.

Grupos	II	III	IV	V
I	60,01	255,45	66,18	30,48
II		94,79	54,19	124,50
III			156,41	356,61
IV				93,25

### Conclusões

1. Existe variabilidade genética entre os genótipos de milho.
2. A melhor combinação foi entre os genótipos J-5 e J-15 e J-10 e J-15 são os mais divergentes.
3. No método de Tocher foi eficiente na separação dos grupos.
4. Na distância entre grupos houve a presença de grupos divergentes entre si.

### Referências

- ARAÚJO, C.M.M.; SILVA FILHO, D.F.; BENAVENTE, C.A.T.; BATISTA, M.R.A. Morphoagronomic characteristics display high genetic diversity in Murupi chili pepper landraces. **Horticultura Brasileira**, v.36, n.1, p.83-87, 2018.
- BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C. PIMENTEL, M.A. **Milho do plantio à colheita**. 1 ed. Viçosa: UFV, 2015. 351p.
- CHAGAS, K.; ALEXANDRE, R.S.; SCHMILDT, E.R.; BRUCKNER, C.H.; FALEIRO, F.G. Genetic diversity in genotypes of the sour passion fruit, based on the physical and chemical characteristics of the fruit. **Revista Ciência Agrônômica**, v.47, n.3, p.524-531, 2016.
- Conab – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento safra Brasileira de grãos**, v. 8 Safra 2017/18 - Oitavo levantamento. Brasília: CONAB, 2018. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 31 mai. 2018.
- CRUZ, C.D. Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2007. 442p.

- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.
- GALVÃO, J.C.C.; MIRANDA, G.V. **Produção de milho em pequenas propriedades**. Viçosa: CPT, 2011. 300 p.
- GUEDES, J.M.; VILELA, D.J.M.; REZENDE, J.C.; SILVA, F.L.; BOTELHO, C.E.; CARVALHO, S.P. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, v.72, n.2, p.127-132, 2013.
- LUCENA, R.S.; DANTAS, J.L.L. Divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos de linhagens e híbridos de mamoeiro. **Magistra**, v.27, n.1, p.101-109, 2015.
- MELO, A.V.; COLOMBO, G.A.; VALE, J.C.; SANTANA, W.D.; FERNANDES, M.S. Estratégias de seleção entre progênies meios-irmãos de milho-pipoca no cerrado Tocantinense. **Brazilian Journal of Applied Technology for Agricultural Science**, v.10, n.1, p.41-50, 2017.
- NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; FERRARI, M.; PELEGRIN, A.J.; SZARESKI, V.J.; KONFLANZ, V.A. SOUZA, V.Q. Genetic divergence among corn (*Zea mays* L.) genotypes in distinct environments. **Revista de Ciências Agrárias**, v.40, n.1, p.164-174, 2017.
- OLIVEIRA, G.P.; SILVA, D.F.P.; SIQUEIRA, D.L.; SALOMÃO, L.C.C.; MATIAS, R.G.P. Diversidade genética para características dos frutos de mangueira 'Ubá'. **Científica**, v.46, n.2, p.138-142, 2018.
- PRAZERES, C.S.; COELHO, C.M.M. Divergência genética e heterose relacionada à qualidade fisiológica em sementes de milho. **Bragantia**, v.75, n.4, p.411-417, 2016.
- RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Willey, 1952. 390p.
- RODRIGUES, D.L.; VIANA, A.P.; VIEIRA, H.D.; SANTOS, E.A.; SILVA, F.H.L.; SANTOS, C.L. Contribuição de variáveis de produção e de semente para a divergência genética em maracujazeiro-azedo sob diferentes disponibilidades de nutrientes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.52, n.8, p.607-614, 2017.
- ROTILI, E.A.; CANCELLIER, L.L.; DOTTO, M.A.; PELUZIO, J.M.; CARVALHO, E.V. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v.43, n.3, p.516-521, 2012.
- SANTOS, W.F.; AFFÉRI, 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.; MACIEL, L.C.; SODRÉ, L.F.; SILVA, R.M.; AFFÉRI, F.S.; FREITAS, J.H.; PEREIRA, J.S. Diversidade genética em genótipos de milho para baixo nível tecnológico em Gurupi, TO. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v.11, n.2, p.21-24, 2017.
- SANTOS, W.F.; PELUZIO, J.M.; AFFÉRI, F.S.; SODRÉ, L.F.; SANTOS, D.S.; FARIAS, T.C.M. Variabilidade genética e eficiência de uso do nitrogênio em genótipos de milho para teor de óleo. **Revista de Ciências Agrárias**, v.57, n.3, p.312-317, 2014.
- SILVA, D.F.G.; COELHO, C.J.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J.R.; SILVA, A.R.; GRACZYKI, B.L.; OLIVEIRA, E.A.T.; MATIELLO, R.R. Genetic dissimilarity and definition of recombination clusters among green corn half-sib progênies. **Bragantia**, v.75, n.4, p.401-410, 2016.
- 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. *Revista Agro@ambiente On-line*, v.9, n.2, p.102-110, 2015.
- SIMON, G.A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Genetic divergence in maize growing at first and second season. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 2, p. 449-458, 2012.
- STRECK, E.A.; AGUIAR, G.A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A.M.; FACCHINELLO, P.H.K.; OLIVEIRA, A.C. Phenotypic variability in genotypes of irrigated rice via multivariate analysis. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, n.1, p.101-109, 2017.
- VIANA, J.P.G.; PIRES, C.J.; PINHEIRO, J.B; VALENTE, S.E.S.; LOPES, A.C.A.; GOMES, R.L.F. Genetic diversity in garlic germplasm. **Ciência Rural**, v.46, n.2, p.203-209, 2016.
- YOKOMIZO, G.KEN-ITI; NETO, J.T.F.; OLIVEIRA, M.S.P. Dissimilaridade morfológica entre progênies de açaizeiro provenientes de Anajás – PA. **Revista de Ciências Agrárias**, v.60, n.4, p.343-349, 2017.