

Dissimilaridade entre populações de milho com base na caracterização do grão

Airton Rosa da Silva⁽¹⁾; Lílian Moreira Barros⁽²⁾; Daiane Prochnow⁽³⁾; Victória Freitas de Oliveira⁽⁴⁾; Antonio Costa de Oliveira⁽⁵⁾; Luciano Carlos da Maia⁽⁶⁾

⁽¹⁾ Graduando em Agronomia; Universidade Federal de Pelotas/UFPEL; Pelotas, RS; rosaaairton@hotmail.com; ⁽²⁾ Doutoranda em Agronomia; Bolsista CNPq; UFPEL; lilianmbarros@gmail.com; ⁽³⁾ Doutoranda em Agronomia; Bolsista Capes; UFPEL; daia.prochnow@hotmail.com; ⁽⁴⁾ Graduanda em Agronomia; Bolsista FAPERGS; UFPEL; vicdeol@gmail.com; ⁽⁵⁾ Professor Titular do departamento de Fitotecnia; UFPEL; acostol@terra.com.br; ⁽⁶⁾ Professor Adjunto do departamento de Fitotecnia; UFPEL; lucianoc.maia@gmail.com

RESUMO: Caracteres qualitativos são importantes ferramentas para a caracterização de populações, sendo denominados de variáveis multicategóricas quando representam duas ou mais classes. O objetivo do trabalho foi analisar a distância genética existente entre populações de milho com base em caracteres qualitativos. Foram utilizadas oito populações de milho, entre elas, seis crioulas (Argentino Amarelo, Caiano Rajado, Cateto Amarelo, Dente de Ouro, Sete Sanga e Taquarão) e duas variedades sintéticas (BRS 473 e BRS Planalto). Os caracteres avaliados foram: Tamanho médio do grão (TMG), tipo de grão (TG), coloração da coroa do grão (CCG), coloração do pericarpo (CP) e coloração do endosperma (CE). As classes foram designadas de acordo com a classificação sugerida pela Embrapa. A distância genética foi obtida por meio da matriz de dissimilaridade e os grupos foram formados de acordo com o método de Ward. As análises estatísticas foram aplicadas utilizando o software Genes. Houve a formação de cinco grupos, sendo que dois deles foram formados basicamente por uma única população, o que indica maior dissimilaridade entre as populações e menor entre genótipos de mesma população. Existe similaridade genética entre populações crioulas e variedades sintéticas.

Termos de indexação: variáveis multicategóricas, qualitativos.

INTRODUÇÃO

Considerando as espécies cultivadas, o milho (*Zea mays* L.) possivelmente possui a maior variabilidade genética, a qual é decorrente tanto de caracteres relacionados à adaptação ambiental,

bem como aqueles que não oferecem vantagens adaptativas (Teixeira et al., 2002).

No melhoramento de milho, possíveis genitores podem ser encontrados a partir de estudos da variabilidade em populações, sendo capazes de identificar genótipos geneticamente distantes, (Santos et al., 2014).

A análise da distância genética destina-se principalmente à identificação de grupos de genótipos distintos para a obtenção de efeitos heteróticos (Cruz et al., 2014), todavia, segundo Moll et al. (1965) é necessário que haja um grau ótimo de divergência para a máxima expressão da heterose.

Existem diversas metodologias para a obtenção da distância genética. As formas preditivas são baseadas nas diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando tais diferenças em medidas de dissimilaridade, expressando a distância existente entre dois ou mais genótipos (Cruz et al., 2014).

Caracteres qualitativos são bastante utilizados na identificação de chaves taxonômicas vegetais, mas também são importantes ferramentas na exploração da distância genética (Coimbra et al., 2010), sendo classificados como variáveis multicategóricas quando usados na caracterização morfológica contendo duas ou mais classes (Sudré et al., 2006).

A distância genética baseada em variáveis multicategóricas é obtida por meio da matriz de dissimilaridade e posterior análise de agrupamento (Coimbra et al., 2010).

O método de Ward (Ward, 1963) é uma técnica de agrupamento em que a formação de cada grupo tem por base a soma dos quadrados dos desvios (SQD), sendo que o agrupamento é feito entre os pares de indivíduos com a menor SQD.

Diante do exposto o objetivo do trabalho foi analisar a distância genética existente entre populações de milho com base em caracteres qualitativos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado na área experimental da Fazenda Agropecuária da Palma, no município Capão do Leão, RS, em solo do tipo Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico (Santos et al., 2006), durante de 2014 e abril de 2015. O delineamento foi inteiramente casualizado.

Foram avaliadas oito populações de milho, sendo: seis crioulas (Argentino Amarelo, Caiano Rajado, Cateto Amarelo, Dente de Ouro, Sete Sanga e Taquarão) e duas variedades sintéticas (BRS 473 e BRS Planalto). Para as avaliações foram utilizadas dez plantas de cada população selecionadas aleatoriamente.

A semeadura foi realizada de forma manual em linhas de cultivos espaçadas a 0,70 metros, com espaçamento entre plantas de 0,17 metros. A adubação de base foi de 300 kg ha⁻¹ da fórmula 10-20-20 e 300 kg ha⁻¹ de nitrogênio em cobertura na forma de ureia aplicada em duas parcelas de 150 kg ha⁻¹ cada.

As plantas foram identificadas e suas espigas colhidas individualmente de forma manual. Até o momento da avaliação os grãos foram mantidos em espiga e armazenados em câmara fria a uma temperatura de 16°C.

Após a debulha se realizou a caracterização morfológica dos grãos através dos caracteres de tamanho e cor indicados como descritores morfológicos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA (MAPA, 1997).

A caracterização dos genótipos foi realizada de acordo com a classificação sugerida pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa para a classificação de recursos genéticos de milho (Teixeira & Costa, 2010).

Avaliou-se o tamanho médio do grão (TMG), nas classes 1- pequeno, 3- médio e 5- grande; tipo do grão (TG), em que 1- duro, 2- semiduro, 3- semidentado, 4- dentado, 5- farináceo, 6- opaco e 7- ceroso; coloração da coroa do grão (CCG), sendo 1- branca, 2- branca amarelada, 3- amarela, 4- amarela alaranjada, 5- alaranjada, 6- vermelha alaranjada, 7- vermelha e 8- vermelha escura; coloração do pericarpo (CP), classificado em 1- incolor, 2- amarela, 3- bronze, 4- marrom, 5- vermelha, 6- roxa e 7- variegada e coloração do endosperma (CE), onde 1- branca, 2- amarela, 3- amarela alaranjada, 4- alaranjada e 5- avermelhada.

Os dados foram submetidos à análise multivariada de classe para a obtenção da matriz de

dissimilaridade e posteriormente processados para o agrupamento utilizando o método de Ward (Ward, 1963). O ponto de corte para a formação dos grupos foi calculado com base na distância média entre os genótipos, desvio padrão e o coeficiente K, gerado pela análise estatística realizada no programa computacional Genes (Cruz, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de dissimilaridade separou os genótipos em cinco grupos, demonstrando a existência de variabilidade entre as populações avaliadas (**Figura 1**).

Na **figura 1** pode-se observar que o grupo um foi formado por nove genótipos, sendo que destes sete pertencem à população Caiano Rajado (oito), um pertencente à população Sete Sanga (cinco) e um da população BRS 473 (sete).

O grupo dois foi formado por nove indivíduos da população Sete Sanga (cinco), cinco genótipos da população Dente de ouro (três) e apenas um genótipo pertencente à Argentino Amarelo (quatro), indicando elevada similaridade entre as duas primeiras, ou seja, menor distância genética (**Figura 1**).

No grupo três houve o agrupamento de todos os genótipos da população Taquarão (seis), sugerindo a não existência de variabilidade entre os genótipos, sendo esta também, a mais distante das demais variedades, todavia, no mesmo grupo foram agrupados genótipos das populações BRS 473 e Caiano Rajado (**Figura 1**).

O mesmo isolamento ocorreu com a população Cateto Amarelo (dois), em que nove de seus dez genótipos foram agrupado no grupo quatro, juntamente com um indivíduo da população BRS Planalto (um) e um da população Dente de Ouro (**Figura 1**).

O maior grupo formado foi o cinco, contendo 31 genótipos de cinco populações, sugerindo que neste grupo houve a maior representação da variabilidade genética entre todas as populações. Neste ficaram concentrados sete genótipos da população BRS 473, nove da população Argentino Amarelo, quatro Dente de Ouro, sete genótipos BRS Planalto e dois Caiano Rajado (**Figura 1**).

A proximidade entre populações crioulas, com variedades sintéticas sugere que mesmo passando por processos de melhoramento, os milhos sintéticos ainda são similares aqueles em que o único processo de seleção foi decorrente do próprio ambiente de cultivo e condições as quais foram submetidos.

Com relação ao isolamento das populações Argentino Amarelo e Taquarão, segundo Vieira et al. (2010), genótipos mais distantes ou que se concentram em grupos isolados, representam

importante fonte de genitores para futuros cruzamentos promissores.

CONCLUSÕES

Das oito populações estudadas, seis apresentaram variabilidade entre seus genótipos.

Existe variabilidade genética entre as populações, bem como há similaridade entre populações crioulas e variedades sintéticas.

De acordo com os resultados aqui encontrados, genótipos de Argentino Amarelo e Taquarão podem compor promissores cruzamentos por se distanciarem das demais populações.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Rio Grande do Sul – FAPERGS, pelas concessões das bolsas de estudos

REFERÊNCIAS

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. M.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V.; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 41, n. 1, p. 159 - 166, Fortaleza/CE, 2010.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012, 667 p.

CRUZ, C.D. "Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics." **Acta Scientiarum**. Agronomy, v.35, n.3, p.271 – 276, 2013.

MAPA – Descritores mínimos do milho (*Zea mays* L.), 1997. Disponível em: <http://www.apps.agr.br/upload/ax4_1102200832684000_decreto2366milho.pdf>, acessado em 21 de maio de 2016.

MOLL, R. H.; LONQUIST, J. H.; VÉLEZ FORTUNO, J.; JOHNSON, E. C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. **Genetics**, v. 52, n. 1, p. 139 – 144, 1965.

SANTOS, H. G.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. A.; OLIVEIRA, J. B.; COELHO, M. R.; LUMBRERAS, J. F.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Embrapa Solos, 2006. 306p.

SANTOS, W. F.; PELÚZIO, J. M.; SODRÉ, L. FL.; AFÉRRRI, F. S.; LOPES, J. A. M.; MORAIS, R. A. Divergência genética para produção de proteína em populações de milho no Município de Palmas, TO. **Tecnologia e Ciência Agropecuária**, João Pessoa, v.8, n.5, p.25-28, 2014.

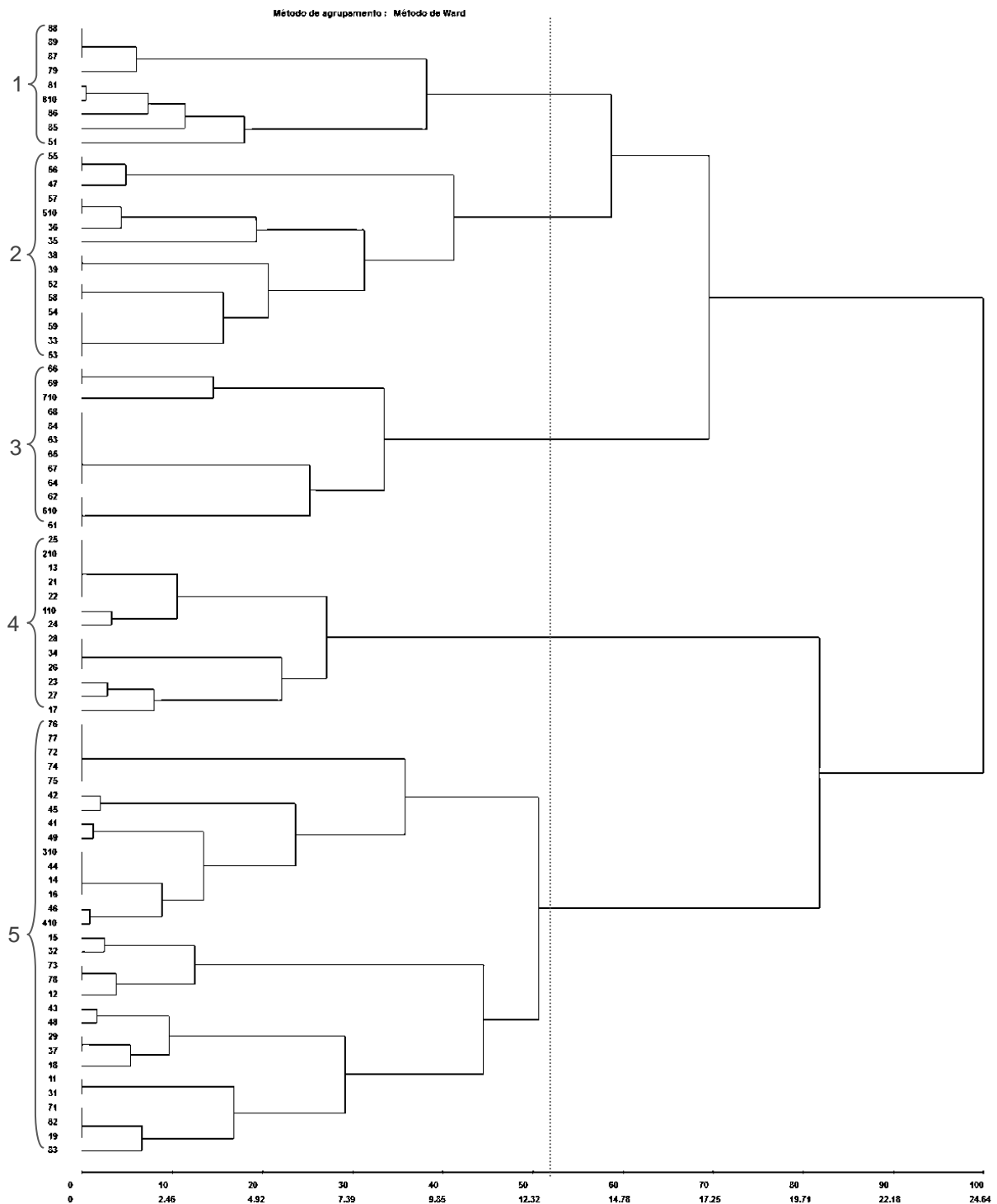
SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; SILVA, D. J. H. da.; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicatóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Associação Brasileira de Horticultura**, v. 24, n. 1, p. 88 – 93, 2006.

TEIXEIRA, F. F.; ANDRADE, R. V.; OLIVEIRA, A. C.; FERREIRA, A. S.; SANTOS, M. X. Diversidade no germoplasma de milho coletado na região Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.1, n.3, p.59-67, 2002.

TEIXEIRA, F. F.; COSTA, F. M. Caracterização de recursos genéticos de milho. Comunicado técnico, Sete Lagoas, MS: Embrapa, 2010. Disponível em <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/883797/caracterizacao-de-recursos-geneticos-de-milho>>. Acesso em 21 de maio de 2016.

VIEIRA, M. A.; CAMARGO, M. K.; DAROS, E.; ZAGONEL, J.; KOEBER, H. S. Cultivares de milho e população de plantas que afetam a produtividade de espigas verdes. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 1, p. 81-86, 2010.

WARD JR, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, n. 301, p. 236 – 244, 1965.



*Populações: 1 – BRS Planalto; 2 – Cateto Amarelo; 3 – Dente de Ouro; 4 – Argentino Amarelo; 5 – Sete Sanga; 6 – Taquarão; 7 – BRS 473; 8 – Caiano Rajado.

Figura 1. Dendrograma obtido pelo método de Ward, a partir da matriz de dissimilaridade entre oito populações* de milho. Capão do Leão/RS, 2016.