

Estimativa da divergência genética em híbridos de milho destinados à formação de novas populações

Gilcimar Adriano Vogt¹, Haroldo Tavares Elias², Ricardo Staforti³ e Alvadi Antônio Balbinot Júnior⁴

Resumo – O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 40 híbridos de milho de ciclo precoce. O experimento foi conduzido em área experimental no município de Chapecó, SC, no ano agrícola 2007/08. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com quatro repetições. As análises de variância univariada e multivariada revelaram diferenças entre os híbridos. Houve a formação de onze grupos dissimilares, sendo considerados promissores na formação de novas populações os híbridos DKB 240, CD 397, DOW 2B688, P30F36, XGN 7326, ASR 152, AS 1540, AS 1579, P30R50 e AS 1570 em virtude da maior dissimilaridade apresentada e da alta produtividade de grãos.

Termos para indexação: variabilidade genética, *Zea mays*, análises D².

Estimate of genetic divergence in maize hybrids for the formation of new populations

Abstract – The objective of this study was to evaluate the genetic divergence among 40 maize hybrids. The experiment was carried out in Chapecó, West of Santa Catarina State, Brazil, in the 2007/2008 crop season. The experimental design was a randomized block with four replications. Univariate and multivariate analyses of variance showed differences among hybrids. Eleven clusters were formed. Due to the highest dissimilarity and grains yield, hybrids DKB 240, CD 397, DOW 2B688, P30F36, XGN 7326, ASR 152, AS 1540, AS 1579, P30R50, and AS 1570 can be used to form new populations.

Index terms: genetic variability, *Zea mays*, D² analysis.

O objetivo fundamental do melhoramento genético vegetal é a obtenção de novos cultivares. No caso de alógamias, como o milho, podem ser obtidos especialmente dois tipos de cultivares: as variedades de polinização aberta (VPA) e os híbridos. Desses novos cultivares é esperada ampla adaptação, estabilidade e produtividade.

Para obtenção de uma VPA, a primeira etapa é a formação de um composto, originado da recombinação de genitores previamente selecionados, que formará a população base na qual será depois aplicado um método de melhoramento, avaliação e posterior lançamento de novo cultivar. No caso da obtenção de cultivares híbridos, a primeira etapa consiste também na escolha e formação da população base para melhoramento de populações. Entretanto, as etapas posteriores são síntese e formação das linhagens, e síntese e avaliação dos híbridos para posterior lançamento de novo cultivar híbrido (Elias et al., 2010).

Para a obtenção de novos cultivares, a seleção e o uso de híbridos comerciais como genitores é uma alternativa interessante para a formação de novas populações, tendo em vista que são formados por linhagens selecionadas para uma ampla gama de características agrônomicas, como a reação a doenças e o desempenho produtivo.

A divergência genética tem sido estudada visando à seleção de genitores para a formação de híbridos ou para o desenvolvimento de novas populações segregantes. Entre os procedimentos estatísticos mais utilizados para estimar a distância genética com base em caracteres morfológicos estão as estimativas de distâncias entre cada par de genótipos e sua apresentação em uma matriz simétrica. A partir da obtenção dessa matriz, sua interpretação pode ser facilitada pela utilização de métodos de agrupamento, que têm a finalidade de separar um grupo original em subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro dos subgrupos

e heterogeneidade entre eles (Bertan et al., 2006). Esse conhecimento se traduz na determinação da divergência, ou dissimilaridade genética.

O trabalho teve o objetivo de estimar a divergência genética entre 40 híbridos de milho de ciclo precoce com base em descritores morfológicos (Tabela 1). O experimento foi semeado em 26 de setembro de 2007 em sistema de plantio direto sobre a palhada de centeio (Figuras 1 e 2). O delineamento experimental foi blocos casualizados, com quatro repetições. Cada parcela foi composta por duas linhas de 5m de comprimento com espaçamento entre linhas de 0,8m. A adubação de base foi de 400kg/ha de 8-20-20 (NPK). A adubação de cobertura foi de 90kg/N/ha divididos em duas aplicações, aos 25 e aos 35 dias após a emergência. Entre os híbridos avaliados há materiais comerciais (cultivares) e híbridos experimentais em fase final de avaliação.

Aceito para publicação em 5/1/12.

¹ Eng.-agr., M.Sc., Epagri/Estação Experimental de Canoinhas, C.P. 216, 89460-000 Canoinhas, SC, fone: (47) 3624-1144, e-mail: gilcimar@epagri.sc.gov.br.

² Eng.-agr., Dr., Fatma, Florianópolis, SC, e-mail: haroldo_elias@fatma.sc.gov.br.

³ Acadêmico de Agronomia, Unochapecó, e-mail: ricardo_staforti_5@hotmail.com.

⁴ Eng.-agr., Dr., Embrapa Soja, Londrina, PR, e-mail: balbinot@cnpso.embrapa.br.

Tabela 1. Comparação de médias para as variáveis número de dias para o florescimento masculino (FM), número de dias para o florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de inserção espiga (AE), produtividade de grãos (PRO), diâmetro do colmo (DC), diâmetro da espiga (DE), número de folhas acima da espiga principal (NFAC) e número de folhas abaixo da espiga principal (NFAb) de 40 híbridos de milho. Chapecó, 2008

Cultivar	Empresa	Tipo ⁽¹⁾	Tocher	Variáveis ²								
				FM (dias)	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PRO (kg/ha)	DC (cm)	DE (cm)	NFAC	NFAb
DKB 240	Dekalb	HS	1	64 c	66 e	258 a	115 b	9.720 b	1,7 b	4,8 e	6,3 b	7,1 d
CD 397	Coodetec	HT	1	66 c	69 d	269 a	134 a	9.691 b	1,6 b	5,3 c	6,3 b	7,6 c
BE 7904	Monsanto	HS	1	66 c	67 e	269 a	124 b	9.144 c	1,6 b	4,8 e	6,9 a	7,6 c
AG 8011	Agrocerec	HT	1	66 c	68 e	265 a	131 a	8.824 c	1,7 a	5,0 d	6,4 a	7,5 c
AS 1572	Agroeste	HS	1	66 c	68 d	264 a	130 a	8.770 c	1,7 a	5,2 c	6,6 a	7,6 c
ASP 1039	Agroeste	HS	1	69 b	68 d	266 a	126 a	8.677 c	1,6 b	4,6 e	6,3 b	7,8 c
PRE 36012	Prezzotto	HD	1	66 c	67 e	261 a	129 a	8.676 c	1,8 a	5,1 d	6,3 b	7,1 d
AG 8021	Agrocerec	HS	1	66 c	69 d	263 a	136 a	8.675 c	1,6 b	4,7 e	5,8 c	7,7 c
KSP 5K2 EXP	Agro-ouro	si	1	66 c	69 d	266 a	131 a	8.153 d	1,6 b	5,2 c	5,6 c	8,2 b
SHS 5090	Sta Helena	HT	1	69 b	70 d	255 a	129 a	7.688 d	1,7 a	4,9 d	6,1 b	7,6 c
CD 382	Coodetec	HT	1	66 c	67 e	248 b	116 b	7.681 d	1,7 b	5,2 c	6,4 b	7,3 d
BM 128	Biomatrix	HT	1	67 c	68 d	268 a	129 a	7.515 d	1,9 a	5,2 c	7,1 a	7,4 c
SHS 7070	Sta Helena	HS	1	68 c	69 d	268 a	133 a	7.445 d	1,9 a	5,2 c	5,8 c	7,3 d
BX 945	Nidera	HS	1	66 c	67 e	255 a	114 b	7.187 e	1,7 a	4,9 d	6,0 c	7,6 c
DOW 2B688	Dow Agros	HT	2	68 c	68 e	255 a	119 b	9.406 b	1,6 b	5,4 b	6,7 a	7,3 d
CD 384	Coodetec	HT	2	67 c	67 e	253 a	110 b	8.837 c	1,7 b	5,5 b	6,7 a	6,9 d
DOW 2B587	Dow Agros	HS	2	66 c	67 e	226 b	108 b	8.497 c	1,6 b	5,2 c	6,0 c	6,7 d
XGN 6302	Agromen	si	2	68 b	69 d	260 a	123 b	8.320 c	1,6 b	5,4 b	6,8 a	7,1 d
BM 810	Biomatrix	HSM	2	66 c	68 e	235 b	106 b	7.862 d	1,7 a	5,2 c	6,2 b	6,8 d
P 30F36	Pioneer	HS	3	69 b	70 d	266 a	131 a	10.653 a	1,8 a	5,3 c	6,5 a	7,3 d
XGN 7326	Agromen	HS	3	69 b	71 c	259 a	131 a	9.624 b	1,7 a	5,4 c	6,5 a	7,6 c
ASR 152	Agroeste	HS	3	71 b	70 d	266 a	131 a	9.555 b	1,6 b	5,0 d	5,8 c	8,0 b
AS 1540	Agroeste	HSM	3	69 b	70 d	268 a	134 a	9.508 b	1,6 b	5,2 c	6,9 a	8,3 b
ASV 897	Agroeste	si	3	70 b	72 c	270 a	139 a	9.109 c	1,7 b	4,9 d	6,2 b	8,8 a
DOW 2B707	Dow Agros	HS	3	71 b	74 b	259 a	120 b	8.788 c	1,6 b	5,1 c	6,3 b	7,3 d
XGN 6211	Agromen	HS	3	69 b	72 c	260 a	119 b	8.680 c	1,7 a	5,3 c	7,2 a	7,6 c
BX 1149	Nidera	HS	3	73 a	75 b	270 a	131 a	8.549 c	1,6 b	4,9 d	6,2 b	8,2 b
XGN 7321	Agromen	HS	3	70 b	72 c	265 a	125 a	8.239 d	1,6 b	5,2 c	6,4 a	7,7 c
SHS 5080	Sta Helena	HT	3	69 b	71 c	260 a	130 a	7.986 d	1,9 a	5,2 c	6,9 a	7,8 b
XGN 5303	Agromen	HS	4	74 a	74 b	269 a	128 a	7.275 e	1,6 b	5,0 d	6,7 a	8,0 b
DKB 789	Dekalb	HD	4	73 a	74 b	258 a	120 b	7.131 e	1,7 a	5,0 d	7,0 a	7,5 c
BX 981	Nidera	HS	4	69 b	73 c	255 a	119 b	6.498 e	1,7 a	5,1 c	6,9 a	7,9 b
AS 1579	Agroeste	HS	5	68 c	69 d	255 a	126 a	10.434 a	1,5 b	4,9 d	6,5 a	7,8 c
P 30R50	Pioneer	HS	5	69 b	69 d	240 b	121 b	9.316 b	1,7 b	4,9 d	6,1 b	7,3 d
AS 1535	Agroeste	HSM	6	69 b	69 d	264 a	134 a	8.872 c	1,5 b	5,1 c	5,8 c	8,7 a
AS 1570	Agroeste	HS	7	69 b	69 d	268 a	121 b	10.196 a	1,6 b	5,7 a	6,8 a	8,1 b
BM 2202	Biomatrix	HD	8	67 c	68 e	265 a	139 a	6.928 e	1,8 a	4,8 e	6,9 a	8,1 b
XGN 6311	Agromen	HS	9	70 b	72 c	253 a	123 b	7.016 e	1,9 a	5,6 a	6,6 a	7,2 d
SHS 7080	Sta Helena	HS	10	64 c	67 e	253 a	129 a	6.732 e	1,8 a	5,3 c	5,6 c	7,1 d
BX 1382	Nidera	HS	11	75 a	78 a	266 a	140 a	6.148 e	1,8 a	4,9 d	6,4 a	8,9 a
CV (%)				2,10	2,07	4,14	7,83	8,56	6,54	3,17	6,1	5,5
Média				68	70	260	126	8.450	1,7	5,1	6,4	7,6

⁽¹⁾ Tipo de genótipo: HD = Híbrido Duplo; HS = Híbrido Simples; HSM = Híbrido Simples Modificado; HT = Híbrido Triplo; si = sem informação.

⁽²⁾ Valores seguidos pela mesma letra na coluna pertencem a um mesmo grupo (Scott & Knott) ao nível de 5% de probabilidade.



Figura 1. Vista parcial do experimento de avaliação de cultivares de milho. Chapecó, ano agrícola 2007/08



Figura 2. Vista parcial da parcela do experimento de avaliação de cultivares de milho. Chapecó, ano agrícola 2007/08

Foram avaliadas as seguintes características: FM = número de dias entre a semeadura e o florescimento masculino; FF = número de dias entre a semeadura e o florescimento feminino; AP = altura de planta da base do solo até o ápice do pendão (cm); AE = altura de inserção da espiga principal (cm); PRO

= produtividade de grãos (kg/ha); DC = diâmetro do colmo (cm), medido no internódio abaixo da espiga principal; DE = diâmetro da espiga com palha (cm); NFAc = número de folhas acima da espiga principal; e NFAB = número de folhas abaixo da espiga principal. Na avaliação individual dos cultivares foram utilizadas todas as plantas da parcela

na determinação de FM, FF e PRO. Os demais caracteres foram avaliados a partir de uma amostra de dez plantas por parcela.

Os dados foram submetidos à análise de variância e suas médias agrupadas pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade. A dissimilaridade genética entre os híbridos foi estimada pelo uso da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) a partir das médias dos híbridos e da matriz de covariância residual, de acordo com Cruz & Regazzi (2001). No agrupamento dos híbridos, foi empregado o método de agrupamento de Tocher, e a ligação entre grupo (UPGMA) foi realizada com auxílio do programa computacional Genes (Cruz, 2001).

As análises de variância univariadas revelaram que houve diferenças significativas entre as médias dos híbridos de milho em nível de 5% de probabilidade, pelo teste F, para todas as variáveis analisadas. Isso significa que existe divergência genética entre os híbridos de milho avaliados. De acordo com Melo et al. (2001), quando há significância do efeito de genótipos, pode-se inferir que pelo menos um apresenta divergência em relação aos demais.

As médias das variáveis agrônômicas dos híbridos foram agrupadas pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade (Tabela 1). A maior separação por grupos ocorreu para as variáveis FF, PRO e DE. Houve formação de cinco grupos para essas variáveis. Para FF, o híbrido BX 1382 foi o mais tardio (78 dias) e a amplitude de variação foi entre 66 e 78 dias. Os híbridos AS 1579, AS 1570 e P30F36 apresentaram as maiores produtividades de grãos, formando um grupo isolado. A PRO ficou compreendida entre um máximo de 10.434kg/ha, e um mínimo 6.148kg/ha. Na variável DE, a amplitude foi entre 4,6 e 5,7cm.

Com base na matriz de distâncias de Mahalanobis (D^2), os híbridos BX 1382 e DOW 2B587 foram os mais divergentes, ficando a distâncias estimadas de

156,53, enquanto AG 8011 e PRE 32D10 foram os mais similares entre os híbridos avaliados, estando distantes apenas 2,67. A distância média entre os híbridos avaliados foi de 31,27.

A partir das estimativas da distância de Mahalanobis (D^2), foi realizada a análise de agrupamento pelo método de Tocher, que é apresentado na Tabela 1. Os 40 híbridos de milho foram agrupados em cinco grupos distintos e seis genótipos não formaram grupos.

Os híbridos AS 1535, AS 1570, BM 2202, XGN 6311, SHS 7080 e BX 1382 ficaram isolados dos demais (6, 7, 8, 9, 10 e 11 respectivamente). Os grupos 1 e 3 foram aqueles com maior número de híbridos em sua formação, sendo constituídos de 14 e 10 respectivamente. O grupo 2 foi constituído de cinco híbridos e os grupos 4 e 5 de apenas três e dois respectivamente.

Os resultados evidenciaram a inexistência de um padrão de distribuição dos grupos dos híbridos de acordo com as empresas obtentoras ou o tipo de híbrido (Tabela 1).

A técnica de agrupamento UPGMA não revelou um bom ajuste entre as distâncias apresentadas graficamente e a matriz de dissimilaridade, com correlação cofenética (r) de apenas 0,68. Segundo Cruz & Regazzi (2001), somente valores de r superiores a 0,8 indicam bom ajuste entre as matrizes originais de distância e as distâncias gráficas.

Segundo Vieira et al. (2005), os baixos ajustes entre as distâncias originais e as observadas podem ter por base a inexistência de um padrão uniforme de distribuição dos genótipos, uma vez que, para um ajuste elevado, seria necessário que os genótipos reunidos em um mesmo grupo apresentassem alta homogeneidade entre si e heterogeneidade com os genótipos dos demais grupos formados.

Visando à formação de novas populações e de variedades de polinização aberta através da recombinação inicial em campos isolados, os melhores resultados devem

ser alcançados de combinações entre os híbridos de grupos diferentes por apresentarem maior distância D^2 de Mahalanobis e, conseqüentemente, menor similaridade, além da alta produtividade de grãos. A partir do campo de hibridizações, a população oriunda desse cruzamento inicial deverá ser conduzida selecionando-se as melhores plantas e espigas durante vários ciclos de seleção.

O híbrido mais divergente, BX 1382, apesar de constituir grupo isolado (Grupo 11), não é recomendado para hibridação em razão de seu baixo desempenho produtivo. Além desse, os híbridos do grupo 4 (DKB 789, XGN 5303 e BX 981) e do grupo 8 (BM 2202) também apresentaram reduzida PRO, não sendo recomendados como genitores para formação de novas populações. Segundo Miranda et al. (2003), para escolha de genitores para hibridizações é melhor optar por genótipos com alta produtividade e diversidade intermediária em vez de genótipos com ampla diversidade e produção intermediária. Nesse sentido, combinações promissoras para obtenção de novas populações de polinização aberta são esperadas entre os híbridos DKB 240 (Grupo 1), CD 397 (Grupo 1), DOW 2B688 (Grupo 2), P30F36 (Grupo 3), XGN 7326 (Grupo 3), ASR 152 (Grupo 3), AS 1540 (Grupo 3), AS 1579 (Grupo 5), P30R50 (Grupo 5) e AS 1570 (Grupo 7) em virtude da maior dissimilaridade apresentada e da alta produtividade de grãos. Essa combinação de híbridos pode gerar variedades com adequadas características agrônomicas, em especial alta produtividade de grãos.

Considerando o número de caracteres avaliados e a avaliação em um local, de forma que a interação genótipo e ambiente foi capitalizada como componente genético, recomenda-se cauteloso trabalho de avaliação dos compostos oriundos dos intercruzamentos.

Literatura citada

1. BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.279-286, 2006.
2. CRUZ, C.D. **Programa Genes (Versão Windows)**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001.
3. CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. 2.ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390p.
4. ELIAS, H.T.; VOGT, G.A.; VIEIRA, L.C. et al. Melhoramento genético de milho. In. WORDELL FILHO, J.A.; ELIAS, H.T. (Orgs.). **A cultura do milho em Santa Catarina**. Florianópolis: Epagri, 2010. p.414-480.
5. MELO, W.M.C.; VON PINHO, R.G.; SANTOS, J.B. dos et al. Utilização de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares para avaliação da divergência genética entre híbridos de milho. **Revista Ceres**, Viçosa, v.48, n.276, p.195-207, 2001.
6. MIRANDA, G.V.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.L. et al. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.6, p.681-688, 2003.
7. VIEIRA, E.A.; ZIMMER, P.D.; OLIVEIRA, A.C. de et al. Emprego de modelos gráficos na seleção de genitores de milho para hibridização e mapeamento genético. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.5, p.986-994, 2005. ■