

Divergência genética entre híbridos simples de milho em relação aos caracteres de espiga

Murilo V. Loro^{†1}, Alberto Cargnelutti Filho², Vithória M. Ortiz³, Bruno R. Schuller³, Mikael B. Reis³, João Augusto Andretta³

¹Mestre em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM).

²Docente do Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM).

³Discente do curso de Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM).

Resumo: O objetivo deste trabalho foi verificar se há diversidade genética entre híbridos simples de milho para caracteres de espiga. Foi conduzido um experimento no ano agrícola 2021/2022, em Santa Maria, Estado do Rio Grande do Sul, sendo avaliados dez híbridos simples de milho (AG8780, B2620, BM3066, DKB255, K3100, LG36680, MAXIMUS, NK467, NS75 e NS80). Coletaram-se, aleatoriamente, dez espigas por híbrido para avaliação das massas, em gramas, da espiga, dos grãos do terço inferior, médio e superior da espiga, dos grãos da espiga e do sabugo. Para compreender as tendências de expressão dos caracteres e evidenciar os que mais contribuem na variabilidade total, utilizou-se a análise de componentes principais. Posteriormente, determinou-se a matriz de dissimilaridade entre os híbridos por meio da distância euclidiana e fez-se o agrupamento pelo algoritmo UPGMA. Realizou-se o corte no dendrograma usando como critério a grande mudança de nível na distância de agrupamento, sendo observada em 53,65% de dissimilaridade. Há divergência genética entre híbridos simples de milho para os caracteres de espiga. As massas da espiga e de grãos da espiga apresentam maior contribuição para a diversidade genética.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; variabilidade genética; componentes principais; dendrograma.

Abstract: The objective of this work was to verify if there is genetic diversity between corn single hybrids for ear characters. An experiment was carried out in the agricultural year 2021/2022, in Santa Maria, State of Rio Grande do Sul, with ten single corn hybrids being evaluated (AG8780, B2620, BM3066, DKB255, K3100, LG36680, MAXIMUS, NK467, NS75 e NS80). Ten ears per hybrid were randomly collected to evaluate the weight, in grams, of the ear, the grains in the lower, middle and upper thirds of the ear, the grains on the ear and the cob. In order to understand the expression trends of the characters and highlight those that most contribute to the total variability, principal component analysis was used. Subsequently, the dissimilarity matrix between the hybrids was determined using the Euclidean distance and the clustering was performed using the UPGMA algorithm. The dendrogram was cut using as a criterion the large level change in the clustering distance, being observed in 53,65% of dissimilarity. There is genetic divergence between single maize hybrids for ear traits. Ear and ear grain mass have the greatest contribution to genetic diversity.

Keywords: *Zea mays* L.; genetic variability; principal components; dendrogram.

Introdução

O sucesso de um programa de melhoramento genético está associado à presença de variabilidade genética de suas populações base, sendo esta potencializada pelo cruzamento entre genitores divergentes (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI., 2014). A identificação da variabilidade genética, por meio da caracterização fenotípica de genótipos, pode auxiliar na identificação de genitores divergentes. Isso possibilita a recombinação genética e a obtenção de genótipos com características de interesse no melhoramento genético das espécies para a obtenção de constituições genéticas de alto desempenho.

No estudo da diversidade genética de indivíduos, os modelos biométricos podem ser utilizados para obter informações com base em multi-caracteres avaliados em cada genótipo. Dentre os modelos biométricos, a análise de componentes principais e a distância euclidiana são utilizadas em estudos de diversidade genética (ALVES et al., 2015; SILVA et al., 2019; BERTASELLO; COELHO; MÔRO, 2020).

[†] Autor correspondente: muriloloro@gmail.com.

A análise de componentes principais possibilita, por meio da redução de dimensão das variáveis, uma visão clara e dinâmica da resposta dos genótipos em relação aos caracteres avaliados, bem como, fornece informações das variáveis com maior contribuição para a diversidade genética entre os genótipos (JOLLIFFE; CADIMA, 2016). A partir das distâncias genéticas pode-se inferir sobre a diversidade genética entre os genótipos por meio de métodos de agrupamento como o UPGMA. Este método tem revelado uma maior eficiência no agrupamento de genótipos de milho (CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2011), sendo amplamente utilizado em estudos de diversidade genética em milho (SIMON; KAMADA; MOITEIRO, 2012; ALVES et al., 2015; CORDEIRO et al., 2021).

A análise da diversidade genética é uma importante ferramenta para a escolha dos melhores genitores que, ao serem cruzados, aumentam as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes, sendo que, tais estimativas são de grande utilidade nos programas de melhoramento. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi verificar se há diversidade genética entre híbridos simples de milho para caracteres de espiga.

Material e métodos

O experimento foi conduzido no ano agrícola 2021/2022, na área experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Santa Maria, localizada a 29°42'S, 53°49'W e a 95 m de altitude. O clima do local é classificado como Cfa subtropical úmido (ALVARES et al., 2013) e o solo como Argissolo Vermelho distrófico arênico (SANTOS et al., 2018).

Foram avaliados dez híbridos simples de milho (AG8780, B2620, BM3066, DKB255, K3100, LG36680, MAXIMUS, NK467, NS75 e NS80), semeados em 31/01/2022. Os híbridos de milho foram semeados lado a lado em uma fileira de 5 m de comprimento espaçadas em 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas na fileira, totalizando 4 m². A densidade de plantas foi ajustada por meio de desbaste para 62.500 plantas ha⁻¹ (25 plantas por fileira).

Realizou-se o preparo e a adubação da área previamente com 415 kg ha⁻¹ de adubo químico da fórmula (NPK) 05-20-20. A adubação nitrogenada foi realizada de forma fracionada com uréia (N - 46%), sendo a primeira aplicação de 250 kg ha⁻¹ no estágio V4 e a segunda de 150 kg ha⁻¹ no estágio V6 da cultura. Os demais manejos culturais, como controle de plantas daninhas, pragas e doenças, foram realizados de acordo com as indicações técnicas para a cultura de milho, e de forma homogênea em todos os genótipos (FANCELLI; DOURADO NETO, 2009).

Na maturação fisiológica das plantas foram coletadas dez espigas, aleatoriamente, em cada híbrido simples de milho. Nestas espigas foram avaliados os seguintes caracteres: massa da espiga (ME, g); massa de grãos do terço inferior da espiga (MGI, g), massa de grãos do terço médio da espiga (MGM, g), massa de grãos do terço superior da espiga (MGS, g), massa de grãos da espiga (MGE, g) e massa do sabugo (MS, g).

Para compreender as tendências de expressão dos caracteres e evidenciar os que mais contribuem para a variabilidade genética dos híbridos simples, utilizou-se a análise de componentes principais. Posteriormente, determinou-se a matriz de dissimilaridade entre os híbridos por meio da distância euclidiana e fez-se o agrupamento pelo algoritmo UPGMA. Realizou-se o corte no dendrograma usando como critério a grande mudança de nível na distância de agrupamento, sendo observada em 53,65% de dissimilaridade. Todas as análises foram realizadas por meio do Microsoft Excel e software R (R CORE TEAM, 2023).

Resultados e discussão

O híbrido B2620 apresentou os maiores valores mínimos, médios e máximos dos caracteres de espiga (Tabela 1). Enquanto os menores valores mínimos, médios e máximos dos caracteres de espiga foram expressos pelos híbridos K3100, LG36680 e NK467. O CV oscilou de 16,26% a 53,65% entre os caracteres de espiga dos híbridos simples de milho.

Tabela 1. Valores mínimos (Min), médios (Med), máximos (Max) e coeficiente de variação (CV) dos caracteres⁽¹⁾ de espiga de dez híbridos simples de milho.

Híbridos	Tecn*	ME				MGI			
		Min	Med	Max	CV(%)	Min	Med	Max	CV(%)
AG8780	PRO3	69,50	102,60	157,50	26,49	16,50	32,25	50,50	30,83
B2620	PWU	94,50	152,20	205,00	24,98	31,50	47,15	66,50	25,02
BM3066	PRO3	78,50	132,80	173,00	20,75	20,50	40,30	49,00	22,92
DBK255	PRO3	71,50	119,11	178,50	30,28	20,00	36,20	60,00	34,88
K3100	VIP3	48,50	64,70	82,50	17,82	8,50	17,10	27,50	36,20
LG36680	PRO3	35,00	65,90	115,00	36,52	11,50	20,40	34,00	33,36
MAXIMUS	VIP3	55,50	95,90	133,00	24,67	21,00	32,80	46,00	27,56
NK467	VIP3	50,00	68,05	82,00	19,02	15,00	23,05	30,50	24,68
NS75	VIP3	56,50	87,45	144,50	34,37	13,50	25,70	46,50	42,95
NS80	VIP3	50,50	81,10	124,00	35,91	12,00	25,75	44,50	43,30

Híbridos	Tecn	MGM				MGS			
		Min	Med	Max	CV(%)	Min	Med	Max	CV(%)
AG8780	PRO3	22,50	32,50	54,50	31,40	7,50	19,75	29,50	34,92
B2620	PWU	33,50	51,10	67,00	26,14	14,00	29,55	38,00	28,71
BM3066	PRO3	24,00	45,25	58,00	23,26	11,50	20,90	36,50	33,28
DBK255	PRO3	21,00	39,60	56,00	29,08	9,00	22,50	34,50	42,58
K3100	VIP3	17,00	21,60	27,50	15,81	4,50	11,75	21,00	43,41
LG36680	PRO3	10,50	20,70	39,00	41,75	5,00	10,80	21,50	53,65
MAXIMUS	VIP3	17,50	28,70	43,50	26,75	4,50	13,50	24,50	40,68
NK467	VIP3	14,00	20,10	25,00	20,97	6,00	10,00	13,00	23,09
NS75	VIP3	20,50	30,80	53,00	37,13	6,50	15,85	29,50	46,05
NS80	VIP3	17,50	26,50	40,50	35,34	8,50	14,80	24,50	30,97

Híbridos	Tecn	MGE				MS			
		Min	Med	Max	CV(%)	Min	Med	Max	CV(%)
AG8780	PRO3	57,15	84,62	131,00	27,22	12,35	17,99	26,50	26,71
B2620	PWU	79,00	127,95	171,00	25,37	15,50	24,25	34,00	23,77
BM3066	PRO3	62,50	109,35	144,50	22,14	16,00	23,45	28,50	18,68
DBK255	PRO3	49,50	97,85	149,50	32,84	11,10	21,26	29,00	25,48
K3100	VIP3	36,00	50,35	65,00	18,85	10,50	14,35	17,50	16,26
LG36680	PRO3	29,00	53,30	95,00	38,09	6,00	12,60	20,00	34,18
MAXIMUS	VIP3	43,50	77,20	111,50	25,65	12,00	18,70	23,50	23,15
NK467	VIP3	40,50	55,45	66,50	19,08	9,00	12,60	15,50	20,39
NS75	VIP3	43,00	72,60	123,00	38,71	11,00	14,85	21,50	21,18
NS80	VIP3	43,50	67,90	104,50	35,15	6,50	13,20	20,50	41,00

⁽¹⁾ Caracteres: ME – massa da espiga (g), MGI – massa de grãos do terço inferior da espiga (g), MGM – massa de grãos do terço médio da espiga (g), MGS – massa de grãos do terço superior da espiga (g), MGE – massa de grãos da espiga (g), MS – massa do sabugo (g). * Tecnologias: PRO3 - tolerância a lepidópteros, *Diabrotica speciosa* e ao herbicida glifosato; PWU - tolerância a lepidópteros e aos herbicidas glifosato e glufosinato de amônio, VIPTERA - tolerância a lepidópteros e ao herbicida glifosato.

Fonte: Autores.

O primeiro e segundo componentes principais explicaram 96,51% e 2,11% da variabilidade total dos dados (Tabela 2 e Figura 1). Por meio desta análise, pode-se observar a presença de diversidade genética entre os híbridos simples de milho. Em razão do primeiro componente principal explicar quase toda a variabilidade dos dados (96,51%), os híbridos de milho mais distantes horizontalmente são os mais divergentes em relação aos caracteres de espiga.

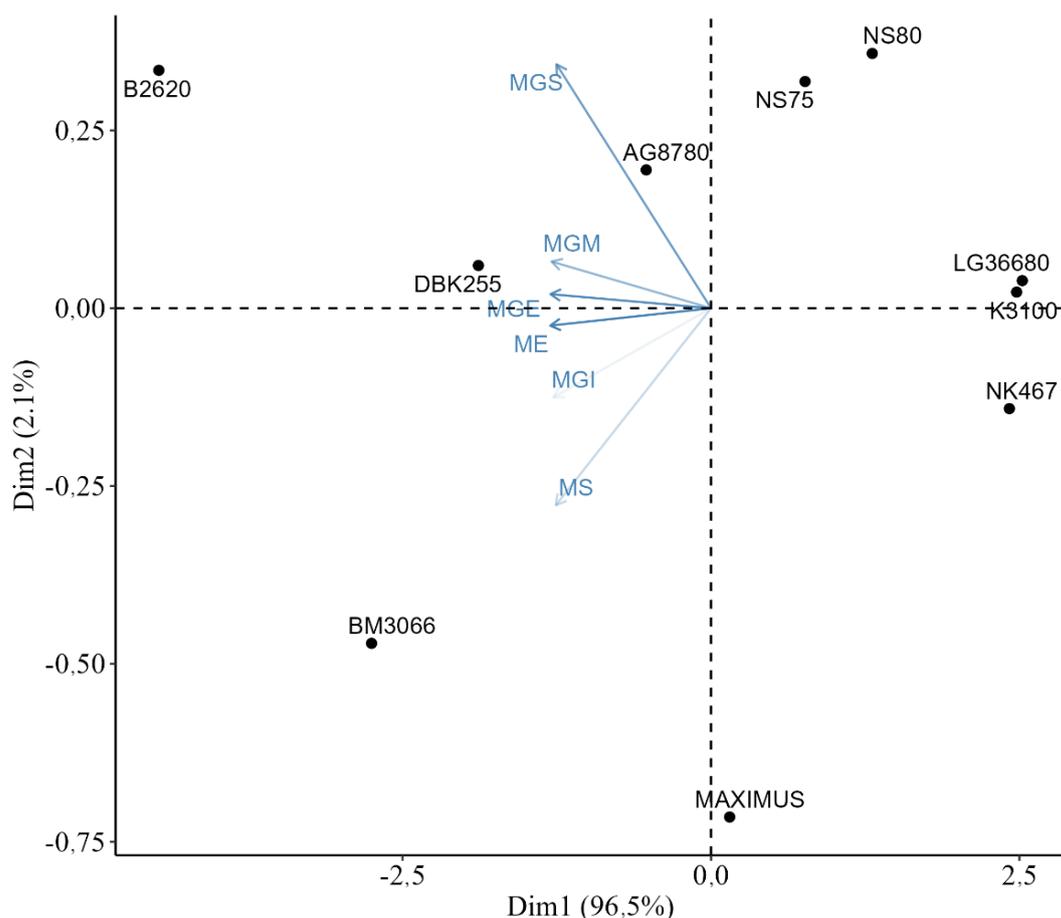
Tabela 2. Percentual da variação total dos dados explicada pelos componentes principais e os autovalores (λ) associados.

Componentes principais	λ	Explicação (%)	Explicação acumulada (%)
1	5,79	96,51	96,51
2	0,13	2,11	98,62
3	0,06	0,98	99,60
4	0,02	0,40	100,00
5	0,00	0,00	100,00
6	0,00	0,00	100,00

Fonte: Autores.

As variáveis positivamente correlacionadas são agrupadas no biplot de componentes principais com menores ângulos entre seus vetores (JOLLIFFE; CADIMA, 2016). Ângulo agudo foi detectado entre as variáveis MGM, MGE e ME, o que indica uma correlação positiva. Observou-se que o híbrido B2620 apresentou maior magnitude na expressão dos caracteres de espiga. Enquanto que, os híbridos LG36680, K3100 e NK467 expressaram os menores valores dos caracteres de espiga.

Figura 1. Variabilidade total dos dados representados por dois componentes principais. ME: massa da espiga (g), MGI: massa de grãos do terço inferior da espiga (g), MGM: massa de grãos do terço médio da espiga (g), MGS: massa de grãos do terço superior da espiga (g), MGE: massa de grãos da espiga (g), MS: massa do sabugo (g).



Fonte: Autores.

A contribuição das variáveis para a diversidade genética de milho variou de 1,11 a 49,40%. A ME e MGE, nesta ordem, apresentaram a maior contribuição para a dissimilaridade genética entre os híbridos simples de milho ($\geq 36,26\%$) (Tabela 3). Resultados similares foram observados por Silva et al. (2019), na qual a massa de espiga apresentou maior contribuição para a diversidade genética de genótipos de milho. Já a massa do sabugo apresentou a menor contribuição (1,11%). Cordeiro et al. (2021), observaram contribuição similar da massa do sabugo para a diversidade genética de milho.

Tabela 3. Contribuição relativa dos caracteres ⁽¹⁾ de espiga para a diversidade genética dos híbridos simples de milho, por meio da metodologia de Singh (1981).

Caracteres	Contribuição relativa (%)
ME	49,40
MGI	4,88
MGM	6,25
MGS	2,11
MGE	36,26
MS	1,11

⁽¹⁾ Caracteres: ME – massa da espiga (g), MGI – massa de grãos do terço inferior da espiga (g), MGM – massa de grãos do terço médio da espiga (g), MGS – massa de grãos do terço superior da espiga (g), MGE – massa de grãos da espiga (g), MS – massa do sabugo (g).

Fonte: Autores.

As medidas de dissimilaridade estimadas por meio da distância euclidiana oscilaram de 4,16 a 125,96, com a razão entre a maior e menor distância de 30,27 (Tabela 4). Isso indica a presença de variabilidade entre os híbridos simples para os caracteres de espiga. A menor distância foi observada entre os híbridos LG36680 e NK467 (4,16), ou seja, estes híbridos são similares em relação aos caracteres avaliados. Já os híbridos B2620 e K3100 foram considerados os mais divergentes, uma vez que exibiram a maior distância genética (125,96).

Tabela 4. Dissimilaridade entre dez híbridos simples de milho para os caracteres de espiga com base na distância euclidiana.

Híbridos	B262 0	BM306 6	DBK25 5	K310 0	LG3668 0	MAXIMU S	NK46 7	NS7 5	NS80
AG8780	71,00	42,22	23,07	55,10	52,12	12,42	49,06	21,0 9	29,45
B2620		29,65	48,08	125,9 6	123,07	82,11	119,9 9	91,6 8	100,3 2
BM3066			19,38	96,86	94,00	52,94	90,91	62,6 8	71,39
DBK255				77,90	75,06	34,40	72,04	43,7 4	52,41
K3100					5,08	44,87	9,00	34,4 7	26,20
LG36680						41,63	4,16	31,5 8	22,87
MAXIMU S							38,30	12,9 5	19,80
NK467								28,8 3	19,92
NS75									9,20

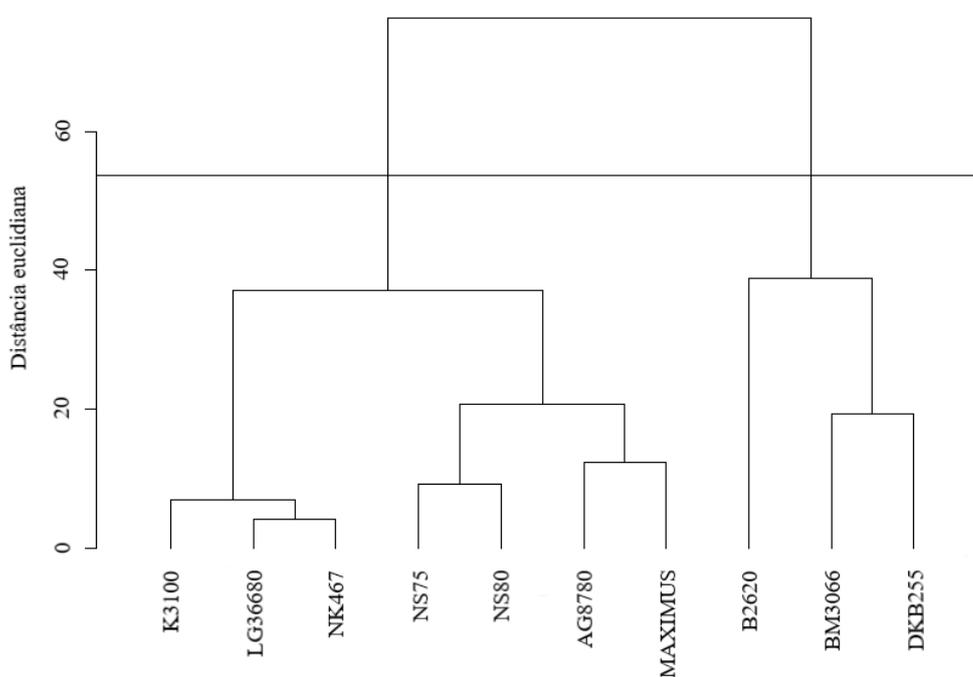
Fonte: Autores.

Por meio da amplitude entre as distâncias euclidianas, pode-se inferir que há existência de diversidade genética entre os híbridos simples de milho. Logo, esses híbridos podem ser utilizados em hibridações com o objetivo de maximizar as combinações gênicas para maior heterose (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). O auxílio para a escolha dos genitores por meio da análise da distância genética, possibilita, além da economia de tempo, a economia de mão-de-obra e de recursos financeiros.

No dendrograma obtido pelo método UPGMA, observou-se a formação de dois grupos, com critério de 53,65% de dissimilaridade, sendo que os híbridos dentro de um mesmo grupo apresentam similaridade genética entre si (Figura 2). No melhoramento genético, o objetivo da análise de agrupamento é reunir os genitores em vários grupos, com homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Figura 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre dez híbridos simples de milho para caracteres de espiga, obtidos pela técnica UPGMA, utilizando a distância euclidiana.

Coefficiente de correlação cofenética = 0,78



Fonte: Autores.

O primeiro grupo foi formado pelos híbridos K3100, LG36680, NK467, NS75, NS80, AG8780 e MAXIMUS. Já os híbridos B2620, BM3066 e DKB255 formaram o segundo grupo. Isso revela que, em programas de melhoramento genético, para a obtenção de combinações alélicas de alto desempenho deve-se, preferencialmente, realizar o cruzamento de híbridos simples entre os dois grupos. O coeficiente de correlação cofenética foi significativo ($p \leq 0,05$), com valor igual a 0,788, o que revela credibilidade no agrupamento dos híbridos simples de milho. Portanto, os híbridos de milho do primeiro grupo podem ser cruzados com os híbridos do segundo grupo, obtendo-se assim, híbridos duplos. Além disso, os índices de dissimilaridade observados sugerem a obtenção de maior heterose pelo cruzamento de linhagens extraídas dos híbridos do primeiro grupo com linhagens extraídas do segundo grupo.

Na busca de diversidade genética entre híbridos de milho, a porcentagem elevada de genótipos similares, reduz a possibilidade de obtenção de variabilidade genética em uma população. Neste sentido, a identificação de híbridos com maior diversidade genética, contribui para o desenvolvimento de populações contrastantes para a obtenção de linhagens. Considerando a necessidade de variabilidade genética em programas de melhoramento genético, o presente estudo apresenta híbridos simples de milho divergentes e, conseqüentemente, com condições fornecer germoplasma para futuros cruzamentos.

Sigmae, Alfenas, v.12, n.1, p. 116-122, 2023.

66ª Reunião da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria (RBRAS)

Conclusões

Há divergência genética entre híbridos simples de milho para os caracteres de espiga. As massas da espiga e de grãos da espiga apresentam maior contribuição para a diversidade genética.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processo 304652/2017-2), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS) pela concessão de bolsas aos autores.

Referências

- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- ALVES, B. M. et al. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. *Ciência Rural*, v. 45, n. 5, p. 884-891, 2015.
- BERTASELLO, L. E. T.; COELHO, A. P.; MÔRO, G. V. Divergência genética de genótipos de milho cultivados sob adubação nitrogenada e inoculação com *Azospirillum brasilense*. *Revista Agroecossistemas*, v. 12, n. 2, p. 69-89, 2020.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J. P. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de milho. *Ciência Rural*, v. 41, n. 9, p. 1503-1508, 2011.
- CORDEIRO, A. G. M. Diversidade genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) a partir de caracteres morfoagronômicos. *Revista de Ciências Agroambientais*, v. 19, n. 2, p. 125-131, 2021.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa: Ed. UFV, 2014. v. 2, 668p.
- FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. *Milho: manejo e produtividade*. Piracicaba: ESALQ/USP, 2009. 181 p.
- JOLLIFFE, I. T.; CADIMA, J. Principal component analysis: a review and recent developments. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, v. 374, p. 20150202, 2016.
- R CORE TEAM. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.
- SANTOS, H. G. et al. *Sistema brasileiro de classificação de solos*. 5. ed. Rio de Janeiro: Embrapa, 2018.
- SILVA, K. C. L. et al. Diversidade genética em genótipos de milho de plantio tardio sob diferentes níveis de nitrogênio no Tocantins. *Revista de Agricultura Neotropical*, v. 9, n. 3, p. 92-100, 2019.
- SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias*, v. 33, n. 2, p. 449-458, 2012.