



AValiação E DIVERGência GENÉTICA DE LINHAGENS PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS PARA EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO EM MILHO

André Carlesso⁽¹⁾, Wesley Souza Prado⁽²⁾, Thiago Rodrigues Catapatti⁽³⁾ e Manoel Carlos Gonçalves⁽⁴⁾

1. Introdução

O desenvolvimento de novas cultivares de milho eficientes no uso de nitrogênio constitui-se em uma estratégia importante para a diminuição do uso de fertilizantes, visto que é possível a produção de modo econômico com a utilização de menores quantidades desse nutriente (Souza et al., 2008).

Para uma boa eficiência no uso de linhagens parcialmente endogâmicas deve-se atentar para a identificação dos parentais para hibridação. Portanto, recomenda-se a seleção de genótipos dentro dos grupos mais divergentes, com maiores médias em relação aos caracteres que se deseja melhorar (Passos et al., 2007). Os estudos de divergência genética tornam-se importantes, pois possibilitam a quantificação da variabilidade, além de fornecer parâmetros para escolha de genitores que, ao serem cruzados, possibilitem maior efeito heterótico. Tais estimativas são de grande utilidade nos programas de melhoramento e também na escolha de genitores para mapeamento de genes (Buzar et al., 2007).

A avaliação da divergência genética é muito utilizada pelos melhoristas de milho para a seleção de parentais. Esse enfoque visa selecionar os genótipos mais promissores, diminuindo os custos e o tempo necessário para a realização de várias combinações híbridas, muitas vezes desnecessárias. Os esforços são concentrados nas combinações entre os genótipos mais divergentes (Rinaldi et al., 2007).

O método de análise de agrupamento da distância média entre grupos (UPGMA) é relatado como superior para o agrupamento no estudo de divergência genética (Dias, 1998). Nesse método o par de sequências a ser agrupado primeiro é aquele que apresentar a menor distância entre todos os pares ou grupos de sequências.

Os objetivos do presente trabalho foram de avaliar 42 linhagens parcialmente endogâmicas com eficiência no uso de nitrogênio, estimar parâmetros genéticos e verificar a divergência genética por meio da metodologia UPGMA.

⁽¹⁾Engenheiro Agrônomo, M.Sc. em Produção Vegetal pela Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados - MS. E-mail: andre_titimi@hotmail.com

⁽²⁾Engenheiro Agrônomo, M.Sc., Doutorando, UFGD, Dourados - MS. E-mail: wesleywsp@hotmail.com

⁽³⁾Engenheiro Agrônomo, Esp., Manejo do Solo, ESALQ. Representante Técnico Comercial na empresa Riber KWS Sementes S/A. Sorriso - MT. E-mail: thiago.catapatti@gmail.com

⁽⁴⁾Engenheiro Agrônomo, Dr., Professor Adjunto, UFGD, Dourados - MS. E-mail: manoelgoncalves@ufgd.edu.br





2. Material e Métodos

Foram utilizadas 42 linhagens de milho parcialmente endogâmicas S₂ oriunda da população UFGD 1, que foram selecionadas em avaliação do potencial produtivo eficientemente no uso de nitrogênio por Heinz et al. (2012). Assim, foram colhidas as plantas correspondentes às linhagens S₃ que foram debulhadas separadamente após o ensaio e armazenadas em câmara seca para os ensaios de avaliação. Posteriormente foi realizado o ensaio de avaliação de 49 genótipos, sendo realizados em doses contrastantes de nitrogênio, sendo o ambiente de avaliação constituído da combinação entre o local e a dose de N utilizada. Os locais foram: Dourados, Glória de Dourados e Laguna Carapã, municípios do estado do Mato Grosso do Sul. As doses de N utilizadas foram: 30 e 120 kg ha⁻¹, formando assim as doses baixa e alta de nitrogênio, respectivamente.

O experimento foi plantado na sucessão da soja e a semeadura foi realizada de forma direta, sem o revolvimento da palhada. A semeadura foi realizada simultaneamente nos três locais e em condições de safrinha. O manejo para o controle de pragas, doenças e plantas daninhas foi realizado de acordo com as recomendações para a cultura do milho.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos incompletos em látice 7x7, com duas repetições por ambiente. As avaliações realizadas foram: teor de clorofila, altura de planta, altura de espiga, diâmetro de espiga, peso de espiga e produtividade de grãos.

No primeiro momento foi realizada análise de variância para cada ambiente, verificando a homogeneidade da variância residual. Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta, considerando os seis ambientes. Os seguintes parâmetros foram estimados: variância genotípica, variância fenotípica, variância ambiental, variância da interação genótipos versus ambiente, herdabilidade média entre família, coeficiente de variação genético e índice de variação.

Na aplicação da técnica de agrupamento dos genótipos pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA) adotou-se a distância generalizada de Mahalanobis (D²), como medida de dissimilaridade, levando em consideração o grau de dependência entre as variáveis estudadas (Cruz & Regazzi, 1997). Para a realização das análises estatísticas, utilizou-se o aplicativo computacional GENES e SAS (Cruz, 2013).

3. Resultados e Discussão

A existência de variabilidade genética entre os genótipos para o caráter produtividade de grãos pode ser ratificada pelas estimativas dos parâmetros genéticos (Tabela 1). Pode-se observar que as estimativas da variância fenotípica para o nível alto N nos três locais



foram sempre maiores que as estimativas para o nível baixo N. Isso evidencia claramente que os genótipos expressaram maior variabilidade em ambientes favoráveis. As herdabilidades no ambiente de Dourados nas duas condições de disponibilidade de nitrogênio foram superiores a 80%, o que indica que a avaliação dos genótipos nesse local torna-se eficiente, uma vez que a avaliação dos genótipos em ambientes favoráveis é uma etapa importante para a seleção de genótipos tolerantes ao N. Nos demais ambientes a herdabilidade variou de 18,05 a 54,79%. Vale et al. (2011) citam que a seleção para caracteres que apresentam alta herdabilidade e controle genético, principalmente do tipo aditivo, poderá ser realizada pelo desempenho individual, ou seja, desempenho *per se* das linhagens. Quando o caráter for de baixa herdabilidade ou apresentar herança devida a genes de efeitos não aditivos, a seleção dos genótipos deverá ser realizada com base no desempenho em híbridos.

Tabela 1. Estimativas da variância fenotípica (σ^2_F), da variância genotípica (σ^2_G), da herdabilidade com base na média de famílias (h^2), do coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e do índice de variação (I_v) para produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$) nos três locais e nos dois níveis de nitrogênio.

Ambientes	(σ^2_F)	(σ^2_G)	h^2	CV_g	CV_e	I_v
DDOS N ⁺	896.922,32	732.988,38	81,72	18,93	12,66	1,49
DDOS N ⁻	758.023,84	618.554,04	81,60	19,23	12,91	1,48
GDDOS N ⁺	575.906,62	103.966,20	18,05	8,04	18,05	0,33
GDDOS N ⁻	562.885,51	124.726,56	22,16	9,43	25,00	0,37
LAGCAR N ⁺	179.788,04	365.609,67	49,17	10,10	14,52	0,69
LAGCAR N ⁻	6.734,00	321.853,49	54,79	14,78	18,99	0,77

DDOS N⁺: Dourados alto N; DDOS N⁻: Dourados baixo N; GDDOS N⁺: Glória de Dourados alto N; GDDOS N⁻: Glória de Dourados baixo N; LAGCAR N⁺: Laguna Carapã alto N; LAGCAR N⁻: Laguna Carapã baixo N.

Avaliando os coeficientes de variação ambiental para a produtividade de grãos isoladamente nos ambientes, observa-se que, no geral, uma boa precisão experimental para todos os ambientes nos dois níveis de N. Exceto em Glória de Dourados (GDDOS) em baixo N, onde todas as estimativas de CV_e foram abaixo de 20%, sendo esse fato importante para que tenha uma maior confiabilidade nas informações experimentais (Tabela 1).

Vale ressaltar que em todos os ambientes o coeficiente de variação no nível alto N foi menor do que no nível baixo N. Em estudos de melhoramento de plantas para estresse de baixa disponibilidade de nitrogênio é comum a obtenção de CV's mais elevados do que para





ambientes sem estresse, pois sob estresse as médias geralmente são menores e os quadrados médios dos resíduos são maiores. Valores de CV_e , mais elevados ocorre devido à média entrar como denominador na equação que estima o coeficiente de variação experimental. Maiores valores do coeficiente de variação em ambientes com estresse a nitrogênio, também foram relatados por Soares et al. (2011).

Com base nas distâncias multivariadas entre as 42 linhagens parcialmente endogâmicas de milho utilizadas foi realizada a análise de agrupamento da distância média entre grupos UPGMA (Figura 1), a partir da matriz de dissimilaridade. Com base no corte no dendrograma, em 37% de dissimilaridade, foi observada a formação de dez grupos. A menor dissimilaridade foi entre L40 e L22 e a maior dissimilaridade foi encontrada obtida pela L5 e L22 ou L40.

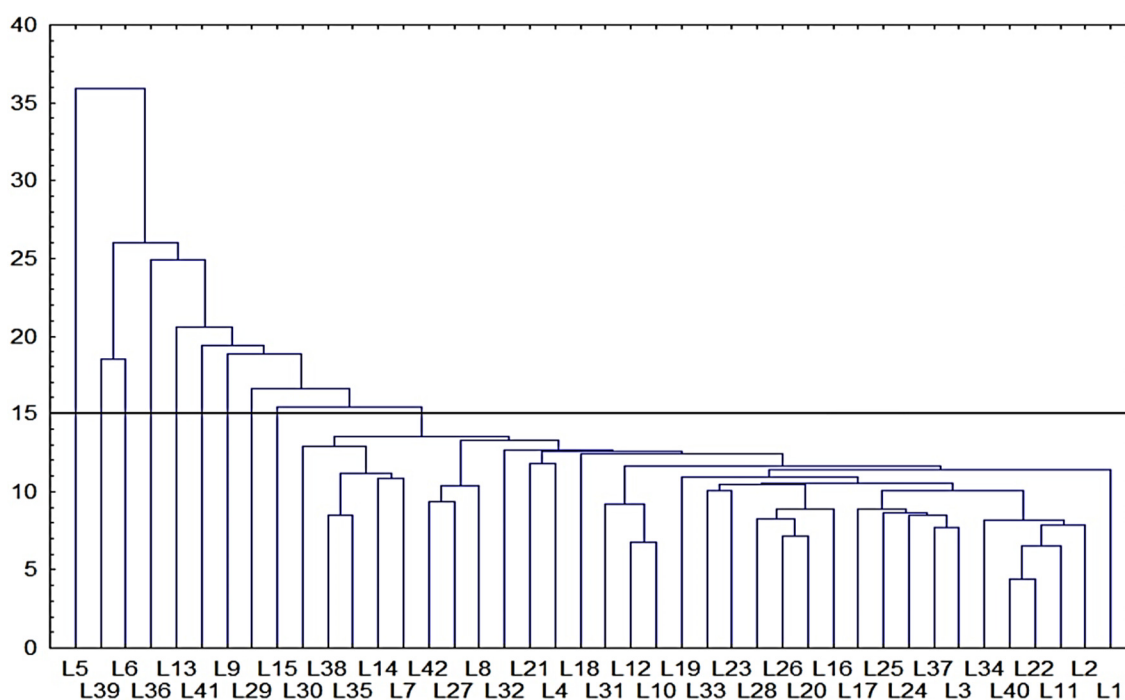


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre as 42 linhagens parcialmente endogâmicas S_3 de milho, obtidas pela ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Correlação cofenética (0,82**).

Este resultado é um indicativo de que hibridações entre esses indivíduos podem acarretar em geração de progênies muito similares, com base genética muito estreita de modo a inviabilizar os ganhos a serem obtidos pela heterose. Entretanto, dependendo da



estratégia e objetivo do programa de melhoramento, pode-se utilizar esse tipo de cruzamento, considerado convergente, para facilitar o trabalho dos melhoristas na seleção de linhagens superiores em menor tempo, quando estas possuem desempenho superior em importantes características agrônômicas, tais como potencial produtivo.

Observa-se que dos dez grupos formados, nove possuem apenas um genótipo e os demais foram agrupados em apenas um grupo. Este resultado permite inferir que a hibridação entre os grupos divergentes com apenas um indivíduo pode possibilitar a maior heterose. O coeficiente de correlação cofenética (CCC) obtido foi de 0,82 e significativo ($p < 0,01$) pelo teste t, o que representa um bom ajuste entre a matriz cofenética e a matriz de dissimilaridade construída com base na distância generalizada de Mahalanobis. Tal coeficiente, de acordo com Sokal & Rohlf (1962), indica boa confiabilidade dos agrupamentos estabelecidos.

4. Conclusões

As linhagens parcialmente endogâmicas S_3 apresentaram variabilidade genética para produtividade de grãos em baixa e alta disponibilidade de nitrogênio. O dendograma possibilitou a formação de dez grupos, sendo 9 grupos com apenas 1 linhagem e um grupo com 40 linhagens, mostrando alta similaridade genética entre a maioria das progênies.

Referências

BUZAR, A.G.R.; OLIVEIRA V.R.; BOITEUX, L.S. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agrônômicos e bioquímicos. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v.25, n.4, p.513-518, 2007.

CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v.35, p.271-276, 2013.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

DIAS, L.A.S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, L.C. (Ed.). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa: UFV, 1998. p.405-75.





HEINZ, R.; MOTA, L.H.S.; GONÇALVES, M.C.; VIEGAS NETO, A.L.; CARLESSO, A. Seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.43, n.4, p.731-739, 2012

PASSOS, A.R.; SILVA, S.A.; CRUZ, P.J.; ROCHA, M.M.; CRUZ, E.M.O.; ROCHA, M.A.C.; BAHIA, H.F.; SALDANHA, R.B. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.4, p.579-586, 2007.

RINALDI, D.A.; PIPOLO, V.C.; GRAGE, A.C.; RUAS, C.F.; JUNIOR, N.S.F.; SOUZA, A.; SOUZA, S.G.H.; GARBUGLIO, D.D. Correlação entre heterose e 52divergência genética estimadas por cruzamentos dialélicos e marcadores moleculares RAPD em populações de milho-pipoca. **Bragantia**, Campinas, v.66, p.183-192, 2007.

SOARES, M.O.; MIRANDA, G.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MARRIEL, I.E.; GUIMARÃES, C.T. Parâmetros genéticos de uma população de milho em níveis contrastantes de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.42, n.1, p.168-174, 2011.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, Berlin, v.11, n.1, p.30-40, 1962.

SOUZA, L.V.; MIRANDA, G.V.; GALVÃO, J.C.C.; ECKERT, F.R.; ANTOVANI, E.E.; LIMA, R.O.; GUIMARÃES, L.J.M. Genetic control of grain yield and nitrogen use efficiency in tropical maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.11, p.517-523, 2008.

VALE, J.C.; DELIMA, R.; FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G.V. Melhoramento para eficiência no uso do nitrogênio. In: FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. (Eds.) **Melhoramento de plantas para condições de estresses abióticos**. Visconde do Rio Branco: Editora Suprema, 2011. p.81-99.

