



## **AValiação DA DIVERGência GENÉTICA AO LONGO DE CICLOS DE SELEÇÃO EM MILHO**

SAULO NAVES ARAÚJO DO PRADO MASCARENHAS; ÍSIS FERNANDA DE ALMEIDA

### **RESUMO**

O milho é uma cultura agrícola crucial para a alimentação humana e animal, além de ser uma importante matéria-prima industrial. Este estudo avaliou a divergência genética entre genótipos de milho em dois ciclos de seleção no programa de melhoramento do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro (IFTM), em Uberlândia, Minas Gerais. No primeiro ciclo, seis híbridos comerciais foram utilizados como genitores, originando seis compostos sintéticos identificados por sua descendência materna. Os experimentos foram realizados em blocos casualizados com quatro repetições, analisando características fenotípicas como altura de planta, diâmetro do colmo, altura de inserção de espiga, comprimento de espiga e produção de grãos. A divergência genética entre os compostos foi avaliada por métodos multivariados, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis e o agrupamento de Tocher. Os resultados do primeiro ciclo mostraram dois grupos distintos, enquanto no segundo ciclo foram identificados três grupos de similaridade, indicando a manutenção e ampliação da variabilidade genética entre os genótipos. A presença de divergência genética significativa ao longo dos ciclos demonstra o potencial das populações para avanços futuros no programa de melhoramento. A identificação de grupos distintos sugere a possibilidade de exploração dessa variabilidade em novas combinações genéticas, otimizando o desenvolvimento de genótipos mais produtivos e adaptados, evidenciando a importância da seleção recorrente para ganhos contínuos na cultura do milho.

**Palavras-chave:** Análise multivariada; Melhoramento de plantas; *Zea mays* L.

### **1 INTRODUÇÃO**

O milho (*Zea mays* L.), pertencente à família Poaceae, é um cultivo de grande valor econômico, utilizado na alimentação humana e animal, bem como na indústria (FAO, 2002; Galvão, Borém & Pimentel, 2017). Sua domesticação, há mais de 5.000 anos, facilitou a adaptação a diversos ambientes, resultado da introgressão de genes de parentes selvagens, que aumentou a variabilidade genética da espécie (Freitas, 2001). No Brasil, a diversidade genética do milho é preservada por meio do cultivo de variedades tradicionais, que são essenciais para a conservação da variabilidade genética e para a resiliência das comunidades agrícolas (Araújo, 2013). O país apresenta cultivo de milho em todas as regiões, com Mato Grosso e Paraná como principais produtores, alcançando uma produção de 85,75 milhões de toneladas na safra 2020/2021 (IBGE, 2021; CONAB, 2021). Regiões como o Alto Solimões, no Amazonas, cultivam variedades adaptadas às suas condições locais, refletindo práticas tradicionais de manejo (Leão, 2018).

A caracterização morfoagronômica é fundamental em programas de melhoramento e gestão de bancos de germoplasma, pois possibilita a seleção de materiais de interesse (Burle & Oliveira, 2010). Estudos anteriores, como os de Silveira et al. (2015) e Silva et al. (2015), evidenciam a importância da diversidade genética no milho, embora ainda haja necessidade de

aprofundar o conhecimento sobre a variabilidade nas populações cultivadas.

A avaliação da divergência genética em genótipos de milho é essencial para orientar cruzamentos estratégicos e aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. Este trabalho busca contribuir para esse objetivo ao analisar a divergência genética ao longo de dois ciclos de seleção, fornecendo subsídios para a escolha de combinações parentais mais promissoras. Com esse conhecimento, espera-se otimizar a obtenção de variedades superiores e promover o desenvolvimento de materiais mais produtivos e adaptados, capazes de enfrentar desafios como as mudanças climáticas e a redução da variabilidade genética.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro – Campus Uberlândia, em um clima tropical quente e úmido, com média anual de 1500 mm de precipitação e temperatura média de 21 °C. Em março de 2023, foram semeados seis híbridos comerciais, que foram acasalados aleatoriamente, resultando em seis famílias de meios-irmãos após o primeiro ciclo. Em setembro, essas famílias foram semeadas novamente para o segundo ciclo de seleção.

O experimento foi estruturado em parcelas experimentais compostas por duas fileiras de 5,0 metros, com quatro repetições. No primeiro ciclo, o espaçamento entre fileiras foi de 0,9 metros, e no segundo, foi reduzido para 0,7 metros, com 0,2 metros entre plantas, totalizando 50 plantas por parcela. Os tratos culturais seguiram as recomendações agronômicas para o milho.

As características avaliadas incluíram: altura de planta (AP), altura de inserção da primeira espiga (AIE), diâmetro de colmo (DC), comprimento de espiga (CE) e peso de grãos (PG), com o peso corrigido para 14% de umidade.

Foi realizada uma análise de variância conjunta para obter a matriz de variância e covariância residuais, utilizada para calcular a dissimilaridade entre as famílias pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). A contribuição relativa de cada caractere para a divergência genética foi quantificada, e o agrupamento das famílias foi feito pelo método de Tocher, organizando os genótipos em grupos homogêneos. Todas as análises foram realizadas com o software Genética e Estatística – GENES (Cruz, 2013).

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de divergência genética conduzida com o software GENES, considerando as características simultâneas: altura de plantas, diâmetro do colmo, altura de inserção de espiga, comprimento de espiga e produção de grãos, revelou a formação de grupos distintos entre os seis acessos de milho avaliados, para os dois ciclos de seleção (Tabela 1).

**Tabela 1.** Grupos de similaridade genética entre genótipos estabelecidos pelo método de Tocher a partir da matriz de distâncias, considerando cinco variáveis simultâneas, em dois ciclos de seleção recorrente intrapopulacional de milho.

| Primeiro ciclo |               |
|----------------|---------------|
| Grupo          | Acessos       |
| I              | 1, 3, 4, 5, 6 |
| II             | 2             |
| Segundo ciclo  |               |
| Grupo          | Acessos       |
| I              | 2, 4          |
| II             | 1, 3, 5       |
| III            | 6             |

No primeiro ciclo, foram avaliados os híbridos comerciais que constituem os genitores dos compostos sintéticos avaliados nesse estágio. De acordo com Farias Neto e Resende (2001), a semelhança observada nas populações do primeiro ciclo pode ser atribuída à elevada homogeneidade genética entre os híbridos comerciais, resultante de uma base genética restrita, o que levou à formação de apenas dois grupos de dissimilaridade.

No entanto, no segundo ciclo de seleção, verificou-se um aumento na diversidade genética da população. Esse incremento é explicado pela segregação genética, uma vez que, ao longo dos ciclos de melhoramento e recombinação, novos alelos podem ser rearranjados nas populações. Assim, mesmo utilizando as mesmas linhagens iniciais, surgem diferentes combinações genéticas nas gerações subsequentes.

A formação de grupos com base na similaridade genética é uma ferramenta essencial para orientar cruzamentos de maneira estratégica. A seleção de genitores pertencentes a diferentes grupos permite ampliar a variabilidade genética na progênie, favorecendo a expressão de heterose e, conseqüentemente, contribuindo para o aumento da produtividade. Por outro lado, a escolha de genitores dentro do mesmo grupo pode gerar progênies mais uniformes, embora limite o potencial de ganho em heterose. Essa abordagem, no entanto, pode ser adequada em programas de seleção recorrente, nos quais o objetivo principal é acumular características agronomicamente desejáveis ao longo dos ciclos de seleção.

Dessa forma, a análise de agrupamento fornece subsídios importantes para que o melhorista tome decisões mais fundamentadas, seja para maximizar a variabilidade genética, seja para concentrar alelos favoráveis em populações específicas, de acordo com os objetivos do programa de melhoramento.

#### 4 CONCLUSÃO

Os resultados sugerem que a diversidade genética observada entre os acessos de milho analisados oferece oportunidades promissoras para a exploração do potencial heterótico. O incremento de variabilidade registrado no segundo ciclo, refletido no aumento dos grupos de similaridade, é um indicativo positivo para o progresso genético. A aplicação dessas informações nos próximos ciclos do programa de melhoramento poderá contribuir significativamente para o desenvolvimento de genótipos superiores. Em particular, estratégias de cruzamentos intrapopulacionais podem ser valiosas para a obtenção de variedades com maior potencial produtivo, ao mesmo tempo em que permitem acumular características agronomicamente desejáveis ao longo das gerações.

#### REFERÊNCIAS

ARAÚJO, C. M. M. **Análise genética em variedades crioulas de pimenta murupi (*Capsicum chinense* Jacq.) da Amazônia.** Junho de 2013. 60p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Agricultura no trópico úmido, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus, 2013.

BURLE, M. L.; OLIVEIRA, M. S. P. **Manual de curadores de germoplasma Vegetal: Caracterização Morfológica.** Documentos, 312. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 16p. 2010.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **CONAB estima produção total de 289,6 milhões de toneladas de grãos para safra 2021/22.** 2021.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

Food and Agriculture Organization of the United Nations International - FAO. **The role of women in the conservation of the genetic resources of maize.** Plant Genetic Resources Institute, 2002.

FREITAS, F. O. **Estudo genético-evolutivo de amostras modernas e arqueológicas de milho (*Zea mays* L.) e feijão (*Phaseolus vulgaris* L.).** Janeiro de 2001. 144p. Dissertação (Doutorado em Agronomia) – Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2001.

GALVÃO, J. C. C.; BOREM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita.** 2ª Edição. Viçosa: UFV, 2017.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola Estatística da Produção Agrícola.** In: Indicadores IBGE. 2021.

LEÃO, J. M. **Conservação de variedades locais de melão caboclo (*Cucumis melo Linnaeus*) por agricultores familiares da Amazônia Ocidental.** Setembro de 2018. 62p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Agricultura no trópico úmido, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus, 2018.

SILVA, K. C. L. et al. Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura. **Revista Agro@mbiente On-Line**, Boa Vista, v. 9, p. 102- 110, 2015.

SILVEIRA, D. C. et al. Caracterização agromorfológica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.) na região noroeste do Rio Grande do Sul. **Revista Ciência e Tecnologia**, Cruz Alta, v. 1, n. 1, p. 01-11, 2015.