

DESEMPENHO AGRONÔMICO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA NA SELEÇÃO DE LINHAGENS S₅ DE MILHO

AGRONOMIC PERFORMANCE AND GENETIC DIVERGENCE IN THE SELECTION OF STRAINS OF MAIZE S₅

Edmar Vinícius de CARVALHO¹; Flávio Sérgio AFFÉRR²; Joênes Mucci PELUZIO²; Michel Antônio DOTTO²; Rodrigo Bruschi CAPPELLESSO³; Aurélio VAZ DE MELO²

1. Discente do Mestrado em Produção Vegetal, Universidade Federal do Tocantins - UFT, Gurupi, TO, Brasil. carvalho.ev@uft.edu.br; 2. Departamento de Fitotecnia – UFT, Gurupi, TO, Brasil; 3. Agrônomo formado pela UFT, Gurupi, TO, Brasil.

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens de milho por meio desempenho agronômico juntamente com a divergência genética, no Sul do Tocantins. Foram avaliadas 63 linhagens de milho S₅, obtidas de germoplasma de milho. O experimento foi instalado no município de Gurupi, Estado do Tocantins, na safra 2008/2009, em blocos casualizados, com duas repetições. Foram formando 20 grupos divergentes, selecionado dentro de cada grupo as melhores linhagens. Os caracteres, área abaixo da curva de progresso da Mancha Branca (*P. maydis*) e avaliação do ataque de lagarta do cartucho (*S. fugiperda*), não foram utilizados como critério na seleção das linhagens. A utilização do desempenho agronômico conjuntamente com a análise de divergência genética foi eficaz na diferenciação das linhagens S₅ de milho para possíveis genitores.

PALAVRAS-CHAVE: Melhoramento. *Zea mays*. Caracteres agronômicos. Doenças.

O Brasil é o terceiro maior produtor de milho no mundo (FAO, 2010), possuindo ainda potencial de exploração, o que pode ser alcançado por pesquisas que buscam melhorar os sistemas de produção agrícola (SANTOS et al., 2002) e também por programas de melhoramento. Além da produtividade, a reação de linhagens de milho a incidências de pragas e doenças é determinante na escolha de futuros genitores para hibridação. Assim, é de valiosa importância o acompanhamento periódico dos genótipos em determinadas condições (SANTOS et al., 2002). Aliado a isso, nos programas de melhoramento o estudo de divergência genética devido à divisão dos genótipos em grupos divergentes é necessário (BARELLI et al., 2009), onde o cruzamento entre estes grupos é utilizado na busca da maximização da heterose, justificando o fato da utilização de linhagens (PARTENIANI et al., 2008). Como no Estado do Tocantins a produtividade da cultura ainda é baixa, o objetivo deste trabalho foi de selecionar linhagens de milho por meio dos caracteres agronômicos (produtividade, caracteres da espiga e incidência e severidade de doenças e da lagarta do cartucho) conjuntamente com a divergência genética, no Sul do Tocantins.

Avaliaram-se 63 linhagens S₅ de milho, obtidas do germoplasma de milho. O experimento foi instalado no município de Gurupi-TO, na safra 2008/2009, com delineamento experimental de blocos casualizados, e duas repetições. A parcela experimental correspondeu a uma fileira de quatro metros, com densidade de plantas aproximada de

40.000 plantas ha⁻¹. Foram utilizados 400 kg ha⁻¹ de 05-25-15 (NPK) +0,5%Zn, na adubação de semeadura. As adubações de cobertura foram realizadas aos 25 e 45 dias após a semeadura com 60 kg ha⁻¹ de N, cada, com sulfato de amônio. Os caracteres avaliados foram: diâmetro de espiga (mm); comprimento de espiga (mm); produtividade de grãos (kg ha⁻¹); número de fileiras de grãos; severidade de doenças sob condição de infestação natural (Mancha de Curvularia, Helmintosporiose e Mancha Branca) e avaliação do ataque da lagarta do cartucho (*Spodoptera fugiperda*) (AALC) sob infestação natural. A AALC foi avaliada através da escala de notas (POLANCZIK, 2004) aos 36 dias após o plantio utilizando sete plantas por parcela. A severidade das doenças (Mancha de Curvularia, Helmintosporiose e Mancha Branca) foi avaliada, considerando-se toda a parcela, com o auxílio da escala de notas (Agrocere, 1996), para posterior cálculo da área abaixo da curva de progresso das doenças (CAMPBELL et al., 1990). A divergência genética foi predita utilizando o Método de Agrupamento de Tocher (CRUZ et al., 2006; CRUZ et al., 2004). A medida de dissimilaridade utilizada no agrupamento foi a Distância Generalizada de Mahalanobis, sendo a importância dos caracteres para a diversidade avaliada pelos elementos dos autovalores, da análise de dissimilaridade. Após a formação dos grupos, conforme metodologia adaptada de Arnhold et al. (2010), com base na divergência genética, selecionou-se apenas uma linhagem S₅ em cada grupo.

Na análise de variância, observou-se significância, pelo teste F, a 1%, entre as linhagens considerando a produtividade (PROD), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras de grãos (NF), áreas abaixo

da curva de progresso da Mancha de Curvularia (*Curvularia lunata*) (CURV) e da Helmintosporiose (*Helmintosporium turcicum*) (HELM) (Tabela 1). Não sendo observada nos demais caracteres.

Tabela 1. Quadrados médios (QM), significância do teste F (F), coeficientes de variação (CV %), médias e importância relativa para a diversidade (IRC %) de oito caracteres avaliados em 63 linhagens S₅ de milho.

Caracteres	QM	F	CV (%)	Médias	IRC (%)
Produtividade (kg ha ⁻¹)	1827333	**	31,21	2.608	10,31
Comprimento de espiga (mm)	682	**	12,89	136	7,78
Diâmetro de espiga (mm)	31,79	**	9,4	36,3	7,46
Número de fileiras de grãos	4,71	**	8,04	13,2	14,34
Mancha de Curvulária	2314	**	12,52	129	30,11
Helmintosporiose	1190,04	**	11,6	124	19,19
Mancha branca	18,1	ns	38,3	9,7	5,46
Ataque da lagarta do cartucho	0,2	ns	11,8	3,1	5,37

**, * diferença significativa a 1% e 5% e ns diferença não significativa pelo teste F.

As linhagens apresentaram PROD de 2.608 kg ha⁻¹ (Tabela 1), valor próximo ao encontrado por Moro et al. (2007) e superior a encontrada por Arnhold et al. (2010). Diferenças que são explicadas pelas origens diferentes das linhagens. Com relação à severidade das doenças avaliadas na área experimental, a Mancha de Curvulária (*C. lunata*) e a Helmintosporiose (*H. turcicum*) apresentaram maior ocorrência que a Mancha Branca (*P. maydis*).

A análise de dissimilaridade permite a visualização da contribuição dos caracteres utilizados nas análises de divergência genética, podendo descartar aqueles que possuam pouca contribuição na visualização da divergência dos genótipos (CRUZ et al., 2004). Assim, a MB e

AALC como apresentaram IRC de 5,46% e 5,37%, respectivamente, podem ser descartadas na seleção das linhagens, juntamente com o fato de não terem apresentado significância entre as linhagens pelo teste F, concordando com Cruz et al. (2004).

A análise de agrupamento alocou as 63 linhagens em 20 grupos geneticamente divergentes (Tabela 2). A PROD das linhagens dos grupos 1, 3, 4, e 5 foi bem próxima entre si, (2.800 kg ha⁻¹), fato que pode ser explicado devido ao processo de seleção das linhagens, onde tal caractere foi utilizado como critério, favorecendo expressão de grupos genéticos semelhantes (ARNHOLD et al., 2010).

Tabela 2. Número de linhagens por grupo e suas médias da cada caractere avaliado

Grupo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Nº de Linhagens	21	7	3	4	4	3	2	2	2	2
PROD	2771	1929	2769	2747	2906	3432	2436	1865	1974	2176
CE	138,4	117,7	153,3	140,8	144,5	132,7	143,5	113,5	114,5	120,5
DE	36,24	33,14	39,33	38,25	36,50	43,67	34,50	33,50	31,50	35,50
NF	13,16	12,64	13,53	13,38	12,48	15,97	10,30	13,95	11,10	15,30
CURV	110,5	167,8	135,9	186,1	126,3	129,0	125,3	98,9	100,9	125,5
HELM	119,0	121,8	109,3	104,8	165,4	148,0	92,3	95,1	142,8	140,8
MB	10,08	9,00	8,75	7,00	8,31	14,00	15,75	9,63	7,00	7,88
AALC	3,17	2,99	3,34	3,38	3,17	3,10	3,43	3,15	2,93	3,22
Grupo	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Nº de Linhagens	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1
PROD	1835	5586	2037	1991	2074	1688	3545	2310	2028	1915
CE	124,5	173,0	159,0	125,0	156,0	128,0	126,0	169,0	102,0	152,0
DE	33,50	44,00	33,50	38,00	32,00	27,00	42,00	32,00	33,00	34,00
NF	11,55	15,00	11,45	14,10	14,00	12,50	13,60	13,00	12,00	14,60
CURV	182,1	91,7	92,0	100,0	111,2	91,2	135,0	190,2	158,2	232,7
HELM	152,3	121,0	130,1	160,3	161,3	139,0	101,5	115,0	87,3	90,3

MB	7,00	11,38	14,00	10,50	10,50	15,75	8,75	8,75	7,00	7,00
AALC	3,43	3,32	3,15	3,79	3,72	3,43	2,50	4,00	3,36	2,72

PROD = produtividade de grãos, kg ha⁻¹; CE = comprimento de espiga, mm; DE = diâmetro de espiga, mm; NF = número de fileiras de grãos; CURV = área abaixo da curva de progresso da mancha de curvulária; HELM = helmintosporiose; MB = mancha branca (MB)
AALLC = avaliação do ataque da lagarta do cartucho.

A utilização das linhagens de grupos diferentes como genitores, pode reduzir os cruzamentos a serem feitos e aumentar as chances de sucesso (MORO et al., 2007). No entanto é preciso selecionar linhagens superiores, pois a utilização de somente linhagens contrastantes não é garantia de sucesso (PARTENIANI et al., 2008). Na Tabela 3, é possível visualizar as melhores

linhagens dentro de cada grupo. Utilizando a PROD como critério primário de seleção, as linhagens 2 (Grupo 1), 27 (Grupo 3), 8, (Grupo 4), 36 (Grupo 5), 37 (Grupo 6), 15 (Grupo 12) e 20 (Grupo 17), foram a selecionadas, por apresentarem os valores de PROD superiores, e também nos demais caracteres.

Tabela 3. Médias dos caracteres avaliados nas linhagens selecionadas em cada grupo

Grupo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Linhagem Selecionada	2	1	27	8	36	37	34	5	22	56
PROD	4242	2511	3662	3797	3780	4216	2839	2402	1856	2730
CE	164	134	156	151	156	142	147	124	105	127
DE	41	35	42	41	39	47	36	34	32	40
NF	13,6	13,6	14,3	13,3	13	17,3	10	14,6	11,6	17,6
CURV	113,2	170,7	149,2	171,7	139	128,7	122,5	106,5	82,7	128,2
HELM	96,5	128	120,5	91	146,2	149,7	100,2	91,7	157,5	145
MB	12,25	8,75	8,75	7,00	7,00	17,5	14	8,75	7,00	7,00
AALC	3,21	2,72	3,36	3,22	3,15	3,22	3,43	3	2,93	3,00
Grupo	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Linhagem Selecionada	54	15	50	63	21	24	20	42	7	32
PROD	1730	6308	1722	1991	2074	1688	3545	2310	2028	1915
CE	128	192	158	125	156	128	126	169	102	152
DE	36	45	33	38	32	27	42	32	33	34
NF	12,5	15	12,3	14,1	14	12,5	13,6	13	12	14,6
CURV	184	88,2	96,7	100	111,2	91,2	135	190,2	158,2	232,7
HELM	152	137,5	126,5	160,2	161,2	139	101,5	115	87,2	90,2
MB	7,00	10,50	19,25	10,50	10,50	15,75	8,75	8,75	7,00	7,00
AALC	3,29	3,43	2,93	3,79	3,72	3,43	2,50	4,00	3,36	2,72

PROD = produtividade de grãos, kg ha⁻¹; CE = comprimento de espiga, mm; DE = diâmetro de espiga, mm; NF = número de fileiras de grãos; CURV = área abaixo da curva de progresso da mancha de curvulária; HELM = helmintosporiose; MB = mancha branca (MB)
AALLC = avaliação do ataque da lagarta do cartucho.

CONCLUSÃO

A utilização do desempenho agronômico conjuntamente com a análise de divergência

genética foi eficaz na diferenciação das linhagens S₅ de milho para futuros genitores. As linhagens UFT 2, 27, 8, 36, 37, 15 e 20 foram as selecionadas para futuras possíveis hibridações.

ABSTRACT: The objective in this work was to select strains of maize through the agronomic performance, together with the genetic divergence, in the south of Tocantins. They were evaluated 63 S₅ maize lines, obtained from the germplasm of maize. The experiment was conducted at the Gurupi, State of Tocantins, in the 2008/2009 harvest, in the randomized block design with two replications. They were formed 20 divergent groups, and within each group selected the best strains. The characteristics of the area under the curve of progress of White Spot (*P. maydis*) and assessment of attack fall armyworm (*S. fugiperda*) were not used as criteria in the selection of strains. The use of agronomic performance together with the analysis of genetic divergence was effective in differentiating the strains S₅ corn for possible parents.

KEYWORDS: Plant breeding. *Zea mays*. Agronomic traits. Plant diseases.

REFERÊNCIAS

- AGROCERES. **Guia Agroceres de Sanidade**. São Paulo: Sementes Agroceres, 1996
- ARNHOLD, E.; SILVA, R. G.; VIANA, J. M. S. Seleção de linhagens de milho S5 de milho-pipoca com base em desempenho e divergência genética. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 2, p. 279-283, 2010.
- BARELLI, M. A. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; NEVES, L. G.; SILVA, H. T. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, suplemento 1, p. 1061-1072, 2009.
- CAMPBELL, L. L.; MADDEN, L. V. Monitoring epidemics. In. **Introduction to plant disease epidemiology**, Ney York: J. Wiley, p. 107-128, 1990.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004, v. 1.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). **Production: countries by commodity – maize**. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>. Acesso em 24 nov. 2010.
- MORO, J. R.; SILVEIRA, F. T. e CARGNELUTTI, A. F. Dissimilaridade genética em sessenta e quatro linhagens de milho avaliadas para resistência ao complexo enfezamento. **Revista de Biologia Ciências da Terra**, Campina Grande, v. 7, p. 153, 2007.
- PARTENIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P. de S.; LÜDERS, R. R.; GALLO, P. B.; SOUZA, A. P. de; LABORDA, P. R. e OLIVEIRA, K. M. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 639-648. 2008.
- POLANCZIK, R. A. **Estudos de *Bacillus thuringiensis* Berliner visando ao controle de *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith)**. Tese de Doutorado, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba. 144pp. 2004.
- SANTOS, P. G., JULIATTI, F. C., BUIATTI, A. L. Avaliação do desempenho agronômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 37, n. 5, p. 597-602, 2002.