

DIVERSIDADE GENÉTICA DA POPULAÇÃO MEIOS IRMÃOS DE MILHO UEMG 1

GENETIC DIVERSITY OF HALF SIB MAIZE UEMG 1 POPULATION.

*ELIEL ALVES FERREIRA, GABRIELA FARIA DOS SANTOS,
EVELYN ALVES DIAS*

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética de uma população de milho adaptada às condições particulares de manejo e de ambiente do sudoeste mineiro. Para isto, foi instalado um experimento na Fazenda Experimental da Universidade do Estado de Minas Gerais, Unidade de Passos. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com 130 tratamentos e com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de uma linha de cinco metros, com espaçamento de oitenta centímetros entre as linhas. As avaliações das características foram realizadas de acordo com os Descritores Mínimos do Milho do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. Após o resultado das avaliações das características, foi feita a análise de variância, por meio do aplicativo GENES onde foi possível constatar que houve variabilidade genética na população de meio irmão para maioria das características analisadas. Posteriormente, realizou-se uma análise de agrupamento de Toche para melhor conhecimento da população, onde as progênies foram agrupadas em 10 grupos. Desta forma recomenda-se a extração de linhagens dentro dos grupos para futuros cruzamentos entre linhagens dos diferentes grupos. Fazendo desta maneira possibilitará a exploração da heterose.

Palavras-chave: Zea mays; Variabilidade genética; Dissimilaridade.

ABSTRACT

The present study aimed to evaluate the genetic diversity of a maize population adapted to the management and environmental conditions of the southwest of Minas Gerais. For this, an experiment was installed at the Experimental Farm of the State University of Minas Gerais - UEMG, Passos. The experimental design used was a randomized block with 130 treatments and three replications. Each experimental plot consisted of a five-meter line, with eighty centimeters spacing between the lines. Characteristic evaluations were performed according to the Minimum Maize Descriptors of the National Service for the Protection of Cultivars.

After the result of the characteristic evaluations, the analysis of variance was made, through the GENES application, where it was possible to verify that there was genetic variability in the half brother population for most of the analyzed characteristics. Subsequently, a Toche cluster analysis was performed to better understand the population, where the progenies were grouped into 10 groups. Thus, it is recommended to extract lines within groups for future crosses between lines of different groups. Doing so will make it possible to explore heterosis.

Keywords: Zea mays; Genetic variability; Dissimilarity.

INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores de milho do mundo, sendo superado apenas pelos Estados Unidos e China, além de ser o segundo maior exportador (USDA, 2017), com uma produção de 104,9 milhões de toneladas em 18,4 milhões de hectares, com uma produtividade média de 5688 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020). Esta baixa produtividade, provavelmente, é devido a não utilização de genótipos com elevado potencial produtivo, adubações inadequadas, entre outras. Quando esses requisitos são superados a produtividade pode aumentar consideravelmente, pois há relatos de produtividade superiores a 10 toneladas por hectare (FERREIRA et al., 2010).

A agricultura no País foi modernizada, no entanto, partes dos produtores não acompanharam esta modernização, cultivando variedades de polinização aberta de milho. A consequência deste fato é a baixa produtividade. Desta forma, o cultivo de variedades locais que atendam às necessidades regionais e comerciais, pode ser uma alternativa mais adequada, já que estas são mais adaptadas aos ambientes. Assim, um programa de melhoramento local pode produzir cultivares mais adaptadas às condições ambientais desses produtores (GELATTI et al, 2020; AUN; ASSIS, 2020).

A região do Sudoeste mineiro, mais precisamente a região de Passos, pertence a uma das maiores regiões produtora de leite e, conseqüentemente, há uma grande produção de milho, tanto para grão quanto para silagem. Entretanto, não há programas de melhoramento de milho nesta região.

Além disto, atualmente houve um aumento de adoção da tecnologia de milho transgênico por parte dos produtores e, conseqüentemente, maior disponibilidade de sementes de milho transgênico no mercado. Assim, as opções de milho convencional (não transgênico) ficou muito reduzida e em alguns casos, inexistentes. É sabido que para manter a tecnologia transgênica é necessária a utilização de sementes convencionais para evitar a seleção de lagartas resistentes aos milhos transgênicos. Portanto, justifica-se este trabalho (OLIVEIRA; CAMARGO, 2018).

É importante ressaltar que em um programa de melhoramento é de suma importância o conhecimento da variabilidade e da diversidade genética em uma população e no seu banco de germoplasma. Sem tal conhecimento torna-se muito difícil planejar as extrações de linhagens e o desenvolvimento de novas cultivares. Desta forma, este projeto visa compreender a diversidade genética de uma população do banco de germoplasma da UEMG Unidade de Passos. Com esse conhecimento será possível traçar novas estratégias para o programa de melhoramento genético de milho.

E para que isso aconteça é de fundamental importância a escolha de populações, pois todo o sucesso depende dela. Entre as populações disponíveis, destacam-se as cultivares comerciais com características agrônômicas de interesse bem desenvolvidas, pois é de se esperar que possuam maior proporção de locos favoráveis fixados (FERREIRA; SANTOS, 2019).

Vale ressaltar que para realizar o melhoramento necessita de que haja variabilidade genética. Quando o programa tem por objetivo a extração de linhagens visando confeccionar futuros híbridos, nesta população precisa haver também diversidade genética. O sucesso de qualquer programa de melhoramento é dependente do conhecimento da variabilidade e diversidade genética presente na população de interesse (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

A existência de características de diferentes naturezas no estudo da diversidade permite a utilização de inúmeras estratégias de análise. Uma alternativa é adotar para cada grupo de características uma medida de dissimilaridade apropriada, obtendo assim, várias matrizes de dissimilaridade de diferentes

naturezas, sejam elas obtidas por dados quantitativos, qualitativos, multicategóricos ou moleculares. Outra opção é contemplar simultaneamente o conjunto de características em uma medida de dissimilaridade comum, utilizando para isso a estratégia de soma das matrizes. A análise da diversidade genética se destina à identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinação (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011; VARGAR et al., 2018; SOUSA et al., 2020).

Para estudar a diversidade genética, podem ser utilizadas características morfológicas ou moleculares. A utilização de técnicas multivariadas nas análises permite unificar as informações, desta forma cada genótipo será representado por um único valor referente às suas características analisadas. Nestes métodos, para mensurar a diversidade genética em uma coleção germoplasmas, é muito utilizada a caracterização morfoagronômica dos acessos por meio de variáveis quantitativas e qualitativas (VAL et al., 2014; VARGAS et al., 2018).

Para tais análises, necessita obter a medida de similaridade ou dissimilaridade para calcular as distâncias genéticas e, posteriormente, a análise de diversidade genética podendo ser por meio de métodos de agrupamento. Os métodos de agrupamento têm a finalidade de dividir uma coleção inicial de acessos em subgrupos, de modo que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos. Entre os mais empregados destacam-se os métodos hierárquicos e os de otimização. Nos métodos hierárquicos os acessos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até a formação do dendrograma ou diagrama de árvore. Os de otimização requer a obtenção de uma matriz de dissimilaridade, sobre a qual são identificados indivíduos mais similares, assim formarão os grupos (KLOSTER et al., 2011; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética de uma população de milho adaptada às condições ambientais do sudoeste mineiro, com os seguintes objetivos específicos: Quantificar a diversidade genética de uma população de milho; Estimar as distâncias genéticas; Analisar se há grupos heterogênicos.

MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi instalado no dia 7 de outubro de 2016, sob o sistema convencional de plantio com irrigação, na Fazenda Experimental da Universidade do Estado de Minas Gerais, Unidade de Passos. A cidade de Passos possui 113.122 habitantes e uma extensão territorial de 1.338,07 Km² (IGBE, 2015). A fazenda está localizada a 2 km do perímetro urbano possui 77 hectares e está situada nas seguintes coordenadas geográficas: -20.7453° de latitude, -46.6339° de longitude e 875.16 m de altitude e a classificação do solo é: Latossolo vermelho amarelado (EMBRAPA, 1999). As adubações de plantio e de cobertura foram realizadas de acordo com a análise de solo, com um total de 100 kg ha⁻¹ de N. As aplicações de herbicidas, inseticida e fungicida foram realizadas de acordo com as necessidades.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 130 tratamentos com três repetições. A parcela experimental foi constituída de uma linha de cinco metros, com espaçamento de oitenta centímetros entre as linhas. Foram semeadas dez sementes por metro linear e, posteriormente, foi realizado o desbaste, com três folhas, deixando cinco sementes por metro.

Neste experimento a área da parcela foi de 4 m², sendo considerada suficiente por Chaves e Miranda Filho (1992) e Martin et al. (2005) para experimentos dessa natureza.

O programa de melhoramento de milho da Universidade do Estado de Minas Gerais, Unidade de Passos, teve início no ano de 2014. Neste ano foram selecionados sete híbridos de milho convencionais, de empresas diferentes, recomendados para a região de Passos (Quadro 1).

Quadro 1. Híbridos de milho utilizados para formação da população base.

| Híbridos | Empresa | Recomendação |
|----------|--------------|---------------|
| BM 207 | Biomatrix | Silagem/Grãos |
| BM 3061 | Biomatrix | Silagem |
| SHS 4080 | Santa Helena | Silagem/Grãos |
| BM 502 | Biomatrix | Grão |
| AG 1051 | Agrocerec | Silagem |
| Robusto | Selegrãos | Não informado |
| DKB 177 | Dekalb | Grão |

Fonte: O autor.

No ano agrícola 2014/2015 realizou-se o campo de polinização, onde foram semeadas uma linha de macho para duas linhas de fêmeas. Na linha de macho continha uma mistura de todos os híbridos e nas linhas de fêmeas continham uma linha para cada híbrido. Cada linha tinha cinco metros com espaçamento de um metro e quatro plantas por metro linear. As linhas de fêmeas foram despendoadas quando emitiram a folha bandeira.

As avaliações das características foram realizadas de acordo com os Descritores Mínimos do Milho do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (BRASIL, 1997). Sendo que as características que foram avaliadas são: Altura de espiga; Ângulo médio entre a nervura central da lâmina foliar e o caule; Altura média de plantas; Comprimento médio de espiga; Diâmetro médio de espiga; Número de dias da emergência até o florescimento masculino; Diâmetro médio de colmo; Direção média das fileiras de grãos na espiga; Empalhamento médio; Forma média de espiga; Grau médio de empalhamento; Número de espigas colhidas; Número médio de fileiras de grãos por espiga; Número médio de grãos por fileira; Número de plantas colhidas; Posição média da espiga na colheita; Peso de espigas; Produtividade; Quantidade média de raízes adventícias; Tipo de grão; Nota de doença (AGROCERES, 1996).

Os dados de plantas acamadas e quebradas (AC+Q) foram transformados em arco seno da $\sqrt{\%/100}$ para realizar as análises de variância. As características que foram avaliadas por meio de notas foram transformadas em $\sqrt{x + 0,5}$. Essas transformações foram realizadas para que os dados seguissem a distribuição normal.

Para partir das variáveis obtidas foram realizadas as análises de variâncias, considerando o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij},$$

onde Y_{ij} , é a observação da i -ésima família de meio-irmãos,

($i = 1, 2, \dots, 64$) da j -ésima repetição ($j = 1, 2, 3$);

μ é a média geral;

g_i é o efeito de tratamento suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ_g^2 , ou seja, $g_i \cap \text{NID}(0, \sigma_g^2)$, logo $E(g_i) = 0$ e $E(g_i^2) = \sigma_g^2$;

b_j é o efeito de repetições suposto aleatório, $b_j \cap \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;

e_{ij} é o erro experimental suposto aleatório, com $e_{ij} \cap \text{NID}(0, \sigma^2)$.

Posteriormente, foram estimadas as distâncias genéticas descritos em Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) e Cruz, Ferreira e Pessoni (2011).

Primeiramente, foram calculadas as Distâncias Generalizada de Mahalanbis para as características quantitativas, por meio da expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

$D_{ii'}^2$: distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta' = [d_1 d_2 \dots d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

e

Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável.

Para obter as estimativas dos quadrados médios e dos produtos médios do resíduo, entre dois caracteres X e Y , recomenda-se fazer as análises de variâncias individuais, segundo o modelo estatístico apropriado, e a análise da soma dos valores de X e Y , de forma que os produtos médios (covariâncias), associados a cada fonte de variação, incluindo a do resíduo, possam ser estimados por meio de:

$$\text{Cov}(X, Y) = \frac{V(X + Y) - V(X) - V(Y)}{2}$$

Considerando os caracteres X_{ik} e Y_{ik} , medidos em g genótipos ou tratamentos ($i = 1, 2, \dots, g$), avaliados em blocos ao acaso com r repetições ($k = 1, 2, \dots, r$).

Para as variáveis qualitativas, ou seja, multicategóricas, foram utilizadas Dissimilaridade Cole-Rodgers et al. (1997) ($d_{ii'}$) pela expressão:

$$d_{ii'} = \frac{D_1}{C_1 + D_1} + \frac{D_2}{C_2 + D_2} + \dots + \frac{D_v}{C_v + D_v} = \sum_{j=1}^v \frac{D_j}{C_j + D_j}$$

Em que:

C_j : números de ocorrência entre categorias para a j -ésima variável multicategórica; e
 D_j : número de discordância entre categorias para a j -ésima variável multicategórica.

Posteriormente, foi realizada a soma das matrizes de distâncias.

Foi realizada o agrupamento de Otimização por meio da metodologia de Tocher, com o intuito de identificar grupos similares entre si e divergentes entre os grupos.

Para isso, requer uma matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares. Esses indivíduos formaram o grupo inicial. A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo, pela seguinte expressão:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

Em que:

$d_{(ij)k}$ é a distância entre o grupo ij e o genótipo k ;

d_{ik} é a distância entre o genótipo i e o genótipo k ;

d_{jk} é a distância entre o genótipo j e o genótipo k .

A inclusão ou não do genótipo k no grupo é feita pela considerando que o acréscimo médio promovido pela inclusão seja menor que θ (maior distância entre os dois genótipos na matriz de distância original).

Se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$, inclui-se o genótipo k no grupos;

Se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \geq \theta$, não inclui o genótipo k no grupos.

Sendo n o número de genótipos que constitui o grupo original.

Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo operacional GENES (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se por meio dos quadrados médios, que o efeito de progênies foi significativo a um por cento de probabilidade para as características número médio

de dias da planta (N° DIAS), altura da espiga (A.E.), altura da folha bandeira (A.F.B.), altura do pendão (A.Pendão), diâmetro do colmo (D.C.), número de espigas (N°E.), número de plantas (N°P.), comprimento da espiga (C.E.), peso da espiga (P.E.), PG corrigido (PG), forma da espiga (F.E.), número de fileiras (N° F.), número de grãos (N°G.) e tipos de grãos (T.G.). A característica plantas acamadas (P.A.) foi significativa a cinco por cento e as características ângulo médio da nervura foliar (A.M.N.), quantidade média de raízes adventícias (Q.M.R.A.), tamanho do pendão (T. Pendão.), nota de doenças (DOENÇAS), posição média da espiga (P.M.E.), grau de empalhamento (G.E.), empalhamento médio (E.M.) e direção das fileiras (D.F.) foram não significativas (Tabelas 1,2,3,4 e 5).

Vale ressaltar que as características que foram estatisticamente significativas apresentam variabilidade genética, portanto possibilita a seleção de genótipos superiores. Por outro lado, as características que foram não significativas não possuem variabilidade genética, sendo então que a variabilidade existente é devido ao ambiente.

Tabela 1. Resumo da análise variância para as características ângulo médio da nervura foliar (A.M.N.), número médio de dias da planta (N° Dias), quantidade média de raízes adventícias (Q.M.R.A.), altura da espiga (A.E.) e altura da folha bandeira (A.F.B.) de 130 progênies de meios irmãos de milho. Passos (MG), safra 2016/2017.

| FV | GL | Quadrados Médios | | | | |
|-----------|-----|------------------|----------|-----------|----------|----------|
| | | A.M.N. | N°DIAS | Q.M.R.A. | A.E. | A.F.B. |
| Blocos | 2 | 211.231 | 471.737 | 73.370 | 0.1701 | 0.0076 |
| Progênies | 129 | 23.6841 ns | 7.0249** | 0.9084 ns | 0.0468** | 0.0465** |
| Resíduo | 258 | 227.531 | 46.743 | 0.8570 | 0.0323 | 0.0202 |
| Média | | 29.87 | 59.37 | 4.10 | 1.27 | 2.25 |
| CV(%) | | 15.97 | 3.64 | 22.57 | 14.14 | 6.32 |

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade; respectivamente; pelo teste Fns não-significativo; pelo teste F

Tabela 2. Resumo da análise variância para as características altura do pendão (A. Pendão), tamanho do pendão (T. Pendão), diâmetro do colmo (D.C.), nota de doenças (DOENÇAS) e número de espigas (N° E.), de 130 progênes de meios irmãos de milho. Passos (MG), safra 2016/2017.

| FV | GL | Quadrados Médios | | | | |
|----------|-----|------------------|------------|----------|-----------|-----------|
| | | A. Pendão. | T. Pendão. | D.C. | DOENÇAS | N°E. |
| Blocos | 2 | 0.0093 | 3.129.694 | 86.501 | 456.573 | 172.891 |
| Progênes | 129 | 0.0370** | 101.5009ns | 4.5394** | 1.1955 ns | 16.2014** |
| Resíduo | 258 | 0.0191 | 1.110.261 | 29.674 | 12.021 | 60.410 |
| Média | | 2.55 | 30.87 | 17.44 | 4.57 | 15.02 |
| CV(%) | | 5.41 | 34.13 | 9.88 | 24.00 | 16.37 |

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade; respectivamente; pelo teste Fns não-significativo; pelo teste F

Tabela 3. Resumo da análise variância para as características número de plantas (N° P.), plantas acamadas (P.A.), posição média da espiga (P.M.E.), comprimento d espiga (C.E.) e peso da espiga (P.E.) de 130 progênes de meios irmãos de milho. Passos (MG), safra 2016/2017.

| FV | GL | Quadrados Médios | | | | |
|----------|-----|------------------|---------|-----------|----------|----------------|
| | | N°P. | P.A. | P.M.E. | C.E. | P.E. |
| Blocos | 2 | 217.103 | 0.0317 | 0.1037 | 212.877 | 10.825.159.528 |
| Progênes | 129 | 10.9722** | 0.3382* | 0.1809 ns | 3.0836** | 9436366.7205** |
| Resíduo | 258 | 41.599 | 0.2559 | 0.1445 | 16.070 | 25.437.341.837 |
| Média | | 13.38 | 0.79 | 2.37 | 18.13 | 13605.71 |
| CV(%) | | 15.24 | 64.21 | 16.01 | 6.99 | 11.72 |

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade; respectivamente; pelo teste Fns não-significativo; pelo teste F

Tabela 4. Resumo da análise variância para as características PG corrigido (PG), forma da espiga (F.E.), grau de empalhamento (G.E.), empalhamento médio (E.M.) e direção das fileiras (D.F.) de 130 progênes de meios irmãos de milho. Passos (MG), safra 2016/2017.

| FV | GL | Quadrados Médios | | | | |
|----------|-----|------------------|----------|-----------|-----------|-----------|
| | | PG. | F.E. | G.E. | E.M. | D. F. |
| Blocos | 2 | 209.283.155.408 | 0.4043 | 0.0244 | 24.454 | 0.1413 |
| Progênes | 129 | 2945588.6731** | 0.2587** | 0.0919 ns | 0.1008 ns | 0.1955 ns |
| Resíduo | 258 | 11.801.779.209 | 0.1625 | 0.0758 | 0.0852 | 0.2119 |
| Média | | 7511.22 | 2.27 | 2.77 | 1.43 | 1.69 |
| CV(%) | | 14.46 | 17.73 | 9.93 | 20.36 | 27.30 |

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade; respectivamente; pelo teste Fns não-significativo; pelo teste F

Tabela 5. Resumo da análise variância para as características número de fileiras (N° F.), número de grãos (N° G.) e tipo de grãos (T.G.) de 130 progênies de meios irmãos de milho. Passos (MG), safra 2016/2017.

| FV | GL | Quadrados Médios | | |
|-----------|-----|------------------|-----------|----------|
| | | N° F. | N° G. | T.G. |
| Blocos | 2 | 45.131 | 730.009 | 0.2772 |
| Progênies | 129 | 2.2884** | 16.7415** | 0.8899** |
| Resíduo | 258 | 14.034 | 88.386 | 0.2718 |
| Média | | 15.75 | 35.26 | 2.91 |
| CV(%) | | 7.52 | 8.43 | 17.92 |

** , * e ^{ns} significativos a 1%, 5% de probabilidade e não - significativo respectivamente; pelo teste F.

Após as análises de variâncias, observou-se que há variabilidade genética na população de meio irmão para maioria das características analisadas. Assim, justifica-se fazer uma análise de agrupamento para melhor conhecimento da população.

Verificou-se na literatura trabalhos que corroboramos resultados obtidos nesta pesquisa. Ferreira e Santos (2019) estudaram uma população de família de meio irmãos de milho da população e detectaram que há variabilidade genética para a região sudoeste mineiro. Trabalho semelhante foi desenvolvido por Bernini et al. (2020), que estudaram e identificaram híbridos comerciais de milho com potencial de seleção em ambientes de baixa altitude e déficit hídrico. Trabalho semelhante foi desenvolvido por Paterniani et. al (2019), que avaliaram o banco de germoplasma de milho para tolerância à seca. Guimarães et al. (2019) obtiveram ganhos em produtividade e em volume de pipoca expandida por hectare utilizando a seleção recorrente em milho pipoca.

Posteriormente, realizou-se o agrupamento por meio da metodologia de Toche, onde as progênies foram agrupadas em 10 grupos. Sendo que o maior é o grupo 1, que contém 115 progênies, seguidos pelos grupos 2 e 3 com três progênies, os grupos 4 e 5 com dois genótipos e dos grupos 6, 7, 8, 9, e 10 com uma progênie cada (Tabela 6).

Desta forma, recomenda-se a extração de linhagens dentro dos grupos para futuros cruzamentos entre linhagens dos diferentes grupos. Fazendo desta maneira possibilitará a exploração da heterose. Vargas et al (2018) avaliaram a diversidade

genética 95 acessos de batata doce utilizando a metodologia de agrupamento. Detectaram-se que a metodologia foi eficiente para segregar os genótipos em diferentes grupos heteróticos. Sousa et al. (2020) avaliaram 182 famílias de meios irmãos e agruparam em 10 grupos heteróticos para resistência às doenças foliares.

Tabela 6. Grupos gênicos formados pelas 130 progênies de meios irmãos oriundos de sete cultivares de milho, por meio da metodologia de Tocher. Passos (MG), safra 2016/2017.

| Grupos | Número das progênies |
|----------|--|
| GRUPO 1 | 62, 121, 68, 3,23, 123, 21, 24, 5, 81, 67, 72, 33 122, 32, 37, 50, 27, 75, 31, 26, 102, 117, 64, 77, 66, 116, 115, 29, 79, 55, 97, 88, 25, 28, 119, 93, 42, 7, 96, 127, 90, 16, 65, 59, 101, 9, 95, 78, 71, 107, 80, 12, 13, 49, 100, 91, 15, 17, 11, 10, 36, 19, 114, 8, 76, 113, 125, 108, 20, 69, 60, 99, 103, 63, 61, 83, 44, 46, 45, 22, 6 41, 40, 1, 14, 4, 98, 124, 73, 82, 94, 57, 86, 48, 109, 110, 30, 112, 120, 2, 84, 129, 106, 39, 89, 47, 43, 34, 53, 18, 54, 104, 87, 51. |
| GRUPO 2 | 74, 111, 70 |
| GRUPO 3 | 118, 126, 128 |
| GRUPO 4 | 35, 85 |
| GRUPO 5 | 58, 105 |
| GRUPO 6 | 38 |
| GRUPO 7 | 52 |
| GRUPO 8 | 56 |
| GRUPO 9 | 92 |
| GRUPO 10 | 130 |

Fonte: A autora.

Dentre todas as espécies cultivadas, o milho é, provavelmente, a que conta com maior variabilidade genética. Existem identificadas cerca de 300 raças de milho e, dentro de cada raça, milhares de variedades. O milho é cultivado em praticamente todos os continentes em todas as condições, porém para cada região existem milhos adaptados (PATERNIANI et al., 2000; LIMA et al., 2020).

Programas de melhoramento genético buscam desenvolver materiais superiores principalmente com relação a características de interesse agrônomo e utilizam a hibridação para transferência dos genes (FERREIRA; PATERNIANI; SANTOS, 2010). No entanto para que se obtenha sucesso é importante que se conheça a variabilidade e diversidade genética. A variabilidade genética possibilita um melhoramento subsequente das linhagens cultivadas e a diversidade aumenta as chances de sucesso no programa de melhoramento (VIANA et al., 2013; PATERNIANI et al., 2019). Assim, como se pode observar na tabela 6, para um futuro programa de melhoramento visando a obtenção de híbridos recomenda-se

que utiliza progênies dos diferentes grupos para a extração de linhagens. Assim, devem-se planejar os futuros cruzamentos, que comporão os dialelos e/ou top crosses, entre linhagens oriundas de diferentes grupos.

Desta forma, possibilitará vigor híbrido, ou seja, heterose. A heterose é a capacidade de os híbridos produzirem mais do que a média dos parentais. Para que esta seja mais pronunciada, é importante que se use linhagens mais divergentes entre si. Assim, através do conhecimento da diversidade genética o melhorista poderá escolher o cruzamento mais adequado, obtendo melhores resultados.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A partir dos resultados pode-se concluir que:

- Há variabilidade genética na população de meio irmãos;
- As progênies formaram 10 grupos distintos, sendo o primeiro o maior;
- Recomenda-se a extração de linhagens dentro dos grupos para futuros cruzamentos entre linhagens dos diferentes grupos, visando a exploração da heterose.

REFERÊNCIAS

AGROCERES. **Guia Agroceres de sanidade**. São Paulo: Sementes Agroceres. 1996, 72 p.

AUN, N. J.; ASSIS, R. L. Redes rurais e agricultura orgânica: estratégia para o desenvolvimento territorial endógeno em ambientes de montanha. **Boletim de Estudos Geográfico**, [S.L.], v. 1, n. 113, p. 91-109, jul. 2020.

BERNINI, C. S. et al. SELEÇÃO FENOTÍPICA DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA AMBIENTES DE BAIXA ALTITUDE E DÉFICIT HÍDRICO. **Nativa**, [S.L.], v. 8, n. 2, p. 172-177, 10 abr. 2020. *Nativa*. <http://dx.doi.org/10.31413/nativa.v8i2.9265>.

CHAVES, L.J.; MIRANDA FILHO, J.B. Plot size for progeny selection in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**. v.84, n.7-8, p. 963-970, 1992.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira**. Brasília, 2020. 47p. Disponível: Conab - Boletim da Safra de Grãos> Acesso em: 02 de dezembro de 2020.

CRUZ, C.D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, n.3, p.241-276, 2013. Doi: 10.4025/ Actasciagron.v35i3.21251

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora, 2011, 620p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**.4ed. Viçosa: UFV, 2012, 514p.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro, 1999. 412p.

FERREIRA, E. A.; ASA, K. P.; BENATI, K. R.; VILELA, E. S.; BRADÃO, F. A. L.; GOMES, M. S.; COSTA-NETO, A. P.; GUIMARÃES, P. S.; SOUZA, J. C. Potencial de híbridos comerciais de milho para a extração de linhagens. **Revista Biociências**, v. 16, p. 123-131, 2010.

FERREIRA, E. A.; SANTOS, G. F. Predição de ganho genético utilizando índice de seleção no quarto ciclo de seleção recorrente de famílias meios-irmãos em uma população de milho. In: SEMINÁRIO DE PESQUISA E EXTENSÃO, 21., 2019, Passos.**Artigos de Pesquisa**.Belo Horizonte: UEMG, 2019. p. 171-190. Disponível: <http://www.uemg.br/phocadownload/PROPPG/seminariopee/Caderno%20de%20Artigos%20-%202022-07.pdf#page=172>. Acesso em: 12 dez. 2020.

FERREIRA, E.A.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SANTOS, F.C. Potencial de híbridos comerciais de milho para obtenção de linhagens em programas de melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.40, n.3, p.304-311, 2010.

GELATTI, E.et al.Characterização espacial da modernização agrícola dos municípios do estado do Rio Grande do Sul (2010 e 2017).**Drd – Desenvolvimento Regional em Debate**, [S.L.], v. 10, n. 1, p. 1079-1103, 2020.

GUIMARAES, A. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PENA, G. F.; ALMEIDA FILHO; J. E. D.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, P. H. A. D. Genetic gains in the popcorn population UENF-14: developing the ninth generation of intrapopulation recurrent selection. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 3, p. 625-633, 2019a. Fap - UNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252019v32n307rc>.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **IBGE Cidades** - Passos. 2015. Disponível: <http://cidades.ibge.gov.br/xtras/perfil.php?codmun=314790>. Acesso em 02/10/15.

KLOSTER, G.S.; BARELLI, M.A.A.; SILVA, C.R.; NEVES, L.G.; PAIVA, SOBRINHO, S.; LUZ, P.B. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, p. 452-459, 2011.

LIMA, B. C. et al. Diversidade genética em acessos de milho crioulo / genetic diversity in landrace maize. **Brazilian Journal Of Development**, [S.L.], v. 6, n. 10, p. 82712-82726, 2020. Brazilian Journal of Development. <http://dx.doi.org/10.34117/bjdv6n10-631>.

MARTIN, T.N.; STORCK, L.; LÚCIO, A.D.; CARVALHO, M.P.; SANTOS, P.M. Bases genéticas de milho e alterações no plano experimental. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.1, p.35-40, 2005.

OLIVEIRA, L. C. M.; CAMARGO, R. A. L. O uso de sementes geneticamente modificadas nas culturas de soja e milho e a renda agrícola dos produtores. **Facef Pesquisa: Desenvolvimento e Gestão**, [S.L.], v. 21, n. 3, p. 247-262, dez. 2018.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: UDRY, C.W.; DUARTE, W. (Org.). **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, 2000.p.11-41.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; BERNINI, C.S.; GUIMARÃES, P. de S.; RODRIGUES, C.S. Estratégias de melhoramento para tolerância à seca em germoplasma de milho tropical. **Singular Meio Ambiente e Agrárias**, Campinas, v. 1, n. 1, p. 19-24, 13 ago. 2019. Centro Universitário Luterano de Palmas. <http://dx.doi.org/10.33911/singular-maa.v1i1.48>.

SOUSA, A. M. C. B. Genetic dissimilarity for resistance to foliar diseases associated with the agronomic potential in maize. **Revista Caatinga**, [S.L.], v. 33, n. 4, p. 936-944, out. 2020. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252020v33n408rc>.

USDA. **World Agricultural Production**. USDA, 2017. Disponível: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em: março de 2017.

VAL, B.H.P., FERREIRA JÚNIOR, J.A.; BIZARI, E.H.; MAURO, A.O.; TREVISOLI, S.H.U. diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia**, Jaboticabal, v6, n1, p.72-83, 2014.

VARGAS, P. F. et al. Genetic diversity among sweet potato crops cultivated by traditional farmers. **Rev. Caatinga**, Mossoró, v. 31, n. 3, p. 779-790, set. 2018.

VIANA, A P. et al. Diversidade genética entre genótipos comerciais de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *Flavicarpa*) e entre espécies de passifloras nativas determinada por marcadores rapd. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 25, n. 3, p.489-493, 11 set. 2013.

AUTORES:

Eliei Alves Ferreira, *Doutor em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa. Mestre em Agricultura Tropical e Subtropical pelo Instituto Agrônomo de Campinas. Graduado em Engenharia Agrônoma pela Universidade do Estado de Minas Gerais – UEMG, Unidade Passos. Professor do Curso de Engenharia Agrônoma da Universidade do Estado de Minas Gerais - UEMG, Unidade Passos.*

E-mail: eliei.ferreira@uemg.br.

Gabriela Faria dos Santos, *Graduada em Engenharia Agrônoma da Universidade do Estado de Minas Gerais - UEMG, Unidade Passos, Mestranda em Genética e Melhoramento pela Universidade do Estado de São Paulo.*

E-mail: gabriela.faria-santos@unesp.br.

Evelyn Alves Dias, *Graduada em Engenharia Agrônoma da Universidade do Estado de Minas Gerais - UEMG, Unidade Passos.*

E-mail: evelyn-ad@hotmail.com.