

Genética e Melhoramento de Plantas e Animais

Magnólia de Araújo Campos
Rafael Trindade Maia
(Organizadores)

 **Atena**
Editora

Ano 2019



Genética e Melhoramento de Plantas e Animais

Magnólia de Araújo Campos
Rafael Trindade Maia
(Organizadores)

 **Atena**
Editora

Ano 2019



2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Geraldo Alves
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição Creative Commons. Atribuição 4.0 Internacional (CC BY 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Profª Drª Adriana Demite Stephani – Universidade Federal do Tocantins
Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Alexandre Jose Schumacher – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Edvaldo Antunes de Faria – Universidade Estácio de Sá
Prof. Dr. Eloi Martins Senhora – Universidade Federal de Roraima
Prof. Dr. Fabiano Tadeu Grazioli – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Keyla Christina Almeida Portela – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Marcelo Pereira da Silva – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Miranilde Oliveira Neves – Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Rita de Cássia da Silva Oliveira – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Sandra Regina Gardacho Pietrobon – Universidade Estadual do Centro-Oeste
Profª Drª Sheila Marta Carregosa Rocha – Universidade do Estado da Bahia
Prof. Dr. Rui Maia Diamantino – Universidade Salvador
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Profª Drª Diocléa Almeida Seabra Silva – Universidade Federal Rural da Amazônia
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Profª Drª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federaci do Rio Grande do Norte
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Alexandre Leite dos Santos Silva – Universidade Federal do Piauí
Profª Drª Carmen Lúcia Voigt – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Prof. Dr. Juliano Carlo Rufino de Freitas – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Neiva Maria de Almeida – Universidade Federal da Paraíba
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
G328	Genética e melhoramento de plantas e animais [recurso eletrônico] / Organizadores Magnólia de Araújo Campos, Rafael Trindade Maia. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019. Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader. Modo de acesso: World Wide Web. Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-719-2 DOI 10.22533/at.ed.192191710 1. Animais – Melhoramento genético. 2. Genética. 3. Plantas – Melhoramento genético. I. Campos, Magnólia de Araújo. II. Maia, Rafael Trindade. CDD 575
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

A área de melhoramento genético é um sub-ramo da genética que visa identificar, aperfeiçoar, selecionar, preservar e utilizar características de interesse produtivo e comercial em plantas e animais. Selecionar genótipos e fenótipos de interesse nos variados organismos vem sendo feito desde o início da agricultura e da pecuária, nos primórdios da civilização, através de seleção artificial.

Atualmente, a área de melhoramento genético conta com inúmeras ferramentas para a seleção de características desejáveis; como marcadores morfológicos e moleculares, criopreservação, transgenia, cruzamentos e construção de germoplasmas.

A obra "**Genética e melhoramento de plantas e animais**" é composta de uma criteriosa seleção de trabalhos científicos e de revisões de literatura organizados em 10 capítulos distintos, elaborados por pesquisadores de diversas instituições que apresentam temas diversificados e relevantes. Este *e-Book* foi cuidadosamente editado para acadêmicos e estudantes de todos os níveis (graduação e pós-graduação) que apresentem interesse nesta área, no qual encontrarão informação e resultados de pesquisas de ponta.

É inegável a crescente demanda de estudos e pesquisas direcionadas ao melhoramento das espécies, especialmente em um país tido como uma das maiores potências agrícolas e pecuárias do mundo. O futuro do melhoramento genético é fascinante e extremamente promissor no Brasil e no mundo, e certamente será uma das forças motrizes da produção animal e vegetal e do desenvolvimento científico, tecnológico e humano.

Magnólia de Araújo Campos
Rafael Trindade Maia

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
AVALIAÇÃO DO ÍNDICE MEIÓTICO, VIABILIDADE E CARACTERIZAÇÃO POLÍNICA DE <i>Theobroma grandiflorum</i> (WILLD. EX SPRENG.) K. SCHUM	
Uéliton Alves de Oliveira Alex Souza Rodrigues Elisa dos Santos Cardoso Kelli Évelin Müller Zortéa Edimilson Leonardo Ferreira Talles de Oliveira Santos Ana Aparecida Bandini Rossi	
DOI 10.22533/at.ed.1921917101	
CAPÍTULO 2	12
CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, CITOGENÉTICA E MOLECULAR DE TRIGO COMO SUBSÍDIO AO MELHORAMENTO GENÉTICO, REGISTRO E PROTEÇÃO DE CULTIVARES	
Gabrieli Scariot Sandra Patussi Brammer Pedro Luiz Scheeren Ricardo Lima de Castro Simone Meredith Scheffer-Basso	
DOI 10.22533/at.ed.1921917102	
CAPÍTULO 3	23
CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA EM ESPIGAS DE POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO CULTIVADAS NA REGIÃO NORTE DO RIO GRANDE DO SUL	
Ariel Rizzardo Bianca Oliveira Machado Cristina Slaviero Marcos Gatti Slaviero Karina da Silva Noryam Bervian Bispo	
DOI 10.22533/at.ed.1921917103	
CAPÍTULO 4	30
VARIABILIDADE DOS GENÓTIPOS DE MILHO DA ZONA DE TRANSIÇÃO AMAZÔNIA-CERRADO	
Lucas Carneiro Maciel Weder Ferreira dos Santos Rafael Marcelino da Silva Layanni Ferreira Sodré Laura Carneiro Silva Zildiney Dantas da Silva Jefferson da Silva Pereira Fernando Assis de Assunção Benício Lourenço Duarte Júnior	
DOI 10.22533/at.ed.1921917104	

CAPÍTULO 5 39

DESEMPENHO AGRONÔMICO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MILHO NO ECÓTONO CERRADO-AMAZÔNIA

Rafael Marcelino da Silva
Weder Ferreira dos Santos
Layanni Ferreira Sodré
Adriano Silveira Barbosa
Laina Pires Rosa
Lucas Carneiro Maciel
Igor Moraes dos Reis
Eduardo Tranqueira da Silva
Matheus Rodrigues de Andrade

DOI 10.22533/at.ed.1921917105

CAPÍTULO 6 50

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO SUMETIDOS A DEFICIT HÍDRICO NO ESTÁGIO V4

Luiz Augusto Salles das Neves
Kelen Haygert Lencina
Raquel Stefanello

DOI 10.22533/at.ed.1921917106

CAPÍTULO 7 59

BENEFÍCIOS DO SILÍCIO COMO ATENUADOR DE ESTRESSES NAS PLANTAS

Cândido Ferreira de Oliveira Neto
Glauco André dos Santos Nogueira
Luma Castro de Souza
Luciana Ingrid Souza de Sousa
Andressa Pinheiro de Paiva

DOI 10.22533/at.ed.1921917107

CAPÍTULO 8 71

MINIRREVISÃO: CRIOPRESERVAÇÃO DE GAMETAS

Renan Rhonalty Rocha
Maria Vitória Laurindo
Antonio Erivelton Passos Fontenele
Camilla Rodrigues Pinho
Sílvia Helena Tomás
Bárbara Mônica Lopes e Silva
Antônio José Rocha

DOI 10.22533/at.ed.1921917108

CAPÍTULO 9 78

BIOTECNOLOGIA COMO FERRAMENTA PARA O CONHECIMENTO E CONSERVAÇÃO DA FAUNA E FLORA AMAZÔNICA

Marcelo Derzi Vidal
Elba Pereira Chaves
Vilena Aparecida Ribeiro Silva

DOI 10.22533/at.ed.1921917109

CAPÍTULO 10	88
--------------------------	-----------

DIVERSIDADE GENÉTICA DE SEIS RAÇAS CAPRINAS BRASILEIRAS

Bruna Lima Barbosa
Vanessa dos Santos Neri
Abigail Araújo de Carvalho
Débora Araújo de Carvalho
Eliene Pereira de Oliveira
Artur Oliveira Rocha
José Lindenberg Rocha Sarmiento
Fábio Barros Britto
Max Brandão de Oliveira
Soraya Sara Viana Castro
Maria Ivamara Soares Macedo

DOI 10.22533/at.ed.19219171010

SOBRE OS ORGANIZADORES	97
-------------------------------------	-----------

ÍNDICE REMISSIVO	98
-------------------------------	-----------

VARIABILIDADE DOS GENÓTIPOS DE MILHO DA ZONA DE TRANSIÇÃO AMAZÔNIA-CERRADO

Lucas Carneiro Maciel

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Agronomia
Gurupi – TO

Weder Ferreira dos Santos

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Professor, Engenharia de Bioprocessos e
Biotecnologia
Gurupi – TO

Rafael Marcelino da Silva

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Agronomia
Gurupi – TO

Layanni Ferreira Sodré

Universidade Federal do Tocantins (UFT), Pós-
Graduação em Agroenergia
Gurupi – TO

Laura Carneiro Silva

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Agronomia
Gurupi – TO

Zildiney Dantas da Silva

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Agronomia
Gurupi – TO

Jefferson da Silva Pereira

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Agronomia
Gurupi – TO

Fernando Assis de Assunção

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Agronomia
Gurupi – TO

Benício Lourenço Duarte Júnior

Universidade Federal do Tocantins (UFT),
Agronomia
Gurupi – TO

RESUMO: O estudo da divergência de genótipos possibilita combinações de linhagens promissoras visando a maior produtividade. O milho possui grande importância e se destaca como fonte de carboidratos e de vitaminas na alimentação humana e na formulação de ração animal. A zona de transição entre o Cerrado e a Floresta Amazônica brasileira é fonte de novos genótipos de milhos que podem ser empregados em cruzamentos. Assim, foi estimada a divergência genética de genótipos de milho que possibilitou a combinações destes para maior produtividade e qualidade dos grãos. O experimento foi conduzido na entressafra de 2010. Foram utilizadas sete características agrônômicas na análise multivariada. Os genótipos foram distribuídos em 6 grupos usando o método de otimização de Tocher. As combinações P13 x P17 e P9 x P17 foram as mais promissoras. E o rendimento de grãos, diâmetro e altura da espiga foram as características que mais contribuíram para divergência genética.

PALAVRAS-CHAVE: biometria, divergência genética, híbridos, Mahalanobis.

VARIABILITY OF CORN GENOTYPES FROM THE AMAZÔNIA-CERRADO TRANSITION ZONE

ABSTRACT: The study of the divergence of genotypes allows combinations of promising lines aiming for greater productivity. Corn has great importance and stands out as a source of carbohydrates and vitamins in human food and in the formulation of animal feed. The transition zone between the Cerrado and the Brazilian Amazon Forest is the source of new genotypes of humans that can be used in crosses. Thus, it was estimated the genetic divergence of maize genotypes that allowed combinations of these for higher productivity and grain quality. The experiment was conducted in the 2010 off season. Seven agronomic characteristics were used in the multivariate analysis. The genotypes were distributed in 6 groups using the Tocher optimization method. The combinations P13 x P17 and P9 x P17 were the most promising. And the yield of grain, diameter and height of the spike were the characteristics that contributed most to genetic divergence.

KEYWORDS: biometry, genetic divergence, hybrids, Mahalanobis.

1 | INTRODUÇÃO

Estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética existente nos bancos de germoplasmas, possibilitando o monitoramento, auxiliando na identificação de possíveis duplicatas e fornecendo parâmetros para escolha de progenitores, que ao serem cruzados, possibilitem maior efeito heterótico, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (CRUZ et al., 2014). De acordo com Fu et al. (2014), a heterose é a superioridade de vigor dos híbridos em relação aos seus pais, variando de acordo com a distância genética dos pais, podendo proporcionar aumentos de 15 a 50% no rendimento das culturas.

Nos programas de melhoramento de milho a heterose e a depressão da endogamia são fenômenos de grande importância (BERNINI et al., 2013). Assim, é importante definir grupos heteróticos o que pode acarretar em alto desempenho e maximizar a produção de milho (GIRAUD et al., 2017). Nos EUA, foram definidos os principais grupos heteróticos para produção de milho, sendo conhecidos como "Stalks rígidos" e os "Stalks não rígidos". Enquanto que na Europa, os principais grupos heteróticos principais são "Dent" e "Flint" (GIRAUD et al., 2017).

No Brasil, especificamente no Estado do Tocantins, a produtividade média do milho é baixa (4.594 kg ha^{-1}) quando comparada com a média nacional (5.605 kg ha^{-1}) (CONAB, 2019) devido, dentre outros fatores, as condições adversas de clima, o baixo nível tecnológico empregado pelos produtores e à escassez de cultivares melhoradas para condições de estresses abióticos (SIMON et al., 2016; SANTOS et al., 2017). Assim, o emprego e a classificação de grupos heteróticos neste estado brasileiro é necessário para adequação da produtividade milho em função dos

aspectos climáticos e melhoramento genético.

As técnicas de agrupamento visam dividir um grupo original de genótipos em vários grupos homogêneos, seguindo critério de similaridade. Entre os métodos de agrupamento mais utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os hierárquicos e os de otimização. Como exemplo de método de otimização, tem-se o apresentado por Tocher (RAO, 1952), que vem sendo extensivamente utilizado em análises de divergência genética de várias espécies de plantas (PAIXÃO et al., 2008; CRUZ et al., 2014).

A utilização de técnicas multivariadas também é empregada para estimar a divergência genética em cultivares de milho (COIMBRA et al., 2010; DOTTO et al., 2010; CARVALHO et al., 2011; SIMON et al., 2012; ROTILI et al., 2012; SANTOS et al., 2014; SANTOS et al., 2015; SILVA et al., 2016; SANTOS et al., 2017). No entanto, na zona de transição Amazônia-Cerrado ainda são poucos os estudos sobre a divergência genética em genótipos de milho.

Portanto, o presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre genótipos de milho para identificação de combinações promissoras na obtenção de híbridos superiores e que possa maximizar a produtividade milho na zona de transição Amazônia-Cerrado.

2 | MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na estação experimental da Universidade Federal do Tocantins – UFT no campus de Palmas, sob LATOSSOLO VERMELHO AMARELO distrófico (SANTOS et al., 2018), com clima do tipo Aw segundo a classificação de Köppen (DUBREUIL et al., 2017).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com 20 tratamentos e três repetições. Os tratamentos foram constituídos de genótipos de milho do programa de melhoramento da UFT, sendo denominadas: P1, P2, P3, P4, P5, P6, P7, P8, P9, P10, P11, P12, P13, P14, P15, P16, P17, P18, P19 e P20.

A parcela utilizada foi composta por quatro fileiras de 5,0 m, espaçadas a 0,9 m entre linhas. Na colheita, foram utilizadas somente as duas fileiras centrais de cada unidade experimental, descartando-se 0,5 m das extremidades destas fileiras.

Para o preparo de solo foi realizada uma gradagem seguida do nivelamento da área. A adubação de plantio foi realizada manualmente, utilizando 300 kg ha⁻¹ de N-P₂O₅-K₂O formulação 5-25-15+0,5% Zn.

A semeadura foi realizada na entressafra de 2010, de forma manual em sulco em uma profundidade média de 0,04 m. Após a emergência realizou-se o desbaste deixando um espaçamento de 0,20 m entre plantas, para se obter uma população de 55.555 plantas ha⁻¹.

Foi realizada uma adubação em cobertura no estágio V6, utilizando como fonte de nitrogênio a ureia (45% de N), na dose de 333 kg ha⁻¹. Os tratamentos culturais para o

controle de plantas infestantes, doenças e pragas foram realizados de acordo com as recomendações técnicas da cultura (GALVÃO et al., 2017).

A colheita foi realizada quando as plantas atingiram o estágio R6 (maturidade fisiológica). No laboratório de Produção Agropecuária – LPA da UFT, foram mensurados o diâmetro e o comprimento de 5 espigas por parcelas com uso de um paquímetro digital e a régua graduada, respectivamente. Para quantificar o número de fileiras por espiga e número de grãos por fileira foram feitas a contagem manualmente de 5 espigas por parcelas.

Depois de colhidas, as espigas foram trilhadas e os grãos de cada parcela acondicionados em um saco de papel, o qual foi identificado por genótipo e bloco. Foi realizado a determinação do rendimento de grãos por parcela, corrigido para 13% de umidade e extrapolado para hectare. A altura de planta e altura de espiga foram mensuradas no estágio R6 com uso de trena métrica, tomando a distância do nível do solo até a última folha totalmente aberta, e até a inserção da espiga, respectivamente.

Visando estudar a divergência genética foram utilizadas como variáveis no modelo multivariado as seguintes características: altura de planta (cm), altura de espiga (cm), comprimento de espiga (mm), diâmetro de espiga (mm), número de fileiras por espiga, número de grãos por fileira, rendimento de grãos (kg ha^{-1}).

As medidas de dissimilaridades foram determinadas segundo o modelo de análise multivariada, o que permitiu a obtenção das matrizes de dissimilaridades e de covariâncias residuais e das médias das populações. Foi aplicado o método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (MAHALANOBIS, 1936), e o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das sete características avaliadas. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa Computacional Genes, versão 2007.

3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância revelou diferença significativa pelo teste de F ($p < 0,05$) entre as linhagens de milho para todas as características avaliadas. O coeficiente de variação (CV) para rendimento de grãos (5,10%) foi classificado como baixo, indicando boa precisão experimental (PIMENTEL-GOMES, 2009). Para as variáveis, altura de planta (3,27%), altura de espiga (7,37%) comprimento de espiga (3,74%), diâmetro de espiga (4,39%) e número de fileiras por espiga (4,91%) os CV são próximos aos encontrados por Paixão et al. (2008), Coimbra et al. (2010) e Dotto et al. (2010).

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas a partir da distância de Mahalanobis (Figura 1), apresentaram elevada magnitude ($D^2 = 1,83$ a $144,24$), e demonstram presença de variabilidade genética entre os genótipos avaliados.

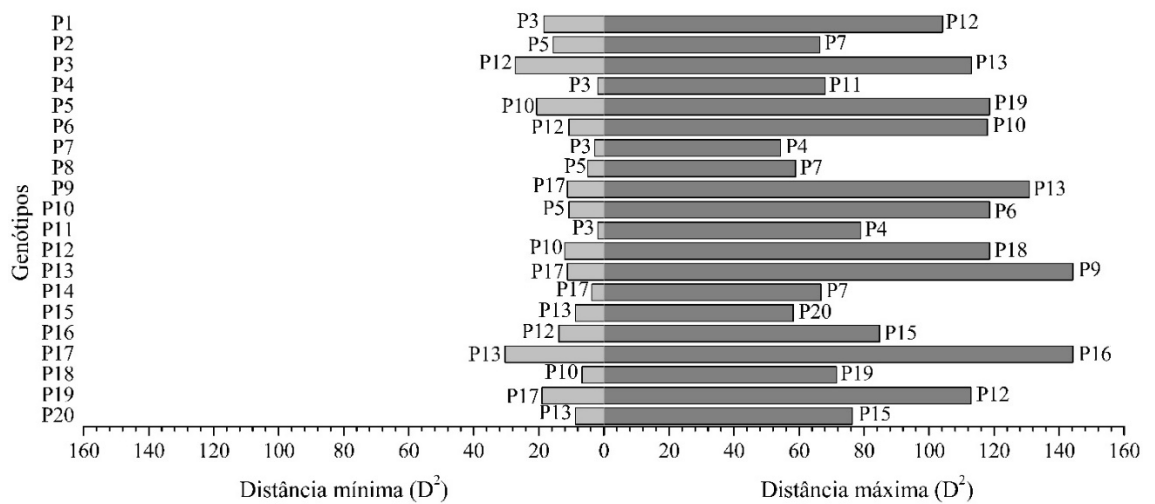


Figura 1. Estimativa das distâncias de Mahalanobis (D^2) máxima e mínima entre genótipos de milho.

A combinação P13 x P17 (Figura 1) foi a mais divergente ($D^2 = 144,24$), seguida pela combinação P9 x P17 ($D^2 = 130,87$). A menor distância foi observada pelos genótipos P4 x P11 ($D^2 = 1,83$), seguida pelo par P7 x P4 ($D^2 = 2,71$).

A menor distância entre P4 e P11 (Figura 1), ocorreu, provavelmente, em virtude de os genótipos dessas combinações serem oriundos de germoplasmas muito próximos. Em programas de melhoramento, deve-se evitar a hibridação entre genótipos com menor distância genética, ou seja, mais similares, uma vez que diminuiria o sucesso de híbridos com características desejáveis (SIMON et al., 2012). Já que para alcançar a máxima heterose é necessário combinar genótipos que se complementem, ou seja, nos locos em que um tenha alelos desfavoráveis o outro possua alelos favoráveis (RAMALHO et al., 2012).

A análise de agrupamento busca a formação de diferentes grupos de genótipos, onde haja homogeneidade dentro e heterogeneidade entre eles (CRUZ et al., 2014). Para isso, primeiro se obtém as medidas de dissimilaridade (Figura 1), então se adota uma técnica de agrupamento. Utilizando o método de otimização de Tocher foi possível a classificação dos genótipos em seis grupos (Figura 2).

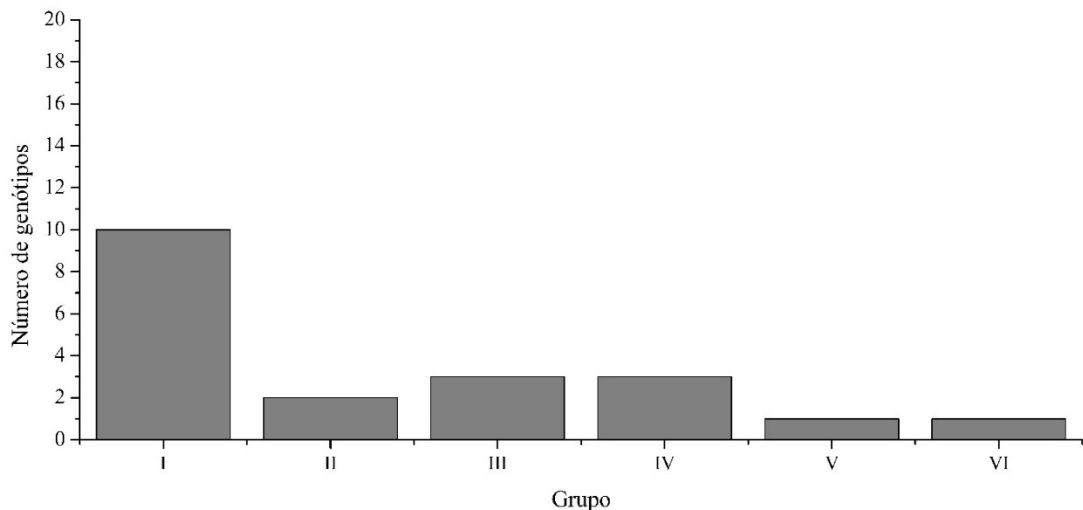


Figura 2. Agrupamento pelo método de Tocher, com base na divergência expressa pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

Foi formado um grande grupo constituído por 10 genótipos (50% dos genótipos), um grupo com dois genótipos, dois grupos com três genótipos e dois grupos constituídos por apenas um genótipo. Segundo Cruz et al. (2011) grupos formados por apenas um genótipo aponta na direção de que o mesmo seja mais divergente em relação aos demais.

Ressalta-se que os genótipos que constituíram os pares mais divergentes (Figura 1), com base na matriz de distâncias de Mahalanobis, foram alocados em grupos distintos pelo método de otimização de Tocher (Figura 2). As diferenças apresentadas quanto à composição dos grupos, (Figura 2), podem ser explicadas pela expressão ou não expressão dos alelos favoráveis presentes nos genótipos.

As estimativas da contribuição relativa das cinco características avaliadas na dissimilaridade genética dos 20 genótipos estudados, são apresentadas na Figura 3. As características que mais contribuíram para divergência foram o rendimento de grãos (35,99%), seguida pela altura da espiga (17,71%) e diâmetro da espiga (14,00%). A característica que apresentou a menor contribuição foi número de grãos por fileiras (4,16%). Trabalhando com oito caracteres Rotili et al. (2012) também encontrou produtividade de grãos, diâmetro das espigas e altura de espiga como as de maior contribuição.

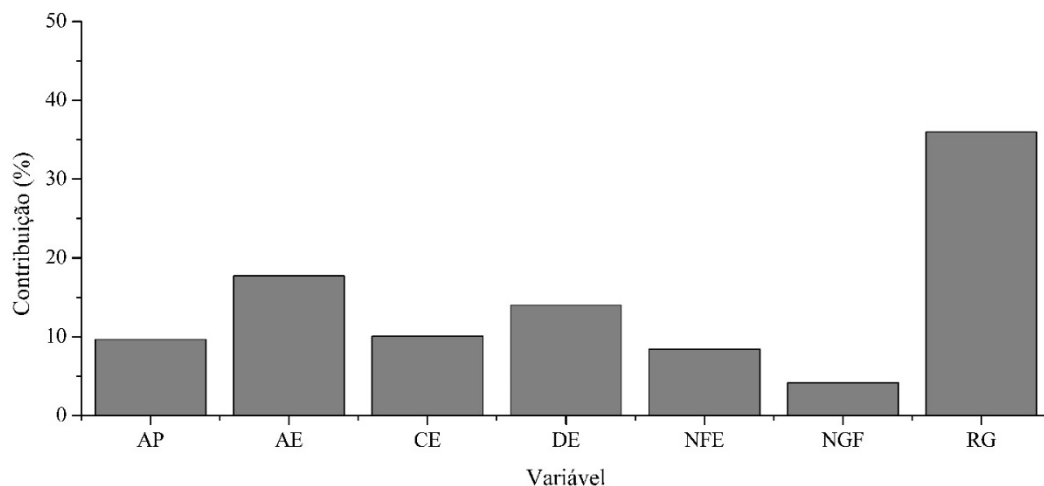


Figura 3. Contribuição relativa das características na divergência genética dos genótipos de milho.

De acordo com Cruz et al. (2014) as características de menor importância são aquelas que apresentam menor variabilidade ou estão representadas por outras. Então as variáveis com menor importância, como número de grãos por fileira, poderiam ser desconsideradas em análises de divergência genética futuras, o que proporcionaria redução de tempo, mão-de-obra e custos na experimentação (OLIVEIRA et al., 2006).

A análise das distâncias de Mahalanobis (Figura 1), juntamente com o agrupamento estabelecido pelo método de Tocher (Figura 2), permitiu identificar as combinações entre os genótipos P13 x P17 e P9 x P17 como promissoras.

4 | CONCLUSÕES

1. As combinações entre os genótipos P13 x P17 e P9 x P17, são promissoras para obtenção de híbridos superiores.

3. As características que mais contribuíram para divergência genética foram: rendimento de grãos, altura de espiga e diâmetro da espiga.

REFERÊNCIAS

BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; GUIMARÃES, P. D. S.; ROVARIS, S. R. S. Inbreeding depression and heterosis of hybrids in F2 populations of maize in the Sao Paulo State, Brazil. **Bragantia**, v.72, n.3, p.217-223, 2013.

CARVALHO, E. V.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; LEÃO, F. F.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A. Eficiência e uso do nitrogênio em híbridos experimentais de milho do programa de melhoramento da Universidade Federal do Tocantins. **Bioscience Journal**, v.27, n.3, p.392-403, 2011.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, S. D.; MELO, A. V. M.; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agrônômica**, v.41, p.159-166, 2010.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Brasília: CONAB, v.6, n.9, 2019. 113p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Suprema: Visconde do Rio Branco, 2011. 620p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. 668

DUBREUIL, V.; FANTE, K.P.; PLANCHON, O.; SANT'ANNA NETO, J.L. Les types de climats annuels au Brésil: une application de la classification de Köppen de 1961 à 2015. **EchoGéo**, v. 41, p. 1-27, 2017

DOTTO, M. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; VAZ DE MELO, A.; CARVALHO, E. V. D. Divergência genética entre cultivares comerciais de milho em baixas altitudes no Tocantins, safra 2007/2008. **Revista Ciência Agronômica**, v.41, n.4, 2010.

FU, D.; XIAO, M.; HAYWARD, A.; FU, Y.; LIU, G.; JIANG, G.; ZHANG, H. Utilization of crop heterosis: a review. **Euphytica**, v.197, n.2, p.161-173, 2014.

GALVÃO, J.C.C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M.A. **Milho do plantio à Colheita**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017. 382p.

GIRAUD, H.; BAULAND, C.; FALQUE, M.; MADUR, D.; COMBES, V.; JAMIN, P.; MONTEIL, C.; LABORDE, J.; PALAFFRE, C.; GAILLARD, A.; BLANCHARD, P.; CHARCOSSET, A.; MOREAU, L. Reciprocal Genetics: Identifying QTLs for general and specific combining abilities in hybrids 2 between multiparental populations from two maize (*Zea mays* L.) heterotic groups. **Genetics**, v.207, n.3, p.1167-1180, 2017.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences of India**, v.2, p.49-55, 1936.

OLIVEIRA, M. D. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.7, p.1133-1140, 2006.

PAIXÃO, S. L.; CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; MADALENA, J. A. S.; PEREIRA, R. G. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de Alagoas. **Revista Caatinga**, v.21, n.4, p.191-195, 2008.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 5. Ed. Lavras: UFLA, 2012.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 1952. 330 p

ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J. M.; CARVALHO, E. V. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v.43, p.516-521, 2012.

SANTOS, H.G.; JACOMINE, P.K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, V.A.; LUMBRERAS, J.F.; COELHO, M.R.; ALMEIDA, J.A.; ARAUJO FILHO, J.C.; OLIVEIRA, J.B.; CUNHA, T.J.F. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2018. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/181677/1/SiBCS-2018-ISBN-9788570358172.epub>>. Acesso em: 03 jul. 2019.

SANTOS, W. F.; AFFÉRRI, F. S.; PELÚZIO, J. M. Eficiência ao uso do nitrogênio e biodiversidade em genótipos de milho para teor de óleo. **Enciclopédia Biosfera**, v.11, n.21, p.2916-2925, 2015.

SANTOS, W. F.; MACIEL, L. C.; SODRÉ, L. F.; SILVA, R. M.; AFFÉRRI, F. S.; FREITAS, J. H.; PEREIRA, J. S. Diversidade genética em genótipos de milho para baixo nível tecnológico em Gurupi, TO. **Revista Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v.11, n.2, p.21-24, 2017.

SANTOS, W. F.; PELÚZIO, J. M.; AFFÉRRI, F. S.; SODRÉ, L. F.; SANTOS, D. S.; FARIAS, T. C. M. Variabilidade genética e eficiência de uso do nitrogênio em genótipos de milho para teor de óleo. **Revista Ciência Agrárias**, v.57, n.3, p.312-317, 2014.

SILVA, D. F. G.; COELHO, C. J.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J. R.; SILVA, A. R.; GRACZYKI, B. L.; OLIVEIRA, E. A. T.; MATIELLO, R. R. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho-verde. **Bragantia**, v.75, n.4, p.401-410, 2016.

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina**, v.33, n.2, p.449-458, 2012.

SIMON, J.; COSTA, R. V.; ALMEIDA, R. E. M.; CAMPOS, L. J. M.; LAGO, B. C.; FERREIRA, L. L.; LOPES, E. R.; DINIZ FILHO, R. **Época de plantio e cultivares de milho safrinha no Tocantins**. Palmas: Embrapa Pesca e Aquicultura, 2016.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.

SOBRE OS ORGANIZADORES

Profa. Dra. Magnólia de Araújo Campos - Possui graduação em Licenciatura Plena em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual da Paraíba (1989), com Mestrado em Agronomia/Fitomelhoramento pela Universidade Federal de Pelotas (1995) e Doutorado em Ciências Biológicas/Biologia Molecular pela Universidade de Brasília (2002). Pós-Doutorado em Genômica pelo Centro de Citricultura Sylvio Moreira, IAC, Brasil. (2003-2005) e Genética Molecular e de Microorganismos pela Universidade Federal de Lavras (2005-2008). Desde maio de 2008 é Professora da Universidade Federal de Campina Grande (UFCG), onde coordenou a Criação e do Curso de Engenharia de Biotecnologia e Bioprocessos no Centro de Desenvolvimento do Semiárido (CDSA, Campus de Sumé). Atualmente desenvolve atividades no Centro de Educação e Saúde (CES, Campus Cuité), onde é Coordenadora da Criação e do Curso de Mestrado Acadêmico em Ciências Naturais e Biotecnologia do CES/UFCG. É Coordenadora do Laboratório de Biotecnologia do CES e do Grupo de Pesquisa Biotecnologia Aplicada ao Semiárido. Tem experiência em Cultura de Tecidos Vegetais, Transgenia de Plantas, Marcadores Moleculares, Bioinformática, Genômica, Expressão Heteróloga *in vitro* de Proteínas Antimicrobianas, Biologia Molecular Vegetal e de Microorganismos. É editora acadêmica da editora internacional de livros científicos IntechOpen.

Prof. Dr. Rafael Trindade Maia - Possui Graduação em Licenciatura Plena em Ciências Biológicas pela Universidade Federal Rural de Pernambuco (2005), mestrado em Genética, Conservação e Biologia Evolutiva pelo Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (2008) e doutorado em Biologia Animal pela Universidade Federal de Pernambuco (2013). Atualmente é professor do Centro de Desenvolvimento Sustentável do Semiárido (CDSA) da Universidade Federal de Campina Grande (UFCG). Tem experiência com genética de populações, bioinformática, docking molecular, modelagem e dinâmica molecular de proteínas. Atua na área de ensino de ciências e biologia. Lidera os grupos de pesquisa Biologia Computacional e Teórica (BCT) e Ensino de Ciências e Biologia (ECB). É editor acadêmico do periódico Asian Journal of Biotechnology and Genetic Engineering e da editora internacional de livros científicos IntechOpen.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Amazônia 1, 3, 30, 31, 32, 39, 40, 41, 49, 59, 78, 79, 80, 81, 83, 84, 85, 87, 97

Aspectos reprodutivos 1, 2, 3

Atenuante 59

B

Balu 50, 51, 53, 54, 55, 56

Biodiversidade 38, 48, 78, 79, 80, 82, 84, 85, 87

Biometria 30, 37

Biotécnica 71

Biotecnologia 22, 30, 39, 71, 78, 79, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 97

C

Caprinos nativos 88, 89, 90, 91, 92

Caracteres 13, 14, 15, 16, 17, 18, 23, 24, 25, 26, 28, 35, 43, 46, 53, 57

Caracterização polínica 1, 2

Conservação 3, 10, 25, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 89, 90, 91, 94, 95, 97

Criopreservação de gametas 71, 72, 82

Cupuaçuzeiro 1, 2, 3, 11, 85

D

Déficit hídrico 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 58, 64

Descritores morfológicos 12, 13

Distância genética 12, 13, 14, 15, 16, 18, 20, 31, 34, 45

Divergência genética 15, 17, 30, 31, 32, 33, 36, 37, 38, 39, 41, 42, 44, 46, 47, 48, 49

Down 50, 51, 53, 54, 55, 56

E

Estresse 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 62, 63, 64, 65, 67, 73

Estresse hídrico 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 64, 65

G

Gestação assistida 71

H

Híbridos 25, 29, 30, 31, 32, 34, 36, 41, 46, 47, 49, 50, 52, 53, 54, 56

I

Índice meiótico 1, 2, 3, 4, 6, 8, 9, 10

L

Landraces 24

M

Mahalanobis 15, 30, 31, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 42, 45, 46, 48

Melhoramento de plantas 23, 24, 32, 84, 85

Microssatélites 12, 15, 19, 20, 81, 85, 89, 92, 94, 96

Milho 21, 23, 24, 25, 26, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 62, 66, 68

Milho crioulo 23, 25, 26, 28, 29

N

Nitrogênio 32, 36, 38, 40, 41, 48, 49, 58, 62, 64, 66, 72, 74, 82

P

Produtividade 3, 8, 10, 23, 25, 28, 29, 30, 31, 32, 35, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 47, 52, 53, 56, 57, 59, 62, 63, 67, 78, 85, 90

Proteção de cultivares 12, 13, 14, 21

S

Seleção de híbrido 50

Silício 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 70

T

Theobroma grandiflorum 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 85

Trigo 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 21, 22, 65, 66

Triticum aestivum 12, 13, 22

U

Uso sustentável 78, 79

V

Variabilidade 5, 21, 26, 28, 30, 31, 33, 36, 38, 40, 49, 81, 85, 87, 89, 91, 93, 94, 95

Variabilidade genética 21, 28, 31, 33, 38, 49, 81, 85, 87, 89, 94, 95

Viabilidade polínica 1, 2, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 18, 19, 21, 22

Z

Zea mays 24, 29, 37, 40, 58

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-719-2



9 788572 477192