

## ANÁLISE DESCRIPTIVA E MULTIVARIADA EM VARIEDADES E HÍBRIDOS DE MILHO (*Zea mays L.*)

**MAURICIO FERRARI<sup>1</sup>; MAICON NARDINO<sup>2</sup>; IVAN RICARDO CARVALHO<sup>3</sup>;**  
**ALAN JUNIOR DE PELEGRI<sup>1</sup>; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA<sup>4</sup>; LUCIANO**  
**CARLOS DA MAIA<sup>4</sup>**

<sup>1</sup> Mestrando(s) do Programa de Pós Graduação em Agronomia –

Fitomelhoramento pela Universidade Federal de Pelotas - [ferraritatu@gmail.com](mailto:ferraritatu@gmail.com)

<sup>2</sup> Pós-Doutorando no Instituto de Física e Matemática pela Universidade Federal de Pelotas

<sup>3</sup> Doutorando do Programa de Pós Graduação em Agronomia –

Fitomelhoramento pela Universidade Federal de Pelotas

<sup>4</sup>Professor(s) Ph.D.; Dr. da Universidade Federal de Pelotas – [lucianoc.maia@gmail.com](mailto:lucianoc.maia@gmail.com)

### 1. INTRODUÇÃO

O milho apresenta elevado valor nutritivo e aliado há sua adaptação a distintas condições edafoclimáticas e altos rendimentos passíveis de serem alcançados, destaca-se como um dos cereais mais cultivados no mundo, assumindo grande papel social e econômico. A produção mundial de milho foi de 872,06 milhões de toneladas, em uma área de 177,38 milhões de hectares, sendo os Estados Unidos, China e Brasil os principais produtores, respectivamente. O Brasil apresentou uma produção de 75,19 milhões de toneladas em 15,32 milhões de hectares, com uma produtividade média de 4.902 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2016).

A caracterização dos genótipos através da avaliação de caracteres morfológicos, fisiológicos, bioquímicos e moleculares é de grande importância para os melhoristas, visando dessa forma, o correto estabelecimento de estratégias de cruzamentos e seleção em programas de melhoramento genético. Entre as várias formas para caracterização, o uso de técnicas de análise multivariada merece destaque, pois revelam-se eficiente para agrupar e/ou descrever um grupo de indivíduos considerando um conjunto de caracteres (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1998).

O presente trabalho objetivou avaliar híbridos comerciais e variedades de polinização aberta de milho, quanto a alguns caracteres agronômicos, por meio de análise descritiva e multivariada, visando identificar genótipos promissores para uso imediato e futuro em trabalhos de melhoramento genético.

### 2. METODOLOGIA

O experimento foi conduzido na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pertencente à Universidade Federal de Pelotas-UFPel, localizado no município de Capão do Leão-RS. Foram utilizados dois híbridos comerciais de milho, sendo um híbrido simples (AS 1590) e um híbrido duplo (CD 308), e três variedades de polinização aberta (BRS Planalto, AL 30 e AL 25). Essas variedades foram avaliadas na safra de 2012/13, em experimento conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições.

As unidades experimentais foram compostas por duas linhas com cinco metros de comprimento, espaçadas com 0,70 metros. A adubação de semeadura foi composta de 200 Kg ha<sup>-1</sup> de N-P-K, formulação 5-20-20. A adubação de cobertura foi realizada no estágio de V3-V5 com 150 kg ha<sup>-1</sup> de nitrogênio utilizando-se como fonte ureia. A época de semeadura foi realizada de acordo com o zoneamento agroclimático do local. O manejo do solo, e os tratos culturais

foram executados conforme os estádios fenológicos e a necessidade da cultura, onde após a emergência e estabelecimento da cultura realizou-se o raleio manual, para ajuste do *stand* de 42 plantas por unidade experimental, equivalente a 60.000 plantas ha<sup>-1</sup>.

Os caracteres avaliados foram: altura da inserção da espiga (AE, em cm), ângulo de folha (AF, em graus), altura de planta (AP, em cm), comprimento de espiga (CE, em cm), diâmetro de espiga (DE, em mm), massa de 100 grãos (MCG, em g), número de fileiras de grãos da espiga (NF, em unidades), número de grãos por fileiras (NGF, em unidades), número de ramificações do pendão (NR, em unidades), massa de espiga (ME, em g), massa de grãos da espiga (MG, em g), prolificidade (PROL, em unidades) e rendimento de grãos da parcela (RG, em Kg).

Os dados coletados após passarem por edição foram submetidos à análise univariada para identificação das medidas de posição e dispersão, realizadas pelo *proc univariate* do SAS 9.3. A análise multivariada foi empregada para avaliar a dissimilaridade genética entre as variedades, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), por meio do programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise descritiva relativa aos caracteres agronômicos avaliados em cinco genótipos de milho encontram-se sumarizados na Tabela 1. Quanto à variação entre variedades, os valores do coeficiente de variação (CV) observados indicam que os caracteres AE, AF, MG, AP, ME, NR e NF revelaram as maiores variações em relação os demais caracteres analisados, com magnitudes de 23,99%, 18,55%, 16,45%, 15,92%, 15,62%, 14,72% e 12,33%, respectivamente. Observou-se uma grande amplitude de variação entre os caracteres analisados. As maiores amplitudes foram apresentadas por ME com variação de 92,42 a 177,59 g, seguido por MG com 77,03 a 147,38 g, AP de 170 a 300 cm e AE com variação de 77 a 179 cm. O caráter PROL apresentou-se mais homogêneo, com amplitude de variação entre 1,0 a 1,5 unidades.

O coeficiente de assimetria consiste em uma medida de forma da distribuição dos dados com relação à distribuição da curva normal, isto é, se a distribuição tem mais viés em uma direção do que outra. Observa-se que os caracteres NF, PROL, MCG, NGF, AF e RG apresentaram coeficiente de assimetria positivos (S), indicando que a cauda da curva dos dados apresentam viés para a direita, apresentando média maior que mediana. Em contrapartida, os caracteres DE, NR, ME, MG, CE, AE e AP apresentaram coeficiente de assimetria negativos, indicando que genótipos com espigas de menor massa, diâmetro, comprimento e massa de grãos, assim como, menores alturas de inserção de espiga, de planta e ramificações de pendão predominam na amostra analisada, haja visto que a cauda desta curva tendeu à esquerda.

A curtose é um parâmetro que descreve a forma de uma distribuição de probabilidade. Portanto a estimativa desse parâmetro fornece uma noção do grau de dissimilaridade genética dos genótipos, além de medir o peso das caudas (COIMBRA et al., 2004). Todos os caracteres analisados evidenciaram distribuição platicúrtica, conforme o coeficiente de curtose ( $K < 3$ ). Isso indica que a distribuição de frequência dos caracteres é mais achatada do que a curva normal, ou seja, apresenta maior amplitude de distribuição dos dados. Os caracteres PROL e MG apontaram uma estimativa de curtose muito próxima à zero, e consequentemente, menor dissimilaridade genética entre os genótipos

com relação a estes caracteres. Tais resultados estão de acordo com os obtidos por COIMBRA et al. (2004). Aceitou-se ( $P<0,05$ ) para todos os caracteres, a hipótese de que os dados são provenientes de uma distribuição normal, evidenciadas pelo teste de normalidade de *Shapiro-Wilks*. Esta verificação da normalidade do conjunto de dados torna-se de extrema importância, pois a não-normalidade destes pode influir negativamente na estimação dos efeitos fixos, no uso de testes *t* e *F* e na heterogeneidade de variâncias de erro. Os caracteres ME, MG, AP e AE revelam as maiores magnitudes de variância ( $\sigma^2$ ). Em contrapartida, PROL, RG, CE e NF apresentaram as menores variâncias, logo os genótipos apresentam-se mais similares em relação a tais caracteres.

O dendograma obtido com base na distância de Mahalanobis a partir de caracteres morfológicos de milho está apresentado na Figura 1. A partir da análise visual, é possível verificar a formação de dois grupos, sendo o primeiro grupo (I) formado pelos híbridos CD 308 e AS 1590 e o segundo grupo (II) formado pelas variedades de polinização aberta BRS Planalto, AL 30 e AL 25. A maior dissimilaridade genética entre híbridos e variedades de polinização aberta de milho já era esperada, por serem obtidos por meio de distintos métodos de melhoramento durante os ciclos de seleção, assim como a diferente constituição genética que apresentam híbridos e variedades. PATERNIANI; CAMPOS (2005) analisando uma avaliação feita por melhoristas americanos sobre a importância relativa de várias fontes de linhagens destacaram a enorme importância que os cultivares sintéticos e os genótipos exóticos terão no futuro em relação ao presente. Dessa forma, fica evidente a relevância de estudos envolvendo variedades de polinização aberta e híbridos comerciais, pois a formação do banco de germoplasma é decisivo para qualquer programa de melhoramento, quer seja para desenvolvimento de variedades, para utilização em híbridos ou para estudos básicos de genética.

#### 4. CONCLUSÕES

Os resultados indicam a existência de variabilidade genética entre híbridos e variedades de polinização aberta de milho, favorecendo a seleção de genótipos promissores para trabalhos de melhoramento da espécie. Neste estudo de dissimilaridade genética, é possível dividir os genótipos de milho em dois grupos: grupo I encerra os híbridos CD 308 e AS 1590 e o grupo II envolvem as variedades BRS Planalto, AL 30 e AL 25.

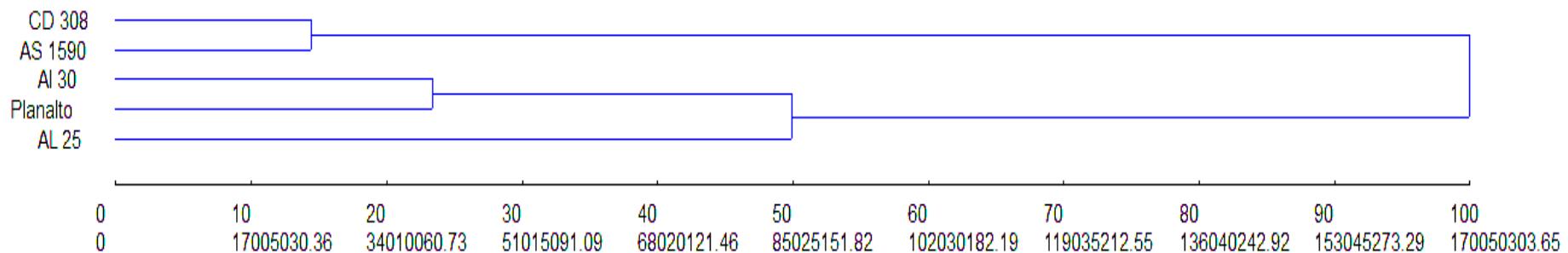
#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- COIMBRA, J. L.M.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; CHOCOROSQUI, V. R.; GUIDOLIN, A. F. Criação de variabilidade genética no caráter ciclo vegetativo em aveia: hibridação artificial x mutação induzida. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.10, n. 2, p.159-166, 2004.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira. Acesso em 15 Jul. 2016. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>.
- 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.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Ames: Iowa State University Press. 1988, p. 468.
- PATERNIANI, E. E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. Cap. 22, p.491-552.

**Tabela 1.** Parâmetros estatísticos para 16 caracteres morfológicos analisadas em cinco variedades de milho avaliados na safra agrícola de 2013/2014. CGF/FAEM/ UFPel, Pelotas/RS, 2016.

Estatística	DE	CE	NF	NGF	ME	MG	MCG	AE	AP	PROL	RG	AF	NRS
Md	49,98	18,67	13,33	36,33	713,61	594,02	41,63	140,00	240,00	1,18	5,63	31,14	17,00
Média	48,45	18,87	14,04	36,31	703,10	589,43	41,42	132,40	232,93	1,19	5,68	29,90	16,73
Min	37,75	15,83	11,33	33,00	462,11	385,14	35,68	77,00	170,00	1,00	4,86	21,50	12,00
Máx	54,53	21,33	17,33	40,00	887,95	736,91	47,85	179,00	300,00	1,50	6,54	38,86	21,00
Amplitude	16,78	5,50	6,00	7,00	425,84	351,77	12,17	102,00	130,00	0,50	1,68	17,36	9,00
DP	4,35	1,63	1,72	2,50	109,85	96,95	3,55	31,76	37,07	0,14	0,51	5,55	2,46
CV (%)	8,98	8,62	12,23	6,89	15,62	16,45	8,58	23,99	15,92	11,80	8,91	18,55	14,72
S	-0,93	-0,38	0,64	0,21	-0,52	-0,40	0,25	-0,20	-0,07	0,58	0,03	0,11	-0,70
K	1,23	-0,79	-0,49	-1,49	0,38	0,02	-0,31	-1,18	-0,72	0,20	-0,76	-1,14	0,56
$\sigma^2$	18,94	2,65	2,95	6,26	12066,00	9399,25	12,63	1008,54	1374,50	0,02	0,26	30,75	6,07
W	0,981 <sup>ns</sup>	0,937 <sup>ns</sup>	0,943 <sup>ns</sup>	0,909 <sup>ns</sup>	0,978 <sup>ns</sup>	0,957 <sup>ns</sup>	0,975 <sup>ns</sup>	0,938 <sup>ns</sup>	0,957 <sup>ns</sup>	0,902 <sup>ns</sup>	0,926 <sup>ns</sup>	0,965 <sup>ns</sup>	0,929 <sup>ns</sup>

DP=Desvio-Padrão; Md=Mediana; Min=Valor Mínimo; Máx=Valor Máximo; CV (%)=Coeficiente de Variação; S=Coeficiente de Assimetria; K=Coeficiente de Curtose; <sup>ns</sup>=não significativo a 5% de probabilidade pelo teste Shapiro-Wilks (W) e  $\sigma^2$ =Variância.



**Figura 1.** Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre cinco variedades de milho, baseado em 16 caracteres morfoagronômicos, utilizando o índice de dissimilaridade de Mahalanobis ( $D^2$ ) por meio do método de agrupamento UPGMA. CGF/FAEM/ UFPel, Pelotas/RS, 2016.