

ANÁLISE DE AGRUPAMENTO EM HÍBRIDOS DE MILHO

CLUSTER ANALYSIS ON CORN HYBRIDS

¹VENTURINI, G. C.; ¹NUNES, J. G. S.; ¹ZOZ, T.

¹Curso de Agronomia –Faculdades Integradas de Ourinhos-FIO/FEMM

RESUMO

Em programas de melhoramento de plantas, é imprescindível o estudo de dissimilaridade genética de modo a identificar genótipos divergentes por meio de análise de agrupamento. A análise de agrupamento tem por objetivo reunir, por algum critério de classificação, os indivíduos em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Diante disso, o presente trabalho tem por objetivo classificar em grupos os híbridos de milho quanto ao seu grau de dissimilaridade genética, visando utilizar essa informação para a obtenção e direcionamento da recombinação entre linhagens ou direcionar a escolha dos progenitores para formação de um híbrido duplo. O experimento foi implantado a campo na fazenda experimental pertencente as Faculdades Integradas de Ourinhos - FIO, na safra de verão. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com quatro repetições. Os tratamentos foram compostos por 15 híbridos de milho. Foram avaliadas as seguintes características: altura de planta, altura de inserção de espiga, diâmetro do colmo, número de grãos por espiga, comprimento da espiga, massa de 100 grãos e rendimento de grãos. A maior dissimilaridade genética foi observada entre o híbrido ADV 9275 e os híbridos GNZ 9505 Yieldgard, 2B 710 PW e GNZ 9626 PRO.

Palavras-chave: Dissimilaridade genética. Linhagens. Recombinação. *Zea mays*.

ABSTRACT

In plant breeding programs, it is essential the study genetic diversity in order to identify genotypes differing by cluster analysis. Cluster analysis has as aim gather, by some criteria, the individuals in groups, so that there is uniformity within the group and heterogeneity between groups. Therefore, this study aims to classify the hybrids in groups as to their degree of genetic dissimilarity in order to use this information to direct the recombination between lineages or direct the choice of the progenitor to form a double hybrid. The trial was carried in the field at the experimental farm of Faculdades Integradas de Ourinhos - FIO, on the summer harvest. The experimental design was a randomized block with four replications. The treatments consisted of 15 corn hybrids. Were evaluated the following characteristics: plant height, spike insertion height, stem diameter, number of grains per spike, spike length, weight of 100 grains and grain yield. The greatest genetic divergence was observed between the hybrid ADV 9275 and the hybrids GNZ 9505 Yieldgard, 2B 710 PW and GNZ 9626 PRO.

Keywords: Genetic dissimilarity. Lineages. Recombination. *Zea mays*.

INTRODUÇÃO

A análise de agrupamento é uma técnica de análise multivariada que tem como objetivo proporcionar uma ou várias partições na massa de dados, em grupos, por algum critério de classificação, de tal forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre grupos (SNEATH; SOKAL, 1973; MARDIA et al., 1997).

Essa técnica sumariza dados para interpretação e utiliza métodos que procuram grupos excludentes, ascendentes, reduzindo as informações de um

conjunto de n indivíduos para informações de um novo conjunto de g grupos, onde g é significativamente menor que n , resultando um dendrograma de exclusão (MARDIA et al., 1997).

Conforme Reis (1997), de modo sintético, a técnica pode ser descrita como se segue: dado um conjunto de n indivíduos para os quais existe informação sobre a forma p variáveis, o método de análise de agrupamento procede ao agrupamento dos indivíduos em função da informação existente, de tal modo que os indivíduos pertencentes a um mesmo grupo sejam tão semelhantes quanto possível e sempre mais semelhante aos elementos do mesmo grupo do que aos elementos dos grupos restantes.

Segundo Aaker et al. (2001), a premissa mais importante da análise de agrupamento é a de que a medida de similaridade ou dissimilaridade na qual o processo de agrupamento se baseia é uma medida válida de similaridade ou dissimilaridade entre os indivíduos e a segunda premissa mais importante é a de que existe uma justificativa teórica para estruturar os indivíduos em grupos.

Portanto o objetivo do trabalho foi classificar em grupos por meio de análise de agrupamento híbridos de milho quanto ao seu grau de dissimilaridade genética, visando utilizar essa informação para a obtenção e direcionamento da recombinação entre linhagens ou direcionar a escolha dos progenitores para formação de um híbrido duplo.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental pertencente às Faculdades Integradas de Ourinhos – FIO, no município de Ourinhos, situada nas seguintes coordenadas 22°58'44" S e 49°52'14" W, e altitude de 483 metros

O solo foi classificado como Latossolo Vermelho distrófico (LVd). As características químicas e físicas do solo estão apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Características químicas e físicas do solo na camada de 0 – 20 cm antes da implantação do experimento

Camada	Ca	Mg	K	Al	H+Al	SB	CTC	MO	V	Al	P	
Cm	----- mmol _c dm ⁻³ -----						g dm ⁻³	----- % -----	mg dm ⁻³			
0-20	23,0	8,0	1,4	0,0	31,0	32,0	63,0	16,0	51,0	0,00	20,0	
	Micronutrientes						Granulometria					
Camada	Fe	Mn	Cu	Zn	B	pH CaCl	Areia	Silte	Argila			
Cm	----- mg dm ⁻³ -----							----- g kg ⁻¹ -----				
0-20	55,0	11,1	2,0	1,0	0,37	5,10	640	98			263	

O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com quatro repetições. Os tratamentos foram compostos por 15 híbridos de milho, apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Características dos híbridos utilizados no experimento

Híbrido	Tipo de Híbrido	Ciclo	Tipo de grão
2B 587 PW	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
2B 710 PW	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
2B 604 PW	Híbrido Simples	Precoce	Duro
DKB 390 PRO2	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
DKB 310 PRO	Híbrido Simples	Semi-Precoce	Semi-duro
DKB 340 PRO	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
DKB 175 PRO2	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
ADV 9434	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
ADV 9275	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
GNZ 9626 PRO	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
GNZ 9688 PRO	Híbrido Simples	Precoce	Duro
GNZ 9505 Yeldgard	Híbrido Simples	Super-Precoce	Semi-duro
SYN 7316 VIP	Híbrido Simples	Precoce	Semi-duro
SYN 9617 TL	**	**	**
SYN PRÉ-COMERCIAL	**	**	**

A semeadura foi realizada no dia 15 de novembro de 2012, em sistema de plantio direto, a uma profundidade de 7,0 cm, sendo distribuídas três sementes por metro. O espaçamento entrelinhas adotado foi de 0,5 m, e a parcela foi composta por oito linhas com 5,0 m de comprimento.

A adubação de base foi realizada com aplicação 350 kg ha⁻¹ do fertilizante formulado 06-24-12. A adubação de cobertura foi realizada aos 22 dias após a semeadura aplicando-se 100 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de nitrato de amônia. Para o controle de plantas daninhas foi aplicado 3,0 L ha⁻¹ de glyphosate e 75 ml ha⁻¹ de carfentrazona-etílica.

Ao fim do ciclo da cultura os seguintes parâmetros foram avaliados:

- Altura de planta – medida do solo até o ápice da planta;
- Altura de inserção da espiga – medida do solo até a base da espiga;
- Diâmetro do colmo – medido com um paquímetro no primeiro entrenó da planta;
- Comprimento de espiga – medida da base até o ápice da espiga;
- Número de grãos por espiga – obtido através da multiplicação do número de fileiras por espiga pelo número de grãos em uma fileira de grãos;

- Massa de 100 grãos – obtido através da média do peso de quatro amostras de 100 grãos em cada parcela;
- Produtividade – obtida através da colheita e trilha de todas as plantas da área útil da parcela e posteriormente convertida em kg ha^{-1} .

Como medida de dissimilaridade foi utilizada a distância Euclidiana. Foi elaborada uma matriz com as distâncias, denominada matriz primária. Com a matriz primária de dados X ($n \times p$), o método de ligação simples por Vizinho mais Próximo foi resolvido na seguinte sequência de cálculos:

1. Com base na matriz primária foram determinados os valores da função de agrupamento d_{ij} , que foram representados na forma matricial (D_1);

2. Localizou-se o valor mínimo de $d_{ij} > 0$. Os elementos E_i e E_j , correspondentes a este valor, foram reunidos em um mesmo grupo, ficando $(n-1)$ agrupamentos remanescentes;

3. Com base na matriz de distância inicial (D_1), determinou-se a distância entre o novo agrupamento e os demais elementos e formou-se uma nova matriz de distância (D_2).

4. Localizou-se em D_2 , o menor valor de $d_{ij} > 0$ e, em seguida, agrupou-se os elementos que deram origem a esta nova distância, formando-se novo agrupamento. Neste passo, têm-se $(n-2)$ agrupamentos.

5. Foi composta uma nova matriz de distâncias, baseando-se na matriz de distância. Para isto, calculou-se a distância entre agrupamento formado na etapa anterior e os demais, considerando-se um elemento isolado como um agrupamento. Retornou-se a seguir a etapa 4.

Os processos foram repetidos até que todos os 15 híbridos fossem alocados a um só agrupamento.

A sequência de fusão dos agrupamentos foi representada graficamente em um dendrograma, que foi dividido com a estatística descritiva usando o percentil, com um corte de 70% da distância Euclidiana, para determinar o número de grupos.

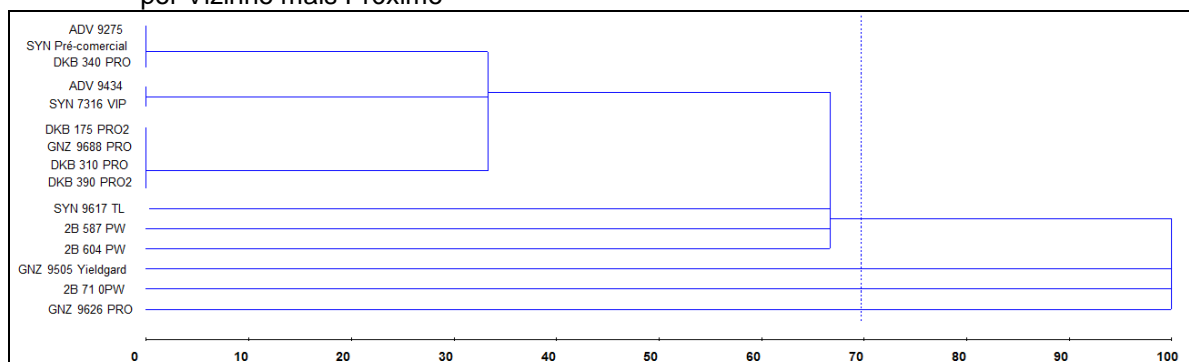
RESULTADOS E DISCUSSÃO

Conforme a figura 1, no eixo Y estão dispostos os híbridos e no eixo X são apresentadas as porcentagens de divergência conforme a ligação.

Utilizando o percentil de corte de 70% da distância Euclidiana podemos observar na Figura 1 que são formados quatro grupos de híbridos (Figura 1). O primeiro grupo é formado por 12 híbridos e os três demais grupos são formados por apenas um híbrido cada (Figura 1). É importante ressaltar que híbridos pertencentes ao mesmo grupo possuem maior similaridade genética, portanto a maior dissimilaridade genética ocorre entre híbridos de diferentes grupos. Com isso, cruzamentos realizados entre híbridos pertencentes a grupos distantes podem ser considerados mais promissores, devido a maior dissimilaridade genética.

O método hierárquico de ligação simples por Vizinho Mais Próximo, tem como base a classificação dos genótipos mais similares entre si, sendo classificados por processos que se repetem em vários níveis, sendo que as distâncias dos demais são calculadas em relação aos grupos formados, estabelecendo um dendrograma (CRUZ et al., 2004) (Figura 1).

Figura 1 – Dendrograma das cultivares de milho por método de ligação simples de agrupamento por Vizinho mais Próximo



De acordo com os agrupamentos, é possível identificar os híbridos com maior divergência genética e dessa forma direcionando as hibridações, visando melhorar os caracteres analisados ou obter linhagens para serem utilizadas em outros cruzamentos. Cabe destacar que principalmente os híbridos simples possuem uma grande quantidade de alelos favoráveis já fixados, e devido a isso torna-se favorável a extração de linhagens a partir desses híbridos (AMORIM; SOUZA, 2005).

CONCLUSÃO

A maior dissimilaridade genética foi observada entre o híbrido ADV 9275 e os híbridos GNZ 9505 Yieldgard, 2B 710 PW e GNZ 9626 PRO.

REFERÊNCIAS

AAKER, D. A.; KUMAR, V.; DAY, G. S. **Pesquisa de marketing**, São Paulo: Atlas, 2001. 745p.

AMORIM, E. P. ; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 4, p. 561-567, 2005.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG. UFV, 2004. 480 p.

MARDIA, A. K. V.; KENT. J. T.; BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 1997, 518p.

REIS, E.; **Estatística multivariada aplicada**. Lisboa: Edições Silabo, 1997. 342p.

SNEATH, P. H. A; SOKAL, R. R. **Numeric taxonomy: the principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. 573p.