

ANÁLISE MULTIVARIADA DE GENÓTIPOS DE MILHO EM PELOTAS-RS

MAICON NARDINO¹; GIORDANO GELAIN CONTE²; VICTORIA DE FREITAS OLIVEIRA²; DIEGO BARETTA¹; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA³; LUCIANO CARLOS DA MAIA³

¹Doutorando(s) do Programa de Pós Graduação em Agronomia – Fitomelhoramento pela Universidade Federal de Pelotas – nardinomn@gmail.com; barettadiego@gmail.com

²Graduando(s) em Agronomia pela Universidade Federal de Pelotas - gioogc@gmail.com; vicdeol@gmail.com

³Professor(s) Dr. da Universidade Federal de Pelotas – acostol@terra.com.br; lucianoc.maia@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal importante economicamente para alimentação, produção de fibras e combustíveis. É utilizado como ingrediente em uma enorme lista de produtos manufaturados que afetam a nutrição da população mundial. Melhoristas tem sido efetivos no desenvolvimento de novas cultivares que visam atender as mudanças culturais e ambientais dos últimos 150 anos (HALLAUER et al. 2010). Os modelos e ferramentas estatísticas empregadas pelos melhoristas, principalmente no estudo de caracteres quantitativos contribuíram largamente para o avanço do melhoramento (RAMALHO et al. 2012).

As técnicas de análise multivariada auxiliam os melhoristas na avaliação das constituições do programa com maior potencial a serem explorados na obtenção de híbridos (RIBEIRO et al., 1999). O objetivo do trabalho foi avaliar por métodos de análise multivariada genótipos de milho cultivados na região de Pelotas-RS contrastantes para os principais caracteres de interesse agrônômico.

2. METODOLOGIA

O experimento foi conduzido no Centro Agropecuário da Palma, Capão do Leão na safra agrícola 2013/2014. Foram utilizados cinco genótipos de milho, sendo dois híbridos comerciais e três variedades cultivadas em condições edafoclimáticas da região. Os genótipos utilizados foram: Híbrido simples Agroeste 1590 (AS1590), Híbrido duplo Coodetec 308 (CD308), Híbrido Sintético BRS Planalto, Variedades de Polinização Aberta (VPA) AL 25 e AL 30. As sementes foram adquiridas junto ao comércio de Pelotas dos híbridos AS1590, CD308 e BRS Planalto e das VPAs AL25 e AL30 foram adquiridos junto a Cooperativa mantida por agricultores familiares pertencentes a UNAIC (União das associações comunitárias do interior de Canguçu), localizada no município de Canguçu-RS.

As unidades experimentais foram compostas por duas linhas com três metros de comprimento, espaçadas com 0,80 metros. Após a emergência e estabelecimento da cultura realizou-se o raleio manual, para ajuste do *stand* de 42 plantas, equivalente a 60.000 plantas ha⁻¹.

As variáveis avaliadas no experimento foram: diâmetro de espiga (DE em milímetros), comprimento de espiga (CE em centímetros), número de fileiras por espiga (NF em unidades), número de grãos por fileiras (NGF em unidades), massa de espiga (ME em gramas), massa de grãos por espiga (MGE em gramas) e massa de cem grãos (MCG em gramas).

Os dados coletados no campo foram submetidos a análise de variância multivariada (Manova). O principal critério utilizado para concluir se houve diferença entre os híbridos foi o de Wilk's com base na estatística λ . Realizou-se análise multivariada mediante as variáveis canônicas, com base nos oito caracteres avaliados. As variáveis canônicas foram obtidas a partir da análise de variância multivariada, na qual encontram-se as matrizes de soma de quadrados e produtos residuais 'E' e a soma de quadrados e produtos 'H' relativa aos genótipos de milho. As médias estimadas para os cinco genótipos foram estimadas de acordo com a maior magnitude de par canônico (CAN1) pela equação $Z = (CAN_1 X_1 * X_1) - (CAN_1 X_2 * X_2) \dots - (CAN_n X_n * X_n)$, desta forma obtemos os valores do conjunto em uma única variável Z (Pimentel Gomes, 2002). Os dados foram analisados no programa SAS 9.3.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância multivariada revelaram-se efeitos significativos por Wilk's com um $\lambda = 0.00774595$, correspondente a um F aproximado de 2.35, de Pillai's 2.52796285 com F aproximado de 2.29 e Roy's 7.99101034 com F aproximado de 10.65 os quais foram significativos $p < 0,05$, indicando haver dissimilaridade entre as populações e híbridos. Segundo FERREIRA (1996) quatro critérios existem para o teste de hipótese, muitos autores recomendam utilizar o critério de Wilks como referencia, por se utilizar um teste baseado na razão de verossimilhança, outros já recomendam que a hipótese nula deve ser rejeitada se pelo menos três dos quatro critérios forem significativos em um nível de significância previamente adotado. Tais critérios são obedecidos pelo presente trabalho.

Tabela 1. Resultados da análise de variância multivariada por quatro testes, considerando cinco genótipos e oito caracteres agrônômicos em milho. Pelotas - RS. 2014.

Estatística	Value	F	Pr > F
Wilks' Lambda	0.00774595*	2.35	0.0315
Pillai's Trace	2.52796285*	2.29	0.0146
Hotelling-Lawley Trace	13.02636534	2.49	0.1349
Roy's Greatest Root	7.99101034*	10.65	0.0019

*Critérios com efeitos significativos pela análise multivariada, $p > 0.05$.

Pelo processo da análise discriminante canônica obteve-se os autovalores associados aos sete caracteres, as variâncias individuais e individuais acumuladas (Tabela 2). Os resultados das variáveis canônicas apontam que com quatro pares canônicos explica-se 100% da variação total. FERREIRA (1996) relata que é fundamental encontrar relações entre dois conjuntos de variáveis em poucos pares canônicos. Entretanto, pode-se observar que as duas primeiras variáveis canônicas explicam 85,83% da variação total, as quais demonstram valor satisfatório de acordo com CRUZ; CARNEIRO (2006).

Tabela 2. Resultados da análise discriminante canônica obtidas a partir de oito caracteres agrônômicos e média da variável Z obtida a partir do primeiro par canônico com o respectivo desvio padrão em cinco genótipos de milho. Pelotas - RS. 2014.

Canônicas	Proporção Acumulado(%)	Genótipo	Média (Z)	DP*
-----------	------------------------	----------	-----------	-----

CAN1	0.6134	61,34	CD 308	250.72	29.67
CAN2	0.2448	85,83	AL 30	184.44	37.53
CAN3	0.1108	96,91	AS 1590	254.41	13.40
CAN4	0.0309	100,00	AL 25	228.04	29.81
-	-	-	Planalto	208.54	10.82

*Desvio padrão da média obtido do *Standard Deviation* do SAS.

Para a primeira variável canônica, o comprimento de espiga (CE) e o número de fileiras por espiga (NF) são os caracteres que apresentaram maior valor, demonstrando que estes caracteres foram os que mais contribuíram na discriminação dos genótipos (Tabela 3). Os demais caracteres apresentaram pouco efeito para separação, onde o diâmetro de espiga (DE), massa de grãos por espiga (MGE) e massa de cem grãos (MCG) apresentam os menores escores, indicando não serem relevantes em estudos de dissimilaridade genética para este grupo. Em relação ao segundo par canônico os caracteres que mais contribuíram para discriminar os genótipos foram o número de fileiras (NF) e o comprimento de espiga (CE), indicando pelos escores canônicos que são caracteres discriminantes destes genótipos.

Tabela 3. Escores canônicos padronizados para as quatro primeiras funções discriminantes canônicas a partir de oito caracteres agrônômicos em cinco genótipos de milho. Pelotas - RS. 2014.

Variável	Can1	Can2
DE	0.041	-0.315
CE	1.403*	-1.992*
NF	-0.565*	2.478*
NGF	-0.351	0.276
ME	-0.338	0.225
MGE	0.015	-0.003
MCG	0.000	0.000

*Variáveis com maior contribuição para discriminação dos genótipos.

As médias da variável Z (Tabela 2) obtidas através do primeiro par canônico mostram que genótipos CD 308, AS 1590 e BRS Planalto apresentam médias próximas. O genótipo AL 30 é o que demonstra a menor média entre todos os genótipos avaliados. Entretanto, (Figura 1) das duas primeiras funções discriminantes canônicas, visualmente teríamos a formação de três grupos Grupo 1 AL 25 e AL30, Grupo 2 CD 308 e BRS Planalto e Grupo 3 AS 1590. Estes grupos formados visualmente divergem dos grupos que podem ser formados pelas magnitudes da variável Z. Estes resultados podem ter ocorrido devido em considerar apenas o par canônico com 61,34% de variação, PIMENTEL GOMES; GARCIA (2002) quando demonstrou tal exemplo considerou a primeira variável canônica com 98%, porém o importante a ser considerado é que Pimentel Gomes e Garcia (2002) utiliza as médias da variável Z para explicar a dispersão dos pontos no gráfico da canônica 1 e 2, onde não discute a formação de grupos observados visualmente.

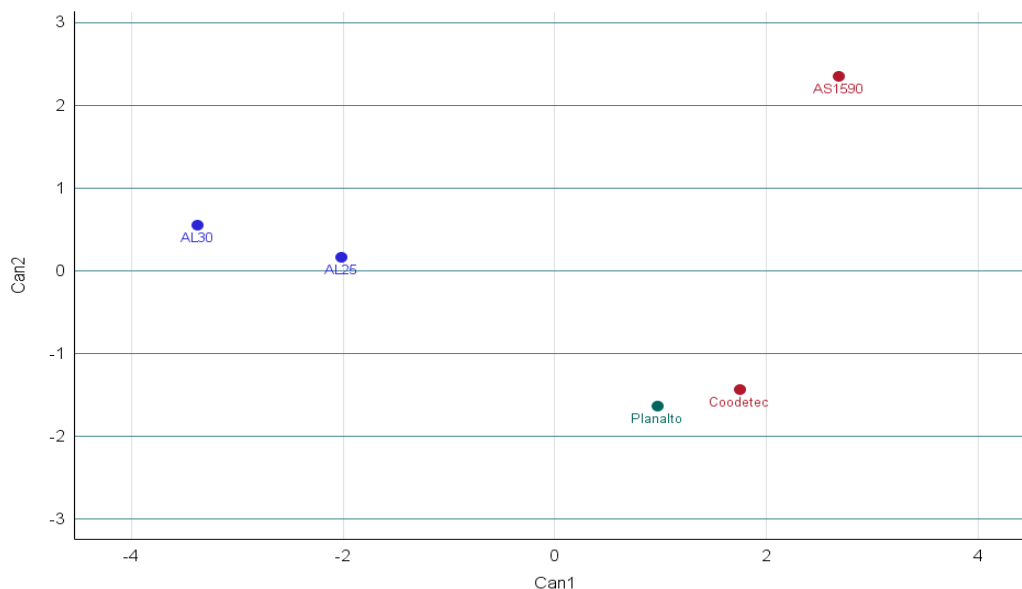


Figura 1. Dispersão dos genótipos pelas duas primeiras variáveis canônicas. Pelotas-RS. 2014.

Até o momento os respectivos genótipos BRS Planalto, Coodetec 308, Agroeste 1590, AL 25 e AL 30 foram utilizados em cruzamentos e em autofecundações de vários indivíduos para dar-se prosseguimento ao melhoramento de híbridos e populações visando a formação de linhagens elites com boas características agronômicas.

4. CONCLUSÕES

O número de fileiras, rendimento de grãos e comprimento de espiga foram os caracteres que revelaram maior peso para discriminar os genótipos.

A formação de grupos heteróticos pela variável Z e a formação de grupos visuais devem ser decisões tomadas com cautela pelo melhorista.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2ed. 2006. 583p.

FERREIRA, D.F. **Análise Multivariada**. Lavras-MG: UFLA, 1996. 400p.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3 ed. Berlin: Springer-Verlag, v.1, 2010, 500p.

PIMENTEL GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C.B.; SOUZA, E.A.; GONÇALVES, F.M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras: UFLA, 2012. 565p.

RIBEIRO, F.E.; SOARES, A.R.; RAMALHO, M.A.P.. Divergência genética entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 9, p. 1615-1622, 1999.