

## **Análise de agrupamento em cultivares superprecoce de milho em relação à produtividade de grãos e à qualidade proteica**

**Bruna Mendonça Alves<sup>1</sup>**

**Alberto Cargnelutti Filho<sup>2</sup>**

**Leila Picolli da Silva<sup>3</sup>**

**Marcos Toebe<sup>1</sup>**

**Cláudia Burin<sup>1</sup>**

**Alexandra Pretto<sup>4</sup>**

### **1 - Introdução**

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais mais importantes a nível mundial. Na safra 2013/2014, o Brasil contribuiu com uma produção de aproximadamente 78,9 milhões de toneladas, em uma área semeada de 15,5 milhões de hectares, e com uma produtividade média de 5.095 kg ha<sup>-1</sup>. Já o Rio Grande do Sul contribuiu com uma produção de 5,3 milhões de toneladas de grãos [2].

O estudo da divergência é importante para se conhecer a variabilidade genética existente entre as cultivares. Essa variabilidade genética pode ser mensurada por meio da análise de agrupamento, que possibilita separar as cultivares em grupos homogêneos. Dentre as técnicas mais utilizadas para verificar a divergência genética, encontra-se a análise de agrupamento por métodos hierárquicos [4]. Para a estimação da distância entre as cultivares, a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), é a medida de dissimilaridade mais utilizada quando os dados foram obtidos em delineamentos experimentais com repetição [4].

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre cultivares de milho de ciclo superprecoce em relação à produtividade de grãos e à qualidade proteica por meio da análise de agrupamento.

### **2 - Material e Métodos**

Foi conduzido um experimento com a cultura de milho (*Zea mays* L.) no ano agrícola 2009/2010 na área experimental do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Santa Maria, Estado do Rio Grande do Sul. Foram avaliadas 22 cultivares de milho de ciclo

---

<sup>1</sup> Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil.

<sup>2</sup> Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Rurais (CCR), UFSM, 97105-900, Santa Maria, RS, Brasil. E-mail: alberto.cargnelutti.filho@gmail.com

<sup>3</sup> Departamento de Zootecnia, CCR, UFSM, Santa Maria, RS, Brasil.

<sup>4</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Pampa, Itaquí, RS, Brasil.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pelas bolsas concedidas.

superprecoce no delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,8 m. A densidade de semeadura foi de 62.500 plantas ha<sup>-1</sup>. A semeadura foi realizada no dia 26/10/2009, com adubação de base de 37,5 kg ha<sup>-1</sup> de N, 150 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e 150 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O. Foram realizadas três aplicações de nitrogênio, quando as plantas apresentavam quatro, seis e oito folhas expandidas, respectivamente, totalizando 200 kg ha<sup>-1</sup> de N.

Em cada unidade experimental foram mensuradas as variáveis, produtividade de grãos (PROD, em t ha<sup>-1</sup>), a 13% de umidade; proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB); lisina (LIS, em %MB), metionina (MET, em %MB), cisteína (CIS, em %MB), treonina (THR, em %MB), triptofano (TRP, em %MB), valina (VAL, em %MB), isoleucina (ILE, em %MB), leucina (LEU, em %MB), fenilalanina (FEN, em %MB), histidina (HIS, em %MB) e arginina (ARG, em %MB). Para as mensurações das variáveis foi utilizado o equipamento NIR (Near Infrared Analysis), usando ajuste de calibração pelo procedimento analítico CEAN 010 da Adisseo Brasil AS.

Foi realizada a análise de variância para as 13 variáveis mensuradas e calculada a precisão experimental de cada variável. Após foi determinada a matriz de correlação genotípica entre as variáveis e realizado o diagnóstico de multicolinearidade [3], conforme critério de [5]. Depois, foi determinada a matriz de distância generalizada de Mahalanobis entre as cultivares e esta foi utilizada como medida de dissimilaridade para a análise de agrupamento das cultivares pelo método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA) [4] e [3]. Posteriormente foi construído o dendrograma e calculado o coeficiente de correlação cofenética (CCC). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio dos softwares Genes [3], Bioestat 5.0 e Office Excel<sup>®</sup>.

### **3 - Resultados e Discussão**

Com base na análise de variância, verificou-se efeito significativo das variáveis mensuradas (Tabela 1). Diante dessa diferença existente entre as cultivares, o estudo da divergência genética é recomendado. Todas as variáveis apresentaram elevados escores de acurácia seletiva ( $AS \geq 0,87$ ), o que indica precisão experimental alta ou muito alta [6].

Devido todas as variáveis apresentarem diferenças significativas entre as cultivares (Tabela 1), foi calculada a matriz de correlação genotípica entre as 13 variáveis mensuradas. Diante da matriz de correlação genotípica, constatou-se elevado grau de multicolinearidade entre as variáveis mensuradas [5], com número de condição igual a 2.220. Após a eliminação das variáveis: CIS, THR, TRP, VAL, ILE, FEN, HIS e ARG, o número de condição foi igual

a 45, o que indica multicolinearidade fraca [5]. Assim, para a análise de agrupamento, restaram cinco variáveis (PROD, PB, LIS, MET e LEU).

**Tabela 1.** Resumo da análise de variância (número de graus de liberdade (GL) e quadrado médio para as fontes de variação bloco, cultivar e erro), média, coeficiente de variação experimental (CV), valor do teste F para cultivar (Fc), acurácia seletiva (AS) e precisão experimental<sup>(1)</sup>, para as variáveis produtividade de grãos (PROD, em t ha<sup>-1</sup>), a 13% de umidade; proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB), lisina (LIS, em %MB), metionina (MET, em %MB), cisteína (CIS, em %MB), treonina (THR, em %MB), triptofano (TRP, em %MB), valina (VAL, em %MB), isoleucina (ILE, em %MB), leucina (LEU, em %MB), fenilalanina (FEN, em %MB), histidina (HIS, em %MB) e arginina (ARG, em %MB), de 22 cultivares de ciclo superprecoce de milho.

FV	GL	PROD	PB	LIS	MET	CIS	THR	TRP
Bloco	2	0,703974	0,18138	0,000006	0,000041	0,000002	0,000024	0,000011
Cultivar	21	3,557506*	0,217603*	0,000217*	0,000089*	0,000158*	0,000866*	0,000097*
Erro	42	0,39626	0,051776	0,000043	0,000024	0,000021	0,000162	0,000019
Média		5,92	7,31	0,22	0,15	0,16	0,22	0,05
CV(%)		10,64	3,11	3,02	3,34	2,92	5,77	8,4
AS		0,94	0,87	0,9	0,86	0,93	0,9	0,9
Precisão <sup>(1)</sup>		MA	A	MA	A	MA	MA	MA

FV	GL	VAL	ILE	LEU	FEN	HIS	ARG
Bloco	2	0,000156	0,000056	0,001156	0,000505	0,000018	0,000029
Cultivar	21	0,001091*	0,000657*	0,006512*	0,00138*	0,000505*	0,000945*
Erro	42	0,000143	0,000069	0,000902	0,000152	0,000033	0,000079
Média		0,31	0,19	0,84	0,29	0,19	0,33
CV(%)		3,81	4,37	3,56	4,33	3,11	2,67
AS		0,93	0,95	0,93	0,94	0,97	0,96
Precisão <sup>(1)</sup>		MA	MA	MA	MA	MA	MA

<sup>(1)</sup> Limites de classes estabelecidos em [6]: MA = muito alta (AS ≥ 0,90), A = alta (0,70 ≤ AS < 0,90), M = moderada (0,50 ≤ AS < 0,70) e B = baixa (AS < 0,50). \* Efeito significativo pelo teste F em nível de 5% de probabilidade de erro.

Verificou-se com base na matriz de distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 2), que a maior dissimilaridade ( $D^2=89,57$ ), foi obtida entre as cultivares GNZ 0729 e RBX 79 e a menor dissimilaridade ( $D^2=0,61$ ), entre as cultivares PRE22D11 e SG 6302. Os valores das medidas de dissimilaridade confirmam inferências anteriores que há variabilidade genética entre as cultivares de milho. Com isso, é possível que nos programas de melhoramento genético sejam realizados cruzamentos entre plantas.

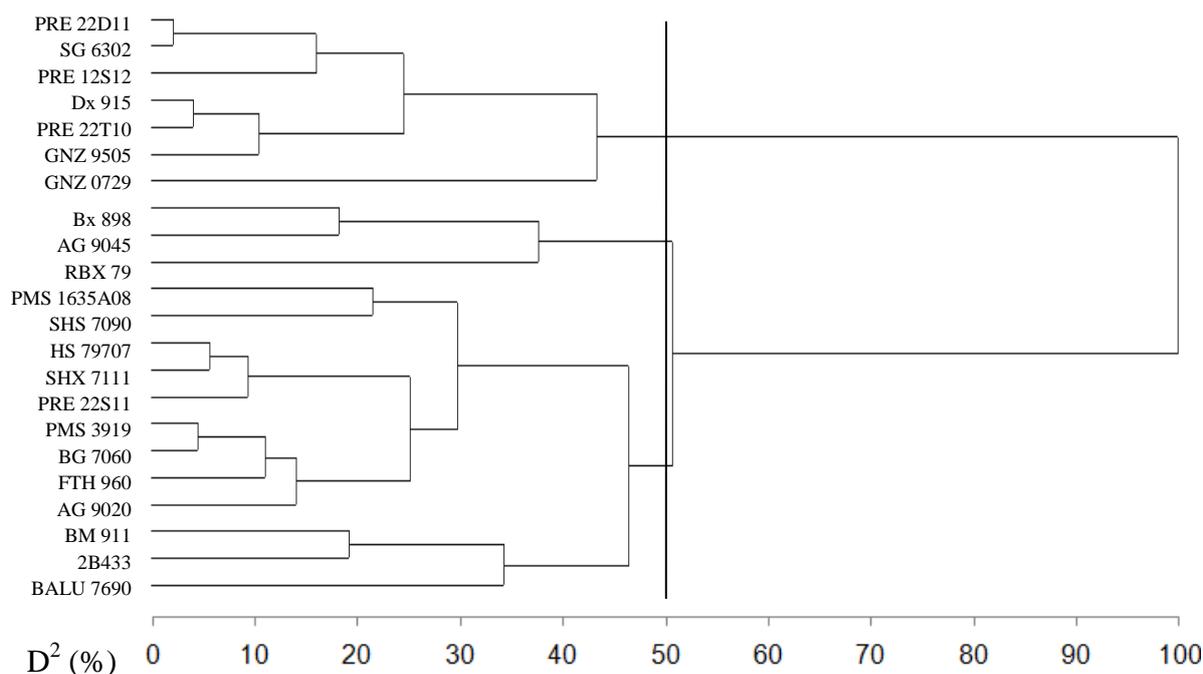
O dendrograma obtido a partir do agrupamento das 22 cultivares, pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA), com base nas variáveis PROD, PB, LIS, MET e LEU, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade para definição dos grupos e critério de 50% de dissimilaridade, permitiu a separação das cultivares superprecoces em três grupos (Figura 1). O grupo 1 foi composto pelas cultivares PRE 22D11, SG 630, PRE 12S12, Dx 915, PRE 22T10, GNZ 9505 e GNZ 0729, o grupo 2 pelas cultivares Bx 898, AG 9045 e RBX 79 e o grupo 3 pelas cultivares PMS 1635A08, SHS 7090,

HS 79707, SHX 7111, PRE 22S11, PMS 3919, BG 7060, FTH 960, AG 9020, BM 911, 2B433 e BALU 7690.

**Tabela 2.** Medidas de dissimilaridade entre as 22 cultivares de milho de ciclo superprecoce, obtidos na matriz de Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), com base nas variáveis produtividade de grãos (PROD, em t ha<sup>-1</sup>), a 13% de umidade; proteína bruta (PB) em percentagem da matéria bruta (%MB); lisina (LIS, em %MB), metionina (MET, em %MB) e leucina (LEU, em %MB).

Cultivar	BM 911	Dx 915	2B 433	PMS 3919	PMS 1635A08	FTH 960	GNZ 0729	GNZ 9505	Bx 898	HS 79707	PRE 12S12	PRE 22D11	PRE 22S11	PRE 22T10	RBX 79	SHS 7090	SHX 7111	AG 9045	BALU 7690	SG 6302	AG 9020	BG 7060
BM911		20,93	5,56	13,05	23,95	16,79	50,04	35,09	14,26	17,99	50,90	47,77	12,92	25,44	24,79	22,78	13,74	10,59	12,19	51,39	26,18	16,03
Dx915			10,02	12,95	15,49	12,33	13,20	3,37	31,77	14,55	9,47	7,31	4,09	1,17	38,97	3,76	9,75	27,01	14,38	7,96	17,13	9,05
2B433				9,20	20,65	10,33	41,58	18,36	15,21	10,29	31,19	32,10	5,65	13,04	21,58	15,57	5,59	12,34	7,65	34,39	15,75	8,90
PMS 3919					8,44	2,97	43,22	25,20	13,00	10,77	28,88	29,72	6,80	15,91	9,70	9,50	6,08	5,42	8,97	29,74	3,40	1,29
PMS 1635A08						3,39	36,42	27,33	12,61	8,34	19,22	20,18	6,88	13,64	20,67	6,24	7,36	14,09	14,16	22,78	11,47	8,69
FTH960							42,97	23,52	8,14	4,75	20,30	24,16	3,88	12,27	10,48	7,50	1,98	7,86	7,20	25,98	4,17	3,45
GNZ0729								12,42	72,21	44,58	19,81	8,06	26,06	13,32	89,57	16,54	40,69	64,55	47,20	8,47	52,85	36,12
GNZ9505									46,44	20,62	10,54	5,84	10,57	2,67	58,22	12,15	17,70	40,81	29,56	5,95	29,10	17,18
Bx 898										6,80	47,41	50,86	13,44	30,45	11,97	26,48	7,64	5,28	15,50	55,88	19,15	15,58
HS 79707											23,82	24,42	3,70	11,38	21,70	14,43	1,62	10,01	15,91	28,01	15,12	8,07
PRE 12S12												4,19	14,65	6,72	53,58	8,82	19,66	50,01	26,17	5,10	24,75	23,19
PRE 22D11													14,04	4,32	64,21	8,52	22,54	48,68	34,40	0,61	31,76	22,12
PRE 22S11														3,63	24,06	4,75	1,69	12,85	9,21	16,41	11,72	4,56
PRE 22T10															42,51	4,53	8,90	28,63	18,08	5,76	19,69	10,61
RBX 79																31,02	15,82	9,84	13,55	65,26	7,91	15,58
SHS 7090																	9,57	23,65	11,32	9,52	12,37	8,18
SHX 7111																		9,13	7,95	25,26	8,81	4,84
AG 9045																			17,30	50,66	13,29	7,50
BALU 7690																				37,03	10,19	12,70
SG 6302																					30,82	21,85
AG 9020																						4,67
BG 7060																						

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi igual a 0,6337 e significativo ( $p \leq 0,05$ ), o que revela boa relação entre a matriz de distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e a representação gráfica pelo dendrograma e, dessa forma, a representação por meio do dendrograma pode ser considerada de elevada confiabilidade.



**Figura 1.** Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), a partir da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre 22 cultivares de milho de ciclo superprecoce, agrupadas a partir das variáveis: produtividade de grãos (PROD, em t ha<sup>-1</sup>), proteína bruta (PB, em %MB); lisina (LIS, em %MB), metionina (MET, em %MB) e leucina (LEU, em %MB). (Coeficiente de correlação cofenética = 0,6337, significativo a 5% de probabilidade de erro).

**Tabela 3.** Comparação de médias entre grupos para as variáveis<sup>(1)</sup> utilizadas no agrupamento de 22 cultivares de ciclo superprecoce alocadas nos grupos I (PRE 22D11, SG 630, PRE 12S12, Dx 915, PRE 22T10, GNZ 9505 e GNZ 0729), II (Bx 898, AG 9045 e RBX 79) e III (PMS 1635A08, SHS 7090, HS 79707, SHX 7111, PRE 22S11, PMS 3919, BG 7060, FTH 960, AG 9020, BM 911, 2B433 e BALU 7690) formados por meio do método UPGMA.

Grupo	PROD	PB	LIS	MET	LEU
I	6,2704b <sup>(2)</sup>	7,2703b	0,2147b	0,1447b	0,8258b
II	7,3981a	7,1256c	0,2056c	0,1400c	0,7900c
III	4,6803c	7,4667a	0,2262a	0,1505a	0,8976a

<sup>(1)</sup> PROD, produtividade de grãos em t ha<sup>-1</sup>; PB, proteína bruta em %MB; LIS, lisina em %MB; MET, metionina em %MB; LEU, leucina em %MB. <sup>(2)</sup> Médias não seguidas de mesma letra, na coluna, diferem pelo teste t para amostras independentes, a 5% de probabilidade de erro.

#### 4 – Conclusão

Existe variabilidade genética entre as cultivares de milho de ciclo superprecoce quanto à produtividade de grãos e à qualidade proteica. A análise de agrupamento permitiu a formação de três grupos, sendo o grupo um composto por sete cultivares, o grupo dois por três cultivares e o grupo três por doze cultivares.

#### Referências

- [1] CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009.
- [2] CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos, nono levantamento**. Brasília: Conab, 2014. 72p. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14\\_01\\_10\\_15\\_07\\_19\\_boletim\\_graos\\_janeiro\\_2014.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_01_10_15_07_19_boletim_graos_janeiro_2014.pdf)>. Acesso em: 02 de fevereiro de 2014.
- [3] CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- [4] CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 585p. 2003.
- [5] MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 504p. 1982.
- [6] RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.