

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO DE SAFRA OUTONO-INVERNO

¹MIURA, J. C. M. (jemartelli@gmail.com); ¹SILVA, P. C (carvalhopris@hotmail.com); ¹TREVIZAN, C. B. (cborsaritrevizan@gmail.com); ²MARCHIORI, R. (r.marchiori.biotech@gmail.com); ³DAVIDE, L. M. C. (liviadavide@ufgd.edu.br); ⁴CANDIDO, L. S. (liliamcandido@ufgd.edu.br)

¹Graduanda em Biotecnologia- FCBA/UFGD; ²Aluna de mestrado em Produção Vegetal - UFGD; ²Professora Dra. da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA) – UFGD/Dourados-MS; ⁴ ²Professora Dra. da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais (FCBA) – UFGD/Dourados-MS

Em um programa de melhoramento genético para obtenção de híbridos é fundamental que se conheça a divergência genética entre os genótipos da população de trabalho. Esse conhecimento possibilita maior efeito heterótico na geração resultante, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores. Basicamente existem duas maneiras de se inferir sobre a divergência genética de genótipos de uma população. Citam-se as análises dialélicas, nas quais são necessários os cruzamentos entre os genitores e sua posterior avaliação, e as análises preditivas, utilizando a análise multivariada, que têm por base as diferenças morfológicas, de qualidade nutricional, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os indivíduos. Dessa forma, é possível obter os parâmetros necessários para escolha de genitores que, ao serem cruzados, possibilitem maior efeito heterótico na progênie. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética baseada em medidas de dissimilaridade, aferida por características morfo-agronômicas, de progênies de milho avaliadas na safra outono-inverno, no município de Dourados-MS, visando à identificação de genótipos promissores para utilização em programa de melhoramento. O experimento foi conduzido na safra outono-inverno/2014, em área experimental da Universidade Federal da Grande Dourados. Foram avaliadas 40 progênies S₂ de milho em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições. As características avaliadas foram: número de folhas acima e abaixo da espiga superior; altura de plantas e de inserção de espiga; diâmetro do colmo; diâmetro e comprimento de espiga; número de fileiras de grãos na espiga; massa de 100 grãos e produtividade de grãos. Para o estudo de divergência genética, foram utilizados os métodos de agrupamento de Tocher e hierárquico da distância média (UPGMA) e a análise baseada em variáveis canônicas, todos fundamentados na distância generalizada de Mahalanobis, como medida de dissimilaridade. Foi possível constatar a existência de variabilidade genética entre as progênies, de acordo com as características morfo-agronômicas avaliadas. Os métodos de agrupamentos foram eficientes em representar a distância genética entre as progênies avaliadas e foram parcialmente concordantes formando grupos similares. As progênies 34, 12 e 35 são as mais promissoras para incremento de variabilidade genética, e indicadas para cruzamentos com as demais progênies avaliadas, para maximizar o efeito da heterose. A produtividade e a massa de cem grãos foram as características que mais contribuíram para a divergência entre as progênies.

Palavra-chave: agrupamento; distância genética; *Zea Mays* L.