

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE LINHAGENS S2 DE MILHO PIPOCA VISANDO A SELEÇÃO DE GENITORES PARA CRUZAMENTOS DIALÉLICOS.

Everson Rader (everson_rader@hotmail.com); Priscila Carvalho Da Silva (carvalhopris@hotmail.com); Caroline Gabbi (carol_gabbi@hotmail.com); Vander Berres (vanderberres10@gmail.com); Leonardo Garahi Lopes (leoglopes10@gmail.com); Liliam Silvia Candido (liliamcandido@ufgd.edu.br)

Nos programas de melhoramento genético de milho pipoca que objetiva o desenvolvimento de híbridos é fundamental o conhecimento da divergência genética entre os genótipos da população de estudo. Por meio de diferentes técnicas de análise multivariada é possível estimar a distância genética entre os genótipos e assim, auxiliar a escolha dos genitores para cruzamentos e obtenção de híbridos com características desejáveis. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética baseada em medidas de dissimilaridade, aferida por caracteres morfoagronômicos de progênies S2 de milho pipoca, visando à seleção de genitores para utilização em programa de melhoramento genético. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental da Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados, MS, na safra 2016-2017. Foram avaliadas 20 progênies S2 no delineamento de blocos casualizados, com três repetições, sendo avaliadas 14 características. No estudo multivariado 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. Houve diferenças significativas entre as progênies para as características florescimento feminino, florescimento masculino, altura de plantas, diâmetro de colmo, prolificidade, número de plantas acamadas e quebradas e capacidade de expansão. Pelo método de otimização de Tocher, foram formados 9 grupos, destacando três grupos que apresentaram uma progênie cada, sendo elas 14, 11 e 2, respectivamente. Assim, essas progênies foram as mais divergentes de acordo com essa metodologia, pois foram agrupadas de forma unitária. Já pela metodologia das variáveis canônicas e o método de UPGMA as progênies foram agrupadas em 7 grupos distintos. Os métodos de otimização de Tocher e variáveis canônicas foram concordantes em relação a progênie 11 como uma das mais divergentes. No método de Tocher, a progênie 2 foi agrupada de forma unitária e comparando com o método de variáveis canônicas, essa progênie pode ser considerada como uma das mais divergentes. Por meio do agrupamento UPGMA foi evidenciado resultados similares ao apresentado pelo método de otimização de Tocher, diferenciando-se somente em relação as progênies 11 e 2 que formaram um grupo isolado no método de Tocher, e passaram a incorporar dois diferentes grupos pelo método UPGMA. Por essa metodologia destaca-se o agrupamento da progênie 14 de forma unitária, sendo considerada uma das mais divergentes. É possível concluir que os métodos de agrupamentos foram similares entre si, concordando parcialmente na composição dos agrupamentos. As progênies 2, 11 e 14 se apresentaram como as mais divergentes entre as 20 progênies estudadas, podendo ser utilizadas como genitores em possíveis cruzamentos futuros para obtenção de híbridos de milho pipoca.

Palavras-chave: Zea mays L., agrupamento, UPGMA