

OPEN ACCESS

Diversidade genética em milho sob condições de restrição ao nitrogênio

Genetic diversity in maize under nitrogen restriction conditions

Editado por:

Dr. Vinicius Batista Campos

Instituto Federal da Paraíba, Princesa Isabel-PB, Brasil

Seção:

Esse artigo foi submetido em Ciências Agrárias, uma seção do Journal Bioenergy and Food Science

ID JBFS1902017

DOI 10.18067/jbfs.v5i2.190

Processo de revisão:

Prot. 1902017R01 (Brasil)

Prot. 1902018R02 (Brasil)

*Correspondência:

Weder Ferreira dos Santos
eng.agricola.weder@gmail.com

Conflito de interesse

Os autores declararam que não há conflito de interesse.

Financiamento:

Os autores declararam que não houve financiamento para o desenvolvimento da pesquisa.

Recebido em: 13 de março 2017

Aceito em: 26 de agosto 2018

Publicado em: 15 de setembro 2018

Citação:

Santos, W. F., Afférrri, F. S., Pelúzio, J. M., Sodré, L. F., Rotili, E. A., Cerqueira, F. B., & Ferreira, T. P. S. (2018). Diversidade genética em milho sob estresse abiótico no Estado do Tocantins. *Journal of Bioenergy and Food Science*, 5(2), 44-53. doi: 10.18067/jbfs.v5i2.190JBFS all rights
Copyright: © 2018

^{1,*} Weder Ferreira dos SANTOS, ^{2,} Flávio Sérgio AFFÉRRRI, ^{1,} Joênes Mucci PELÚZIO, ^{1,} Layanni Ferreira SODRÉ, ^{1,} Eliane Aparecida ROTILI, ^{3,} Fernando Barnabé CERQUEIRA e ^{1,} Talita Pereira de Souza FERREIRA

¹ Universidade Federal do Tocantins (UFT), Campus Gurupi. Rua Badejós, Lote 7, Chácaras 69/72, Zona Rural. CEP: 77402-970. Gurupi-TO, Brasil.

² Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Centro de ciências naturais. Fazenda Lagoa do Sino Aracaçu CEP 18.295-990, Buri-SP, Brasil.

³ Instituto Educacional Santa Catarina - Faculdade Guaraí. R. Jk, 2541. St. Universitário, 77700-000. Guaraí-TO, Brasil.

RESUMO

Devido à grande diversidade do germoplasma do milho e dos efeitos da época de semeadura e adubação nitrogenada no desenvolvimento das plantas, a identificação de genótipos promissores nessas condições permite fornecer informações visando determinar as melhores estratégias a serem adotadas em futuros programas de melhoramento. O objetivo do trabalho foi estudar a divergência genética em milho, sob diferentes níveis de nitrogênio (N) e épocas de semeadura no Estado do Tocantins. Neste sentido, foram realizados seis ensaios de competição de populações de milho em Palmas-TO, distribuídos em duas épocas de semeadura (21/01/2014 e 19/02/2014). Em cada época, os ensaios foram realizados sob condições de Alto N (140 kg ha⁻¹), Médio N (80 kg ha⁻¹) e Baixo N (0 kg ha⁻¹) em cobertura. O delineamento experimental utilizado em cada ensaio foi de blocos casualizados com três repetições e 12 tratamentos. A divergência genética foi determinada pelo método de Tocher. As doses de nitrogênio e as épocas de semeadura influenciaram no agrupamento dos genótipos. As características peso da espiga com palha (PECP) (Baixo N), umidade (UMI) (Médio N), número de grãos na fileira (NGF) (Alto N), PECP (Primeira e segunda época), são as que mais contribuíram para divergência genética.

Palavras-chave: Adubação nitrogenada. Época de semeadura. Variabilidade genética. *Zea mays*.

ABSTRACT

Because of the great diversity of corn genotypes and the effects of sowing seasons and nitrogenous fertilizers, in plant development, the identification of promising genotypes in these conditions allows you to provide information to determine the best strategies to be adopted in future breeding programs. Thus, this study aimed to effect of the genetic divergence among corn genotypes in different levels of nitrogen and sowing seasons in the State of Tocantins. In this sense, were conducted six maize populations of competition tests in Palmas-TO, distributed in two sowing seasons (01.21.2014 and 02.19.2014). In each sowing season, the essays were conducted under conditions of high nitrogen (N), mean and low N The experimental design used in each essay was a randomized block with three replications and 12 treatments. Genetic divergence was evaluated by method of Tocher. The characteristics ear weight with straw (Low N), humidity (Average N), number of grains in the row (High N), ear weight with straw (first and second sowing season), they are those that contributed for genetic divergence.

Keywords: Nitrogen fertilization. Sowing seasons. Genetic variability. *Zea mays*

INTRODUÇÃO

O Cerrado brasileiro ocupa uma área de 2.036.448 km², que corresponde a aproximadamente 22% do território nacional. Neste Bioma, estão presentes os Estados de Goiás, Maranhão, Mato Grosso do Sul, Tocantins, Minas Gerais, Mato Grosso, Bahia, Piauí, Rondônia, São Paulo, Paraná e Distrito Federal (MMA, 2015). Nos últimos anos, com a abertura de novas áreas agrícolas, visando incrementar a produção de carne e grãos para exportação, tais como soja, milho dentre outras (CONAB, 2015), tem havido um progressivo esgotamento dos recursos naturais deste bioma.

Entre os grandes impactos na produção da cultura do milho, encontram-se os adubos nitrogenados. O nitrogênio (N) é o macronutriente primário dentre os mais exigidos pelo milho e, frequentemente, é o que mais limita a produtividade de grãos (Okumura, Mariano & Zaccheo, 2011). Por outro lado, o N é um dos elementos que mais contribuem para a contaminação de lençóis freáticos além de responsável por grande parte do gasto com adubação (França, Mielniczuk, Rosa, Bergamaschi & Bergonci, 2011).

Nos últimos anos, a crescente preocupação com a poluição do meio ambiente, proveniente do manejo inadequado de fertilizantes nitrogenados, especialmente dos recursos hídricos por nitrato e da atmosfera por óxido nitroso, tem estimulado a busca de sistemas de manejo que resultem em um maior aproveitamento do N pelo milho (Duete, Muraoka, Silva, Trivelin & Ambrosano, 2009). Assim, uma alternativa consiste na busca de genótipos de milho eficientes, produtivos e que permitam maior lucratividade, levando em conta a relação custo/benefício e um menor impacto ambiental.

Como o desempenho das características agronômicas dos genótipos pode variar de um ambiente de cultivo para outro, faz-se necessário um estudo em que diferentes genótipos sejam testados em diferentes locais, anos, épocas, tecnologias e etc. (Cruz, Ferreira & Pessoni, 2011) que pode ser realizado através de procedimentos multivariados. Dentre os procedimentos multivariados, o método de otimização de Tocher e o da distância de Mahalanobis tem sido frequentemente empregados (Almeida et al., 2011; Martins et al., 2012; Simon et al., 2012; Reina et al., 2014; Santos et al., 2014; Santos et al., 2015; Silva et al., 2015).

Assim, o presente trabalho foi realizado com o intuito de se estudar a divergência genética em populações de milho, em diferentes épocas de semeadura e níveis de nitrogênio, no cerrado Tocantinense.

MATERIAL E MÉTODOS

No ano de 2014, foram realizados seis ensaios de genótipos de milho no Centro Agrotecnológico da Universidade Federal do Tocantins (UFT), Campus de Palmas (220 m de altitude, 10°45' de latitude Sul e 47°14' de longitude Oeste), em solo do tipo Latossolo Vermelho Amarelo distrófico. Os ensaios foram instalados em duas épocas de semeadura, sendo que em cada época, os genótipos foram cultivados sob condições de alto nitrogênio (alto N) (140 kg ha⁻¹), Médio N (80 kg ha⁻¹) e Baixo N (0 kg ha⁻¹) em cobertura. A semeadura foi realizada em 21 de janeiro, para a primeira época, e 19 de fevereiro, para a segunda época. Na Figura 1, encontram-se os dados climatológicos referentes ao período de realização dos ensaios.



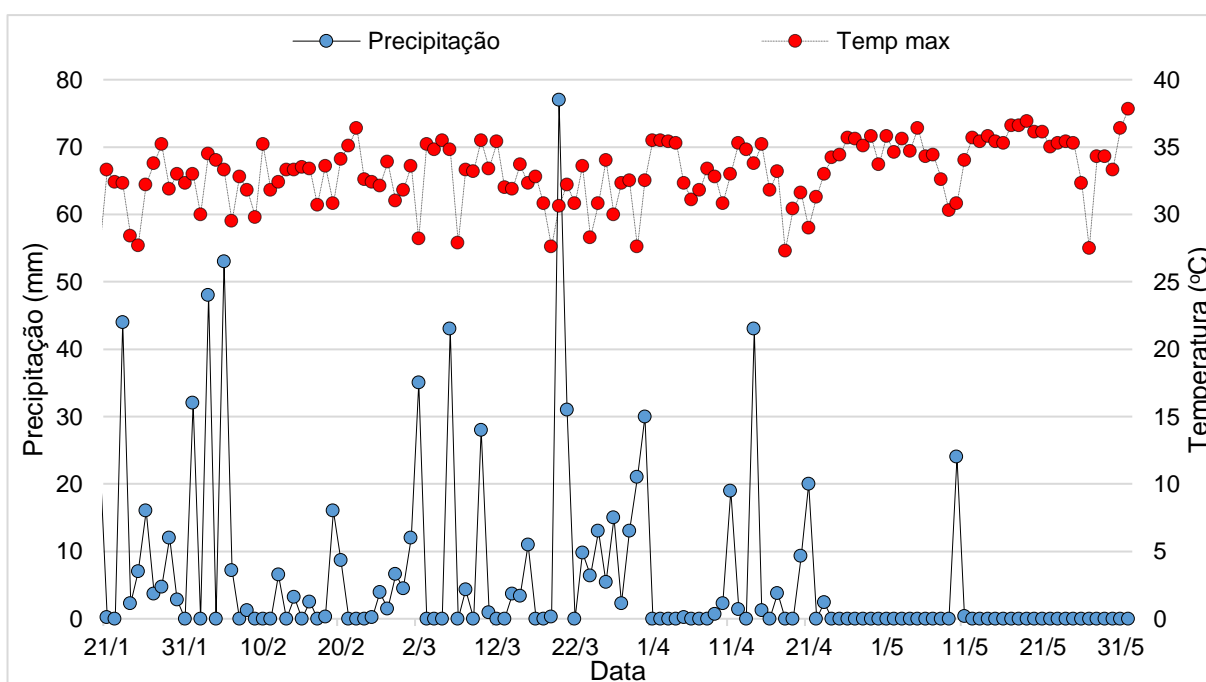


Figura 1. Precipitação pluvial e temperaturas máxima para o período de janeiro (Primeira época, 21/01/14) e fevereiro (Segunda época, 19/02/14) de 2014 em Palmas-TO.

Figure 1. Rainfall and maximum temperatures for the period from January (First season, 01/21/14) and February (Second season, 02/19/14) from 2014 in Palmas-TO.

O delineamento experimental utilizado, em cada ensaio, foi em blocos casualizados com 12 tratamentos e três repetições. Os tratamentos foram constituídos por 12 genótipos de polinização aberta oriundas de melhoramento de milho no estado do Tocantins, denominadas: GEN 1, GEN 2, GEN 3, GEN 4, GEN 5, GEN 6, GEN 7, GEN 8, GEN 9, GEN 10, GEN 11 e GEN 12.

A parcela experimental foi representada por quatro linhas de cinco metros lineares, espaçadas por 0,90 m entre linhas. Na colheita, foram utilizadas as duas linhas centrais de cada fileira, descartando-se 0,50 m das extremidades das fileiras.

Foi utilizado o sistema de preparo de solo tipo convencional, com uma gradagem seguida do nivelamento da área. A adubação de pré-semeadura foi realizada manualmente, utilizando 300 kg ha⁻¹ de NPK de 5-25-15+0,5% Zn, para todos os ensaios. A semeadura foi realizada com o intuito de se obter 55.555 plantas ha⁻¹.

A adubação em cobertura foi realizada apenas com N no estágio V6 (seis folhas completamente abertas), tendo como fonte de N a ureia. A dosagem foi de 0, 80 e 140 kg ha⁻¹ de N, respectivamente, proporcionando totais de 15, 95 e 155 kg ha⁻¹, para os ambientes de Baixo, Médio e Alto N, a adubação no ambiente de baixo, médio e alto N corresponde a menor e a maior faixa esperada de produtividade de grãos (Ribeiro, Guimarães & Alvarez, 1999).

Os tratos culturais, como o controle fitossanitário contra doenças, pragas e plantas daninhas foram realizados de acordo com as recomendações técnicas da cultura.

Foram avaliadas as seguintes características: Altura de plantas (AP); Altura de espiga (AE); Número de folhas totais na planta (NF); Número de folhas acima da espiga

principal (NFAE); Peso da espiga com palha (PECP); Peso da espiga sem palha (PESP); Diâmetro da espiga (DE); Comprimento de espigas (CE); Número de fileiras de grãos (NFE); Número de grãos por fileira (NGF); Diâmetro do sabugo (DS); Umidade (UMI); Largura do grão (LG); Comprimento do grão (CG); Altura do grão (AG); Peso de grãos por planta (PGPL). Os descritores das características foram utilizados conforme a EMBRAPA (2010).

Foi realizado estudo da divergência genética para cada dose de N e cada época de semeadura, sendo utilizada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), como medida de dissimilaridade, levando em consideração o grau de dependência entre as variáveis estudadas. Para o estabelecimento de grupos similares, foi aplicado o método hierárquico aglomerativo de otimização proposto por Tocher (Rao, 1952), cujos cálculos foram igualmente embasados na distância generalizada de Mahalanobis.

Também foi utilizado o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das características avaliadas na divergência genética.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa Genes (Cruz, 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas a partir da distância de Mahalanobis, em cada dose de N e época de semeadura (Tabela 1), apresentaram uma elevada magnitude (4,0 a 644,6), indicando a presença de variabilidade genética entre genótipos. A análise da distância genética pode auxiliar na escolha dos genitores para futuros cruzamentos, possibilitando economia de tempo, mão-de-obra e recursos financeiros em futuros estudos (Santos et al., 2014).

Em baixo N, a combinação entre genótipos 7 e 10 foi a mais divergente ($D^2 = 188,1$), seguida pelas combinações 9 e 10 ($D^2 = 178,4$), 6 e 10 ($D^2 = 146,6$) e 12 e 10 ($D^2 = 118,1$). A menor distância foi obtida entre os pares 2 e 3 ($D^2 = 4,9$), seguida pelos pares 11 e 3 ($D^2 = 9,6$), e 4 e 5 ($D^2 = 11,1$).

Para a dose de médio N, a combinação entre genótipos 4 e 12 e genótipos 12 e 5 foi a mais divergente ($D^2 = 124,6$), seguida pelas combinações entre os genótipos 10 e 4 ($D^2 = 111,9$), 1 e 7 ($D^2 = 102,0$) e 9 e 4 ($D^2 = 98,1$). A menor distância foi obtida entre os pares 2 e 3 ($D^2 = 8,5$), seguida pelo par 11 e 2 ($D^2 = 14,6$), 12 e 10 ($D^2 = 19,0$), 4 e 5 ($D^2 = 19,1$) e 6 e 9 ($D^2 = 21,3$).

Em baixo N, a combinação entre genótipos 7 e 10 foi a mais divergente ($D^2 = 188,1$), seguida pelas combinações 9 e 10 ($D^2 = 178,4$), 6 e 10 ($D^2 = 146,6$) e 12 e 10 ($D^2 = 118,1$). A menor distância foi obtida entre os pares 2 e 3 ($D^2 = 4,9$), seguida pelos pares 11 e 3 ($D^2 = 9,6$), e 4 e 5 ($D^2 = 11,1$).

Para a dose de médio N, a combinação entre genótipos 4 e 12 e genótipos 12 e 5 foi a mais divergente ($D^2 = 124,6$), seguida pelas combinações entre os genótipos 10 e 4 ($D^2 = 111,9$), 1 e 7 ($D^2 = 102,0$) e 9 e 4 ($D^2 = 98,1$). A menor distância foi obtida entre os pares 2 e 3 ($D^2 = 8,5$), seguida pelo par 11 e 2 ($D^2 = 14,6$), 12 e 10 ($D^2 = 19,0$), 4 e 5 ($D^2 = 19,1$) e 6 e 9 ($D^2 = 21,3$).

Na segunda época de semeadura, a combinação entre genótipos 9 e 10 foi a mais divergente ($D^2 = 644,6$), seguida pela combinação entre os genótipos 7 e 10 ($D^2 = 531,1$), entre genótipos 8 e 9 ($D^2 = 523,7$) e genótipos 12 e 9 ($D^2 = 503,3$). A menor distância foi obtida entre os genótipos 5 e 11 ($D^2 = 20,8$), seguida pelo par 1 e 6 ($D^2 = 21,1$) e 2 e 3 ($D^2 = 22,5$).

Tabela 1. Estimativa de dissimilaridade (D^2_{ii}) entre genótipos de milho, baseadas nas características agronômicas, para duas épocas de semeaduras e três doses de nitrogênio.

Table 1. Estimates of dissimilarity (D^2_{ii}) among maize genotypes, based on agronomic characteristics, for two sowing seasons and three nitrogen doses.

Genótipo (GEN)	Baixo N			Médio N			Alto N			Época 1			Época 2		
	Maior	Menor	(n)	Maior	Menor	(n)	Maior	Menor	(n)	Maior	Menor	(n)	Maior	Menor	(n)
1	101,5 (7)	32,0 (2)	102,0 (7)	48,2 (5)	224,5 (9)	56,3 (11)	102,0 (7)	29,8 (2)	365,4 (10)	21,1 (6)					
2	112,9 (10)	4,9 (3)	81,9 (4)	8,5 (3)	226,6 (8)	10,0 (3)	42,5 (10)	4,0 (3)	429,1 (10)	22,5 (3)					
3	115,7 (10)	4,9 (2)	92,3 (4)	8,5 (2)	256,9 (8)	10,0 (2)	58,7 (10)	4,0 (2)	494,7 (10)	22,5 (2)					
4	93,7 (10)	11,1 (5)	124,6 (12)	19,1 (5)	205,6 (9)	47,1 (5)	84,1 (1)	10,3 (5)	425,2 (10)	29,1 (5)					
5	108,6 (10)	11,1 (4)	72,1 (10)	19,1 (4)	346,9 (9)	39,7 (8)	56,9 (1)	10,3 (4)	269,4 (10)	20,8 (11)					
6	146,6 (10)	19,4 (5)	96,9 (10)	21,3 (9)	190,4 (8)	35,1 (3)	101,6 (10)	16,5 (3)	325,9 (10)	21,1 (1)					
7	188,1 (10)	21,9 (6)	102,0 (1)	29,2 (6)	396,4 (8)	24,3 (9)	108,8 (10)	21,0 (6)	531,1 (10)	40,9 (9)					
8	86,0 (10)	15,1 (11)	91,1 (9)	31,4 (11)	463,2 (9)	24,3 (10)	52,8 (7)	9,5 (11)	523,7 (9)	42,1 (12)					
9	178,4 (10)	23,9 (2)	98,1 (4)	21,3 (6)	463,2 (8)	24,3 (7)	85,7 (10)	18,5 (3)	644,6 (10)	40,9 (7)					
10	188,1 (7)	86,0 (8)	111,9 (4)	19,0 (12)	386,1 (9)	24,3 (8)	108,8 (7)	32,2 (12)	644,6 (9)	25,6 (12)					
11	94,3 (10)	9,6 (3)	77,1 (10)	14,6 (2)	201,7 (9)	41,9 (12)	42,4 (10)	6,1 (3)	245,3 (10)	20,8 (5)					
12	118,1 (10)	37,5 (11)	124,6 (5)	19,0 (10)	237,4 (9)	29,7 (10)	46,2 (4)	11,6 (11)	503,3 (9)	25,6 (10)					
Maior Distância geral	188,1 (7 e 10)			124,6 (4 e 12)			463,2 (8 e 9)			108,8 (7 e 10)			644,6 (9 e 10)		
Menor distância geral	4,9 (2 e 3)			8,5 (2 e 3)			10,0 (2 e 3)			4,0 (2 e 3)			20,8 (5 e 11)		

Entre as maiores distâncias, em cada nível de N, o genótipo 10 esteve presente em dez combinações (Baixo N), o genótipo 4 em quatro combinações (Médio N) e o genótipo 9 em sete combinações sob alto N. Com relação às épocas de semeadura, o genótipo 10 esteve presente em seis combinações na Época 1 e em nove combinações no Época 2. Assim, o genótipo 10 esteve presente em 28 combinações entre maiores distâncias, sendo 13 nas diferentes doses e 15 envolvendo as épocas de semeadura.

A segunda época e o alto N foram as condições ambientais que proporcionaram as maiores estimativas de dissimilaridade, independentemente dos genótipos. Por outro lado, a primeira época, seguida do Médio N foram os ambientes que resultaram em menores valores de dissimilaridade.

Ressalta-se que quanto menor a distância entre indivíduos, maior a similaridade genética entre os mesmos, que reduziria a probabilidade de sucesso para obtenção de híbridos com alto grau de heterose (Rotili, Cancellier, Dotto, Pelúzio & Carvalho, 2012).

A análise de agrupamento pelo método de Tocher (Rao, 1952), separou os doze genótipos em dois grupos para baixo N, cinco grupos para médio N, Alto N e Primeira época de semeadura, e seis grupos para segunda época de semeadura (Tabela 2).

Segundo Cruz et al. (2011) grupos formados por apenas um genótipo (Tabela 2) apontam na direção de que tais genótipos sejam mais divergentes em relação aos demais. O grupo II (baixo N), grupo IV e V (médio N e alto N), grupo II, III e IV (primeira época) e grupo V e VI (segunda época), apresentam apenas um genótipo por grupo. Isto facilita a projeção dos trabalhos de melhoramento, encontrando-se genótipos distintos para futuros cruzamentos (Rotili et al., 2012).

Tabela 2. Agrupamento dos genótipos de milho pelo método de Tocher para doses de nitrogênio e épocas de semeaduras.**Table 2.** Grouping of corn genotypes by the Tocher method for nitrogen rates and sowing seasons.

Grupo	Baixo N	Médio N	Alto N	Primeira época	Segunda época
	Genótipos				
I	2, 3, 11, 4, 5, 6, 8, 7, 9, 1 e 12	2, 3, 11, 8, 6 e 5	2, 3, 6 e 7	2, 3, 11, 12, 8, 5, 6 e 9	5, 11, 6 e 4
II	10	10 e 12	8, 10, 5 e 12	4	2 e 3
III	-	7 e 9	4 e 11	7	10 e 12
IV	-	4	1	1	7 e 9
V	-	1	9	10	1
VI	-	-	-	-	8

O estudo comparativo entre as doses de N, revelou uma maior similaridade, quanto à composição dos grupos formados, entre as doses Baixo-Médio N (genótipos 2, 3, 5, 6, 8 e 11 -> grupo I) e Médio-Alto N (2, 3 e 6 -> Grupo I; 10 e 12 -> grupo II; e genótipo 1, isoladamente em cada uma das doses). Por outro lado, para as doses Baixo-Alto N, houve uma menor coincidência dos genótipos nos grupos formados, indicando a necessidade de condução de programas distintos de melhoramento para diferentes níveis tecnológicos, ou seja, voltado para agricultores que utilizam uma menor ou maior quantidade de insumos.

A diferença entre as combinações promissoras, entre as doses de N, ocorreu em virtude da disponibilidade de nitrogênio, que permitiu a expressão, ou não, de alelos favoráveis à melhor absorção e aproveitamento do N fornecido direcionado às características avaliadas no estágio vegetativo da cultura (Silva et al., 2015). Segundo Gallais e Hirel (2004), os alelos responsáveis para o controle genético da eficiência de N são expressos de acordo com o grau de disponibilidade do mesmo.

Quanto as épocas de semeadura, foram observadas diferenças quanto ao número e composição dos grupos (Tabela 2), em virtude, provavelmente, das diferenças de temperatura e precipitação entre as mesmas (Figura 1) ao longo dos estádios de desenvolvimento da planta.

A cultura do milho responde à interação dos diversos fatores climáticos, sendo os de maior influência sobre a cultura a radiação solar, a precipitação e a temperatura, que atuam nas diferentes atividades fisiológicas da planta (Landau et al., 2009).

Carvalho et al. (2013) ao estudarem o efeito da estratificação e dissimilaridade ambiental em genótipos de milho no Estado do Tocantins, usando manejo de adubação e safra como fatores de diferenciação dos ambientes, verificaram que o manejo da adubação e a safra foram eficazes em proporcionar condições distintas de desenvolvimento dos genótipos.

A dissimilaridade intergrupos (Tabela 3), obtida pelo método de otimização de Tocher, permite distinguir entre os grupos formados, quais são mais divergentes geneticamente (Rotili et al., 2012; Santos et al., 2015).



Tabela 3. Distâncias médias intergrupos estimadas pelo método de Otimização de Tocher, envolvendo os genótipos de milho.

Table 3. Mean inter-group distances estimated by the Tocher Optimization method, involving corn genotypes.

Grupos	Baixo N	Médio N	Alto N	Primeira época	Segunda época
I e II	120,89	66,19	197,64	33,84	65,92
I e III	-	58,99	97,48	36,69	265,19
I e IV	-	64,46	112,26	47,34	102,70
I e V	-	58,46	59,29	56,35	51,03
I e VI	-	-	-	-	205,87
II e III	-	82,44	76,51	36,77	403,65
II e IV	-	118,24	102,55	84,07	54,03
II e V	-	75,80	358,38	81,92	54,35
II e VI	-	-	-	-	338,46
III e IV	-	76,28	78,90	102,02	524,06
III e V	-	79,92	203,65	108,79	309,34
III e VI	-	-	-	-	43,44
IV e V	-	92,79	224,45	69,20	93,39
IV e VI	-	-	-	-	466,43
V e VI	-	-	-	-	260,11

Com relação às doses de N, as maiores distâncias intergrupos, em médio N, foram observadas entre os grupos II e IV (118,24) e entre os grupos IV e V (92,79). Por outro lado, as menores distâncias foram obtidas entre os grupos I e V (58,46), e entre os grupos I e III (58,99). Para alto N, as maiores distâncias foram entre os grupos II e V (358,38), IV e V (224,45) e entre os grupos III e V (203,65). Já as menores distâncias foram entre os grupos I e IV (58,46) e entre os grupos I e III (58,99).

Na primeira época de semeadura, as maiores distâncias foram entre os grupos III e V (108,79), III e IV (102,02) e entre II e IV (84,07). Para segunda época de semeadura, as maiores distâncias intergrupos foram entre III e IV (524,06), IV e VI (466,43) e entre II e VI (338,46).

As maiores distâncias intergrupos envolvendo os grupos reforçam o fato de os genótipos em grupos distintos são divergentes (Tabela 1). Assim, os grupos que apresentam maior distância entre si devem conter genótipos mais divergentes (Silva et al., 2015).

As características peso da espiga com palha (PECP) (Baixo N), umidade (UMI) (Médio N), número de grãos na fileira (NGF) (Alto N), PECP (Primeira e segunda época), são as que mais contribuíram para divergência genética (Tabela 4).



Tabela 4. Contribuição relativa das dezesseis características para o processo de dissimilaridade genética dos genótipos de milho.

Table 4. Relative contribution of the sixteen characteristics to the genetic dissimilarity process of maize genotypes.

Características	Baixo N	Médio N	Alto N	Primeira	Segunda
				Época	Época
(%)					
Altura da planta – AP	8,18	15,94	13,12	13,25	10,13
Altura da espiga – AE	8,15	10,53	8,04	7,01	4,27
Número de folhas total na planta – NF	4,54	6,02	3,46	4,83	2,69
Número de folhas acima da última espiga – NFAE	1,23	3,93	3,09	4,99	0,51
Peso da espiga com palha - PECP	21,24	5,60	10,38	20,94	31,24
Peso da espiga sem palha - PESP	6,43	2,33	10,66	6,53	5,53
Diâmetro da espiga – DE	2,34	10,71	0,88	0,36	0,39
Comprimento da espiga – CE	6,12	3,96	1,14	3,31	7,81
Número de fileira na espiga - NFE	15,94	1,02	2,68	3,63	1,91
Número de grãos na fileira - NGF	7,60	5,70	28,27	7,10	19,77
Diâmetro do sabugo – DS	5,99	3,26	2,04	2,73	2,00
Umidade – UMI	5,07	18,30	1,75	16,03	0,96
Largura do grão – LG	0,36	1,76	0,70	1,42	1,71
Comprimento do grão - CG	1,92	1,45	6,57	3,59	1,56
Espessura do grão - EG	0,58	2,52	3,45	0,48	1,90
Peso de grãos por planta - PGPP	4,32	6,97	3,78	3,82	7,62

O grande interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres (Tabela 4) reside na possibilidade de se utilizar apenas características que mais contribuíram para discriminar os genótipos.

CONCLUSÃO

As doses de nitrogênio e as épocas de semeadura influenciaram no agrupamento dos genótipos.

As características peso da espiga com palha (PECP) (Baixo N), umidade (UMI) (Médio N), número de grãos na fileira (NGF) (Alto N), PECP (Primeira e segunda época), são as que mais contribuíram para divergência genética.

A característica PECP, pode ser utilizada em programas de melhoramento visando baixo uso de insumos em épocas distintas de semeadura.

Há a necessidade de condução de melhoramento em diferentes níveis tecnológicos e épocas de semeadura.

CONTRIBUIÇÃO DOS AUTORES

Elaboração do manuscrito, revisão de literatura, condução do experimento e análises estatísticas: Autores WFS e LFS; Revisão final do artigo: Autores FSA, JMP, EAR, FBC e TPSF.

CONFLITO DE INTERESSE

Os autores declararam que não há conflito de interesse.

FINANCIAMENTO

Os autores declararam que não houve financiamento para o desenvolvimento da pesquisa.

REFERÊNCIAS

- Almeida, R. D., Pelúzio, J. M., & Afférri, F. S. (2011). Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado do Tocantins. *Revista Ciências Agrônômica*, 42(1), 108-115. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>
- Carvalho, E. V., Afférri, F. S., Pelúzio, J. M., Rotili, E. A., Dotto, M. A., & Santos, W. F. (2013). Estratificação e dissimilaridade ambiental em genótipos de milho no Tocantins, com adubação e safras distintas. *Comunicata Scientiae*, 4(3), 277-284.
- Conab - Companhia Nacional de Abastecimento (2015). Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Décimo primeiro levantamento. Brasília: CONAB. Recuperado de: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 22 dez. 2016.
- Cruz, C. D. (2007). Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 442p.
- Cruz, C. D., Ferreira, F. M., & Pessoni, L. A. (2011). Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Visconde do Rio Branco: Suprema, 620p.
- Duete, R. R. C., Muraoka, T., Silva, E. C., Trivelin, P. C. O., & Ambrosano, E. J. (2009). Viabilidade econômica de doses e parcelamentos da adubação nitrogenada na cultura do milho em Latossolo Vermelho Eutrófico. *Acta Scientiarum, Agronomy*, 31(1), 175-181. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v31i1.6646>
- Embrapa - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (2010). Caracterização de recursos genéticos de milho. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 10p.
- França, S., Mielniczuk, J., Rosa, L. M. G., Bergamaschi, H., & Bergonci, J. I. (2011). Nitrogênio disponível ao milho: Crescimento, absorção e rendimento de grãos. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 15(11), 1143-1151. <https://doi.org/10.1590/S1415-43662011001100006>
- Gallais, A., & Hirel, B. (2004). An approach to the genetics of nitrogen use efficiency in maize. *Journal of Experimental Botany*, 55(396), 295-306.



- Landau, E. C., Sans, L. M. A., & Santana, D. P. Cultura do milho (2009). (5a ed.) Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. Recuperado de: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_5_ed/climaesolo.htm>.
- Martins, E. C. A., Pelúzio, J. M., Coimbra, R. R., & Oliveira Junior, W. P. (2102). Variabilidade fenotípica e divergência genética em clones de batata doce no estado do Tocantins. *Revista Ciência Agrônômica*, 43(4), 691-697. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000400010>
- MMA-Ministério do Meio Ambiente. O Bioma Cerrado (2015). Recuperado de: <<http://www.mma.gov.br/biomas/cerrado>>.
- Okumura, R. S., Mariano, D. C., & Zaccheo, P. V. C. (2011). Uso de fertilizante nitrogenado na cultura do milho: uma revisão. *Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias*, 4(2), 226-244.
- Rao, C. R. (1952). *Advanced statistical methods in biometrical research*. New York: John Wiley, 390p.
- Reina, E., Pelúzio, J. M., Afferri, F. S., Oliveira Junior, W. P., & Siebeneichler, S. C. (2014). Divergência genética e eficiência do uso do fósforo na soja visando à produção de biodiesel. *Revista Ciência Agrônômica*, 45(2), 344-350. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000200016>
- Ribeiro, A. C., Guimarães, P. T. G., & Alvarez, V. V. H. (1999). Recomendação para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais – 5ª Aproximação. Viçosa: CFSEMG, 359p.
- Rotili, E. A., Cancellier, L. L., Dotto, M. A., Pelúzio, J. M., & Carvalho, E. V. (2012). Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. *Revista Ciência Agrônômica*, 43(3), 516-521. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000300014>
- Santos, W. F., Pelúzio, J. M., Afférri, F. S., Sodr e, L. F., Santos, D. S., & Farias, T. C. M. (2014). Variabilidade genética e eficiência de uso do nitrogênio em populações de milho para teor de óleo. *Revista de Ciência Agrárias*, 57(3), 312-317. <https://doi.org/10.4322/rca.ao1358>
- Santos, W. F., Afférri, F. S., & Pelúzio, J. M. (2015). Eficiência ao uso do nitrogênio e biodiversidade em genótipos de milho para teor de óleo. *Enciclopédia Biosfera*, 11(21), 2916-2925.
- Silva, K. C. L., Silva, K. P., Carvalho, E. V., Rotili, E. A., Afférri, F. S., & Pelúzio, J. M. (2015). Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura. *Revista Agro@mbiente On-line*, 9(2), 102-110. <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v9i2.2142>
- Simon, G. A., Kamada, T., & Moiteiro, M. (2012). Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias*, 33(2), 449-458. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n2p449>
- Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41(2), 237-245.

