

# Revista Agrária Acadêmica

*Agrarian Academic Journal*

Volume 2 – Número 2 – Mar/Abr (2019)

---

doi: 10.32406/v2n22019/15-26/agrariacad

**Caracterização morfológica e divergência genética de populações de milho crioulo do Alto Vale do Jequitinhonha.** Morphological characterization and genetic divergence of creole maize populations of the Alto Vale do Jequitinhonha

Ricardo Ferreira Campos Pacheco<sup>1</sup>, Amanda Gonçalves Guimarães<sup>2\*</sup>, Josimar Rodrigues Oliveira<sup>1</sup>, Edelço Aparecida Saraiva<sup>1</sup>, Gilvan Marlon Ferreira dos Santos<sup>1</sup>, Marcia Regina da Costa<sup>1</sup>, Cíntia Gonçalves Guimarães<sup>1</sup>

<sup>1</sup> - Departamento de Agronomia/Centro de Ciências Agrárias/ Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri

<sup>2\*</sup> - Departamento de Agronomia/Centro de Ciências Agrárias/ Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM - Diamantina/MG - Brasil – [amandaguiamaras@yahoo.com.br](mailto:amandaguiamaras@yahoo.com.br)

---

## Resumo

O objetivo do trabalho foi avaliar diferenças morfológicas e a divergência genética entre os milhos crioulo para que possam servir para o cultivo de produtores da região de Couto Magalhaes de Minas MG. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Rio Manso, da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, durante a safra 2017/18, sendo estudadas seis variedades de milho crioulo, duas variedades melhoradas e duas variedades comerciais. Foram avaliadas 13 características, sendo foliares, do colmo e de florescimento. As variedades de milhos crioulos apresentaram divergência genética, sendo, em geral, discriminados pela origem genética e a característica morfológica que mais contribui para a divergência é a altura média de inserção da espiga.

Palavras-chave: *Zea mays*, variedades, agricultura familiar

## Abstract

The objective of this work was to evaluate morphological differences and genetic divergence among the Creole corn so that they can serve for the cultivation of producers in the region of Couto Magalhaes de Minas MG. The experiment was conducted at the Rio Manso Experimental Farm, Federal University of the valleys of Jequitinhonha and Mucuri, during the 2017/18 harvest, being studied six varieties of Creole corn, two improved varieties and two commercial varieties. Thirteen characteristics were evaluated: leaf, stem and flowering. The varieties of Creole corn showed genetic divergence, being generally discriminated by the genetic origin and the morphological characteristic that contributes most to the divergence is the mean height of the spike insertion.

Key-words: *Zea mays*, varieties, family farming.

## **Introdução**

O milho (*Zea mays*) é um dos cereais mais produzidos mundialmente, sendo o Brasil terceiro maior produtor ficando atrás apenas dos Estados Unidos e China, correspondendo juntos, por 66% da produção mundial. A produção nacional de milho na safra 2016/17 foi de 97842,8 milhões de tonelada e esteve distribuída principalmente nos estados do Mato Grosso (26,9%), Paraná (19,2%), Goiás (10,6%), Mato Grosso do Sul (10,0%), Minas Gerais (8,4%), Rio Grande do Sul (6,6%) e São Paulo (4,5%), em que somados esses estados contribuíram com 81,6 % da produção total (CONAB, 2018).

O crescente consumo do milho, que pode ser destinado tanto para alimentação humana como animal, é oriundo de aumento e investimento no melhoramento genético (EMBRAPA, 2013) existindo muitas variedades de milhos híbridos e de polinização aberta no mercado. Além destas, variedades crioulas, vem sendo a principal alternativa para agricultor familiar, pois proporciona bom desempenho nas condições ambientais locais em que são cultivadas (SILVEIRA et al., 2015). Com o uso de sementes crioulas, o agricultor familiar tem a possibilidade de produção de criar banco de sementes, já que resgatam anualmente suas próprias sementes, de acordo com o próprio nível socioeconômico, o que deixa ele livre da dependência em adquirir sementes de grandes empresas (ABREU et al., 2007).

A caracterização dessas variedades crioulas é extremamente importante, pois, como são adaptadas localmente, podem apresentar características diferentes para cada região em que são cultivadas, além de constituírem uma fonte de variabilidade genética que pode ser explorada no melhoramento (ARAÚJO; NASS, 2002). Dessa forma, permite auxiliar no processo de escolha de materiais para diferentes finalidades, seja para produtividade, alimentação animal, ou, até mesmo, resistência a doenças (COIMBRA et al. 2010).

Grande parte das metodologias utilizadas em estudos de divergência genética é baseada na análise de caracteres quantitativos ou qualitativos binários, através da obtenção de matrizes de dissimilaridade e posteriores análises de agrupamento (CRUZ et al., 2012). Essa metodologia já foi adotada em estudos anteriores de populações de milho resgatadas do sudeste de Minas Gerais visando à identificação de genótipos promissores para o melhoramento genético através da caracterização do potencial produtivo e a divergência genética (COIMBRA et al., 2010). Nesse contexto, o presente trabalho teve o objetivo de avaliar diferenças morfológicas e a divergência genética entre genótipos de milho crioulo para que possam servir para o cultivo de produtores da região de Couto Magalhaes de Minas MG.

## **Material e métodos**

### *Material genético*

Os materiais genéticos estudados foram: seis variedades de milho crioulo, duas variedades melhoradas de polinização aberta (populações obtidas pelo décimo quinto ciclo de seleção recorrente interpopulacional pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro- UENF) e duas variedades comerciais, conforme Tabela 1.

**Tabela 1.** Descrição dos genótipos de milho utilizados na safra 2017/2018, em Couto de Magalhães de Minas-MG

Genótipos	Origem	Base Genética
CR1	Viçosa – MG	Crioulo
CR2	Viçosa-MG	Crioulo
CR3	Couto de Magalhães de Minas-MG	Crioulo
CR4	Couto de Magalhães de Minas -MG	Crioulo
CR5	São Gonçalo do Rio Preto-MG	Crioulo
CR6	Couto de Magalhães de Minas -MG	Crioulo
Piranão	UENF <sup>2</sup>	Variedade Melhorada
Cimmyti	UENF <sup>2</sup>	Variedade Melhoradas
UFVM 200 <sup>1</sup>	UFV <sup>3</sup>	Variedade Comercial
AF 505 <sup>1</sup>	Sakata Seed	Variedade Comercial

<sup>1</sup> Testemunhas: UFVM 200-Registro no MAPA (nº 12379/2002); AF 505- Registro no MAPA (nº 28862/2012)

<sup>2</sup> UENF-Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro- RJ

<sup>3</sup> UFV- Universidade Federal de Viçosa-MG

#### *Local e instalação do experimento*

O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Rio Manso, da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), na safra do ano agrícola 2017/2018, em Couto de Magalhães de Minas-MG, situada nas coordenadas geográficas de 18°4'44,55'' S e 43°27'23''W, com altitude de 721 m. O clima local é caracterizado como tropical, com estação seca de inverno (Aw), de acordo com a classificação de Köppen-Geiger, com período seco de abril a setembro. A precipitação média anual é de 1246 mm e a temperatura média anual fica em torno de 21,5 °C (CLIMATE-DATA, 2017).

O solo onde o experimento foi instalado é classificado como Latossolo Vermelho Amarelo distrófico (EMBRAPA, 2013), de textura franco-arenosa. O solo foi preparado em sistema de plantio convencional (aração e gradagem), no mês de setembro de 2017. A semeadura foi realizada no dia 25 de setembro de 2017, de forma manual, sendo distribuídas três sementes por covas, à profundidade de 0,05 m, totalizando 150 sementes por parcela. A adubação foi recomendada, conforme resultados de análise de solo visando elevar a fertilidade para níveis que proporcionem a expressão da máxima produtividade dos genótipos, realizada em duas etapas de modo a fornecer as doses de 127 kg ha<sup>-1</sup> de N, 93 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, durante o ciclo da cultura. A adubação de plantio foi realizada com o fertilizante formulado NPK 08-28-16, aplicando-se na linha de plantio a dose de 29,9 g m<sup>-1</sup>.

A emergência das plântulas de milho ocorreu no dia 02 de outubro de 2017. Com 21 dias após a emergência, foi realizado o desbaste, deixando-se uma planta por cova totalizando 50 plantas por parcela, que representa uma população de 55.555 plantas ha<sup>-1</sup>. Aos 30 dias após o plantio (DAP) realizou-se a adubação de cobertura com uso de sulfato de amônio (20% N) na dose de 45 g m<sup>-1</sup>, e cloreto de potássio (58% K<sub>2</sub>O) aplicando 15 g m<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O. O manejo de plantas daninhas foi realizado por meio de uma capina manual com enxada nas entrelinhas da cultura. A área possui irrigação por aspersão, que foi utilizada para complementar a demanda hídrica dos genótipos de milho apenas nas duas primeiras semanas após o plantio (aproximadamente até o estágio V2), fornecendo uma lâmina de irrigação de 5 mm dia<sup>-1</sup>.

O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com quatro repetições e dez genótipos de milho. As parcelas foram constituídas de duas linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 0,90 m entre as linhas e 0,20 m entre plantas.

### *Características agronômicas avaliadas*

Para a caracterização dos diferentes tipos de milho do estudo, foram utilizados 13 des-critores propostos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Os caracteres morfológicos foram avaliados depois dos florescimentos em 8 plantas por parcela (com exceção da característica florescimento que foi analisada por linha na parcela).

Florescimento e características do pendão: para as características florescimento i) masculino (FM) e ii) feminino (FF), o número médio de dias para o florescimento, que compreende o período entre o plantio e a liberação dos estilo-estigmas de, pelo menos, 50% das plantas da fileira, sendo avaliado de dois em dois dias; iii) comprimento de pendão (CP): medido do ponto de inserção da primeira ramificação até o ápice da ramificação principal, expresso em metros; e iv) número de ramificações do pendão (NRP) obtido pela média da contagem do número de ramificações dos pendões.

Morfologia do colmo: i) altura da planta (AP), mensurada, em metros, a distância do nível do solo à inserção da folha bandeira e do nível do solo; ii) altura na inserção da primeira espiga (AE), mensurada em metros a nível do solo até à base de inserção da primeira espiga; iii) número de internódios do colmo (NIC); e, iv) diâmetro médio de colmo (DC): cerca de 0,50 m acima do nível do solo, este definido por meio da utilização de paquímetro digital, expresso em centímetros.

Morfologia das folhas: i) número total de folhas (NTF); ii) número de folhas acima da primeira espiga (NFE); iii) forma da ponta da folha acima da primeira espiga (FPF) (1- pontiaguda, 2- pontiaguda arredondada); iv) ângulo entre a laminar foliar e (AFC)(1-pequeno, 2-mé-dio, 3-grande); e, v) comprimento laminar da folha (CLF) acima da primeira espiga, mensurada com uma fita métrica em metros.

### *Análise estatística*

#### Análise de variância

A análise de variância para o delineamento em blocos ao acaso foi de acordo com o modelo:  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$ , em que:  $Y_{ij}$ : valor observado na parcela que recebeu o genótipo  $i$  no bloco  $j$ ;  $\mu$ : média geral do experimento;  $g_i$ : efeito do genótipo  $i$ ,  $i= 1, 2, \dots, 10$ ;  $b_j$ : efeito da repetição  $j$ ,  $j= 1, 2, \dots, 4$ ; e,  $e_{ij}$ : erro experimental associado à observação  $Y_{ij}$ , sendo NID  $(0, \sigma^2)$ . Detectada a diferença significativa entre os genótipos de milho nas características avaliadas, efetuou-se o teste de média de Tukey a 5% de probabilidade, para averiguação da comparação entre os genótipos de milho.

#### Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos

Para a estimação dos parâmetros relacionados à análise conjunta, serão utilizados os estimadores: a) Coeficiente de variação genético:  $CV_g(\%) = 100 \left( \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{X} \right) = 100 \left( \frac{\sqrt{\frac{QMT-QMR}{r}}}{X} \right)$  em que:  $\sigma_g^2$  = Variância genotípica entre tratamentos (milhos);  $X$  = média;  $QMT$  = quadrado médio de tratamentos;  $QMR$  = quadrado médio do resíduo; e,  $r$  = número de repetições; b) Coeficiente de variação

experimental:  $CV_e(\%) = 100 \left( \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \right) = 100 \left( \frac{\sqrt{QMR}}{\bar{X}} \right)$  em que:  $\sigma_e^2$  = variância média residual; QMR = quadrado médio residual;

c) Herdabilidade com base na média de tratamentos;  $h_{\bar{X}}^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} = \frac{QMT - QMR}{QMT}$  em que:

$\sigma_g^2$  = variância genotípica entre tratamentos;  $\sigma_f^2$  = variância fenotípica entre tratamentos; d) Índice de variação;  $I_v(\%) = 100 \left( \frac{CV_g}{CV_e} \right)$  em que:  $CV_g$  = Coeficiente de Variação Genético;  $CV_e$  = Coeficiente de Variação Experimental.

### **Dissimilaridade entre os tipos de milho baseado em informações morfológicas.**

Os dados fenotípicos serão analisados com o auxílio do *software* Genes (CRUZ, 2013), em que na plataforma de análises multivariadas serão extraídas as matrizes de distâncias genéticas por meio de diferentes algoritmos, sendo uma a distância generalizada de Mahalanobis (MAHALANOBIS,

1936), expressa por:

$$D_{ii'}^2 = \delta_{ii'}' \varphi^{-1} \delta_{ii'}$$

em que:  $D_{ii'}^2$ : é a distância generalizada de Mahalanobis entre os acessos  $i$  e  $i'$ , sendo  $i = 1, 2, g$ ;  $\delta_{ii}'$ :  $[d_1 d_2 \dots d_p]$ , sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ ;  $Y_{ij}$ : é a média do  $i$ -ésimo acesso em relação à  $j$ -ésima variável, sendo  $j = 1, 2, \dots, p$ ;  $\varphi^{-1}$ : é a inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Após a estimação das matrizes de distâncias genéticas serão realizados os agrupamentos pelos métodos hierárquicos UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Average) utilizados para as características fenotípicas. O ponto de corte para determinação do número de grupos em cada agrupamento será definido conforme expressão proposta por MOJENA (1977). A consistência dos métodos de agrupamentos será avaliada pelos coeficientes de correlação cofenética (CCC), onde as significâncias dos CCC serão examinadas pelo teste de Mantel (MANTEL, 1967).

Todos os cálculos referentes às análises estatísticas para as características agrônômicas foram executados utilizando o *software* Genes (CRUZ, 2013).

## **Resultados e Discussão**

### *Parâmetros genéticos e caracterização dos diferentes tipos de milho quanto aspectos morfológicos*

As características dos genótipos, bem como a mensuração dos parâmetros genéticos são importantes para que o melhorista além de conhecer a descrição de seu caráter quanto a variabilidade, influência ambiental e qualidade dos dados, possa tomar decisões na seleção dos genótipos superiores. Ocorreu diferenças significativas pelo teste F em nível de 1% de probabilidade para a maioria das características, com exceção da característica altura de plantas (Tabela 2), salientando a variabilidade genética entre os genótipos de milho proporcionando assim seleção dos melhores. Essa variabilidade genética entre os genótipos é imprescindível para a escolha dos superiores, de forma a obter com êxito os progressos com a seleção (RAMALHO et al. 2012).

Em relação aos parâmetros genéticos, os coeficientes de variação experimental (CVe%) das características, segundo Gomes (2000), em experimentos de campo com coeficientes de variação

ambientais de até 15% são considerados de ótima precisão, o que ocorreu em todas as características do presente estudo (Tabela 2). Os valores de CVe variaram de 0,65% (CLF) a 12,48% (NRP) consideradas de maneira a ter uma boa precisão. Porém, para a cultura do milho, os CVes mais atuais são propostos por Fritsche-Neto et al. (2012) em alguns descritores, como nas características altura de plantas e altura de espigas, no qual no presente trabalho foi verificado que obteve CVs intermediários de acordo com o autor, entre 3,56 a 8,25% para altura de plantas e 4,59 a 10,76% para altura de espiga. Os Iv's (Índice de Variação) foram superiores a 1,0 para a maioria das características (NTF, CLF, AP, AE, NRP, CLF, FF) (Tabela 2), podendo concluir que os valores genéticos estão se sobrepondo aos valores ambientais. Também houve elevadas estimativas de herdabilidade, acima de 80% para a maioria das características (com exceção das características NFE, NIC, FPF, DC, CP), o que percebe uma melhor alternativa de seleção daquelas superiores. Desta forma, os materiais se mostraram de boa qualidade e os valores genéticos são notáveis, o que ajudam o melhorista na distinção de genótipos superiores.

**Tabela 2.** Análise de variância e parâmetros de treze caracteres morfológicos em diferentes genótipos de milho em couro de Magalhães de Minas-MG safra 2017/2018

FV	GL	QM <sup>1</sup>												
		CP	NRP	FM	FF	NIC	DC	AP	AE	NTF	NFE	FPF	ALFC	CLF
Blocos	3	0,00	25,51	0,22	0,69	3,69	0,00	0,06	0,05	2,27	0,62	0,01	0,02	0,03
Tratamento	9	0,00*	47,53**	33,83**	30,74**	1,54*	0,00**	0,29	0,25**	2,51**	0,33**	0,09*	0,63*	0,01**
Resíduo	27	0,00	5,22	0,20	1,59	0,65	0,00	0,02	0,01	0,43	0,09	0,04	0,07	0,00
Media		0,45	20,62	69,32	70,52	15,61	0,22	2,34	1,34	15,97	6,33	1,65	2,10	0,85
Parametros <sup>2</sup>														
Cvg	-	4,19	15,71	4,18	3,82	3,01	3,63	11,15	18,10	4,51	3,84	7,13	17,80	6,66
Cve	-	6,31	11,08	0,65	1,79	5,17	5,46	6,23	7,18	4,11	4,91	12,48	13,11	3,55
Iv	-	0,66	1,42	6,38	2,13	0,58	0,66	1,79	2,52	1,10	0,78	0,57	1,35	1,87
h <sup>2</sup>	-	63,86	89,01	99,38	94,79	57,58	63,88	92,75	96,21	88,82	70,08	56,65	88,04	93,36

<sup>1/</sup> CP= comprimento do pendão (m); NRP = número de ramificações do pendão; FM= florescimento masculino; FM= florescimento feminino; NIC= número de internódios do colmo; DC= diâmetro do colmo (m); AP = altura de planta (m); AE = altura de espiga (m); NTF = número total de folhas; NFE= número de folhas por espiga; FPF= forma da ponta da folha; ALF= ângulo laminar foliar caule; CLF = comprimento da lâmina foliar (m).

<sup>2/</sup> CVg = coeficiente de variação genético; CVe = coeficiente de variação experimental; Iv = índice de variação; e h<sup>2</sup> = herdabilidade com base na média dos tratamentos. ns, \*\*, \* = não significativo, significativo em p<0,01 e p<0,05, respectivamente pelo teste F

Na característica número de ramificação do pendão (NRP) os genótipos com valores superiores foram o CR5 (28) e CR2 (23) que não apresentaram diferenças entre si e o menor valor foi para o genótipo Piranão (17) (Tabela 3). De acordo com Lima (2006), em um pendão existe milhares de anteras, sendo de grande importância uma maior quantidade de ramificações para que superior ao número de óvulos, seja garantido a fecundação de todos. Já para a característica comprimento de pendão, os genótipos não apresentaram diferenças estáticas entre si, obtendo média de 0,45 m.

Já para florescimento masculino (FM) ocorreu o contrário nesses mesmos genótipos; o Piranão 71 dias, enquanto que os genótipos CR5 e CR2 aos 69 e 61 dias, respectivamente (Tabela 3), o que pode concluir que o florescimento adiantado está associado com pendões ramificados. Para o florescimento feminino (FF) constata-se a distinção entre os genótipos de milho variando de 63 dias (CR 2) a 74 dias (CR 1) (Tabela 3), posteriormente ao plantio. Este efeito afirma o mecanismo que propicia a alogamia em milho - protandria (amadurecimento dos órgãos sexuais masculinos acontecem antes dos órgãos femininos). Segundo Lima (2006) quando se tem uma falta de sincronismo no cruzamento feminino e masculino, esta pode estar relacionada com o grande adensamento do dossel

assim ocasionando uma esterilidade, provocada por um decréscimo das gemas laterais tendo efeito direto na produção de grãos. Os genótipos CR6, UFVM 200 e AF 505 tiveram os mesmos dias de florescimento masculino e feminino. Infere-se que a maior parte das variedades crioulas mostram protandria, os materiais comerciais manifestam simultaneidade no florescimento.

**Tabela 3.** Características de florescimento e do pendão em diferentes genótipos de milho. Couto de Magalhães-MG, safra 2017/2018

Genótipos	<sup>1</sup> CP	NRP	FM	FF
CR1	0,44 a	22,38 bc	70,50 ab	74,0 a
CR2	0,435 a	22,91 ab	61,25 d	63,50 c
CR3	0,49 a	17,69 bc	70,25 b	72,50 ab
CR4	0,49 a	19,53 bc	70,00 bc	70,50 b
CR5	0,44 a	28,29 a	69,00 c	70,50 b
CR6	0,43 a	17,47 bc	70,00 bc	70,25 b
Piranão	0,48 a	17,31 c	71,5 a	72,25 ab
Cimmyti	0,44 a	22,60 bc	70,75 ab	71,25 ab
UFVJM <sup>1</sup>	0,48 a	18,78 bc	70,00 bc	70,00 b
AF 505 <sup>1</sup>	0,435 a	19,25 bc	70,00 bc	70,50 b
Média	0,45	20,62	69,32	70,52
CV	6,31	11,08	0,65	1,79

<sup>1</sup>/ CP= comprimento do pendão (m); NRP = número de ramificações do pendão; FM= florescimento masculino; FF= florescimento feminino

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste de Tukey em nível de 5% de significância.

Quanto à altura da planta, destacaram as variedades CR1 e CR5 com 2,54m e 2,88m (Tabela 4). A variedade CR5 apresentou o mais elevado ponto de inserção da primeira espiga, com 1,91m, porém, este genótipo apresentou menor valor de diâmetro de colmo (0,20 cm). De acordo com Moraes e Brito (2008), o acamamento do milho traz inúmeros prejuízos, pois tende a retardar as operações mecanizadas e coloca a espiga de milho em contato com o solo, assim comprometendo o grão de milho, sendo o colmo responsável pela sustentação da planta e também órgão de reserva, isso até o momento antes da formação da espiga. Para o caráter número de internódios do colmo os dez genótipos não apresentaram diferença estatística entre si, com média de 15,61.

Resultados com altos valores de altura de plantas e inserção de espigas no colmo também foram registrados por outros autores (ARAÚJO; NASS, 2002), porém variedades crioulas que apresentam um porte mais elevado, altura de inserção da primeira espiga também elevada, aliado a um diâmetro de colmo inferior tornam essas plantas propícias ao acamamento em relação as variedades comerciais (FERREIRA et al., 2009), além de dificultar o processo de colheita (CRUZ et al., 2006). No entanto, plantas mais altas possuem vantagens quando empregadas no preparo da alimentação animal, tanto a silagem quanto a produção de palhada sobre o solo (SILVEIRA et al., 2015).

**Tabela 4.** Características do colmo em diferentes genótipos de milho. Couto de Magalhães-MG, safra 2017/2018.

Genótipos	<sup>1</sup> NI	DC	AP	AE
CR1	16,82 a	0,23 a	2,54 ab	1,51 b
CR2	16,28 a	0,22 ab	2,48 bc	1,45 b
CR3	15,57 a	0,23 a	2,41 bcd	1,36 bcd
CR4	15,158 a	0,22 ab	2,40 bcd	1,38 bc
CR5	15,58 a	0,20 b	2,88 a	1,91 a
CR6	14,97 a	0,22 ab	2,09 de	1,16 cde
Piranão	16,00 a	0,21 ab	2,09 de	1,12 e
Cimmity	15,13 a	0,21 ab	1,97 e	1,10 e
UFVJM <sup>1</sup>	15,75 a	0,21 ab	2,15 cde	1,15 de
AF 505 <sup>1</sup>	14,88 a	0,22 ab	2,40 bcd	1,31 bcde
Média	15,61	0,22	2,34	1,34
CV	5,71	5,46	6,23	7,18

<sup>1</sup>NIC= número de internódios do colmo; DC= diâmetro do colmo (m); AP = altura de planta (m); AE = altura de espiga (m).

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste de Tukey em nível de 5% de significância.

Para o caráter número total de folhas observa-se que a variedade CR1 apresentou o maior resultado, com média de 16,85 folhas por planta. Já a variedade CR6 destaca-se com o menor valor 14,54 (Tabela 5). Em relação ao número de folhas acima da primeira espiga, a variedade AF505 (milho doce) obteve o melhor valor (6,76) se diferenciando da variedade CR5 que por sua vez apresentou o menor valor de número de folhas acima da primeira espiga (5,88). De acordo com Vieira et al. (2010) a quantidade de folhas por planta tem relação com a quantidade de biomassa, se tratando da altura da planta.

**Tabela 5.** Características da folha em diferentes genótipos de milho. Couto de Magalhães-MG, safra 2017/2018

Genótipos	<sup>1</sup> NTF	NFE	FPF	ALF	CLF
CR1	16,85 a	6,63 ab	1,50 a	1,97 b	0,81 cd
CR2	16,63 ab	6,38 ab	1,53 a	1,85 b	0,85 bc
CR3	16,16 ab	6,50 ab	1,44 a	2,06 b	0,89 b
CR4	15,25 bc	6,19 ab	1,72 a	2,06 b	0,97 a
CR5	16,13 abc	5,88 b	1,46 a	3,16 a	0,88 bc
CR6	14,54 c	6,35 ab	1,75 a	1,85 b	0,85 bc
Piranão	16,85 ab	6,472 ab	1,878 a	1,82 b	0,82 cd
Cimmyti	16,56 ab	5,88 b	1,72 a	1,88 b	0,75 d



UFVJM <sup>1</sup>	15,29 abc	6,38 ab	1,72 a	2,22 b	0,86 bc
AF 505 <sup>1</sup>	15,50 abc	6,76 a	1,82 a	2,16 b	0,85 bc
Média	15,97	6,34	1,65	2,10	0,85
CV	4,11	4,91	12,49	13,11	3,55

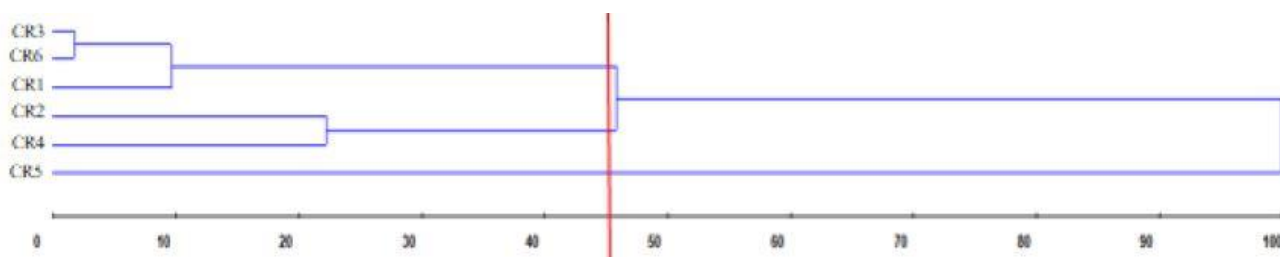
<sup>1</sup>/NTF = número total de folhas; NFE= número de folhas por espiga; FPF= forma da ponta da folha; ALF= ângulo laminar foliar caule; CLF = comprimento da lâmina foliar (m).

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste de Tukey em nível de 5% de significância.

Além disso, observou-se também a variação entre os genótipos de milho quanto a relação do comprimento lâminar foliar e o ângulo, sendo que para a variedade CR4 (0,97 m) de maior valor, enquanto Cimmity apresentou menor valor (0,75 m). Segundo Agenta et al. (2001) a interceptação de luz proporciona grande influência no dossel e a ação fotossintética ativa tem influência direta na produção de grãos, isso quando o milho se encontra em condições favoráveis de solo e ambiente. No entanto para os caracteres forma da ponta da folha e ângulo laminar folha caule, os dez genótipos não se diferenciaram estatisticamente, com média de 1,65 (correspondente entre folha pontiaguda e pontiaguda arredondada) e 2,10 (correspondente ao ângulo médio a grande) respectivamente.

#### *Dissimilaridade entre os diferentes genótipos de milho crioulos baseado em informações morfológicas*

Quanto a análise da divergência genética, o valor do coeficiente de correlação cofenético obtido foi de 0,81, indicando uma boa concordância entre a disposição gráfica da distância genética a partir do dendrograma, pelo agrupamento de UPGMA e a matriz original obtida entre as medidas de distância generalizada de Mahalanobis. O ponto de corte para determinação do número de grupos foi definido pela proposta de Mojena em 45% de distância genética e assim, os genótipos foram divididos em 3 grupos (Figura 1).

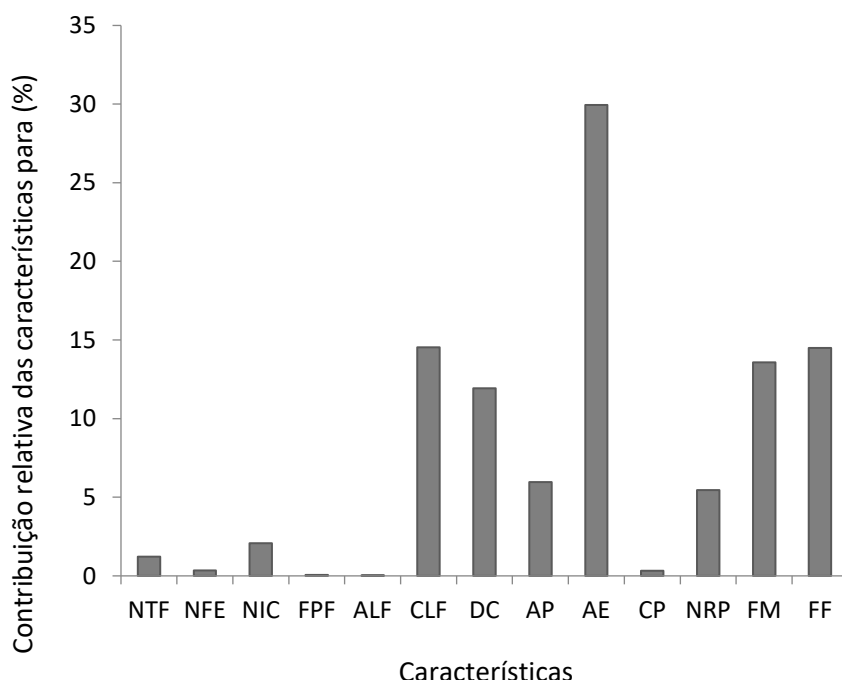


**Figura 1.** Dendrograma obtido pelo método UPGMA, com base na distância generalizada de Mahalanobis entre seis genótipos de milho crioulo com base em treze características foliares, do colmo e florescimento em Couto Magalhães de Minas-MG, safra 2017/2018.

O primeiro grupo foi composto pelos genótipos CR1, CR3, CR6; nota-se que os milhos crioulos CR3 e CR6 apresentaram uma maior similaridade genética de 95% (distância próxima de 5%), podem ser por serem oriundo da mesma região (Couto de Magalhães de Minas), sendo provável uma ancestralidade em comum. O segundo grupo, pelo CR2 (oriundo de Viçosa) e CR4 (oriundo de Couto Magalhães de Minas), que se mostraram com uma similaridade genética de 75% (distância próxima de 25%), o que é devido as médias das características avaliadas serem mais próximas. E o terceiro grupo apenas CR5. É possível perceber que os grupos foram formados de acordo com a origem

genética do material avaliado, com exceção do grupo que foi composto por genótipos de Viçosa e Couto de Magalhaes de Minas, o que é explicado pelo fato dos genótipos de Viçosa serem cultivados a três gerações na região de Couto de Magalhães de Minas. No terceiro grupo, a variedade CR5 ficou isolada, de origem genética de São Gonçalo de Rio Preto, apresentou características divergentes dos demais milhos crioulos.

Dentre as características avaliadas, as que mais contribuíram para a divergência genética foram: altura média de espiga (30%) (Figura 2), podendo usá-la para uma possível seleção dentre os genótipos. Estes resultados divergentes de altura média de espiga deve direcionar como é a condição de cada agricultor familiar no que diz respeito principalmente com a colheita. Pois, geralmente, na maioria das vezes é de forma manual, é de preferência que a espiga esteja em menor altura. No entanto, plantas com espigas mais altas, e indiretamente a altura da planta também elevada, poderá possuir vantagens no preparo da alimentação animal, tanto a silagem quanto a produção de palhada sobre o solo (SILVEIRA et al., 2015).



**Figura 2.** Importância relativa dos descritores quantitativos na predição da divergência genética entre seis genótipos de milho crioulo com base em treze características foliares, do colmo e florescimento em Couto Magalhães de Minas-MG, safra 2017/2018

NTF = número total de folhas; CLF = comprimento da lâmina foliar (m); AP = altura de planta (m); AE = altura de espiga (m); e, NRP = número de ramificações do pendão; NFE= número de folhas por espiga; NIC= número de internódios do colmo; FPF= forma da ponta da folha; ALF= ângulo laminar foliar; CLF= comprimento da lamina foliar; DC= diâmetro do colmo (m); CP= comprimento do pendão (m); FM= florescimento masculino; FM= florescimento feminino.

## Conclusão

Diante dos resultados apresentados, os genótipos de milho crioulos CR2 (Viçosa MG) e CR5 (São Gonçalo do Rio Preto) apresentaram os melhores valores para o número de ramificações do pendão, característica esta que pode contribuir para possível melhoramento, podendo ocasionar maior

produção de grãos; o genótipo do milho AF 505 apresentou número de folhas satisfatório em relação aos demais genótipos de milhos, que se deve ao processo de captação de dióxido de carbono para a fotossíntese importante para a produção de fotossimilados para o grão; as variedades de milho crioulos avaliados apresentam divergência genética, a característica morfológica que mais contribui para a divergência genética é a altura média de inserção da espiga.

### Agradecimentos

Os autores agradecem ao Projeto Milho Crioulo pelos recursos disponibilizados para o desenvolvimento da pesquisa e ao Professor Dr. Messias Gonzaga Pereira pela doação das sementes das variedades melhoradas Piranão e Cimmyti, desenvolvidas na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

### Referências bibliográficas

- ABREU, L.; CANSI, E.; JURIATTI, C. Avaliação do rendimento sócio-econômico de variedades crioulas e híbridos comerciais de milho na microrregião de Chapecó. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v.2, n.1, p.1230-1233, 2007.
- ARAÚJO, P. M.; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, v.59, n.3, p.589-593, 2002.
- ARGENTA, G.; SILVA, P.R.F.; SAGOI, L. Arranjo de Plantas em Milho: Análise do Estado-da-Arte. **Ciência Rural**. v.31, n.6, p.1075-1084, 2001.
- CLIMATE-DATA. **Clima: Couto de Magalhães de Minas - MG**. 2017. Disponível na Internet <https://pt.climate-data.org/location/176215/>. Acesso em: 18 de agosto 2017.
- COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; CRUZ, C.D.; MELO, A.V.; ECKERT, F.R. Characterization and genetic divergence of corn populations rescued from the region southeastern of Minas Gerais. **Revista de Ciências Agrônomicas**, v.41, n.1, p.159-166, 2010.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Levantamento da safra de grãos. 2017. Disponível na Internet <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos?limitstart=0>. Acesso em: 30 de abril de 2018.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
- 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.
- CRUZ, J.C.; FILHO, I.A.P.; ALVARENGA, R.C.; NETO, M.M.G.; VIANA, J.H.M.; OLIVEIRA, M.F.; SANTANA, D.P. **Manejo da Cultura do Milho**. Sete Lagoas: Embrapa (Circular Técnica, 87), 2006.
- EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: UNB, 2013. 353p.
- FERREIRA, J.M.; MOREIRA, R.M.P.; HIDALGO, J.A.F. Capacidade combinatória e heterose em populações de milho crioulo. **Ciência Rural**, v.39, n.2, p.332-339, 2009.
- FRITSCHÉ-NETO, R.; VIEIRA, R.A.; SCAPIM, C.A.; MIRANDA, G.V.; REZENDE, L.M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum Agronomy**, n.34, n.1, p.99-101, 2012.
- GOMES, F.P. **Curso de Estatística Experimental**. Piracicaba: Frederico Pimentel Gomes, 2000.
- LIMA, J.L. **Genético do Florescimento em Milho**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras, 2006. p.56.
- MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences**, v.2, p.49-55, 1936.

- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer research**, 27: 209-220, 1967.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v.20, n.4, p.359-363, 1977.
- MORAES, D.F.; BRITO, C.H. Análise de Possível Correlação entre as Características Morfológicas do colmo do milho e o Acamamento. **Horizonte Científico**, v.2, n.2, 2008.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.D.F.; SANTOS, J.D.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1ª Ed. Lavras: UFLA, 2012. 522p.
- SILVEIRA, D.C.; BONETTI, L.P.; TRAGNAGO, J.L.; NETO, N.; MONTEIRO, V. Agromorphologic characterization of mayze land varieties in the northwest region of Rio Grande do Sul. **Revista Ciência e Tecnologia**. v.1, n.1, p. 1-11, 2015.
- VIEIRA, M.A.; CAMARGO, M.K.; DAROS, E.; ZAGONEL, J.Z.; KOEHLER, H.S. Cultivares de milho e população de plantas que afetam a produtividade de espigas verdes. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 1, p.81-86, 2010.

Recebido em 11/02/2019

Aceito em 08/03/2019