

Seleção de populações de retrocruzamento para extração de linhagens de milho

Thiago Ricielli de Paula Aragão⁽¹⁾; Melina Teixeira Andrade⁽²⁾; Claudio Lopes de Souza Junior⁽³⁾

⁽¹⁾ Doutorando em genética e melhoramento de plantas; Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”/Universidade de São Paulo (ESALQ/USP); Piracicaba, SP; thiagoricelli@usp.br; Bolsista CNPq; ⁽²⁾ Doutoranda em genética e melhoramento de plantas; ESALQ/USP; melinateixeira@usp.br; Bolsista CNPq ⁽³⁾ Professor titular do Departamento de Genética; ESALQ/USP; clsouza@usp.br.

RESUMO: Populações de retrocruzamento são fontes importantes para o desenvolvimento de novas linhagens e para o melhoramento de híbridos de milho. Logo, o objetivo deste trabalho foi analisar o potencial de duas populações de retrocruzamento, cruzadas com dois testadores, para a obtenção de linhagens. Cem progênies $F_{2:3}$ foram retrocruzadas para ambas linhagens genitoras L-08-05F (RC_1) e L-38-05D (RC_2) e as progênies de retrocruzamento foram cruzadas com duas linhagens testadoras, L-02-03D (T_1) e L-04-05F (T_2), resultando em duas populações com 200 testecrosses (100 RC_1T_1 , 100 RC_2T_1 , 100 RC_1T_2 e 100 RC_2T_2). Os testecrosses foram avaliados em dez ambientes e com base nas análises de variâncias conjuntas foi estimada para cada população de retrocruzamento cruzada com cada testador a variância genética entre testecrosses, variância fenotípica com base em médias, variância da interação testecrosses x ambientes, coeficiente de herdabilidade e resposta esperada com a seleção (RS). Os testecrosses da população RC_2 cruzada com o testador L-02-03D apresentaram a maior média de produção de grãos, maior variabilidade genética, coeficiente de herdabilidade elevado e a maior RS , 0,78 t ha⁻¹ ou 9,91%. A interação testecrosses x ambientes foi significativa para as duas populações cruzadas com ambos os testadores. O testador L-02-03D contribuiu para elevar a média de produção de grãos, variabilidade genética e RS . Portanto, a população de retrocruzamento RC_2 tem maior potencial para extração de linhagens e a linhagem elite L-02-03D é superior à L-04-05F como testador.

Termos de indexação: melhoramento genético, produção de grãos, testecrosses.

INTRODUÇÃO

Aproximadamente de 50% a 60% do incremento na produtividade do milho nas últimas décadas são atribuídos ao contínuo melhoramento genético de híbridos, através da seleção de novas linhagens endogâmicas, as quais são utilizadas como genitoras dos novos híbridos (Duvick, 2005).

Dentre as diversas fontes de germoplasmas disponíveis para o desenvolvimento de novas linhagens endogâmicas, as populações de base genética estreita, como as populações de retrocruzamentos, são amplamente utilizadas nos programas privados de melhoramento genético de milho (Souza Junior et al., 2010).

Uma vez que o sucesso do melhoramento genético é determinado pela escolha das fontes de germoplasma (Fountain & Hallauer, 1996), a avaliação e identificação das melhores populações para a obtenção de linhagens é de suma importância dentro de um programa de melhoramento.

Tipicamente, a avaliação destas populações é realizada por meio da performance produtiva de suas progênies cruzadas com uma ou mais linhagens testadoras (Bernardo, 1996), e uma das principais ferramentas para analisar de forma técnica diferentes populações dentro um programa de melhoramento, é a obtenção da resposta à seleção.

Assim, este trabalho teve como objetivo analisar o potencial de duas populações de retrocruzamento de milho, cruzadas com dois testadores, para a obtenção de linhagens.

MATERIAL E MÉTODOS

Material genético

A partir do cruzamento entre as linhagens endogâmicas L-08-05F (P_1 – grãos duros e

alaranjados) e L-38-05D (P_2 – grãos dentados e amarelos) foi obtida a geração F_1 e posteriormente por meio de autofecundação uma população F_2 . Desta população uma amostra de 100 plantas foi autofecundada gerando 100 progênies $F_{2:3}$, as quais foram retrocruzadas com ambas as linhagens genitoras, resultando em duas populações de retrocruzamento (RC_1 e RC_2), com 100 progênies cada, no ano agrícola 2007/08. No inverno de 2008, as progênies de retrocruzamento foram cruzadas com duas linhagens elites testadoras, L-02-03D (T_1 – grãos dentados e amarelos) e L-04-05F (T_2 – grãos duros e alaranjados), gerando assim 200 testecrosses para cada população de retrocruzamento (100 RC_1T_1 , 100 RC_2T_1 , 100 RC_1T_2 e 100 RC_2T_2). Todas as linhagens utilizadas foram obtidas pelo Programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP.

Delineamento e análises estatístico-genéticas

Os testecrosses foram avaliados nos anos agrícolas de 2008/09 e 2009/10 em dez ambientes, sendo a combinação local x ano agrícola considerada como um ambiente distinto. Os locais de avaliação foram as Estações Experimentais pertencentes ao Departamento de Genética da ESALQ/USP localizadas no município de Piracicaba/SP, mas com diferentes tipos de solo e presença ou ausência de irrigação por aspersão convencional.

Os testecrosses, RC_1T_1 , RC_2T_1 , RC_1T_2 e RC_2T_2 , foram avaliados em experimentos alocados em áreas adjacentes no mesmo ambiente, sendo utilizado o delineamento alfa-látice 5x20, com duas repetições, em que cada parcela foi constituída de uma linha de 4,00 m com espaçamento de 0,80 m entre parcelas e 0,20 m entre plantas, correspondendo a uma população de 62.500 plantas ha^{-1} . Foi analisado o caráter produção de grãos ($t ha^{-1}$) ajustado para 15,5% de umidade e pelo estande médio da parcela.

Foram realizadas análises de variâncias individuais e a partir destas, utilizando as médias ajustadas e os erros efetivos, foram realizadas análises de variâncias conjuntas entre os ambientes para cada população de retrocruzamento em seu cruzamento com cada um dos testadores conforme o modelo matemático aleatório:

$$Y_{ij} = m + t_i + a_j + ta_{ij} + e_{ij},$$

em que Y_{ij} é o valor da produção de grãos do i -ésimo testecross, no j -ésimo ambiente; m é a média geral; t_i é o efeito aleatório do testecrosses i , sendo $i = 1, \dots, 100$; a_j é o efeito aleatório do ambiente j , sendo $j = 1, \dots, 10$; ta_{ij} é o efeito aleatório da ij -ésima interação testecrosses x ambientes; e_{ij} é o erro efetivo médio associado à observação Y_{ij} .

As variâncias genéticas entre testecrosses [$\hat{\sigma}_t^2 = (QM_t - QM_{txa}) / JK$], variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_F^2 = QM_t / JK$) e variâncias das interações testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{txa}^2 = QM_{txa} - QM_e / K$) foram estimadas com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises de variâncias conjuntas. QM_t , QM_{txa} e QM_e referem-se aos quadrados médios das fontes de variação de testecrosses, da interação testecrosses x ambientes e do erro efetivo médio, respectivamente. J refere-se ao número de ambientes e K de repetições.

Posteriormente foram estimados os coeficientes de herdabilidade em nível de médias ($\hat{h}^2 = \hat{\sigma}_t^2 / \hat{\sigma}_F^2$) e as respostas esperadas com a seleção ($RS = i\sqrt{\hat{\sigma}_t^2} \sqrt{h^2}$), considerando seleção truncada com uma intensidade de seleção de 10%. i é o diferencial de seleção standardizado, sendo $i = 1,76$. As respostas esperadas com a seleção foram obtidas em porcentagem pela expressão $100(RS/m)$, sendo m a média fenotípica. Intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade para as estimativas de variâncias, coeficientes de herdabilidade e respostas esperadas com a seleção foram calculados conforme Burdick & Graybill (1992), Knapp et al. (1985) e Bridges et al. (1991), respectivamente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média geral dos testecrosses da população RC_2 cruzada como o testador L-02-03D (RC_2T_1) foi estatisticamente superior à média de RC_1T_1 , 7,86 vs 7,69 $t ha^{-1}$, no entanto, o intervalo de variação das médias foi similar entre as duas populações, com testecrosses produzindo de 5,85 ou 5,87 $t ha^{-1}$ à 8,67 ou 8,68 $t ha^{-1}$, respectivamente para RC_2T_1 e RC_1T_1 . Da mesma forma, a média geral dos testecrosses da população RC_2 cruzada com o testador L-04-05F (RC_2T_2) foi estatisticamente superior à média de RC_1T_2 , 7,52 vs 7,12 $t ha^{-1}$, porém, apesar de RC_1T_2 ter apresentado uma maior amplitude de variação, 5,89 à 8,07 $t ha^{-1}$, RC_2T_2 apresentou testecrosses mais produtivos, com a produção variando de 6,26 à 8,36 $t ha^{-1}$ (Tabela 1). Ressalta-se ainda, que os testecrosses provenientes do testador L-02-03D apresentaram produção de grãos superiores aos do testador L-04-05F, em ambas as populações de retrocruzamentos. Assim, o testador L-02-03D e a linhagem genitora L-38-05D contribuíram mais para a produção de grãos dos testecrosses, resultando em populações mais produtivas.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) variaram de 13,06% a 14,98% (**Tabela 1**), estando dentro dos limites observados em experimentação com milho para o caráter produção de grãos (Hallauer et al., 2010) e evidenciam boa precisão na condução dos experimentos.

Nas análises de variâncias conjuntas, os efeitos de ambientes, de testecrosses e da interação testecrosses x ambientes foram altamente significativas ($p \leq 0,01$) para as duas populações cruzadas com ambos os testadores, indicando que houve diferenças entre os ambientes de avaliação, que cada população obtida apresentou variabilidade genética para a produção de grãos e que ocorreu uma performance diferencial dos testecrosses entre os ambientes, respectivamente (**Tabela 1**).

As estimativas de variância genética entre testecrosses ($\hat{\sigma}_t^2$) de RC_1T_1 e RC_2T_1 diferiram estatisticamente entre si, indicando a presença de epistasia, a qual contribuiu de forma favorável para a variabilidade de RC_2T_1 . Já as $\hat{\sigma}_t^2$ de RC_1T_2 e RC_2T_2 não diferiram entre si, como esperado na ausência de epistasia (Eta-Ndu & Openshaw, 1999). Estes resultados indicam que o testador teve influência na detecção de epistasia. Além disso, de forma geral, as $\hat{\sigma}_t^2$ foram superiores nos testecrosses provenientes do testador L-02-03D, indicando que este testador contribuiu mais para a variabilidade detectada em relação ao testador L-04-05F (**Tabela 2**).

As estimativas das variâncias das interações testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{\text{bxa}}^2$) não diferiram entre as populações RC_1 e RC_2 em cada testador (**Tabela 2**). A magnitude da $\hat{\sigma}_{\text{bxa}}^2$ em relação à $\hat{\sigma}_t^2$ confirma a importância do ambiente na expressão do caráter produção de grãos para todas as populações analisadas, reforçando a importância da avaliação de genótipos em vários ambientes nos programas de melhoramento de milho, visando a seleção de híbridos superiores que sejam amplamente adaptados e altamente estáveis (Eberhart & Russel, 1966).

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade (\hat{h}^2) diferiram de zero para as duas populações cruzadas com ambos os testadores, em que a maior \hat{h}^2 foi de 0,73, obtida para RC_2T_1 , sendo estatisticamente superior às demais (**Tabela 2**).

Como a resposta esperada com a seleção (RS) é função da \hat{h}^2 e da $\hat{\sigma}_t^2$, nota-se que a maior RS também foi obtida para RC_2T_1 , com um ganho de produtividade esperado após a seleção de 0,78 t ha⁻¹ ou 9,91%, estatisticamente superior à RS de 0,52 t ha⁻¹ ou 6,80% obtida para RC_1T_1 . Já as populações

RC_1 e RC_2 cruzadas com o testador L-04-05F, apresentaram RS inferiores em relação ao cruzamento com o testador L-02-03D, obtendo-se 0,28 t ha⁻¹ ou 3,91% para RC_1T_2 e 0,32 t ha⁻¹ ou 4,23% para RC_2T_2 , não diferindo entre si (**Tabela 2**).

Estes resultados indicam a importância de avaliar as populações em cruzamentos com mais de um testador, pois a linhagem elite L-02-03D contribuiu com o aumento da média de produção de grãos das populações e elevou a variabilidade genética e a resposta esperada com a seleção, possibilitando assim obter novas e melhores linhagens endogâmicas para o melhoramento de híbridos.

CONCLUSÕES

A população de retrocruzamento RC_2 , obtida do retrocruzamento com a linhagem genitora L-38-05D, tem maior potencial para extração de linhagens.

A linhagem elite L-02-03D é superior à L-04-05F como testador para as populações analisadas.

AGRADECIMENTOS

Ao CNPq pelas bolsas de estudo e a Capes pelo apoio financeiro.

REFERÊNCIAS

- BERNARDO, R. Testcross selection prior to further inbreeding in maize: mean performance and realized genetic variance. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 4, p. 867-871, 1996.
- BRIDGES, W. C. Jr.; KNAPP, S. J.; CORNELIUS, P. L. Standard errors and confidence interval estimators for expected selection response. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 2, p. 253-255, 1991.
- BURDICK, R. K.; GRAYBILL, F. A. **Confidence intervals on variance components**. New York: Marcel Dekker, 1992. 211 p.
- DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy**, Amsterdam, v. 86, p. 83-145, 2005.
- EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.
- ETA-NDU, J. T.; OPENSHAW, S. J. Epistasis for grain yield in two F_2 populations of maize. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 346-352, 1999.
- FOUNTAIN, M. O.; HALLAUER, A. R. Genetic variation within maize breeding populations. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 1, p. 26-32, 1996.



HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. 663 p.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heredity on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, 1985.

SOUZA JUNIOR, C. L.; BARRIOS, S. C. L.; MORO, G. V. Performance of maize single-crosses developed from populations improved by a modified reciprocal recurrent selection. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 26, n. 2, p. 198-205, 2010.

Tabela 1 – Quadrados médios (QM) e respectivas significâncias, médias gerais, intervalos de variação, intervalos de confiança da média (IC) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variâncias conjuntas para produção de grãos em testecrosses de milho de duas populações de retrocruzamento (RC₁ e RC₂) cruzadas com dois testadores.

FV	GL	Testador L-02-03D (T ₁)		Testador L-04-05F (T ₂)	
		QM RC ₁	QM RC ₂	QM RC ₁	QM RC ₂
Ambientes/A	9	1.136,83**	1.206,94**	705,15**	860,42**
Testecrosses/T	99	5,07**	7,38**	2,70**	2,72**
TxA	891	2,08**	2,00**	1,54**	1,39**
Erro efetivo médio	610	1,33	1,29	0,99	0,97
CV%		14,98	14,45	13,97	13,06
Média geral		7,69	7,86	7,12	7,52
Intervalo de variação		5,87;8,68	5,85;8,67	5,89;8,07	6,26;8,36
IC _{95%} ^{/1}		7,59;7,79	7,74;7,98	7,05;7,20	7,45;7,60

^{/1} Intervalo de confiança da média a 0,95 de probabilidade. ** significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Tabela 2 – Estimativas das variâncias genéticas entre testecrosses ($\hat{\sigma}_t^2$), variâncias fenotípicas com base em médias ($\hat{\sigma}_F^2$), variâncias da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{txa}^2$), coeficientes de herdabilidade com base em médias (\hat{h}^2), respostas esperadas com a seleção (RS) e respectivos intervalos de confiança (entre parênteses) para produção de grãos em testecrosses de milho de duas populações de retrocruzamento (RC₁ e RC₂) cruzadas com dois testadores.

Estimativas	Testador L-02-03D (T ₁)		Testador L-04-05F (T ₂)	
	RC ₁	RC ₂	RC ₁	RC ₂
$\hat{\sigma}_t^2$	0,15 (0,10;0,26) ^{/1}	0,27 (0,19;0,41)	0,06 (0,03;0,13)	0,07 (0,04;0,13)
$\hat{\sigma}_F^2$	0,25 (0,20;0,34)	0,37 (0,28;0,50)	0,14 (0,10;0,18)	0,14 (0,11;0,18)
$\hat{\sigma}_{txa}^2$	0,38 (0,28;0,53)	0,35 (0,26;0,51)	0,27 (0,20;0,39)	0,21 (0,11;0,33)
\hat{h}^2	0,59 (0,44;0,69)	0,73 (0,63;0,79)	0,43 (0,22;0,57)	0,49 (0,30;0,61)
RS t ha ⁻¹	0,52 (0,34;0,70)	0,78 (0,59;0,97)	0,28 (0,13;0,42)	0,32 (0,18;0,46)
RS%	6,80	9,91	3,91	4,23

^{/1} Intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade.



XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO

“Milho e Sorgo: inovações,
mercados e segurança alimentar”
