

Avaliação de Progênes de Meios-Irmãos do Primeiro Ciclo de Seleção Recorrente Intrapopulacional em Milho.

Mayara Cardoso do Prado⁽¹⁾; Ramon Vinícius de Almeida⁽²⁾; Jeferson Carlos de Oliveira⁽³⁾.

⁽¹⁾Estudante; Instituto Federal do Triângulo Mineiro – *Campus* Uberaba; Uberaba, MG; mayaraprado1995@hotmail.com; ⁽²⁾ Professor; Instituto Federal do Triângulo Mineiro – *Campus* Uberaba; ⁽³⁾ Estudante; Instituto Federal do Triângulo Mineiro – *Campus* Uberaba;

RESUMO: O milho é um dos principais cereais comercializados no mundo, devido a sua ampla utilização. Uma das formas de se aumentar a produtividade é o uso de cultivares melhoradas. Dentre os métodos de melhoramento de populações alógamas, destaca-se a seleção recorrente de progênes de meios-irmãos. Portanto, o objetivo foi avaliar o primeiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de progênes de meios-irmãos do programa de melhoramento que se inicia no Instituto Federal do Triângulo Mineiro. O experimento foi conduzido em Uberaba. Em agosto de 2015 foram obtidas 36 famílias de meios-irmãos, a partir da polinização cruzada de dez cultivares. Em dezembro de 2015 foram dispostas estas famílias em delineamento blocos casualizados, em três blocos, sendo cada um composto por 36 parcelas. Avaliou-se altura de planta e espiga, massa de 100 grãos, massa da espiga despalhada e produtividade. O programa usado para análises dos dados foi o GENES. Após as análises preliminares, foram selecionados 11 progênes de meios-irmãos, para estimar o ganho genético direto predito. Detectou-se diferenças significativas, pelo teste F à 1% de probabilidade, em todas as características mensuradas, evidenciando a existência de variabilidade genética. Todos os coeficientes de variação (CV%) permaneceram abaixo de 17%. A massa da espiga despalhada apresentou maior herdabilidade do que produtividade, que pode ser explicado pelas condições ambientais. Com relação aos ganhos diretos preditos, verificou-se que a produtividade obteve a maior magnitude. As estimativas de CVg/CVe foram em geral altas, indicando suficiente variabilidade genética para os caracteres agrônômicos avaliados, com destaque para massa de espiga despalhada.

Termos de indexação: genética quantitativa, melhoramento genético, *Zea mays* L.

INTRODUÇÃO

O milho é um dos principais cereais comercializados no mundo, devido a sua ampla utilização. Uma das formas de se aumentar a produtividade é o uso de cultivares melhoradas. Dentre os métodos de melhoramento de populações alógamas, destaca-se a seleção recorrente de progênes de meios-irmãos.

Louis de Vilmorin, na França, em 1840, foi o primeiro a utilizar, com sucesso, progênes de meios-irmãos para aumentar o conteúdo de açúcar nas beterrabas. Dudley et al. (1974), relatam progressos expressivos obtidos, desde 1896, com relação ao conteúdo de óleo e de proteína no milho.

Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos é o método de melhoramento intrapopulacional mais utilizado para a cultura do milho, em razão de sua simplicidade e eficiência (Matta & Vianna, 2003) e, também pela possibilidade da realização de um ciclo de seleção por ano, nos casos em que a seleção é efetuada apenas para um sexo.

Um ciclo de seleção recorrente entre famílias de meios-irmãos é constituído de quatro etapas (Araújo & Paterniani, 1999). A primeira consta da obtenção das famílias de meios-irmãos que constituirão a unidade de seleção e a unidade de recombinação. A segunda etapa corresponde à avaliação das famílias a partir de testes experimentais, com as devidas repetições dos tratamentos. A terceira etapa compreende a seleção das melhores famílias para as características de interesse. A quarta e última etapa corresponde à recombinação das famílias selecionadas, para terminar o ciclo de seleção.

A seleção recorrente intrapopulacional é amplamente utilizada no melhoramento de populações de polinização aberta de milho (Carvalho et al., 2003a; Carvalho et al., 2003b;

Cepeda et al., 2000; Machado & Fernandes, 2001; Matta & Viana, 2003; Souza Jr & Miranda Filho, 1989).

Diante do exposto, o objetivo foi avaliar o primeiro ciclo de seleção recorrente de progênies de meios-irmãos do programa de melhoramento que se inicia no Instituto Federal do Triângulo Mineiro.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro *Campus* – Uberaba. O clima do local, segundo Koppen, é do tipo tropical quente e úmido, com inverno frio e seco (Aw), com precipitação e temperatura média anual de 1500 mm e 21°C, respectivamente.

Em agosto de 2015, foram obtidas 36 famílias de meios-irmãos de um composto sintetizado a partir do intercruzamento das cultivares DOW 2B710; RB 9108; DOW 2A106; BR 206; RB 9210; BRS 1060; PL 1315; DOW 2B707; Bx 1280 e 30A68. Em dezembro de 2015, foram semeadas estas famílias. O delineamento foi em blocos casualizados, com três blocos, sendo cada um constituído por 36 parcelas. Cada família foi semeada numa linha de 10 m, empregando-se a densidade de 62.500 plantas/ha. O modelo estatístico para esta análise foi: $Y_{ij} = \mu + t_i + B_j + e_{ij}$ onde Y_{ij} - valor da variável resposta do tratamento i na repetição j ; μ - média geral; t_i - efeito tratamento i ; B_j - efeito do bloco j ; e e_{ij} - erro da parcela ij .

Foi realizada a adubação de plantio com NPK (4-20-16) em 51 g/m. Com 30 dias do plantio, foi realizada a adubação de cobertura, aplicando 15 g/m de ureia. Os demais tratamentos culturais foram aqueles recomendados para a cultura.

Avaliou-se: altura da planta (AP), altura de espiga (AE), massa de 100 grãos (MCG), massa de espiga despilhada (MED) e produtividade de grãos (PROD), corrigida em 13% de umidade. Utilizou-se a seguinte fórmula para a correção da umidade: $P_{13\%} = P_c (1 - U)/0,87$ onde $P_{13\%}$ - peso corrigido para 13% de umidade; P_c - peso de campo observado do caráter por parcela; e U - umidade dos grãos observada em cada parcela, expressa em decimais.

Inicialmente, realizou-se a análise de variância para as características supracitadas. A partir dos quadrados médios foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos segundo Cruz et al. (2004). Após estas análises, foram selecionadas 11 progênies de meios-irmãos, o que equivale a uma intensidade de seleção de 30%, para estimar o ganho direto predito que foi estimado por: $GS = (X_s - X_o)h^2 = DS h^2$ em que X_s - média das famílias

selecionadas para a característica; X_o - média da população original; DS - diferencial de seleção praticado na população; e h^2 - é a herdabilidade da característica, em nível de família de meios-irmãos.

O programa utilizado para as análises foi o Genética e Estatística – GENES (Cruz, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ocorreram diferenças significativas, pelo teste de F ao nível de 1% de probabilidade, entre as famílias para todas as características analisadas (**Tabela 1**). Evidenciando a existência de uma variabilidade genética que pode ser explorada. Todos os coeficientes de variação (CV%) permaneceram abaixo de 17%, e segundo Gomes (1990), é um indicativo de que o experimento obteve uma boa precisão. Resultados semelhantes são encontrados em outros trabalhos (Reis, 2009; Scapim et al., 1995; Souza Sobrinho et al., 2002).

O conhecimento das estimativas das variâncias, podem gerar informações de grande valia na predição de ganhos e para alterações na estrutura genética das populações. Verificou-se que a característica MED apresentou a maior herdabilidade e a menor foi a PROD (**Tabela 2**). As magnitudes de herdabilidade obtidas para MED neste experimento são superiores aos encontrados por Raposo & Ramalho (2004). Possivelmente, uma explicação seja que a população base deste experimento tenha uma variabilidade genética maior, uma vez que o composto original foi obtido pelo intercruzamento de dez cultivares comerciais. Quanto a PROD apresentar um menor valor de herdabilidade, já era esperado uma vez que se trata de um caráter quantitativo, altamente influenciado pelas condições ambientais. A herdabilidade tem função primordial por predizer o valor genotípico com base na informação fenotípica (Falconer, 1987). Assim, pode-se saber se as diferenças detectadas são de natureza genética e se a seleção proporcionará ganhos no programa de melhoramento.

Com relação aos ganhos diretos preditos, verificou-se que a PROD atingiu o maior valor e a MCG o menor. Apesar da herdabilidade ter sido superior para MCG, a amplitude e a variação dos dados foram maiores em PROD, apresentando as famílias mais responsivas, valores discrepantes em relação à média original.

A relação CVg/CVe, proposto por Vencovsky (1978), dá a proporção da variância genética em relação ao erro residual, não havendo influência da média populacional. As estimativas deste índice foram em geral altas, indicando suficiente

variabilidade genética para os caracteres agronômicos avaliados, com destaque para MED.

CONCLUSÕES

A população de milho avaliada apresenta um elevado potencial para a obtenção de progênies superiores.

Espera-se ganhos genéticos significativos, em produtividade, para a próxima geração.

AGRADECIMENTOS

Agradecimentos especiais ao CNPq e ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro-IFTM, pelo apoio financeiro.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, P.M.; PATERNIANI, E. **Aspectos Gerais de Plantas Alógamas**. In: Melhoramento genético de plantas. Londrina: ed. UEL, p.820. 1999.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos da variedade BR 5028-São Francisco no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.8, p.929 -935, 2003b.

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X.; LEAL, M.L.S.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.1, p.73 -78, 2003a.

CEPEDA, M.C.; SOUZA JR, C.L.; PANDEY, S.; LEON, L.N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.8, p.1585 -1593, 2000.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; R; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S.; . **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento**. v. 1. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.S.; ALEXANDER, D. E. **Seventy generations of selection for oil and protein concentration in the maize kernel**. In Seventy Generations of Selection for Oil and Protein in Maize. Dudley, J. W. (ed.), Madison, WI: Crop Science Society of Americana, p.181, 1972.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.

MACHADO, A.T.; FERNANDES, M.S. Participatory maize breeding for low nitrogen tolerance. **Euphytica**, v.122, p.567-573, 2001.

MATTA, F.P. & VIANNA, J.M.S. **Eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca**. Ciência Agrotecnologia, Lavras. v.27, n.3, p.548-556, 2003.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 3, p. 402-413, set./dez. 2004.

REIS, M. C. Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1667-1672, dez. 2009.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P. de; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, maio 1995.

SOUZA JR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra – and interpopulation recurrent selection. **Rev. Brasil. Genet.**, n.12, p.271–285, 1989.

SOUZA SOBRINHO, F.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 1, p. 70-76, jan./abr. 2002.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: USP-ESALQ, 1978. cap. 5, p.122-201.

Tabela 1 – Resumo da análise de variância das progênes de meios-irmãos de milho quanto a: AP – altura de planta (m); AE – altura de espiga (m); MCG – massa de cem grãos (g); MED - massa de espiga despalhada (g); e PROD – produtividade (Kg ha⁻¹).

FV	GL	Quadrados Médios				
		AP	AE	MCG	MED	PROD
Blocos	2	0.0594	0.0190	6.9063	6104.5311	5164570.6339
Famílias	35	0.0510 **	0.0449 **	13.7799 **	1801.7111 **	1286265.7045 **
Resíduo	70	0.0116	0.0045	2.3699	167.0570	358885.6179
Média		1,75	0,98	32,23	176,05	3555,91
CV(%)		6,13	6,85	4,78	7,34	16,85

Tabela 2 – Estimativas da variância genotípica ($\hat{\sigma}_G^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_A^2$), herdabilidade ($h_{9\%}^2$), ganho de seleção (GS%), coeficiente de variação genotípica (CVg%) e índice de variação (CVg/CVe) para as características: AP – altura de planta (m); AE – altura de espiga (m); MCG – massa de cem grãos (g); MED - massa de espiga despalhada (g); e PROD – produtividade (Kg ha⁻¹).

Parâmetros	Caracteres				
	AP	AE	MCG	MED	PROD
$\hat{\sigma}_G^2$	0,0131	0,0135	3,8033	544,8847	309126,7
$\hat{\sigma}_A^2$	0,0116	0,0045	2,3699	167,057	358885,6
$h_{9\%}^2$	77,27	89,98	82,8	90,73	72,1
GS%	6,20	11,28	6,14	15,49	16,01
CVg%	6,53	11,85	6,05	13,26	15,64
CVg/CVe	1,06	1,73	1,27	1,81	0,93

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.