

Predição de ganhos genéticos por índice de seleção no 15º ciclo de seleção recorrente recíproca.

Julio Cesar FiorioVettorazzi⁽¹⁾; José Arantes Ferreira Júnior⁽²⁾; Nayara Norrene Lacerda Durães⁽³⁾; Jocarla Ambrosim Crevelari⁽⁴⁾; Vivane Mirian Lanhellas Gonçalves⁽⁵⁾; Messias Gonzaga Pereira⁽⁶⁾.

⁽¹⁾Estudante de pós graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF; Campos dos Goytacazes, RJ; juliocesar.f.v@hotmail.com; ^(2,3,4) Estudante de pós graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - UENF; ⁽⁵⁾Estudante de graduação em Agronomia – UENF; ⁽⁶⁾Professor Titular - UENF.

RESUMO: O milho é uma das plantas cultivadas de maior importância no cenário mundial e o Brasil está entre os maiores produtores, sendo este o principal cereal cultivado neste país. A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) mantém desde 1996, um programa de melhoramento genético de milho via seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos. Este programa se encontra no 15º ciclo de seleção e já disponibilizou a região Norte/Noroeste Fluminense dois híbridos registrados interpopulacionais de milho, o 'UENF 506-6' e o 'UENF 506-11'. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi prever os ganhos genéticos do 15º ciclo de seleção recorrente recíproca de milho comum da UENF via índice de seleção de Mulamba e Mock. Para tanto, avaliou-se 169 famílias de irmãos completos no delineamento estatístico látice com três repetições em dois ambientes. A análise de variância demonstrou resultados significativos em relação à variabilidade genética nas populações CIMMYT e Piranão. A seleção foi realizada utilizando diferentes pesos, sendo que o peso por tentativa (PT) foi o que apresentou os melhores ganhos, sendo considerado como mais adequado para a seleção das famílias superiores correspondentes ao 15º ciclo de seleção recorrente recíproca. Os ganhos diretos estimados foram de 12,1% para a característica produtividade. O índice de Mulamba e Mock é eficiente em prever ganhos genéticos satisfatórios em produtividade e nas demais características, o que favorece a continuidade do programa de melhoramento de milho na UENF com essas populações.

Termos de indexação: Irmãos Completos; *Zea mays* L.; Híbridos.

INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal de grande importância econômica e social, sendo cultivado em praticamente todas as regiões agrícolas do mundo, muito utilizado na alimentação humana, animal e, mais recentemente, como matéria prima para a produção de biocombustível. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial, sendo superado pelos Estados Unidos e pela China. No Brasil, a cultura do milho ocupa o segundo lugar, em área e produção de grãos, sendo superada apenas pela cultura da soja (FIESP, 2015).

Grande parte do potencial produtivo da cultura no país deve-se também ao significativo empenho de programas de melhoramento genético de plantas, que vem atuando de maneira progressiva sob os caracteres agrônomicos relacionados à produção, resistência a doenças e adaptabilidade a condições adversas (Galon et al., 2010).

Entre os vários métodos de melhoramento, merece destaque a seleção recorrente recíproca, pois, com tal metodologia pode-se explorar tanto dos efeitos aditivos, por meio da concentração dos alelos favoráveis em ambas as populações, bem como dos desvios de dominância, uma vez que se mantém a distância entre as populações, permitindo explorar o fenômeno da heterose por meio do cruzamento entre as populações e/ou de linhagens oriundas das mesmas (Santos et al., 2007).

Nesse sentido, o Programa de Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) iniciou a partir de meados da década de 90 um programa de melhoramento de milho via Seleção Recorrente Recíproca em Famílias de Irmãos Completos (Tardin et al., 2007). Tal metodologia visa promover o acúmulo de alelos favoráveis entre as populações envolvidas CIMMYT e Piranão e a capacidade combinatória entre elas (Reis et al., 2009).

Essa estratégia associada ao uso de índices de seleção proporciona ganhos expressivos, uma

vez que permite selecionar, simultaneamente, genótipos que agreguem caracteres favoráveis, tanto agronômicos quanto econômicos. Dentre os índices mais utilizados estão: Smith (1936) e Hazel (1943), Willians (1962), Pesek e Baker (1969) e Mulamba e Mock (1978) (Cruz et al., 2004).

Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo prever os ganhos genéticos do 15º ciclo de seleção recorrente recíproca de milho comum da UENF, bem como selecionar via índice de seleção de Mulamba e Mock as famílias superiores.

MATERIAL E MÉTODOS

As 169 famílias de irmãos completos obtidas foram avaliadas em delineamento látice quadrado 13 x 13, com três repetições e dois ambientes. O primeiro ambiente foi o Colégio Estadual Agrícola Antonio Sarlo, em Campos dos Goytacazes (Norte do Estado do Rio de Janeiro) e o segundo, na Estação Experimental da Pesagro-Rio, em Itaocara (Centro Estadual de Pesquisa e Desenvolvimento da Pecuária Leiteira, em Itaocara – Noroeste Fluminense).

Cada unidade experimental (famílias de irmãos completos) foi cultivada em fileiras de 3,0 m de comprimento, espaçadas por 1,0 m uma das outras e 0,2 m entre plantas. Foram semeadas 32 sementes por fileira e após 30 dias de plantio, foi feito o desbaste, deixando 16 plantas por fileira, aproximadamente 53.000 plantas ha⁻¹.

Foram feitas adubações com o formulado 04-14-08, aplicando-se 80g/m linear de acordo com a análise de solo e exigências nutricionais da cultura, foram também realizados os tratamentos culturais usuais recomendados para a cultura.

Após o florescimento das plantas e colheita, foram avaliadas as seguintes variáveis: *Stand* final (NPL): obtido pela contagem do número total de plantas contidas na parcela no momento da colheita; Número de espigas (NE): obtido pela contagem total de espigas colhidas numa mesma parcela; Peso de espigas (PE): obtido pela pesagem em quilogramas das espigas despalhadas após a colheita; Peso de 100 grãos (P100): obtido pela pesagem em gramas, de uma amostra de 100 grãos sadios, determinado com duas casas decimais; Produtividade (PROD): obtida a partir da pesagem dos grãos de cada parcela após a debulha e convertidos em kg ha⁻¹.

As variáveis foram submetidas a uma análise de variância conforme o delineamento em látice quadrado, de acordo com o modelo genético estatístico proposto por Cochran & Cox (1957).

A seleção das famílias superiores foi realizada via índice de Mulamba e Mock por meio da rotina

descrita por Silva (2015). Foram testadas diferentes estratégias com diferentes pesos, sendo eles: a) coeficiente de variação genético (CVg); b) Índice de Variação (CVg/Cve); c) herdabilidade com base na média das famílias ($h^2_{X_f}$); e d) valores atribuídos por tentativas (PT)

de magnitudes de 300, 300, 100, 100 e 20, respectivamente, para as características PROD, PE, NPL, NE e P100.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação experimental foram de 9,5% para a característica peso de 100 grãos (P100), 11,04% para *stand* final (NPL), 15,14% para número de espigas (NE), 19,01% para peso de espigas (PE) e 19,66% para a produtividade (PROD). De acordo com as classificações propostas por Scapim et al. (1995), e Fritsche-Neto et al. (2012), as quais foram elaboradas considerando a cultura do milho e a natureza das características avaliadas, os coeficientes de variação podem ser considerados medianos, o que demonstra uma boa precisão experimental. Cabe ressaltar que a estimativa da precisão experimental é fundamental, uma vez que trabalhos científicos são realizados e comparados (Scapim et al., 1995).

O coeficiente de variação genética (CVg%) variou de 2,96% a 11,45% para as características NPL, P100, NE, PE e PROD (**Tabela 1**), sendo que para a característica PROD o CVg % foi de 11,45. Cunha et al. (2012), conduzindo o décimo segundo ciclo de seleção recorrente, encontrou para as características PROD, PE, NE, NPL, P100 valores de CVg% variando de 2,21% a 13,21%.

Estimativas do coeficiente de variação genética (CVg) permitem ao melhorista ter uma percepção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento, já que se trata de um parâmetro, cuja estimativa é diretamente proporcional à variância genética (Silva et al., 2012).

Outro parâmetro que pode auxiliar na tomada de decisão do processo seletivo é o índice de variação (Iv). Por traduzir a relação entre CVg e Cve, permite supor sobre a eficiência de programas de melhoramento na obtenção de ganhos seletivos desejáveis (Silva et al., 2012). O estimador Iv é utilizado para determinar as chances de sucesso na seleção, no que dependerá de sua magnitude, principalmente para as situações em que for igual ou superior à unidade (Vencovsky, 1987).

Os valores estimados para os índices de variação (I_v) variaram de 0,27 para a característica NPL até 0,67 para NE. Para as características PROD, PE, NE, NPL e P100, os valores foram de 0,58, 0,58, 0,67, 0,27 e 0,60, respectivamente. Cunha et al. (2012), conduzindo o décimo segundo ciclo de seleção recorrente recíproca encontrou valores variando de 0,48 a 0,67 para essas mesmas características, indicando predominância da variação experimental sobre a variação genotípica. Este parâmetro ajuda na indicação da presença de variabilidade genética na população em estudo e na seleção do método a ser utilizado no melhoramento genético (Berilli et al., 2013).

As estimativas de herdabilidade (Tabela 1) com base na média das famílias ($h^2_{X_f}$) variaram entre 30% a 73%, sendo que para PROD, a herdabilidade foi de 67%. Cunha et al. (2012), na condução do décimo segundo ciclo de seleção recorrente, observaram valores de herdabilidade variando de 48,33% a 64,27%, sendo que para produção de grãos foi observado valor de 48,33%.

Tabela 1. Estimativas das variâncias genotípicas (σ_g^2), fenotípica (σ_f^2), coeficientes de variação genética $CV_g(\%)$, coeficiente de herdabilidade ($h^2_{X_f}$) e índice de variação (I_v).

Parâmetros genéticos			
Variáveis	$CV_g(\%)$	$h^2_{X_f}$	I_v
PROD	11,45	67,0	0,58
PE	11,03	67,0	0,58
NE	10,11	73,0	0,67
NPL	2,96	30,0	0,27
P100	5,70	68,0	0,60

PROD = produtividade ($Kg\ ha^{-1}$); PE = peso de espigas; NE = número de espigas; NPL = stand final; P100 = peso de 100 grãos.

Esse aumento nas estimativas de herdabilidade está relacionado diretamente com a eficiência do látice. Como para todas as características avaliadas o látice foi eficiente, era esperado esse aumento nas estimativas de herdabilidade, que influencia diretamente a precisão experimental.

A **Tabela 2** apresenta as estimativas dos ganhos percentuais pelo índice de Mulamba e Mock (1978), com a utilização de diferentes pesos, sendo eles: coeficiente de variação genético (CV_g); Índice de Variação (CV_g/CV_e);

herdabilidade com base na média das famílias ($h^2_{X_f}$) e; valores atribuídos por tentativas (PT)

para as cinco variáveis avaliadas.

Tabela 2. Estimativas dos ganhos percentuais pelo índice de Mulamba e Mock com base em quatro critérios de pesos econômicos para cincovariáveis avaliadas no 15º ciclo de seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos da UENF.

Var.	PT	CV_g	CV_g/CV_e	$h^2_{X_f}$
PROD	12,11	11,79%	11,52%	11,52%
PE	11,5	11,16%	10,98%	10,98%
NE	7,28	7,37%	7,27%	7,27%
NPL	0,26	0,25%	0,36%	0,36%
P100	1,48	1,80%	2,32%	2,32%

Var = Variáveis; PROD = produtividade ($Kg\ ha^{-1}$); PE = peso de espigas; NE = número de espigas; NPL = stand final; P100 = peso de 100 grãos.

Conforme a premissa, no melhoramento de plantas existe dificuldade em se estabelecer pesos econômicos. Os pesos econômicos podem ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais. Assim, o coeficiente de variação genotípico (CV_g) se constituiria em um bom referencial, pelo fato de ser um parâmetro adimensional e diretamente proporcional à variância genética (Cruz, 1993).

Entretanto, ao comparar os ganhos obtidos por meio dos pesos econômicos utilizados para todas as características em estudo, verifica-se que os ganhos foram próximos, ligeiramente maiores quando utilizado o peso por tentativa (PT), sendo PT considerado como mais adequado para a seleção das 40 famílias superiores correspondentes ao 15º ciclo de seleção recorrente recíproca.

O ganho percentual para a característica produtividade quando utilizados os seguintes pesos CV_g/CV_e e h^2 , CV_g e PT foi de 11,52%, 11,79% e 12,11%, respectivamente. Tardin et al. (2007) no nono ciclo de seleção, utilizando o índice de Smith e Hazel, obteve ganho percentual de 4,68% para produção. Já Berilli et al. (2013), conduzindo o décimo primeiro ciclo de seleção recorrente recíproca e fazendo uso de diferentes índices de seleção, verificaram que o índice que permitiu os melhores ganhos foi o de Mulamba e Mock, com ganho percentual de 12,90%, bem próximo ao relatado nesse trabalho, ambos autores utilizaram peso atribuído por tentativa. Cunha et al. (2012), para a seleção das famílias superiores do 12º ciclo de seleção recorrente

recíproca, utilizaram quatro índices de seleção e os pesos econômicos CVg, desvio padrão genético (DPg), (CVg/CVe), h^2 e PT, e verificaram que o índice que permitiu os melhores ganhos foi o de Mulamba e Mock, obtendo ganho de 9,58 % para PROD quando utilizados pesos atribuídos por tentativa.

Souza Junior e Pinto (2000) obtiveram um ganho direto de 7,2% para a característica produtividade com a seleção recorrente recíproca para famílias de meios-irmãos. Santos et al. (2008), trabalhando com seleção recorrente de meios-irmãos em milho pipoca, basearam-se no índice de Mulamba e Mock, e encontraram ganhos preditos de 10,00% para a característica produtividade.

Para todas as características, o ganho foi o mesmo quando utilizado como peso a h^2 e o CVg/CVe. A característica PE apresentou ganho de 11,5% e 11,16% quando utilizados os pesos PT e CVg. Berilli et al. (2013) obtiveram ganho percentual para a característica NE de 7,45%, utilizando peso atribuído por tentativa, próximo ao encontrado no presente trabalho que foi de 7,27%.

CONCLUSÕES

Os parâmetros genéticos revelaram que há variabilidade a ser explorada nos sucessivos ciclos de seleção recorrente recíproca;

A seleção recorrente recíproca tem se mostrado um método efetivo em proporcionar ganhos genéticos e assegurar, assim, o avanço de gerações.

O índice de Mulamba e Mock é eficiente em prever ganhos genéticos satisfatórios em produtividade e nas demais características, o que favorece a continuidade do programa de melhoramento de milho na UENF com essas populações.

REFERÊNCIAS

BERILLI, A.P.C.G.; PEREIRA, M.G.; TINDADE, R.S.; DA COSTA F.R. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.35, n. 4, p.435-441, 2013.

COCHRAN, W.G. & COX, G.M. **Experimental designs**. 2.ed. London, John Wiley, 1957, 611p.

CUNHA, K.S.; PEREIRA, M.G.; GONÇALVES, L.S.A.; BERILLI, A.P.C.G. Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. **Genetics and Molecular Research**, v.11, n.3, p.3398-3408, 2012.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004, 480 p.

CRUZ, C.D.; VENCOSKY, R.; SILVA, S.O.; TOSELLO, G.A. Comparison of gains from selection among corn progenies, based on different criteria. **Brazilian Journal of Genetics and Molecular Biology**, v.16, p.79-89, 1993.

FIESP. Safra Mundial de Milho 2015/16 - 2º Levantamento do USDA. Disponível em: <
http://az545403.vo.msecnd.net/uploads/2015/06/boletim_saframundial-milho_junho2015.pdf>. Acesso em 03 de Jul, 2015.

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**, Maringá, v.34, n.1, p.99-101, 2012.

GALON, L.; TIRONI, S.P.; ROCHA, A.A.; SOARES, E.R.; CONCENÇO, G.; ALBERTO, C.M. Influência dos fatores abióticos na produtividade da cultura do milho. **Revista Trópica – Ciências Agrárias e Biológicas**, v.4, n.3, p.18-38, 2010.

REIS, M.C.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; GUEDES, F.L.; SANTOS, P.H.A.D. Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.12, p.1667-1672, 2009.

SANTOS, F.S.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; RANGEL, R.M.; SCAPIM, C.A. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a Pop corn population. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.30, n.5, p.651-655, 2008.

SANTOS, M.F.; CÂMARA, T.M.M.; MORO, G.V.; COSTA, E.F.N.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Responses to selection and changes in combining ability after three cycles of a modified reciprocal recurrent selection in maize. **Euphytica**, v.157, p.185-194, 2007.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; 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, 1995.

SILVA, A. J. Mulamba and Mock (1978) in SAS (Version 2.0). Jaboticabal, SP, Brazil, 2015.

SILVA, M.G.M.; VIANA, A.P.; AMARAL JUNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; REIS, R.V. Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.43, n.3, p.493-499, 2012.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; PINTO, R.M.C. Responses to a short-term reciprocal recurrent selection procedure in maize. **Maydica**, v.45, n.1, p.21-28, 2000.

TARDIN, F.D.; PEREIRA, M.G.; GABRIEL, A.P.C.; AMARAL JUNIOR, A.T.; FILHO, G.A.S. Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.7, p.225-233, 2007.



XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: Paterniani, E., Viégas, G. P., (Ed). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap.5, p. 137-214.