

Seleção de Progenies Endogâmicas S₃ da População Viçosa de Milho-Pipoca Via REML/BLUP

Laura Borges Martins¹, Ramon Vinícius de Almeida², Henrique Gabriel Priolli Mantoani³, José Marcelo Soriano Viana⁴ e Hamilton Charlo⁵

¹ Instituto Federal do Triângulo Mineiro – Uberaba - MG – laura.agronomia@hotmail.com.br;

² Instituto Federal do Triângulo Mineiro – Uberaba - MG – ramon@iftm.edu.br;

³ Instituto Federal do Triângulo Mineiro – Uberaba – MG - henrique_mantoani@hotmail.com;

⁴ Universidade Federal de Viçosa – Viçosa - MG jmsviana@ufv.br;

⁵ Instituto Federal do Triângulo Mineiro – Uberaba - MG – hamiltoncharlo@iftm.edu.br

RESUMO - O milho-pipoca é um alimento muito apreciado e consumido no Brasil, entretanto muitas cultivares são importadas. O melhoramento genético é uma alternativa para selecionar e desenvolver materiais adaptados as condições edafoclimáticas brasileiras. Os objetivos desta proposta foram: estimar parâmetros genéticos da população Viçosa de milho-pipoca e selecionar famílias endogâmicas S₃ para promover o melhoramento intrapopulacional. Foram utilizadas 135 famílias endogâmicas. Os experimentos foram conduzidos no IFTM – Campus Uberaba e em Viçosa. O delineamento usado foi em blocos incompletos. As características avaliadas foram produção e capacidade de expansão. Os parâmetros genéticos, herdabilidades, correlação genética e ganhos diretos foram estimados para cada caráter. Pode-se concluir que esta população não apresenta potencial para o melhoramento intrapopulacional, contudo é necessário realizar outros experimentos para confirmar este fato.

Palavras-chave - Endogamia, milho-pipoca, BLUP.

Introdução

O milho-pipoca é uma gramínea da família Poaceae, da tribo Maydeae, do gênero *Zea* e da espécie *mays*. Possui $2n=20$ cromossomos e é uma planta alógama, com separação da inflorescência feminina (espiga) da masculina (pendão) (Paterniani e Campos, 1999). A diversidade genética existente no milho permite o seu cultivo em diversos ambientes. Segundo Paterniani e Campos (1999) o milho foi se diversificando com a seleção do homem juntamente com a seleção natural. Esta gramínea, segundo Paterniani e Campos (1999), ocupa lugar de destaque, não só pelo grande progresso no acúmulo de conhecimentos científicos relacionados a esta espécie, mas também em razão do grande valor econômico e do imenso potencial que ela representa. O milho é a espécie vegetal geneticamente mais estudada. O Brasil é um destacado produtor de milho. Porém, quando se trata do tipo pipoca, o país ainda deixa a desejar, apesar de ser um grande consumidor deste tipo de milho. No Brasil, apenas sete cultivares híbridas de milho-pipoca estavam registradas no SNPC (Serviço Nacional de Proteção de Cultivares) em 2001, das quais seis são de acesso restrito aos produtores parceiros das empresas detentoras de sementes (Sawazaki, 2001). Portanto, programas de melhoramento de milho-pipoca são necessários para o desenvolvimento dessa cultura no país, pois além de ser importador de grãos e sementes, poucas populações melhoradas, inclusive

híbridos, estão disponíveis aos produtores (Matta e Viana, 2003). O objetivo do projeto foi promover o melhoramento intrapopulacional para obtenção de materiais com maior produção e qualidade utilizando-se das famílias endogâmicas selecionadas e, posteriormente, realização da hibridação com outra população visando à produção de híbridos.

Material e Métodos

Foram utilizadas 135 progênies S_3 da população de milho-pipoca Viçosa, originária do Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento de Milho do Setor de Genética, do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa. Os ensaios de avaliação foram instalados no campo experimental do Instituto Federal do Triângulo Mineiro - Campus Uberaba e em Viçosa - MG. O delineamento adotado foi o blocos incompletos. Nos testes de famílias S_3 , as testemunhas foram IAC 112 e Zélia. As testemunhas foram intercaladas a cada dez famílias. Cada parcela correspondeu a uma fileira com 5 metros e o espaçamento foi de 0,9 metro. Foram semeadas 50 sementes por fileira e após o desbaste, foram deixadas 30 plantas, totalizando uma densidade aproximada de 66.666 plantas/ha. Por ocasião do plantio foram usados 350 kg.ha⁻¹ da formulação NPK 04-14-08 e na adubação de cobertura foi usado sulfato de amônio, na dosagem de 60 kg.ha⁻¹. Os caracteres avaliados por parcela foram: estande final (covariável), produção de grãos (kg.ha⁻¹), umidade dos grãos (%) e capacidade de expansão (CE) - relação entre o volume de pipoca e o peso de grãos (mL.g⁻¹). Os dados de produção de grãos foram corrigidos para a umidade padrão de 14,5%, em base úmida, antes das análises estatísticas. Os dados de produção também foram corrigidos para o estande de 30 plantas por parcela, utilizando-se o método da covariância proposto por Vencovsky e Cruz (1991). Na determinação da capacidade de expansão, foram utilizadas amostras de 30 g de grãos de cada parcela. Para o pipocamento foi utilizada uma pipoqueira de ar quente com 1200 watts de potência. O sistema empregado consiste em colocar os grãos no recipiente da pipoqueira quando a temperatura atinge 100°C. Esse processo de pré-aquecimento é recomendado pelos melhoristas de milho-pipoca, com o objetivo de reduzir à variação existente entre mensurações. As análises de variância foram feitas considerando delineamento em blocos incompletos (Federer, 1955). Os componentes de variância foram estimados pelo método REML/BLUP. O modelo estatístico foi:

$$y = X\beta + Z_1u_1 + Z_2u_2 + \varepsilon,$$

onde $y' = [y'_1 \ y'_2 \ \dots \ y'_t]$, X é a matriz de incidência dos efeitos fixos, β é o vetor de efeitos fixos $\beta' = [M_1 \ \dots \ M_t]$, onde M_k é a média da população na k-ésima característica, Z_1 , Z_2 são matrizes de efeitos aleatórios, u_1 é o vetor de efeitos de bloco dentro de repetição dentro

de ambiente ($u'_1 = [(b|r|a)_{1_i} \dots (b|r|a)_{b_i} \dots (b|r|a)_{1_i} \dots (b|r|a)_{b_i}]$), u_2 é o vetor de valores genéticos aditivos de pais comuns das famílias divididas por 2 ($u'_2 = [(1/2)A_{1_i} \dots (1/2)A_{f_i} \dots (1/2)A_{1_i} \dots (1/2)A_{f_i}]$) e ε é o vetor de resíduos ($\varepsilon' = [\varepsilon'_1 \ \varepsilon'_2 \ \dots \ \varepsilon'_i]$). A acurácia da análise foi estimada por:

$$r_{A\bar{A}} = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\tilde{\sigma}_A^2} \right)},$$

onde PEV é a variância da predição do erro e $\tilde{\sigma}_A^2$ é o estimador de máxima verossimilhança da variância aditiva (Mrode, 2005). Os ganhos genéticos diretos e indiretos foram obtidos a partir do controle parental e os valores aditivos preditos:

$$\Delta M = p \left(\frac{1}{n_s} \sum_i k \tilde{A}_i \right),$$

onde n_s é o número de famílias selecionadas (20); $p = 1$; e $k=1$. No cálculo dos ganhos preditos foi utilizada a herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família, e foi considerada a seleção de vinte famílias. Todas as análises estatístico-genéticas foram feitas utilizando-se o programa computacional SAS (2000).

Resultados e Discussão

As estimativas de parâmetros genéticos e outros resultados referentes à análise REML/BLUP das variáveis CE e produção, na população Viçosa, são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 – Estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos, das características capacidade de expansão (CE) e produção, via REML/BLUP.

Parâmetros	Características	
	CE (mL.g ⁻¹)	Produção (Kg.ha ⁻¹)
Variância aditiva	0,08 ^{ns}	0,00 ^{ns}
Variância residual	13,87	464261,00
Variância de bloco	-	-
Herdabilidade	0,01	0,00
Acurácia	-	-
Ganho direto	0,18	51,71
Correlação genética		-0.15

ns – não significativo a 5% de probabilidade.

As estimativas em hífen são devido à falta de convergência na análise.

A variância genética aditiva reflete a variação dos valores genéticos aditivos. E estes por sua vez são os efeitos que passarão de uma geração para outra, pois, somente, os alelos são transmitidos entre indivíduos. Como a variância aditiva foi próxima de zero, tanto para produção quanto para capacidade de expansão, é um forte indicativo de que a população

Viçosa não apresenta potencial para o melhoramento intrapopulacional. Um fator que pode ter interferido nas estimativas da variância aditiva foram os elevados valores de variância residual, originados de perdas de parcelas e tratamentos, devido ao alagamento de parte do campo experimental, influenciando no poder do teste. A herdabilidade expressa a confiança do valor fenotípico como guia para o genotípico. As estimativas deste parâmetro populacional foram próximas de zero denotando a grande influência do ambiente sobre as características em voga. Devido aos valores genéticos aditivos próximos de zero, a acurácia não pode ser calculada, pois gerou uma indeterminação matemática. A correlação genética entre as características foram próximas de zero demonstrando que estas não estão associadas, ou seja, os genes relacionados a cada caráter são diferentes.

Conclusão

Pode-se concluir que esta população não apresenta potencial para o melhoramento intrapopulacional, contudo é necessário realizar outros experimentos para confirmar este fato.

Literatura Citada

FEDERER, W. T. **Experimental design – Theory and application**. New York: [s.n.], 544 p, 1955.

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

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. p.429-485.

SAS. Institute, Inc., 2000: **SAS Users Guide: Statistic**. SAS Institute, Cary, NC.

SAWAZAKI, E. A cultura do milho-pipoca no Brasil. **O Agrônomo**, v.53, p.11-13, 2001. Piracicaba.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C.D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.26, p.647 – 657, 1991.