

## Avaliação agrônômica de acessos de milho da coleção núcleo com grãos dentados e semidentados de milho

Flavia França Teixeira <sup>(1)</sup>; Arley Figueredo Portugal<sup>(2)</sup>; Bruna Torres Dias<sup>(3)</sup>

<sup>(1)</sup> Pesquisadora; Embrapa Milho e Sorgo; Sete Lagoas, MG; flavia.teixeira@embrapa.br; <sup>(2)</sup> Analista; Embrapa Milho e Sorgo; <sup>(3)</sup> Estudante; Escola Técnica Municipal de Sete Lagoas

**RESUMO:** O desenvolvimento de cultivares de milho com grãos com o padrão dentado é favorável para atender as demandas de mercado do milho-forrageiro e do milho-verde. Por outro lado, os padrões heteróticos baseados no tipo de grão duro e dentado vêm sendo usados com sucesso no melhoramento de milho no Brasil, o que resulta em cultivares de alta performance agrônômica. O objetivo deste estudo foi avaliar, em cruzamento com linhagens-elite, acessos do banco de germoplasma de milho (BAGMilho) com grãos dos tipos dentado ou semidentado quanto à produtividade e a caracteres de importância agrônômica, com o intuito de selecionar acessos com melhor performance para o melhoramento visando uso como milho-verde ou forrageiro. Para tanto, foram avaliados 160 acessos do BAGMilho com grãos do tipo dentado ou semidentado em cruzamento com duas linhagens-elite. As avaliações foram conduzidas em Sete Lagoas e em Janaúba em 2015, sendo considerados caracteres de importância agrônômica e de produtividade. Os resultados permitiram selecionar 96 genótipos de melhor desempenho para os caracteres avaliados. Foi possível selecionar 22 genótipos de bom desempenho em cruzamentos com ambas as linhagens. A proporção de genótipos selecionados em cruzamentos com cada linhagem testadora foi similar. Assim, os acessos do BAG Milho com grãos dos tipos dentado e semidentado, cruzados com linhagens-elite, apresentaram bom potencial para o desenvolvimento de genótipos promissores para o uso como forrageiro ou como milho-verde por meio de ações em pré-melhoramento.

**Termos de indexação:** recursos genéticos, melhoramento, milhos especiais.

### INTRODUÇÃO

O banco ativo de germoplasma de milho (BAG Milho) vem sendo mantido na Embrapa Milho e Sorgo não apenas com o objetivo de preservar a variabilidade genética da cultura do milho, mas, também, com o intuito de agregar valor a essa

coleção por meio da avaliação de seus acessos e de promover o uso da diversidade genética mantida no BAG Milho.

O BAG Milho preserva atualmente cerca de 4.000 acessos que em sua maioria são originários de coletas em território brasileiro, mas também são mantidos nessa coleção acessos introduzidos no país e variedades melhoradas. O banco conta com uma coleção núcleo composta por 300 acessos que foram selecionados com base em estratificações na coleção. O primeiro nível dessa estratificação é a origem dos acessos, ou seja, os grupos: coletas no Brasil, introduzidos e melhorados e, dentro de cada grupo, foram usados outros critérios para os demais níveis de estratificação, dentre estes critérios está o tipo de endosperma (ABADIE et al., 2000).

A identificação de grupos heteróticos em programa de melhoramento de milho passou a ser uma das prioridades para o desenvolvimento de híbridos e sintéticos. Este processo é baseado na exploração da heterose entre linhagens classificadas nos grupos heteróticos duro e dentado (GAMA et al., 2003). Por essa razão, o padrão comercial dos grãos de milho no Brasil tem endosperma dos tipos semiduro ou semidentado. Entretanto, cultivares com endosperma do tipo dentado podem ser mais favoráveis para alguns usos especiais, tais como milho-verde e milho-forrageiro.

O objetivo do presente estudo foi avaliar, em cruzamento com linhagens-elite, acessos da coleção núcleo de milho com grãos dos tipos dentado ou semidentado quanto à produtividade e a caracteres de importância agrônômica, com o intuito de selecionar acessos com melhor performance para o melhoramento visando uso como milho-verde ou forrageiro.

### MATERIAL E MÉTODOS

Os genótipos avaliados no presente trabalho foram 160 acessos do BAG Milho com grãos dos tipos dentado ou semidentados e integrantes da coleção núcleo (ABADIE et al., 2000). Esses genótipos foram avaliados em cruzamentos com duas linhagens integrantes da coleção-elite do

programa de melhoramento de milho. Essas linhagens serão denominadas de LA e LB e possuem endosperma dos tipos dentado e semidentado, respectivamente.

Os 320 tratamentos obtidos pelo cruzamento dos 160 acessos do BAG milho com 2 linhagens foram avaliados em um delineamento de blocos aumentados por local com 10 blocos com 32 tratamentos regulares e 4 tratamentos comuns por bloco que foram a variedade de polinização aberta BRS Caibé, o híbrido triplo BRS 3040 e os híbridos simples BRS 1060 e BRS 1055. Os ensaios foram implantados em Sete Lagoas e em Janaúba em janeiro de 2015. A parcela experimental constou de uma linha de 5 m lineares com espaçamento entre linhas de 0,80 m. Na condução dos experimentos foram realizados os tratos culturais usuais da cultura do milho.

As seguintes características foram avaliadas em ambos os ensaios: número de dias para florescimento masculino (FM), tomado em dias desde a germinação a emissão de pólen por 50% das plantas da parcela; número de dias para florescimento feminino (FF), tomado em dias desde a germinação a emissão de estilo-estigma em 50% de plantas da parcela; altura de planta (AP) em m; altura de espiga (AE) em m, índice de acamamento ou quebração (IAQ), tomada pela razão entre o número de plantas acamadas ou quebradas e o número de plantas total da parcela; prolificidade (PROL), obtido pela divisão do número de espigas pelo número de plantas da parcela; peso de espigas (PESP), em t/ha, obtido pela pesagem das espigas produzidas na parcela com a padronização da umidade para 13% e; de peso de grãos (PG), em t/ha, obtido pela pesagem dos grãos produzidos na parcela com a padronização da umidade para 13% e com a correção do estande pelo método do covariância estande ideal de 5 plantas por metro linear (SCHMILDT et al., 2001).

As análises estatísticas e teste de médias foram realizados com o emprego do programa GENES (CRUZ, 2006). O teste de Tukey ao nível de 1% de probabilidade foi empregado para comparar as médias dos tratamentos (dados não apresentados), visando selecionar os 96 genótipos de melhor performance para prosseguir nas demais etapas do programa de melhoramento.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variância conjuntas são apresentados na Tabela 1, onde é possível verificar a presença da diferença significativa entre os genótipos avaliados para FM, FF, AE, IAQ, PROL e PESP e ainda a interação genótipos por local para FM, FF, IAQ, PROL e PESP. Esses resultados indicam a presença de diversidade entre acessos do BAG Milho com grãos

dos tipos dentado e semidentado para diversos caracteres de importância econômica.

Tabela 1. Síntese das análises de variância para o desempenho de acessos da coleção núcleo de milho avaliados em cruzamentos com linhagens-elite em Sete Lagoas e Janaúba em 2015 quanto aos caracteres FM, FF, AP, AE, IAQ, PROL, PESP e PG.

FV	GL	FM		FF	
		QM	F	QM	F
Local	1	63,53	7,67 **	7,56	0,92
Genót.	323	17,40	2,10 **	17,86	2,18 **
G x L	323	12,86	1,55 *	13,87	1,70 **
Erro Md.	54	8,28		8,18	
CV (%)		4,89		4,78	

  

FV	GL	AP		AE	
		QM	F	QM	F
Local	1	56,12	431,6 **	14,73	491,0 **
Genót.	323	0,17	1,31	0,08	2,67 **
G x L	323	0,13	1,00	0,04	1,33
Erro Md.	54	0,13		0,03	
CV (%)		12,56		12,19	

  

FV	GL	IAQ		PROL	
		QM	F	QM	F
Local	1	9,266	1203	0,001	0,03
Genót.	323	0,030	3,95 **	0,070	1,93 **
G x L	323	0,030	3,93 **	0,061	1,69 *
Erro Md.	54	0,008		0,036	
CV (%)		37,20		19,82	

  

FV	GL	PESP		PG	
		QM	F	QM	F
Local	1	575,34	214,7 **	1166,4	455,6 **
Genót.	323	5,57	2,08 **	2,68	1,05
G x L	323	4,73	1,76 **	2,52	0,98
Erro Md.	54	2,68		2,56	
CV (%)		29,6		25,25	

\*\*, \* significância do teste F aos níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente.

Com base nos resultados das análises de variância e resultados do teste de Tukey (não apresentados), as médias dos genótipos para os diversos caracteres avaliados foram comparadas, com o objetivo de selecionar 96 genótipos para as etapas seguintes de avaliação. Os genótipos que, de acordo com o teste de médias, foram identificados como superiores para mais de um caráter e que não foram classificados como desfavoráveis para outros caracteres foram selecionados para as demais etapas de avaliação. Desta forma, procurou-se selecionar genótipos que reúnam desempenho favorável para diversos aspectos de importância agrônômica. Devido ao grande número de genótipos avaliados, serão apresentadas apenas as médias de grupos de

genótipos e traçadas algumas informações sobre os materiais selecionados (Tabela 2).

Tabela 2. Médias geral (G) e dos tratamentos de selecionados (S), cruzados com LA (LA), cruzados com LB (LB) e testemunhas (T) para os caracteres FM, FF, AP, AE, IAQ, PROL, PESP e PG avaliados em Sete Lagoas e Janaúba em 2015.

	Média				
	G	S	LA	LB	T
FM	58,80	57,48	58,93	58,72	57,21
FF	59,86	58,47	60,28	59,49	57,90
AP	2,87	2,88	2,92	2,83	2,65
AE	1,43	1,36	1,44	1,41	1,21
IAQ	11,64	10,32	10,90	12,44	9,72
PROL	0,959	0,989	0,968	0,949	0,968
PESP	5,52	5,81	6,01	5,03	5,45
PG	6,34	6,47	6,13	6,54	6,74

A comparação das médias obtidas no grupo das testemunhas com as dos demais grupos e as médias gerais, indica que, em geral, o grupo testemunhas apresentou desempenho superior a maioria dos grupos avaliados, o que era esperado uma vez que o grupo das testemunhas é composto por materiais comerciais. Mesmo com apenas 50% de alelos de germoplasma-elite, o grupo dos genótipos selecionados apresentou em média comportamento similar aos das testemunhas. Esses resultados mostram o potencial de desenvolvimento de genótipos a partir de acessos derivados do banco ativo de germoplasma por meio de atividades de ações em pré-melhoramento (TEIXEIRA et al., 2011).

Quando compradas as médias dos tratamentos que foram cruzados com a linhagem LA (Dentada) com aqueles cruzados com a linhagem LB (Semidentada), foi possível notar que em média o grupo dos cruzamentos com LA apresentou desempenho superior para IAQ e PESP, enquanto que os tratamentos em que a LB foi usada apresentaram melhor desempenho para FM, FF e AE. O melhoramento de milho emprega a combinação heterótica do cruzamento entre genótipos dos grupos duro e dentado para obter combinações que maximizem a heterose (PARENTONI et al., 2001; GAMA et al., 2003). Assim, era esperado que os tratamentos obtidos pelo cruzamento dos acessos com a LB, que possui grãos semidentados, apresentassem desempenho superior ao grupo que envolve os cruzamentos com a LA. Entretanto, foi possível notar desempenho superior em ambos os grupos de cruzamentos, o que é vantajoso para o desenvolvimento de genótipos melhorados com grãos de padrão dentado, mais desejáveis para uso como milhos forrageiro e verde.

Do total dos 160 acessos da coleção núcleo que foram avaliados, 22 (13,75% do total avaliado e

45,83% dos tratamentos selecionados) foram selecionados tanto cruzados com a linhagem LA quanto cruzados com a linhagem LB, o que mostra o potencial da identificação de genótipos de potencial para ampla capacidade combinatória na coleção núcleo.

Outra observação que merece destaque é a equilibrada proporção de tratamentos selecionados com cruzamentos com cada linhagem, 50 materiais selecionados tinham como um dos genitores a linhagem LA e 46, a linhagem LB. Esses resultados indicam que o potencial de ambas as linhagens na obtenção de bons cruzamentos com acessos dos BAG Milho com grãos do tipo dentado e semidentado.

### CONCLUSÕES

Os acessos do BAG Milho com grãos dos tipos dentado e semidentado hibridizados com linhagens-elite apresentam potencial para o desenvolvimento de genótipos de bom potencial produtivo por meio de ações em pré-melhoramento.

### AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Embrapa Milho e Sorgo pelo apoio a execução do trabalho e à Fapemig pela bolsa BIC Jr.

### REFERÊNCIAS

- ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; ANDRADE, R. V.; PARENTONI, S. N.; MAGALHÃES, J. R. **A coleção nuclear de milho para o Brasil**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000. 37 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Boletim de Pesquisa, 8).
- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: estatística experimental e matrizes. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2006. 285 p.
- GAMA, E. E. G.; SANTOS, M. X.; FERRÃO, R. G.; MEIRELES, W. F.; PACHECO, C. A. P.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. Potencial genético de um sintético de milho de grãos duros para a formação de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 615-619, 2003.
- PARENTONI, S. N.; MAGALHÃES, J. V.; PACHECO, C. A. P.; SANTOS, M. X.; ABADIE, T.; GAMA, E. E. G.; GUIMARÃES, P. E. O.; MEIRELES, W. F.; LOPES, M. A.; VASCONCELOS, M. J. V.; PAIVA, E. Heterotic groups



based on yield-specific combining ability data and phylogenetic relationship by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties. **Euphytica**, Wageningen, v. 121, p. 197-208, 2001.

SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D.; ZANUNCIO, J. C.; PEREIRA, P. R. G.; FERRÃO, R. G. Avaliação de métodos de correção de estande para estimar a produtividade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 36, p. 1011-1018, 2001.

TEIXEIRA, F. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; PARENTONI, S. N.; SILVA, A. R. Pré-melhoramento do milho. In: LOPES, M. A.; FÁVERO, A. P.; FERREIRA, M. A. J. F.; FALEIRO, F. G.; FOLLE, S. M.; GUIMARÃES, E. P. **Pré-melhoramento de plantas**: estado da arte e experiências de sucesso. Brasília, DF: Embrapa Informação tecnológica; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. p. 573-614.



## XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO

"Milho e Sorgo: inovações,  
mercados e segurança alimentar"

---