

2.2.1.9.

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIO IRMÃOS S_1
EM DUAS POPULAÇÕES DE AMPLA
VARIABILIDADE EM SORGO

Walter Luiz Trevisan*
Robert Eugene Schaffert*

INTRODUÇÃO

O melhoramento de populações de intercruzamento em sorgo tem apresentado impulso considerável nos últimos anos, pela grande possibilidade de desenvolvimento de genótipos adaptados, sem envolver o melhoramento tradicional de hibridação e observação de progênies segregantes. No Brasil, as variedades e híbridos comercializados não possuem a necessária adaptação e, por essa razão, o melhoramento de populações pode ser o método mais rápido na obtenção de bons genótipos de sorgo.

REVISÃO DE LITERATURA

DOGGET e EBERHART (1968) e GARDNER (1972) desenvolveram métodos de melhoramento de populações de intercruzamento em sorgo visando aproveitar ao máximo a variabilidade existente, principalmente na Coleção Mundial de Germoplasma.

SCHAFFERT e TREVISAN (1974) discutem a utilização dos diversos métodos de melhoramento de população de sorgo. Dentre os métodos apresentados salientam-se, pela facilidade de execução, a seleção entre progênies de meio-irmãos e a seleção entre progênies S_1 .

JAN-ORN (1973) estudando nove caracteres quantitativos em progênies de meio-irmãos, S_1 e irmãos germanos da população NP3R observou que as progênies de S_1 excediam as de germanos e estas por sua vez excediam as de meio-irmãos para a variância genética total. Para a produção de grãos por planta e por unidade de área, e número de grãos por planta, no-

* Pesquisadores do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo - EMBRAPA Caixa Postal, 151, CEP 35700 Sete Lagoas, Minas Gerais.

taram que a variância de dominância (σ^2_D) excedia a variância genética aditiva (σ^2_A). Para os outros seis caracteres a variância genética aditiva era maior do que a variância de dominância. A tendência observada na produção de grãos, com as médias de irmãos germanos > meio-irmãos > S_1 , indica que a heterose e a depressão devido ao inbreeding são muito importantes para esse caráter. Concluem afirmando, que o ganho genético esperado, particularmente para produção de grãos, era maior para a seleção de famílias S_1 .

MATERIAL E MÉTODO

As populações BRP4B foram desenvolvidas pela antigo Projeto Nacional de Milho e Sorgo. A população BRP3R foi sintetizada através do intercruzamento de três populações originárias da Universidade de Purdue (USA): - PPIR, PP3R e PP5R. A população BRP4B foi sintetizada a partir das populações PP2B e PP6B também de Purdue. Na Tabela 2 estão sumarizadas as informações de cada população.

TABELA 1. Informações gerais sobre a síntese das populações BRP3R e BRP4B.

População	Nº de gerações de recombinações	Síntese a partir das populações	Origem das variedades intercruzadas
BRP3R	3	PPIR	11 elites 34 da coleção mundial
		PP3R	5 elites 25 da coleção mundial
		PP5R	7 elites 56 da coleção mundial 13 da coleção mundial
BRP4B	3	PP2B	2 elites 10 da coleção mundial
		PP6B	1 elite 17 da coleção mundial

No ano agrícola de 1974/75 foram selecionadas cerca de 300 panículas S_1 e 300 panículas de meio-irmãos das populações BRP3R e BRP4B. Como a quantidade de sementes produzidas por cada panícula, é fator limitante para o teste de progênies, apenas 200 progênies S_1 de BRP3R, 200 progênies S_1 de BRP4B, 100 progênies meio-irmãos de BRP4B e 81 progênies de meio-irmãos de BRP3R puderam ser testadas no campo e ainda possibilitar o armazenamento de quantidade suficiente de sementes para a recombinação (sementes remanescentes). Cada grupo de 100 progênies constituiu um

látice triplo 10 x 10,, sendo que as 81 progênies meio-irmãos da população BRP3R formaram um látice triplo 9 x 9. Foram colocados três híbridos como testemunhas intercalares (NK-233, TE-Y-101 e E-57). A parcela era formada por duas fileiras de 5 m, espaçadas de 0,70 m. Por ocasião de plantio foram colocadas cerca de 25 sementes/m e desbastadas para 10 plantas por m (uma planta por 0,10 m), dez dias após a emergência. Os tratos culturais foram os normais realizados para a cultura. Dez plantas competitivas foram etiquetadas em uma repetição de cada experimento. Na colheita, as panículas provenientes das plantas etiquetadas foram colhidas separadas e tiveram o seu peso anotado individualmente. Foram anotados na colheita: Stand final, número de panículas e peso de panículas por parcela. As panículas colhidas de cada parcela foram levadas ao laboratório, trilhadas e tiveram o peso de grãos anotados. As panículas oriundas de plantas etiquetadas foram trilhadas individualmente, sendo anotado o peso de grãos.

Os dados de produção de panículas e de produção de grãos foram analisados estatisticamente. Os dados dessa análise foram utilizados para compor o quadro de expectativa genética de progênies S_1 e de progênies meio-irmãos apresentado na Tabela 2, de acordo com JAN ORN (1973).

TABELA 2. Expectativas genéticas para as variâncias de progênies de meio irmãos, irmãos germanos e S_1 . JAN ORN (1973).

Tipo de progênies	Variância de progênies	Expectativa genética
Meio-irmãos	$\sigma_p^2 (M_1)$	$1/4 \sigma_A^2$
S_1	$\sigma_p^2 (S_1)$	$\sigma_{A^*}^2 + 1/4 \sigma_D^2$

$\sigma_{A^*}^2$ = variância genética aditiva devida a média dos efeitos de substituição de genes. Se $p = q = 1/2$, $\sigma_{A^*}^2 = \sigma_A^2$

Para a obtenção das estimativas do quadrado médio dentro de progênies (σ_d^2)⁴, variância genética aditiva, herdabilidade no sentido restrito e ganho esperado por seleção entre progênies meio-irmãos, foram seguidas as metodologias apresentadas em VENCOVSKY (1969) e MIRANDA FILHO (1972). O coeficiente de variação genética para o ensaio de progênies de meio-irmãos, foi calculada pela fórmula:

$$CV. gen\% = \frac{\sigma MI^2}{\bar{X} MI} \times 100$$

σMI^2 = variância entre progênies de meio-irmãos.

$\bar{X} MI$ = a média de produção da população

Para progênies S_1 , houve a necessidade de estimar-se σ_D^2 , que segundo JAN ORN (1973), é de grande importância para a produção de grãos em

sorgo. Em progênies S_1 , a variância genética aditiva ($\sigma_{A^*}^2$) é devida a média dos efeitos de substituição de genes. Para $p = q = 1/2$, a $\sigma_{A^*}^2 = \sigma_{\tilde{A}}^2$ e para p e q diferentes de $1/2$, $\sigma_p^2(S_1) = \sigma_{\tilde{A}}^2 + Q$, sendo Q uma função muito complexa de dominância e frequência gênica e de difícil interpretação segundo EMPIG *et alii* (1972).

Por estas razões e, também por que essas populações ainda não tinham sido expostas a seleção, recém-saídas que estavam de três ciclos de recombinação, resolveu-se considerar $p = q = 1/2$, apenas para efeito de ter-se idéia da amplitude das estimativas. Utilizando o artifício apresentado por VENCOVSKY (1969) foi calculado a σ_D^2 através das estimativas de $\sigma_{A^*}^2$ de progênies de meio-irmãos e progênies S_1 , conseguindo-se a fórmula $\sigma_D^2 = 4 \left[\sigma_p^2(S) - 4 \sigma_p^2(MI) \right]$.

As estimativas para variância genética aditiva, herdabilidade no sentido restrito e ganho esperado por seleção entre progênies e, o coeficiente de variação genético, foram conseguidos através da adaptação das metodologias utilizadas para meio-irmãos.

Os stands utilizados nas esperanças dos quadrados médios de cada grupo de progênies, foram as médias apresentadas nos correspondentes ensaios de progênies.

Todos os dados apresentados de estimativas genéticas foram realizados com produção de panículas, em vez de produção de grãos, para evitar-se a introdução de maiores variações representadas pelas operações de triagem. Os dados de produção de grãos apresentados foram obtidos considerando-se 0,75 x peso de panículas.

RESULTADOS OBTIDOS

Nas Tabelas 3, 4, 5, e 6 são apresentados os valores de quadrado médio e as correspondentes esperanças matemáticas, respectivamente, para os ensaios de progênies S_1 das populações BRP4B e BRP3R (análises conjuntas de dois experimentos) e progênies meio-irmãos, dessas mesmas populações.

TABELA 3. Valores dos quadrados médios e das correspondentes esperanças matemáticas, obtidos nos ensaios de progênies S_1 da população BRP4B. Análise conjunta de dois experimentos, conduzida com a produção total de panículas, em kg por parcela.

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)
Progênies	198	2,1984	$k \sigma_d^2 + k^2 \sigma_e^2 + k^2 r \sigma_p^2 (S_1)$
Erro	396	0,6654	$k \sigma_d^2 + k^2 \sigma_e$
Dentro de progênies	1800	0,000630	σ_d^2

$k = 71$

TABELA 4. Valores dos quadrados médios e das correspondentes esperanças matemáticas, obtidos dos ensaios de progênies S_1 da população BRP3R. Análise conjunta de dois experimentos conduzida, com a produção total de panículas em kg por parcela.

F.V.	G.L.	Q.M.	E (QM)
Progênies	198	1,2970	$k \sigma d^2 + k^2 \sigma e^2 + k^2 r \sigma p^2 (S_1)$
Erro	396	0,6038	$k \sigma d^2 + k^2 \sigma e^2$
Dentro de progênies	1800	0,000301	σd^2

k = 85

TABELA 5. Valores dos quadrados médios e das correspondentes esperanças matemáticas, obtidas dos ensaios de progênies 1/2 irmãos. Análise conduzida com a produção de panículas em kg por parcela.

F.V.	G.L.	Q.M.	E (QM)
Progênies	99	1,5238	$k \sigma d^2 + k^2 \sigma e^2 + k^2 r \sigma p^2 (MI)$
Erro	188	1,1780	$k \sigma d^2 + k^2 \sigma e^2$
Dentro de progênies	900	0,000736	σd^2

k = 70

TABELA 6. Valores dos quadrados médios e das correspondentes esperanças matemáticas, obtidos dos ensaios de progênies meio-irmãos. Análise conduzida com a produção total de panículas em kg por parcela.

F.V.	G.L.	Q.M.	E (QM)
Progênies	80	0,6145	$k \sigma d^2 + k^2 \sigma e^2 + k^2 r \sigma p^2 (MI)$
Erro	160	0,5430	$k \sigma d^2 + k^2 \sigma e^2$
Dentro de progênies	729	0,000364	σd^2

k = 80

Os dados estimativos das variâncias entre progênies de S_1 ($\sigma_{S_1}^2$) e progênies de meio-irmãos (σ_{MI}^2) e do coeficiente de variação genética (C.V. gen), variância genética aditiva ($\sigma_{A_1}^2$), herdabilidade (h^2) e ganho esperado de seleção por planta, por unidade de área e porcentagem da média geral para cada tipo de teste progênies de cada população, são apresentados na Tabela 7.

TABELA 7. Estimativas das variâncias entre progênies; coeficientes de variação genética (C.V. gen %); variância genética aditiva (σA^2); herdabilidade (σh^2); e, ganho esperado através da seleção, por planta; por unidade de área e % da média, para progênies S_1 e meio-irmãos, das populações BAP3R e BAP4B.

População	Tipo de teste de progenie	Variância entre progênies σMI^2 ou σS_1^2	Coeficiente de variação genético CV gen %	Variância genética aditiva σA^2	Variância genética de dominância σD^2	Herdabilidade h^2	Ganho esperado através de seleção***		
							Ganho por planta g	Ganho por área kg/ha	% da média
BAP3R	S_1	0,000031	16,24	0,000015*	0,000060	3,68	2,31	561	17,2
BAP3R	meio-irmãos	0,000004	4,58	0,000015*	-	3,39	2,70	308	9,1
BAP4B	S_1	0,000101	22,04	0,000094**	0,000030	11,01	16,10	1606	56,0
BAP4B	meio-irmãos	0,000024	9,9	0,000094**	-	9,41	6,20	620	18,1

* Valores iguais devido ao método utilizado para estimativa da variância de dominância (σD^2)

** Idem a *

*** Seleção de 10% entre as progênies ($\sigma K = 1,76$).

Na Tabela 8 são apresentados os dados de número e tipo de progê-nies testadas de cada população, médias gerais de produção de grãos de todas as progê-nies de cada tipo testadas, médias das 10% melhores progê-nies em produção de grãos, médias de produção de grãos dos três híbridos utilizados como testemunhas intercalares nos experimentos considerados e número de progê-nies superiores à média dos três híbridos testemunhas.

TABELA 8. Dados de números e tipos de progê-nies testadas das populações BRP3R e BRP4B; médias gerais de produção de grãos em kg/ha de todas as progê-nies de cada tipo testadas; médias das 10% melhores progê-nies em produção de grãos (kg/ha); médias de produção dos três híbridos utilizados como testemunhas intercalares, nos experimentos considerados; e, número de progê-nies superiores à média dos três híbridos testemunhas.

Popu- la- ção	Nº e tipo de progê- nies tes- tados	Média geral kg/ha	Ampli- tude	Média das me- lhores progê-nies kg/ha	Médias das teste- munhas kg/ha	Nº de proge- nies superio- res à média das testemu- nhas
BRP3R	200 S ₁	2.858	4656-1523	4.323	4.668	4
BRP3R	81 meio- irmãos	3.377	4411-2612	4.461	4.837	0
BRP4B	200 S ₁	3.237	5217-1173	4.983	5.060	7
BRP4B	100 1/2	3.429	4917-1454	4.899	5.581	0

DISCUSSÃO E CONCLUSÕES

A utilização de populações de ampla variabilidade genética no melhoramento do sorgo tem aumentado muito nos últimos anos. Esse tipo de melhoramento só foi possível com o emprego de genes de macho-esterilidade, para possibilitar o cruzamento ao acaso, na obtenção de progê-nies meio-irmãos e cruzamentos controlados na obtenção de progê-nies de irmãos germa-nos. Os métodos de melhoramento utilizados em sorgo, tem sido adaptados dos empregados com muito sucesso, no melhoramento do milho (DOGGET e EBERHART (1968) GARDNER (1972). No entanto, pelo fato de empregar o macho esterilidade, a obtenção de progê-nies S₁, em sorgo é tão fácil quanto a obtenção de progê-nies de meio-irmãos, pois a proporção de plantas férteis é de 50% na população. Isto não acontece em milho, que necessita autofecundações controladas, para a obtenção de S₁. O CNPMS está utilizando os métodos de seleção empregando progê-nies S₁ e meio-irmãos em duas populações de ampla variabilidade, utilizando alta intensidade de seleção para a obtenção de ganhos rápidos, devido a premente necessidade de desenvolvimento de materiais genéticos de sorgo de alta produtividade.

Nos ensaios de progênies S_1 e meio-irmãos conduzidos no ano agrícola 1975/76, observou-se diferenças na média geral de produção de grãos das populações conduzidas por progênies S_1 e meio-irmãos. A média de produção da população conduzida por seleção de progênies de meio-irmãos foi superior a da correspondente seleção conduzida por S_1 , concordando com JAN ORN (1973), embora as diferenças não sejam significativas (Tabela 6). Entretanto, a maior amplitude de variação de progênies S_1 é evidenciada pelo coeficiente de variação genética (Tabela 6), pelo número de progênies superiores a média dos híbridos testemunhas e pela amplitude de variação, representada pelas menores e maiores produções obtidas nos testes (Tabela 7).

As estimativas realizadas para as progênies de meio-irmãos mostram herdabilidade maior de produção de panículas para a população BRP4B em comparação com BRP3R. Consequentemente, também os ganhos de seleção são maiores na população BRP4B (18,1% contra 9,1%).

As estimativas obtidas para progênies S_1 devem ser consideradas com alguma reserva, pois foram obtidas de uma consideração pessoal ($p = q = 1/2$) e portanto $\sigma_{A^*}^2 = \sigma_A^2$ e, também, por que as σ_A^2 utilizadas na obtenção das estimativas de progênies S_1 foram aquelas obtidas em outros experimentos, empregando progênies de meio-irmãos: Embora esses experimentos ocupassem áreas adjacentes e muito uniformes, podem ter ocorrido variações que conduziram a estimativas diferentes daquelas conseguidas para progênies S_1 . Entretanto como é o primeiro trabalho conduzido com progênies S_1 , no CNPMS, essas estimativas parciais estão sendo consideradas como a primeira etapa do programa. Numa segunda etapa, planeja-se a obtenção de estimativas de σ_A^2 , e σ_D^2 através da utilização de ensaios incluindo progênies de irmãos germanos, plantados intercaladamente com progênies de meio-irmãos e S_1 .

As herdabilidades obtidas empregando estimativas conseguidas de ensaios de progênies S_1 não são muito diferentes daquelas obtidas nos ensaios de progênies de meio-irmãos, como pode ser observado na Tabela 6, fornecendo indicações de que as considerações arbitrárias realizadas foram razoavelmente boas. O ganho de seleção para S_1 foi maior do que para meio-irmãos, na população BRP4B e, também na população BRP3R. Para o desenvolvimento de linhagens durante o programa de melhoramento de populações, o método utilizando progênies S_1 apresenta indicações de ser o mais adequado, pelo número de progênies superiores a média dos híbridos testemunhas (Tabela 8). Outra vantagem é que as linhagens obtidas já possuem uma autofecundação.

As conclusões possíveis de serem evidenciadas, a partir dos resultados obtidos são:

- a) a população BRP4B possui maior potencial para os trabalhos de melhoramento pelo coeficiente de variação genético e herdabilidade, apresentados;
- b) as progênies S_1 permitem a obtenção de linhagens de maior produtividade do que as progênies meio-irmãos; e

- c) a amplitude de variação de produções de progênies S_1 é maior do que a amplitude de variação de progênies meio-irmãos, embora a média de produções dessas últimas seja superior a de progênies S_1 .

LITERATURA CITADA

- DOGGETT, H. & EBERHART, S. A. Recurrent selection in sorghum. Crop Sci., Madison, 8(1):119-21, jan./feb. 1968.
- EMPIG, L. T.; GARDNER, C. O.; COMPTON, W. A. Theoretical gains for different population improvement procedures. Lincoln, Nebr., Agricultural Experiment Station, 1972. (Misc., 26):
- GARDNER, C. O. Development of superior populations of sorghum and their role in breeding programs. In: RAO, N. G. P. & HOUSE, L. R., ed. Sorghum in seventies. New Delhi, Oxford & IBH Publishing, 1972. cap. 13 p. 180-95.
- JAN ORN, J. Quantitative genetic studies of the NP 3R random-mating grain sorghum population. Lincoln, Nebr., University of Nebraska, 1973. 169p. (PhD Thesis).
- MIRANDA FILHO, J. B.; VENCOVSKY, R.; PATERNIANI, E. Variânciagenética aditiva da produção de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Instituto de Genética, 1972. p. 67-73. (Relatório científico, 6).
- SCHAFFERT, R. E. & TREVISAN, W. L. Síntese e melhoramento de populações de inter cruzamento em sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 10., Sete Lagoas, 1974. Anais. Sete Lagoas, EMBRAPA/Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, 1974. p. 272-80.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. Melhoramento e genética. São Paulo, Melhoramentos, 1969. cap. 1. p.17-38.