

Variabilidade Genética em Populações de Milho de Ciclo Superprecoce. I. Estimação de Parâmetros Genéticos.

E. E. G. e Gama, S. N. Parentoni, M. A. Lopes, C. A. Pacheco, P. E. O Guimarães, L. A. Corrêa, M. X. dos Santos. I. R. P. Souza y W. Meirelles.

Centro Nal. de Pesquisas de Milho e Sorgo, Cnpms/Embrapa. C.P. 151, Sete Lagoas, MG. CEP 35701-970. Brasil.

Resumo

A obtenção de parâmetros genéticos em populações de milho permite obter informações sobre a natureza da ação dos genes envolvidos na herança do caráter estudado e estabelecer a base para a escolha dos métodos de melhoramento mais adequados. Objetivou-se estimar parâmetros genéticos em sete populações de milho (*Zea mays* L.) de ciclo superprecoce (florescimento masculino < 60 dias), os parâmetros produtividade média, variância genética aditiva, herdabilidade no sentido restrito, índice de variação e resposta à seleção. O número de progênies S_1 variou de 196 a 400, avaliadas no Cnpms, Sete Lagoas-MG, em látice com duas repetições. A produção de espigas variou de 3.35 t/ha (CMS55) a 5.23 t/ha (Across 8528). Os valores das estimativas dos parâmetros estudados, σ^2_A , h^2 e b , foram similares aos encontrados na literatura. A CMS 37 apresentou os maiores valores para a σ^2_A (239.65 ± 55.09) e h^2 (74.87 ± 5.03). Quanto a resposta à seleção, os valores estimados mostraram variações de 12.72 g/pl (CMS 55) a 23.51 g/pl (CMS 37). As sete populações possuem variabilidade genética suficiente para se obter progressos genéticos em programas de melhoramento usando-se métodos de seleção adequados.

Introdução

Com a acelerada ampliação de áreas irrigadas no Brasil e a busca constante por maximização do uso dessas terras, através de mais de um cultivo por ano, o milho de ciclo superprecoce seria uma boa opção para atender essa demanda, uma vez que pode ser plantado em sucessão com leguminosas ou gramíneas. Um fator limitante, além do reduzido número disponível de germoplasmas desse tipo, é o conhecimento desses materiais básicos (populações) de milhos superprecoce quanto às suas características genéticas e potencial produtivo, para serem usadas num programa de melhoramento. A característica de ciclo curto, em plantas de milho, constitui-se em um importante atributo para diversos caracteres, e as suas vantagens relativas têm sido relatadas na literatura (Troyer, 1968; Cross *et al.*, 1987).

No processo de melhoramento, o melhorista deve escolher para a sua seleção a população mais adequada aos seus propósitos. É conhecido que entre as populações de milho de polinização aberta, existe uma grande variabilidade genética para os caracteres de planta e espiga. Entretanto, as propriedades intrínsecas de uma população só podem ser avaliadas através de seus parâmetros genéticos.

Para a identificação precisa de uma população, é necessário que seus parâmetros sejam estimados adequadamente, de acordo com as facilidades disponíveis e com a variabilidade existente nas diferentes populações (Marquez - Sanchez & Hallauer, 1970).

Vários estudos de estimativa de parâmetros genéticos já foram realizados com diferentes tipos de população de milho (Goodman, 1965; Souza Junior, 1989; Lamkey & Hallauer, 1987; Miranda Filho, 1978; Pandey & Gardner, 1992; Santos, 1985; entre outros).

Uma série de trabalhos, encontrados na literatura americana mostra a existência de variabilidade genética em populações temperadas após sucessivos ciclos de seleção, mas no Brasil são poucos os resultados publicados com populações tropicais de ciclo superprecoce. A estimativa de parâmetros genéticos neste tipo de material poderá ser de muita utilidade para o sucesso de um programa de melhoramento visando características herdadas quantitativamente.

Material e metodos

As populações Across 8528, Pool 18, CMS 51, CMS 37, CMS 55, CMS 52 e CMS 47 são materiais de ampla base genética e de ciclo superprecoce, com florescimento masculino variando de 50 a 60 dias após o plantio nas condições de Sete Lagoas, MG (Tabela 1).

Os experimentos foram conduzidos no ano agrícola 1995/96, na área experimental da Embrapa - Milho e sorgo em Sete Lagoas , MG, em solo Aluvial. Utilizaram-se progênies S_1 obtidas de autofecundação controlada em plantas escolhidas ao acaso em cada uma das sete populações. Foi efetuada uma média de 400 autofecundações em cada uma das populações. O delineamento experimental utilizado foi o de látice , com número de tratamentos variando de 72, látice 9x8, a 196, látice 14x14, conforme mostrado na Tabela 3 na qual têm-se, também, o número de repetições e progênies de cada população avaliada. A parcela foi constituída por uma fileira de 5m e o espaçamento de 0,80m entre fileiras e 0,17m entre plantas, resultando em uma densidade de 73.500 plantas/ha.

Para verificar o potencial dessas populações como fonte de extração de linhagens de bom potencial produtivo quando avaliadas per se, foram selecionadas as cinco progênies S_1 superiores de cada uma das populações.

As análises de variância foram realizadas segundo o delineamento de látice ou de acordo com a eficiência, como blocos casualizados. As estimativas dos componentes de variância foram computados de acordo com as esperanças matemáticas das análises de variância efetuada para cada uma das populações estudadas de acordo com Vencovsky & BARRIGA (1992).

Resultado e Discussão

Em programas de melhoramento de milho o caráter de maior importância é a produtividade por ser complexo e de baixa herdabilidade. A produção representada pelo produto final da combinação de muitas variáveis, cujos efeitos individuais não podem ser de pronta identificação é uma expressão combinada do genótipo e ambiente ($G \times A$) que perdura durante todas as fases do desenvolvimento da planta (Hallauer e Miranda Filho, 1981). Os estudos sobre os componentes da variação genética têm sido feitos com maior frequência para o caracter produção, uma vez que na função de produção a participação de cada componente produtivo é

variável. Portanto, no melhoramento deve-se levar em consideração aqueles caracteres que ao serem selecionados resultarão em aumento significativo da produção.

Os valores dos coeficientes de variação experimental (CV) e as médias de peso de espigas despalhadas (PE) das progênes selecionadas, e da testemunha, são apresentados na Tabela 2 para cada uma das sete populações estudadas. Observa-se que os valores para os CV variaram de 14,28 a 21,40%, que pode ser considerado aceitável sob o ponto de vista experimental.

As médias dos ensaios apresentaram uma amplitude de 2.260 (CMS 52) a 4110 kg/há (CMS 47). As médias das progênes selecionadas nas populações oscilaram entre 3.350 kg/ha (CMS 55) e 5230 kg/ha (A.8528).

As progênes selecionadas tiveram uma variação de 44,48% (CMS 55) a 60,61% (A.8528) mais produtivas que a testemunha, uma linhagem elite do programa.

O método de seleção intrapopulacional usando-se progênes endogâmicas vem sendo utilizado por melhoristas visando a produção de híbridos de milho nos diferentes programas de melhoramento no país e no exterior, e mais recentemente pela Embrapa-Milho e Sorgo. Com a utilização de progênes S_1 , é também possível obter estimativas das variâncias aditiva e de dominância. A variação genética aditiva é maior entre famílias endogâmicas S_1 ou S_2 do que entre famílias de irmãos germanos e de meios irmãos, contribuindo para um maior avanço genético quando comparado com as seleções usando os dois outros tipos de progênes (Souza Junior, 1989). O uso de progênes S_1 parece ser um bom método para se estimar a variância aditiva (σ^2_A) em uma população de milho, desde que se parta da premissa de que $p = q = 0.5$ e que a ausência de dominância não é problema.

Um questionamento à respeito das estimativas apresentadas nesse estudo é que foram obtidas em ensaios conduzidos em apenas um ambiente e em um único ano, dessa forma os valores obtidos encontram-se superestimados devido ao componente de variação resultante da interação genótipo e ambiente ($G \times A$) que não pode ser isolado. Mesmo assim, as informações obtidas são de muita importância para o melhorista porque permitem também verificar quais são as possibilidades de êxito na seleção e as alterações na variância genética com o decorrer dos ciclos de seleção.

Os valores obtidos das estimativas da variância genética aditiva (σ^2_A), variaram de $69,42 \pm 19,98$ (g/pl)² a $239,65 \pm 55,09$ (g/pl)², para as populações CMS 52 e CMS 37, respectivamente (Tabela 3). Andrade e Miranda Filho (1979) e Aguilar Moran (1984) apresentaram resultados semelhantes aos obtidos nesse estudo. Nesse caso, apesar das estimativas da σ^2_A apresentarem valores superestimados, esses valores são semelhantes aos encontrados para outras populações de milhos temperados, cujas estimativas, não tiveram interferência do componente $G \times A$ (Hallauer e Wright, 1967; Marquez - Sanchez e Hallauer, 1970; Subandi e Campton, 1974; Silva e Hallauer, 1975 entre outros). No Brasil, as estimativas das σ^2_A variaram de $87,72$ (g/pl)² à $626,04$ (g/pl)² conforme relato de Crisóstomo (1978), Rissi (1980), Sawazaki (1978), Souza Junior *et al.* (1993), Aquilar Moran (1984).

As estimativas da herdabilidade permitem aos melhoristas calcularem o progresso esperado na seleção de fontes de germoplasmas, bem como o processo usado para melhorar germoplasmas e a

quantidade de testes com este material genético (Lamkey e Hallauer, 1987). O coeficiente de herdabilidade (h^2) no sentido restrito é de grande valia, pois indica quanto da variação total é devido a variância aditiva (σ^2_A); h^2 maior que 50% indica considerável σ^2_A na população e que implica em dizer que métodos simples de seleção podem ser usados com sucesso na melhoria de características desejáveis.

Os valores estimados para os coeficientes de herdabilidade (h^2), no sentido restrito ao nível de média de progênies S1, oscilaram de $49,15 \pm 10,20\%$ a $74,87 \pm 5,03\%$ para as populações Across 8528 e CMS 37, respectivamente. Estes valores foram semelhantes aos encontrados por Santos (1985) trabalhando com raças brasileiras de milho. Mesmo que esses valores das estimativas h^2 não sejam altos, pode-se considerar essas populações como potencialmente promissoras, tendo-se em vista a quantidade de variabilidade genética exibida, e que poderá ser explorada em um programa de melhoramento.

Quanto ao índice de variação "b" (Tabela 2), o qual dá a proporção da variância genética entre as progênies S1 em relação ao erro residual, os valores variaram de 0,79 (CMS 52) a 1,22 (CMS 37). Valores altos e baixos deste índice, semelhantes aos encontrados neste estudo, foram relatados por Souza Junior *et al.* (1980) e Aguilar Moran (1984), respectivamente.

As estimativas dos progressos genéticos esperados para as populações variaram de 23,50g g/pl (CMS 37) a 12,720 g/pl (CMS 55). Deve ser mencionado a respeito desses resultados que, se for praticada a seleção em mais de um local, as estimativas dessas respostas à seleção estarão superestimadas devido a interação da variância genética aditiva x local.

Para o caráter peso de espigas despalhadas, tanto as evidências diretas quanto as indiretas levam à indicações de variabilidade genética suficiente nas sete populações para se ter progressos genéticos em programas de melhoramento.

Bibliografia

- Aguilar Moran, J.F. Avaliação. 1984. Do potencial de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba - Esalq/USP, 118 p. Dissertação de Mestrado.
- Crisóstomo, J.R.. 1978., Estimação de parâmetros genéticos em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, Esalq/USP, 84p Tese Doutorado.
- Cross, H.Z. ; Kamen, J.I. ; Brun, L. 1987. Plant density, maturity and prolificacy effects on early maize. Can. J. Plant Sci. 67: 35-42.
- Goodman, M.M. 1965, Estimativas of genetic variance in adapted and exotic population of maize. Crop Science, v.4, p.87-90.
- Hallauer, A.R. 1967. Experimental estimates of genetic parameters in cross-fertilized animals. Agron. Abst., p.57.

- Hallauer, A.R. Miranda Filho, J.B. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Ames; Iowa State University Press. 468p.
- Hallauer, A.R.; J.A. Whight. 1967. Genetic variance in the open pollinated variety of maize. *Der Zuchter*, 37: 178-185.
- Lamkey, K.R.; Hallauer, A.R. 1987. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. *Maydica*, v.32, M.1, p.61-78.
- Marquez-Sanchez, F.; Hallauer, A.R. 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. grain yield. *Crop Science*, v.10, M.4, p.357-61, July/Aug.
- Miranda Filho, J.B. 1978. Herdabilidade da altura da planta e da espiga na população Esalq-PB1. Relatório Científico do Departamento de Genética da Esalq. 12, p.116-21.
- Pandey, S.; Gardner, C.O. 1992. Recurrent selection for population variety, and hybrid improvement in tropical maize. *Advances in Agronomy*, v.48, p.81-7.
- Pires, J.L. 1988. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para progênies de meios irmãos e S1 da variedade de milho (*Zea mays* L.) BR 126. Viçosa: UFV, 96p Tese de Mestrado.
- Risse, R. 1980. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, Esalq/USP, 87p. Dissertação de Mestrado.
- Santos, M.X. 1985. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, Esalq/USP, 186p. Dissertação de doutorado.
- Sawazaki, E. 1989. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção de grãos no milho IAC maya. Piracicaba, Esalq/USP, 99p, Dissertação de Mestrado.
- Silva, J.C.; Hallauer, A.R. 1975. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. *J. Heredity*, 66-290-296.
- Souza Junior, C.L. 1989. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba. Fealq, 139p.
- Souza Júnior, C.L.; Santos, M.X.; Magnavaca, R.; Gama, E.E.G. 1993. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR 105 x BR 106 e suas implicações no melhoramento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 28, M.4, p.473-9, Apr.
- Souza Júnior, C.L.; Geraldi, I.O.; Zinsly, J.R. 1980. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da produção de milho (*Zea mays* L.) Suwan. Relatório Científico do Departamento de Genética da Esalq, M.14, p.146-52.
- Subandi, W.; Compton, W.A. 1974. Genetics studies in an exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. *Theor. Appl. Genet.*, 44:153-159.

Troyer, A.F. 1968. Yield as influenced by maturity and population. Proc. Annu. Hybrid Corn Sorghum Res. Conf. Am. Seed Trade Assoc. 22: 91-98.

Vencovsky, R.; Barriga, P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, SBG., 486p.

Tabela 1. Cor do grão de endosperma e origem de 7 populações de milho de ciclo superprecoce, avaliadas em Sete Lagoas, Cnpms, Sete Lagoas, MG, 1996.

População	Cor do grão	Tipo de endosperma	Origem	¹ Dias para florescimento
1- Across 8528	Amarelo	dentado	Cimmyt	60
2- Pool 18	Amarelo	dentado	Cimmyt	57
3- CMS 51	Amarelo	dentado	Cnpms	58
4- CMS 37	Amarelo	duro	Cnpms	59
5- CMS 55	amarelo	dentado	Cnpms	57
6- CMS 52	amarelo	dentado	Cnpms	60
7- CMS 47	amarelo	dentado	Cnpms	56

¹plântio efetuado em,10/11/96, em Sete Lagoas, MG

Cuadro 2. Dados médios para peso de espigas despalhadas (PE) das cinco melhores progênies S1 de sete populações de ciclo superprecoce, selecionadas em ensaios avaliados no CNPMS. Sete Lagoas, MG, 1996.

Entrada (E)	Populações												
	CMS 55		CMS 52		Pool 18		CMS 37		CMS 47		CMS 51		A 8528
	PE	E	PE	E	PE	E	PE	E	PE	E	PE	E	PE
	(kg/há)		(kg/ha)										
98	3.930	13	4.500	9	4.960	58	5.110	61	5.470	64	5.790	3	5.770
20	3.370	15	3.520	107	4.260	120	4.880	123	4.920	09	4.530	158	3.600
150	3.190	132	3.370	139	4.100	162	4.630	62	4.720	157	4.390	207	5.300
04	3.170	50	3.000	210	5.180	20	4.460	27	4.470	59	4.010	347	4.930
35	3.080	87	2.990	313	5.640	34	4.230	66	4.870	11	3.970	392	4.570
Média (M)	3.350	M	3.480	M	4.830	M	4.660	M	4.870	M	4.540	M	5.230
Média do Ensaio (ME)	2.360	ME	2.260	ME	3.180	ME	3.050	ME	4.110	ME	3.250	ME	3.850
¹ Testemunha (T)	1.860	T	2.080	T	2.310	T	2.890	T	2.040	T	2.530	T	2.060
CV (%)	18.32		18.83		20.37		16.16		17.63		14.28		21.40

¹ L 20 (CMS 06)

Cuadro 3. Estimativas* dos componentes da variância para as 7 populações CMS de ciclo superprecoce, em experimentos de seleção recorrente com progênies S₁. Sete Lagoas-MG, CNPMS, 1996

Parâmetros	Limites	Populações							
		CMS 55	Pool 18	CMS 52	CMS 37	CMS 47	CMS 51	A.8528	
¹ σ^2_A	LS	74.20 ± 16.93	214.08 ± 75.35	69.42 ± 19.98	239.65 ± 55.09	238.54 ± 53.87	132.71 ± 38.20	217.06 ± 93.97	
(g/planta) ²	LI	59.36 ± 13.55	171.24 ± 60.28	55.53 ± 15.86	191.74 ± 44.07	190.83 ± 43.08	106.16 ± 30.56	173.75 ± 75.17	
² h^2_x	LS	65.88 ± 5.72	53.21 ± 9.36	55.16 ± 7.52	74.87 ± 5.03	66.46 ± 5.62	62.47 ± 7.51	49.15 ± 10.80	
(%)	LI	52.71 ± 4.77	42.56 ± 7.80	44.12 ± 6.26	59.89 ± 4.19	53.17 ± 4.69	49.98 ± 6.25	41.32 ± 8.50	
³ b		0.98	0.85	0.79	1.22	1.00	0.91	0.87	
(%)									
⁴ Gs	LS	12.720	18.730	16.255	23.509	22.097	15.979	16.178	
((g/planta)	LI	9.817	14.983	12.978	18.807	17.677	12.783	12.942	
⁵ Amplitude de Variação	LS	3.920	5.300	4.080	4.020	3.920	4.790	5.800	
	LI	1.070	2.200	1.210	1.010	760	810	2.300	
Nº de experimentos		1	4	2	1	1	1	4	
Rep/Experimento		2	2	2	2	2	2	2	
Nº progênies		196	400	200	196	196	196	372	

* Estimativa dos componentes da variância em gramas por planta.

¹ Variância genética aditiva.

² Herdabilidade no sentido restrito ao nível de média de progênies S₁.

³ Relação CVg/CVe.

⁴ Progresso esperado com seleção 10%.

⁵ Produtividade média (kg/ha).