

VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE MILHO DE CICLO SUPERPRECOCE. I. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS

ELTO EUGENIO GOMES E GAMA¹
SIDNEY NETTO PARENTONI¹
MAURICIO A. LOPES¹
CLESO A. P. PACHECO¹

RESUMO - A estimação 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 os parâmetros genéticos, produtividade média, herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2), índice de variação (\hat{b}) e resposta à seleção, em sete populações de milho (*Zea mays* L.) de ciclo superprecoce (florescimento masculino inferior a 60 dias). 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 3 350 kg/ha (CMS 55) a 5 230 kg/ha (Across 8528). Os valores das estimativas dos parâmetros estudados, \hat{h}^2 e \hat{b} , foram similares aos encontrados na literatura. A CMS 37 apresentou os maiores valores para \hat{h}^2 ($74,87 \pm 5,03$). Quanto à resposta à seleção, os valores estimados mostraram variações de 12,720 g/pl (CMS 55) a 23,509 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.

TERMOS PARA INDEXAÇÃO: Milho, ciclo superprecoce, parâmetros genéticos.

GENETIC VARIABILITY IN VERY EARLY CYCLES MAIZE POPULATIONS. I. GENETIC PARAMETER ESTIMATIONS

ABSTRACT - The evaluation of genetic parameters in maize (*Zea mays* L.) populations is very important to obtain information on the nature of gene actions involved in the inheritance of a trait, and to establish the base to choose the most appropriated breeding method. The objective of this study was to estimate the parameters: mean yield, heritability (\hat{h}^2) in narrow sense base, variation index (\hat{b}) and genetic progress, for seven very early cycle maize populations (male flowering date less than 60 days). The S_1 progeny number varied from 196 to 400. They were evaluated at

CNPMS experimental area, in Sete Lagoas, MG, Brazil. The experimental design used was a lattice, with two replications. Ear weight ranged from 3.350 kg/ha (CMS 55) to 5.230 kg/ha (Across 8528). The estimated values for the studied parameters, \hat{h}^2 and \hat{b} , were similar to the ones found in the literature. CMS 37 showed the highest values for \hat{h}^2 ($74,87 \pm 5,03$). Genetic progress values ranged from 12,720 g/pl (CMS 55) to 23,509 g/pl (CMS 37). The seven populations showed enough genetic variability to allow progress in breeding programs using adequate selection scheme.

INDEX TERMS: Maize, very early cycle, genetic parameters.

INTRODUÇÃO

Com a acelerada ampliação de áreas irrigadas no Brasil e a busca constante da otimização do uso dessas terras, por meio de mais de um cultivo por ano, cultivares de milho de ciclo superprecoce poderiam ser uma boa opção para atender a essa demanda, pela possibilidade de serem plantadas em sucessão a leguminosas ou mesmo a outras gramíneas. Entretanto, a pouca dispo-

nibilidade de materiais básicos (populações superprecozes) e de conhecimento das características agrônomicas e de potencial produtivo para programas de melhoramento, tem limitado o desenvolvimento de cultivares. A característica de ciclo curto, em plantas de milho, constitui-se em um importante atributo e a sua vantagem relativa a outros ciclos tem sido relatada na literatura (Troyer, 1968; Cross et al., 1987).

1. Pesquisadores da EMBRAPA Milho e Sorgo, Sete Lagoas - MG.

No processo de melhoramento, deve-se escolher para seleção a população mais adequada. É conhecido que entre as populações de milho de polinização aberta, existe uma grande variabilidade genética para os caracteres agrônômicos. Uma das maneiras de se avaliar as propriedades intrínsecas de uma população é através da adequada estimativa de seus parâmetros genéticos, o que deve ser feito 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 populações 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. No Brasil, entretanto, são poucos os resultados publicados com populações tropicais de milho de ciclo superprecoce, a despeito da utilidade dessas estimativas na condução de um programa de melhoramento em que as características são herdadas quantitativamente.

Este trabalho teve como objetivo a determinação da potencialidade genética de sete populações de milho de ciclo superprecoce, por meio das comparações de algumas estimativas de parâmetros genéticos obtidos de progênies endogâmicas S₁.

MATERIAL E MÉTODOS

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 S₁ obtidas de autofecundações em cerca 400 plantas, escolhidas ao acaso, em cada uma das sete populações. As progênies, que variaram de 196 a 400, foram avaliadas utilizando-se o delineamento experimental de látice, com 2 repetições (Tabela 2). Foi utilizada uma testemunha única em todos os ensaios, a linhagem elite (L 20) do programa de melhoramento do CNPMS. As parcelas foram constituídas por uma fileira de 5m, com espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,17m entre plantas, resultando em uma densidade de 73500 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 S₁ superiores de cada uma das populações.

As análises de variância foram realizadas, usando-se os dados coletados de peso de espigas despalhadas, segundo o delineamento de látice ou de acordo com a eficiência, como blocos casualizados. Os componentes de variância foram estimados de acordo com as esperanças matemáticas das análises de variância efetuadas para cada uma das populações estudadas, de acordo com Vencovsky & Barriga (1992).

TABELA 1 - Cor do grão, tipo de endosperma e origem de sete 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

¹Plantio efetuado em 10/11/96, em Sete Lagoas, MG.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em programas de melhoramento de milho, o caráter de maior importância é a produtividade, sendo, porém, 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 x A), que perdura durante todas as fases do desenvolvimento da planta. Os estudos sobre os componentes da variação genética têm sido feitos com maior frequência para o caráter produção (Hallauer e Miranda Filho, 1981). 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, resultam em aumento significativo da produção.

Os coeficientes de variação CV (Tabela 2) variaram de 14,28 a 21,40%, podendo ser classificados como de média magnitude (Scapim et al., 1995), o que pode ser considerado aceitável sob o ponto de vista experimental. Nota-se que a precisão experimental parece não ter sido influenciada pelo tamanho dos látices, uma vez que o menor CV foi obtido quando se avaliaram 196 tratamentos e o maior veio de experimentos em que foram avaliados 93 tratamentos (média de 4 experimentos).

As médias das populações apresentaram uma amplitude de 2 260 (CMS 52) a 4 110 kg/ha (CMS 47). As médias das progêneses selecionadas dentro das populações variaram de 3.350 kg/ha (CMS 55) a 5 230 kg/ha (A.8528), sendo 44,44% e 57,38% mais produtivas, respectivamente, que a testemunha, uma linhagem elite do programa (Tabela 2).

O método de seleção intrapopulacional, usando-se progêneses endogâmicas visando à produção de híbridos, vem sendo utilizado em diversos programas de melhoramento de milho no país e no exterior, e mais recentemente pela Embrapa Milho e Sorgo. Além disso, a seleção entre progêneses S_1 permite a estimação de parâmetros genéticos, com a vantagem adicional de que explora maior porção da variância genética aditiva do que entre famílias de irmãos germanos e de meios-irmãos, o que contribui para um maior avanço genético (Souza Junior, 1989). Entretanto, o melhor uso de progêneses S_1 não é um bom método para se estimar a variância aditiva em estudos com populações de milho, principalmente para características complexas, como produção, porque teríamos que admitir as restrições de que $p = q = 0,5$ e $d/a = 0$ (ausência de dominância) e $d/a = 1$ (dominância completa).

Um questionamento a respeito das estimativas apresentadas nesse estudo, é que foram obtidas de ensaios conduzidos em apenas um ambiente e, dessa for-

ma, os valores obtidos, provavelmente encontram-se superestimados pelo componente da variância da interação genótipos x ambientes ($\hat{\sigma}_{G \times A}^2$) que, nessa situação, não pode ser isolado. Mesmo assim, as informações obtidas são relevantes, por permitirem verificar as possibilidades de êxito na seleção e as alterações na variância genética com o decorrer dos ciclos de seleção.

As estimativas da herdabilidade permitem aos melhoristas calcularem o progresso esperados com a seleção, bem como auxiliarem na escolha do método mais adequado e a quantidade de testes com este material genético (Lamkey e Hallauer, 1987). O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2) é de grande valia, pois indica quanto da variância fenotípica total é passada para a próxima geração.

Assim, \hat{h}^2 maior que 50% indica considerável variância aditiva na população, o que implica dizer que métodos simples de seleção podem ser usados com sucesso na melhoria de características desejáveis.

Segundo Souza Júnior (1989), a variância genética para progêneses S_1 é dada pela expressão $\hat{\sigma}_{S_1}^2 = \hat{\sigma}_A^2 + 1/4 \hat{\sigma}_D^2 + D1 + 1/8 D2$. Assim, os resultados das estimativas da \hat{h}^2 poderão estar superestimados. Os valores estimados para os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2), ao nível de média de progêneses S_1 , variaram de $49,15 \pm 10,80\%$ a $74,87 \pm 5,03\%$ para as populações Across 8528 e CMS 37, respectivamente. Esses valores foram semelhantes aos encontrados por Santos (1985), trabalhando com raças brasileiras de milho. Quanto à confiabilidade dos valores encontrados para herdabilidade (Tabela 3) para as famílias S_1 avaliadas per se e com valores de CV relativamente baixos, os valores dos coeficientes de herdabilidade podem ser considerados de boa magnitude. Mesmo que os valores das estimativas de \hat{h}^2 não sejam altos, essas populações podem ser consideradas como potencialmente promissoras para serem exploradas em um programa de melhoramento.

O índice de variação " \hat{b} ", que dá a proporção da variância genética entre as progêneses S_1 em relação ao erro residual (Tabela 3), variou 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. Quando forem maiores que 1,0, melhores serão as condições para se obter sucesso com a seleção.

As estimativas dos progressos genéticos esperados para as populações variaram de 12,720 g/pl (CMS 55) a 23,509 g/pl (CMS 37). Deve ser mencionado que esses resultados são relativamente elevados

TABELA 2 - Dados médios para peso de espigas despalhadas (PE) das melhores progênies S₁ de sete populações de ciclo superprecoce. Ensaios avaliados no CNPMS. Sete Lagoas, MG, 1996.

		Populações											
Pool 18		A 8528		CMS 37		CMS 47		CMS 51		CMS 52		CMS 55	
Entrada (E)	Peso de Espigas	PE		PE		PE		PE		PE		PE	
	(PE) (kg/ha)	(E)	(kg/ha)	(E)	(kg/ha)	(E)	(kg/ha)	(E)	(kg/ha)	(E)	(kg/ha)	(E)	(kg/ha)
9	4.960	3	5.770	58	5.110	61	5.470	64	5.790	13	4.500	98	3.930
107	4.260	158	3.600	120	4.880	123	4.920	09	4.530	15	3.520	20	3.370
139	4.100	207	5.300	162	4.630	62	4.720	157	4.390	132	3.370	150	3.190
210	5.180	347	4.930	20	4.460	27	4.470	59	4.010	50	3.000	04	3.170
313	5.640	392	4.570	34	4.230	66	4.870	11	3.970	87	2.990	35	3.080
Média (M)	4.828		4.834		4.662		4.890		4.538		3.476		3.348
Média de Populações	3.180		3.850		3.050		4.110		3.250		2.260		2.360
¹ Testemunha (T)	2.310		2.060		2.890		2.040		2.530		2.080		1.860
CV (%)	20,37		21,40		16,16		17,63		14,28		18,83		18,32
Nº de experimentos	4	4		1		1		1		2		1	
Rep/Experimento	2	2		2		2		2		2		2	
Nº progênies	400	372		196		196		196		200		196	

¹ Testemunha- refere-se à linhagem elite L20 proveniente da população CMS 06.

TABELA 3 - Estimativas dos componentes da variância (gramas/planta) para as sete populações CMS de ciclo superprecoce, em experimentos de seleção recorrente com progênies S_1 . CNPMS Sete Lagoas, MG, 1996

Parâmetros	Limites	Populações						
		Pool 18	A.8528	CMS 37	CMS 47	CMS 51	CMS 52	CMS 55
¹ \hat{h}^2_x (%)	LS	53,21 ± 9,36	49,15 ± 10,80	74,87 ± 5,03	66,46 ± 5,62	62,47 ± 7,51	55,16 ± 7,52	65,88 ± 5,72
	LI	42,56 ± 7,80	41,32 ± 8,50	59,89 ± 4,19	53,17 ± 4,69	49,98 ± 6,25	44,12 ± 6,26	52,71 ± 4,77
² $\hat{\delta}$ (%)		0,85	0,87	1,22	1,00	0,91	0,79	0,98
³ \hat{G}_s (g/planta)	LS	18,730	16,178	23,509	22,097	15,979	16,255	12,720
	LI	14,983	12,942	18,807	17,677	12,783	12,978	9,817
⁴ Amplitude de Variação	LS	5.300	5.800	4.020	3.920	4.790	4.080	3.920
	LI	2.200	2.300	1.010	760	810	1.210	1.070

¹ Herdabilidade no sentido restrito ao nível de média de progênies S_1 .

² Relação CVg/CVe.

³ Progresso esperado com seleção.

⁴ Amplitude de variação para produtividade média (kg/ha).

devido à capitalização da interação genótipos x ambientes, uma vez que a seleção foi praticada em apenas um local. Para o caráter peso de espigas despalhadas, tanto as evidências diretas quanto as indiretas levam a indicações de variabilidade genética suficiente nas sete populações para se ter progressos genéticos em programas de melhoramento.

CONCLUSÕES

a) As magnitudes relativas dos parâmetros genéticos estimados para o caráter peso de espigas tiveram valores intermediários, indicando a potencialidade genética das populações para aproveitamento em programas de melhoramento, com destaque para as populações CMS 37 e CMS 47.

b) Verificou-se a presença de suficiente variabilidade genética, mostrada através do coeficiente de herdabilidade e do progresso genético esperado, indicando a viabilidade de ganhos substanciais com esquema de seleção usando-se progênies endogâmicas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGULAR MORAN, J.F. **Avaliação do potencial de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho** (*Zea mays* L.). Piracicaba - ESALQ/USP, 1984, 118 p. Dissertação de Mestrado.
- CROSS, H.Z. ; KAMEN, J.I. ; BRUN, L. Plant density, maturity and prolificacy effects on early maize. **Canadian Journal of Plant Science**, Gullph, v.67, p.35-42, 1987.
- GOODMAN, M.M. Estimativas of genetic variance in adapted and exotic population of maize. **Crop Science**, v.4, p.87-90, 1965.
- HALLAUER, A.R. Experimental estimates of genetic parameters in cross-fertilized animals. **Agronomy Abstracts.**, p.57, 1967.
- HALLAUER, A.R. MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames; Iowa State University Press, 1981. 468p.
- LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, v.32, M.1, p.61-78, July, 1987.
- MARQUEZ-SANCHEZ, F.; HALLAUER, A.R. 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., 1970.
- MIRANDA FILHO, J.B. Herdabilidade da altura da planta e da espiga na população ESALQ-PB1. IN: ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA LUÍZ DE QUEIROZ. Departamento de Genética. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**. M.12, 1978. p.116-21.
- PANDEY, S.; GARDNER, C.O. Recurrent selection for population variety, and hybrid improvement in tropical maize. **Advances in Agronomy**, v.48, p.81-7, 1992.
- SANTOS, M.X. **Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho** (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 1985, 186p. Dissertação de doutorado.
- SCAPIM, C.A.AA.; 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.4, p.683-686, maio 1995.
- SOUZA JUNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba. FEALQ, 1989. 139p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da produção de milho (*Zea mays* L.) Suwan. IN: ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA LUÍZ DE QUEIROZ. Departamento de Genética. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**. M.14. Piracicaba, 1980. p.146-152.
- TROYER, A.F. Yield as influenced by maturity and population. IN: ANNUAL HYBRID CORN SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 22, 1968, Chicago. **Proceedings...** Washington: ASTA, 1968. p.91-98.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, SBG, 1992. 486p.