

Variabilidade genética em duas Populações de Milho originadas de seleção recorrentes

Aurilene Santos Oliveira¹, Edésio Fialho dos Reis², Carolina Messias Silva³, José Branco de Miranda Filho⁴
Jefferson Fernando Naves Pinto⁵, Ricardo Souza Lima⁶.
Campus Jataí

Palavra-chave: melhoramento; variância genética.

Introdução

A diversidade genética existente no milho permite o seu cultivo nos mais diversos ambientes. O milho é cultivado desde a latitude 58°N até 40°S, desenvolvendo-se desde o nível do mar até 3.800 m de altitude (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Além disso, o milho é a espécie vegetal geneticamente mais estudada e, conseqüentemente, a herança de inúmeros caracteres e o seu genoma são bem conhecidos. A importância econômica, a sua estrutura genética, o número de cromossomos, o tipo de reprodução, a facilidade para realizar polinizações manuais e a possibilidade de gerar diferentes tipos de progênies, são fatores que muito contribuíram no sentido de tornar este cereal um modelo para as espécies alógamas (Nass e Paterniani, 2000).

As populações crioulas, também conhecidas como raças locais ou *landraces*, são materiais importantes para o melhoramento pelo elevado potencial de adaptação que apresentam para condições ambientais específicas (Paterniani et al., 2000). De maneira geral, as populações crioulas são menos produtivas que os cultivares comerciais. Entretanto, essas populações são importantes por constituírem fonte de variabilidade genética que podem ser exploradas na busca por genes tolerantes e/ou resistentes aos fatores bióticos e abióticos. Numerosos são os trabalhos que mostram variações adaptativas em diferentes culturas quando submetidos a estresses nutricionais, que justifica a importância de trabalhos que visam selecionar genótipos mais eficientes e produtivos em sistema de cultivo onde os teores de nutrientes disponíveis no solo não são suficientes. (Baker et al., 1970; Nilscen e Barber, 1978; Furlani et al., 1985; Machado et al., 1999; Parentoni et al. 1999).

O melhoramento genético de uma espécie alógama como o milho, pode ser dirigido essencialmente visando duas alternativas: a obtenção de populações melhoradas, ou a obtenção de uma geração F₁ com vigor de híbrido. No caso de melhoramento de populações, a utilização de métodos de seleção adequados, como seleção recorrente, possibilitam o aumento gradativo das freqüências gênicas dos genes favoráveis na população melhorada, sendo esta superior à original, com possibilidades de manter nível adequado de variabilidade genética. Em qualquer método de seleção recorrente, é importante a existência de variabilidade

Revisado pelo orientador.

¹ Aurilene Santos Oliveira é graduando do curso de Agronomia, Universidade Federal de Goiás. E-mail: aurilene@hotmail.com

² Edésio Fialho dos Reis é Professor Associado do Departamento de Biologia, Universidade Federal de Goiás, Campus Jataí. Jataí,GO, E-mail: edesio@pq.cnpq.br

³ Carolina Messias Silva é graduando do curso de Agronomia, Universidade Federal de Goiás. Campus Jataí. E-mail: karol_agroufg@hotmail.com

⁴ José Branco de Miranda Filho é Professor Visitante Nacional Sênior (CAPES) - Universidade Federal de Goiás, Campus Jataí. Jataí,GO. E-mail: jbmirand@eslaq.usp.br

⁵ Jefferson Fernando Naves Pinto é técnico do Laboratório de Genética Molecular do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Goiás Campus Jataí. Jataí,GO. E-mail: jeffernando@hotmail.com

⁶ Ricardo Souza Lima é graduando do curso de Agronomia, Universidade Federal de Goiás. E-mail: ricardoslima18@hotmail.com

genética com expressão suficiente para garantir ganhos por seleção em função do aumento da frequência dos alelos favoráveis em relação aos caracteres de interesse (Hallauer e Miranda Filho 1988).

Novas populações base para utilização em programas de melhoramento precisam ser conhecidas em suas propriedades relacionadas a características importantes. Neste sentido, as médias populacionais associadas às estimativas da variância genética, particularmente da variância aditiva e dos coeficientes de herdabilidade, constituem informações importantes na escolha das populações. Estimativas da variância aditiva para caracteres quantitativos têm sido relatados por inúmeros autores, com ênfase da produção de grãos e outros caracteres agronômicos importantes. Resumos destas estimativas constam nas publicações de Miranda Filho (1985), Vencovsky, Miranda Filho, Souza Jr., (1987), Hallauer, Miranda Filho (1995), entre outros. A maioria das estimativas estão no intervalo de 100 a 500 (g/planta)²; padrões similares são relatados para altura da planta e altura da espiga.

Objetivos

O objetivo do presente trabalho foi obter informações sobre a variabilidade genética das populações em estudo caracterizando as mesmas quanto ao seu potencial para novas ações de melhoramento.

Material e métodos

O experimento foi conduzido no campo experimental da Universidade Federal de Goiás - Campus Jataí, envolvendo famílias de meios irmãos de duas populações, designadas como POP1 e POP2. A POP1 teve origem do cruzamento entre os híbridos AG7000 e P30K75, seguido de dois ciclos de seleção recorrente e recombinação. POP2 resultou de um ciclo de seleção de famílias (20/100) para produção, arquitetura e acamamento, a partir da variedade de milho “crioulo” denominada MPA, de porte e altura da espiga elevados; esta amostra representa um tamanho efetivo populacional de aproximadamente $N_e = 80$. As datas de plantio de POP1 e POP2 foram 29/10/10 e 05/11/11, respectivamente

O delineamento estatístico de blocos casualizados com duas repetições, com 154 e 196 tratamentos nos experimentos de POP1 e POP2, respectivamente. Foram semeadas 40 sementes por parcela de 4m de comprimento, sendo feito o desbaste com 25 dias após o plantio, padronizando para 20 plantas por parcela. As parcelas foram constituídas de uma linha de quatro metros, com espaçamento entre linhas de 0,9 m, sendo que na coleta de dados e na colheita foram utilizados somente os dois metros centrais. A adubação de plantio foi feita de acordo com recomendação para cultura do milho. Foi feito adubação de cobertura 30 dias após o plantio, utilizando 150 kg ha⁻¹ de Super Simples, também foi realizado capinas, aplicação do inseticida Decis, para controle da lagarta do cartucho. Foram avaliados os seguintes caracteres: FM- florescimento masculino (dias), AP- altura da planta (m), AE- altura da espiga (m) e PG- produção de grãos (kg/parcela de 1,8 m²; ajustado para estande de 10 plantas).

O modelo de análise é $Y_{ij} = m + p_i + r_j + e_{ij}$, sendo Y_{ij} a unidade de análise, m a média geral, p_i o efeito aleatório de progênies, r_j o efeito de repetições dentro de experimentos e e_{ij} o erro experimental. As

esperanças dos quadrados médios de progênies e do erro são, respectivamente: $E(QP) = \sigma^2 + r\sigma_p^2$ e $E(QE) = \sigma^2$, sendo σ_p^2 a variância entre progênies, cuja estimativa é dada por $\hat{\sigma}_p^2 = (QP - QE)/3$; e σ^2 a variância do erro. A variância genética aditiva foi estimada por $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$ e o coeficiente de herdabilidade (médias de progênies) por $h_p^2 = (QP - QE)/QP$ (Vencovsky and Barriga 1992). Foram também estimados os coeficientes de variação experimental ($CV_e = \sigma/m$) e genético ($CV_g = \sigma_p/m$) e o índice de variação $Iv = \sigma_p/\sigma = CV_g/CV_e$, sendo m a média geral. O progresso esperado por seleção entre progênies com intensidade de seleção de 10% foi calculado por $G_s = 1,76 \sigma_p^2 / (QP/3)^{1/2}$.

Resultados e Discussão

As médias e coeficientes de variação dos quatro caracteres estudados são apresentados na Tabela 1 para as duas populações. O tempo de florescimento (FM) foi idêntico para as duas populações, mas POP1 mostrou menor AP e AE (diferença superior a 25%). A produção de grãos de POP2 foi cerca de 25% superior a POP1. O bom potencial de produtividade da população original (MPA) foi relatado por Kist et al. 2010. Os baixos valores de CV revelam boa precisão experimental em todos os casos.

As análises da variância (Tabela 2) mostraram significância para a variação entre progênies para as duas populações. As estimativas da variância aditiva (Tabela 3) para PG foram acima de 781 e 556 (g/pl)² ambas consideradas elevadas em comparação com valores relatados por outros autores. Miranda Filho e Nass 2001 relataram altos padrões de variabilidade em cinco populações semi-exóticas de milho, com estimativas de variância aditiva variando de 214 a 771 no Ciclo I e de 300 a 534 no Ciclo II. para todas as populações, sobressaindo GO-D e GN-04 ($\hat{\sigma}_A^2 > 1000$). O coeficiente de herdabilidade para médias de famílias foi de 0,34 nas duas populações e consideradas abaixo de valores relatados por Andrade e Miranda Filho 2007. Kist et al. 2010 relataram estimativa de 0,32 para a população POP2. Os valores relativamente baixos de h_{MI}^2 são em parte devidos ao pequeno número de repetições nos experimentos. O índice de variação (0,51) foi considerado relativamente baixo como expressão de variabilidade para fins de melhoramento.

Para FM houve maior expressão da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) em POP1 (12,4) em relação a POP2 (0,83). Hallauer e Miranda Filho 1988 relataram valor de $\hat{\sigma}_A^2$ de 4,0 na média de 48 estimativas. As diferenças aqui observadas também refletem no coeficiente de herdabilidade (0,89 e 0,16, respectivamente). Houve maior expressão de variabilidade em POP1 para PG e em POP2 para AP e AE. Os coeficientes de herdabilidade para médias de famílias foram relativamente altos (>0,97) para AP e AE. Todos os indicadores demonstram bom potencial de variabilidade para ser explorado por seleção recorrente, exceto para florescimento em POP2.

Tabela 1. Estimativas da média (m_0), coeficientes de variação experimental (CV%) e genético (CVg%) e do ganho por seleção (Gs) entre médias de famílias para quatro caracteres nas populações AG7000 e MPA-1.

Caráter	População POP1				População POP2			
	m ₀	CV%	CVg%	Gs%	m ₀	CV%	CVg%	Gs
FM- Florescimento (dias)	59,7	1,46	2,95	4,89	59,3	2,46	0,77	0,54
AP- Altura da planta	2,07	1,77	7,84	13,58	2,79	1,14	6,37	11,10
AE- Altura da espiga	1,13	2,85	12,40	21,48	1,56	1,77	10,52	18,33
PG- Produção (g/parcela)	1985	13,7	7,0	7,28	1823	12,7	6,5	6,64
Produção (t/ha)	8,07	---	---	---	10,13	---	---	---

Gs% : expresso em porcentagem de m₀.

Tabela 2. Análise da variância de quatro caracteres em famílias de meios irmãos de duas populações de milho.

Caráter	População POP1			População POP2		
	QR	QF	QE	QR	QF	QE
FM- Florescimento (dias)	1,7175	6,9831	0,7633	12,8597	2,5394	2,1264
AP- Altura da planta (cm)	0,5458	54,1039	1,3412	1,3969	64,2881	1,0067
AE- Altura da espiga (cm)	5,2367	39,9808	1,0282	4,5806	54,4934	0,7622
PG- Produção (g/parcela)	153,878	112,719	73,643	116,414	81,308	53,508

QR, QF, QE: Quadrados médios de repetições, famílias e erro com 1, 153 e 153 graus de liberdade para POP 1 e 1, 195 e 195 graus de liberdade para POP2, respectivamente; valores multiplicados por 10³ em AP e AE e por 10⁻³ em PG.

Tabela 3. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), do coeficiente de herdabilidade (h_{MI}^2 : médias de famílias) e do índice de variação (Iv) e do ganho esperado por seleção entre famílias (Gs%).

Caráter	População POP1			População POP2		
	$\hat{\sigma}_A^2$	h_{MI}^2	Iv	$\hat{\sigma}_A^2$	h_{MI}^2	Iv
FM- Florescimento (dias)	12,440±1,596	0,8907	2,019	0,8262±0,6674	0,1627	0,312
AP- Altura da planta (cm)	1055,3±123,0	0,9752	4,435	1265,6±129,567	0,9843	5,606
AE- Altura da espiga (cm)	779,1±90,9	0,9743	4,352	1074,6±109,824	0,9860	5,937
PG- Produção (g/planta)	781,52±305,89	0,3467	0,515	556,00±196,15	0,3419	0,510

Conclusões

- A população POP1 apresentou menor altura de planta e de espiga, no entanto a POP2 foi mais produtiva;
- Altos valores de variância genética aditiva foram observados para as duas populações em estudo.

Referências

- Andrade JAC and Miranda Filho JB (2008) Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. **Scientia Agricola** **65**:174-182.
- Baker DE, Jarre AE, Marshal LE and Thomas NI (1970) Phosphorus uptake from soils by corn hybrids selected for high and low phosphorus accumulation. **Agronomy Journal** **62**:103-6.
- Furlani AMC, Bataglia OC e Lima M (1985) Eficiência de linhagens de milho na absorção e utilização de fósforo em solução nutritiva. **Bragantia** **44**:129-47.
- Hallauer AR and Miranda Filho JB (1995) **Quantitative genetics in maize breeding**. 2 ed. Ames. IowaState University Press. 468 p.
- Kist V, Ogliari JB, Miranda Filho JB and Alves AC (2010) Genetic potential of a maize population from Southern Brazil for the modified convergent–divergent selection scheme. **Euphytica** **176**:25-36.
- Machado CTT, Guerra JGM, Almeida DL e Machado (1999) AT. Variabilidade entre genótipos de milho para eficiência no uso de fósforo. **Bragantia** **58**:109-124.

- Miranda Filho, J.B (1985) Breeding Methodologies for Tropical Maize. *In: A.Brandolini & F.Salamini (eds.), Breeding Strategies for Maize Production Improvement in the Tropics. Ist. Agron. per l'Oltremare* (Firenze, Italy), p.177-206.
- Nass LL and Paterniani E (2000) Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola** **57**:581-587.
- Nilsen NE and Barber SA (1978) Differences among genotypes of corn in the kinetics of P uptake. **Agronomy Journal** **70**:695-698.
- Parentoni SN (1999) Adaptação de milho a solos ácidos: Tolerância à toxidez de alumínio e eficiência no uso de nutrientes no programa de pesquisa da Embrapa-Milho e Sorgo. *In: Reunion Latino Americana Del Maiz, 18. Sete Lagoas, MG. Memórias... Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS/México: Cimmyt,179-99.*
- Paterniani E e Miranda Filho JB (1978). Melhoramento de populações. *In: Paterniani, E.(Ed.). Melhoramento e produção de milho no Brasil.* Fundação Cargill, Piracicaba, p. 202-256.
- Vencovsky R and Barriga P (1992) **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Sociedade Brasileira de Genética. 496p.
- Vencovsky, R; Miranda Filho, JB; Souza Jr., CL (1987) Quantitative Genetics and Corn Breeding in Brazil. *In: B.Weir, B.Eisen, M.M. Goodman & N.Namkoong (eds.), Proc. of the Second International Conference on Quantitative Genetics.* Sinauer Assoc. Inc., Sunderland (MA). Chap. 42, p. 465-477.
- .