



## POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGAMICAS DE MILHO SAFRINHA

Emanoel Sanches Martins<sup>(1)</sup>, Gabriele Berno Oliveira<sup>(2)</sup>, Cláudia Borsari Trevizan<sup>(3)</sup>,  
Gabielli Cristini Maia<sup>(4)</sup>, Livia Maria Chamma Davide<sup>(5)</sup>, Liliam Silva Cândido<sup>(6)</sup>, Adriano  
dos Santos<sup>(7)</sup>

### Introdução

O Brasil está entre os quatro maiores produtores de milho do mundo, mas a produtividade média do país ainda é considerada baixa. De acordo com a Conab (2013) a produtividade da safrinha 2013 esta estimada em 5.132 kg ha<sup>-1</sup>. Sendo assim o melhoramento de plantas é uma ferramenta que permite incrementar a produtividades de grãos, além de obter ganhos em outras características de interesse agrônômica.

As estimativas dos parâmetros genéticos de caracteres quantitativos, como a herdabilidade, o índice de variação e o coeficiente de variância genética, têm larga aplicação no melhoramento de plantas, pois fornecem subsídios na tomada de decisão durante o planejamento e execução de um programa de melhoramento, auxiliando também na escolha da população base e do método de seleção a ser utilizado, bem como na avaliação para definir a viabilidade da continuação de um programa em andamento.

Para o desenvolvimento de novas cultivares, o conhecimento a respeito da magnitude dos valores de herdabilidade para qualquer característica sob seleção é essencial, permitindo o estabelecimento de um conjunto de estratégias de seleção e

<sup>1</sup>Acadêmico do curso de Agronomia UFGD, Bolsista de iniciação científica da UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. emanoelmartins92@hotmail.com

<sup>2</sup>Acadêmico do curso de Agronomia UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. gabriele.berno399@gmail.com

<sup>3</sup>Acadêmica do curso de Biotecnologia UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. gabi\_cmaia@hotmail.com

<sup>4</sup>Acadêmica do curso de Biotecnologia UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. claudinha\_borsari@hotmail.com

<sup>5</sup>Engenheira Agrônomo, Professor Dra. da Faculdade de Agronomia, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. liviadavide@ufgd.edu.br

<sup>6</sup>Bióloga, Professora Dra. da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. liliamcandido@ufgd.edu.br

<sup>7</sup>Engenheiro-Agrônomo, Mestrando em Agronomia na UFGD, Rodovia Dourados/Itahum, km 12 - Dourados, MS. adriano.agro84@yahoo.com.br



métodos de melhoramento genético mais efetivos na obtenção de progresso genético (ALVES et al., 2004). A herdabilidade é uma medida do grau em que o fenótipo é influenciado geneticamente e, portanto, o grau em que ele pode ser modificado por seleção fenotípica (CARVALHO et al., 2001).

O índice de variação permite também discorrer sobre a variabilidade genética nos caracteres avaliados e um posterior sucesso em uma seleção. Esse índice informa a proporção genética em relação ao erro residual, indicando alta influência do ambiente ou do genótipo. Valores iguais ou superiores a 1,0 sugerem situação favorável a seleção (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Outro parâmetro necessário para maior confiabilidade e sucesso na seleção em um programa de melhoramento é o coeficiente de variação genética (CVg). Este permite inferir a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes caracteres, sendo seu valor diretamente proporcional a variabilidade genética da população (RESENDE, 2002).

O trabalho teve como objetivo avaliar o potencial genético de quarenta progênies  $S_2$ , por meio da determinação das estimativas de parâmetros genéticos.

## Material e Métodos

O experimento foi instalado, na safrinha/2013, no campus II da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD II), em Dourados, Mato Grosso do Sul (Tabela 1).

Tabela 1 - Descrição do local onde foi conduzido o experimento.

Local	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Clima*
UFGD II	448	22°13'18" S	54°48'23" W	Cwa

\* Segundo classificação de Köppen.

Foram avaliadas 40 progênies  $S_2$  em delineamento de blocos ao acaso, com cinco repetições. As parcelas foram constituídas de uma linha de cinco metros de comprimento. O espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m e a densidade de cinco plantas por metro linear, após o desbaste. A densidade populacional utilizada foi de 55.000 plantas por hectare. Os tratamentos culturais foram realizados conforme as exigências da cultura.



As características avaliadas foram diâmetro de espiga (mm), comprimento de espiga (cm), número de fileira de grãos na espiga, número de folhas abaixo da espiga, número de folhas abaixo da espiga, diâmetro do colmo (mm), altura da espiga (cm), altura de planta (cm) e massa de cem grãos (gramas). Os valores da massa de cem grãos foram corrigidas para 13% de umidade e em função do estande por meio da análise de covariância com correção para o ideal, conforme descrito por Schmidt et al. (2001).

Após a coleta dos dados, realizou-se a análise de variância, seguidas de estimação dos parâmetros genéticos - herdabilidade com base na média de famílias ( $\hat{h}_x^2$ ), coeficiente de variação genético ( $\hat{CV}_g$ ), índice de variação ( $\hat{I}_v$ ), variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), variância genotípica ( $\hat{\sigma}_G^2$ ) e variância residual ( $\hat{\sigma}_E^2$ ). As análises foram realizadas utilizando o pacote computacional Genes (CRUZ, 2006).

## Resultados e Discussão

Os coeficientes de variação (CV%) de todos os caracteres ficaram abaixo de 22% (Tabela 1), indicando boa precisão experimental, conforme Ferreira (1996).

Na análise de variância foi possível constatar diferença significativa ( $P < 0,01$ ) para os tratamentos em quase todas as características avaliadas, exceto para número de folhas acima da espiga superior (NFAE), permitindo inferir que há diferença de comportamento entre os genótipos avaliados. Tal resultado era esperado uma vez que os materiais genéticos utilizados são de origens distintas. Deste modo, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre as progênies avaliadas, condição determinante para um programa de melhoramento (SANTOS et al., 2012).



**Tabela 2.** Resumo da análise de variância para DE: diâmetro de espiga (mm); CE: comprimento de espiga (cm); NFGE: número de fileira de grãos na espiga; NFAE: número de folhas abaixo da espiga; NFABE: número de folhas abaixo da espiga; DC: diâmetro do colmo (mm); AE: altura da espiga (cm); AP: altura de planta (cm); MCG: massa de cem grãos (gramas) em linhagens de milho. UFGD-Dourados, MS, 2013.

F.V.	Quadrados Médios					
	G.L.	DE	CE	NF	NFAE	NFBE
Blocos	4	14,7235	7,9018	7,1145	1,4825	2,4750
Tratamentos	39	152,2492**	13,8766**	12,4008**	1,2507	4,0121**
Resíduo	156	34,8585	6,3903	3,8699	1,1030	1,5416
Média	-	41,8620	12,9825	12,7447	5,1900	5,5750
CV (%)	-	14,10	19,47	14,4355	20,23	22,27
F.V.	G.L.	DC	AE	AP	MCG	-
Blocos	4	1,2448	86,3281	391,9145	8.15655	-
Tratamentos	39	69,9486**	864,5025**	3028,7072**	167.918871**	-
Resíduo	156	7,3688	81,5935	335,7919	13.734396	-
Média	-	18,4235	59,9000	128,2845	31.7105	-
CV (%)	-	14,73	15,0799	14,2843	11.686964	-

\*\* e ns: significativo ( $p < 0,01$ ) e não significativo ( $p > 0,05$ ) pelo teste F, respectivamente.

As estimativas dos parâmetros genéticos permitiram identificar elevadas magnitudes de herdabilidade com base na média de famílias, acima de 85%, e índice de variação com magnitudes superiores a 1,3 para as características DC, AE, AP e MCG (Tabela 3).

Para oito dos nove caracteres avaliados a contribuição da variância genética foi maior que o componente ambiental, demonstrando que o ambiente pouco influenciou na estimativa destas características.

Em milho, nas condições brasileiras, diversos autores consideram valores da CVg acima de 7%, como um bom indicador do potencial genético de germoplasma para o melhoramento (RODRIGUES et al., 2011). Neste trabalho os valores variaram de 11,57% para DE a 20,89% para AE.

As estimativas do índice de variação ( $\hat{I}_v$ ) foram de 0,484 para CE a 1,498 para MCG. Valores  $\geq 1,0$  foram obtidos para os caracteres DC, AE, AP e MCG, o que indica que estes podem ser considerados com maiores possibilidades de sucesso.



**Tabela 3.** Estimativas da variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), da variância genotípica ( $\hat{\sigma}_G^2$ ), da variância residual ( $\hat{\sigma}_E^2$ ), da herdabilidade com base na média de famílias ( $\hat{h}_x^2$ ), do coeficiente de variação genético ( $\hat{C}V_g$ ) e do índice de variação ( $\hat{I}_v$ ) para oito caracteres avaliados em 40 progênies  $S_2$  de milho. UFGD -Dourados, MS, 2013.

Caracteres	Parâmetros Genéticos					
	$\hat{\sigma}_P^2$	$\hat{\sigma}_E^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{h}_x^2$	$\hat{C}V_g$ %	$\hat{I}_v$
DE	30,449	6,971	23,478	77,104	11,570	0,820
CE	2,775	1,278	1,497	53,948	19,982	0,484
NFGE	2,480	0,773	1,7061	68,792	10,249	0,664
NFAE	0,802	0,308	0,494	61,575	12,608	0,566
DC	13,989	1,473	12,515	89,465	19,202	1,303
AE	172,900	16,318	156,581	90,561	20,890	1,385
AP	605,741	67,158	538,583	88,913	18,090	1,266
MCG	33,583	2,746	30,836	91,820	17,511	1,498

DE: diâmetro de espiga (mm); CE: comprimento de espiga (cm); NFGE: número de fileira de grãos na espiga; NFAE: número de folhas abaixo da espiga; NFAE: número de folhas abaixo da espiga; DC: diâmetro do colmo (mm); AE: altura da espiga (cm); AP: altura de planta (cm); MCG: massa de cem grãos (gramas).

### Conclusões

As populações em estudo apresentaram variabilidade genética para a maioria dos caracteres, exceto NFAE.

Os caracteres DC, AE, AP e MCG, são os mais promissores para seleção de genótipos superiores.

### Referências

ALVES JCS; PEIXOTO JR; VIEIRA JV; BOITEUX LS. 2004. Estimativas de parâmetros genéticos para um conjunto de caracteres de raiz e folhagem em populações de cenoura derivadas da cultivar Brasília. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA**, 44. Anais... Brasília: ABH. 475.

CARVALHO FIF; SILVA SA; KUREK AJ; MARCHIORO VS. 2001. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: Ed. Universitária da UFPel. 99p

CONAB (2013) Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira: Grãos 2012/2013 – Décimo Segundo Levantamento - Setembro/2013**. Brasília, 2013. Disponível em



[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13\\_09\\_10\\_16\\_05\\_53\\_boletim\\_portugues\\_setembro\\_2013.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_09_10_16_05_53_boletim_portugues_setembro_2013.pdf) Acesso em 07 de outubro de 2013.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C.; DESTRO, D.; SOUZA, L. C. F.; SOBRINHO, T. A. Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 3, p. 223-230, 2003.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: estatística experimental e matrizes**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 285 p.

FERREIRA, P. V. **Estatística experimental aplicada a agronomia**. Maceió: Edufal, 1996. 606 p.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RODRIGUES, F.; PINHO R. G. V.; ALBUQUERQUE C. J. B.; PINHO E. V. R. V. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência agrotecnica**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011.

SANTOS, A.; CECCON, G.; CORREA, A. M.; DURANTE, L. G. Y.; REGIS, J. A. V. B. Análise genética e desempenho de genótipos de feijão-caupi cultivados na transição do cerrado-pantanal. **Revista Cultivando o Saber**, Cascavel, v. 5, n. 4, p. 87-102, 2012.

SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D.; ZANUNCIO, J. C.; PEREIRA, P. R. G.; FERRAO, R. G. Avaliação de métodos de correção do estande para estimar a produtividade em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira [online]**, v.36, n. 8, p. 1011-1018, 2001.

SILVA, R. M. Valor genético e potencial heterótico de populações de milho (*Zea mays*). 2001. 121p. **Tese** (Doutorado em Genética e melhoramento de plantas) –Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SILVA, R. M.; LIMA, M.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C.; MORAIS, L. K. Estimativas de parâmetros genéticos em uma população de milho e potencial para programas de melhoramento. **Revista Biociência**, Taubaté, v. 12, n. 3-4, p. 115-121, 2006.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.