

Variabilidade em Populações de Milho na Região do Sudoeste de Goiás
Luana de Oliveira Rodrigues¹, José Branco de Miranda Filho², Edésio Fialho dos Reis³ e Aurilene Santos Oliveira⁴

^{1,4} Acadêmicos da Universidade Federal de Goiás, Campus Jataí, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Jataí (GO). ¹ luana_agro@yahoo.com.br e ⁴ aurilene.s.oliveira@hotmail.com

^{2,3} Universidade Federal de Goiás, Campus Jataí, Jataí (GO). ² jbmirand@esalq.usp.br e ³ edesio7@brturbo.com.br

RESUMO - Foram avaliadas sete populações de polinização livre de milho quanto ao seu potencial de produtividade e de variabilidade visando a sua utilização em programas de melhoramento intrapopulacional. Todas estão no segundo ciclo de seleção. Cinco delas foram desenvolvidas no projeto NAP-MILHO, como fontes de resistência a doenças foliares específicas e dois compostos foram obtidos do intercruzamento de populações da EMBRAPA. O nível de produtividade foi considerado aceitável para as condições de safrinha, variando de 5,3 a 6,3 t ha⁻¹, chegando a mais de 70% dos híbridos comerciais da região em condições de safrinha. Todas as populações mostraram excelente padrão de variabilidade, pelas estimativas da variância aditiva (g pl⁻¹) entre 700 e 1500 nas populações NAP e pouco menos de 500 nos compostos. O índice de variação ($0,5 < \theta < 1,2$) mostra boas possibilidades de seleção eficaz em todos os casos. Os coeficientes de herdabilidade ($0,45 < h_m^2 < 0,73$) também mostram bom potencial de variabilidade nas populações NAP; nos compostos G-01 e G-02 as estimativas de h_m^2 foram um pouco menores do que 0,5. O ganho esperado por seleção, maior do que 10% em todos os casos, sugere que os programas de seleção recorrente devam continuar.

Palavras-chave: Seleção recorrente, população, resistência a doenças, variabilidade genética.

Introdução

A cultura do milho em geral está exposta a um grande número de fatores bióticos e abióticos adversos. Nas duas últimas décadas foi detectado um aumento expressivo no nível de doenças de milho, principalmente as foliares. Este fato foi decorrência do aumento da área cultivada com milho e da expansão da cultura de segunda época (*safrinha*), principalmente no Centro-Oeste, incluindo a região de Jataí no Sudoeste de Goiás, identificada entre as maiores produtoras do país.

A situação agravante da ocorrência de doenças do milho despertou a preocupação de diversas entidades de pesquisa, públicas e privadas, que se uniram para o desenvolvimento do projeto NAP-MILHO (*Núcleo de Apoio à Pesquisa do Milho* - Universidade de São Paulo). O projeto iniciou em 1994 com o objetivo de buscar fontes de resistência a cinco das principais doenças foliares. Assim, foram avaliados 1272 acessos do Banco de Germoplasma (CENARGEN-EMBRAPA) e 140 variedades melhoradas em 13 locais previamente escolhidos para propiciar maior possibilidade das doenças em foco (MIRANDA FILHO et al., 2000). As cinco populações geradas no mencionado projeto foram usadas como base para um

programa de seleção recorrente e os resultados do primeiro ciclo foram relatados por Costa et al. (2001), Gorgulho et al. (2001) e Miranda Filho et al. (2001 a, b, c). No presente trabalho são apresentados resultados do segundo ciclo referentes ao potencial de cinco populações selecionadas para resistência a doenças; e de dois compostos de ampla base genética também já avaliados anteriormente (SILVA, 2001; SILVA et al., 1999).

Material e Métodos

Foram estudadas sete populações de ampla base genética quanto ao seu potencial de produtividade e de variabilidade para dar continuidade nos respectivos programas de seleção recorrente. Cinco populações foram desenvolvidas no projeto NAP-Milho (já mencionado) pelo intercruzamento de acessos do Banco de Germoplasma selecionados para resistência específica a doenças: NAP-PM, NAP-CE, NAP-ET, NAP-PZ e NAP-PP; com resistência a *Phaeosphaeria maydis*, Complexo de Enfezamento, *Exserohilum turcicum*, *Physopella zae* e *Puccinia polysora*, respectivamente. O número de acessos recombinados em cada caso foi 46, 28, 34, 25 e 41. As outras duas populações são compostos (G-01 e G-02) obtidos pelo intercruzamento de populações do Banco de Germoplasma (NASS e MIRANDA FILHO, 1999). As populações representam o segundo ciclo de seleção recorrente.

Foram obtidas famílias de meios irmãos em lotes isolados de polinização, que resultaram nos seguintes tamanhos de amostra: 150, 150, 150, 130, 150, 175 e 100, respectivamente. As famílias de cada população foram divididas em diversos experimentos, delineados em blocos casualizados com duas repetições com parcelas lineares de três metros espaçadas de 0,9 m; os experimentos foram plantados em condição de safrinha na região de Jataí (GO). Neste segundo ciclo, somente o peso de espigas foi analisado, representado por cinco plantas representativas da parcela. A razão da amostragem foi o alto índice de acamamento causado por fortes ventos na fase pré-colheita.

A partir das análises da variância, foram estimados parâmetros quantitativos de importância para o melhoramento, segundo metodologia descrita por Vencovsky e Barriga (1992) e Andrade e Miranda Filho (2008). Assim, foram estimados: m_0 - média populacional, CV- coeficiente de variação experimental, σ_f^2 - variância genética entre famílias de meios irmãos, σ_A^2 - variância genética aditiva, h_m^2 - coeficiente de herdabilidade para médias de famílias, CVg - coeficiente de variação genética, θ - índice de variação, Gs - ganho esperado por seleção truncada de 10% das famílias.

Resultados e Discussão

As análises da variância para peso de espigas de cinco plantas (kg) são apresentadas na Tabela 1. A variação entre famílias nas análises agrupadas foi significativa pelo teste F com $P < 0,01$ em todos os casos. Para as condições de desenvolvimento dos experimentos, os coeficientes de variação estiveram dentro de limites aceitáveis, sendo que em somente um caso ultrapassou os 20%. As estimativas de outros parâmetros estão na Tabela 2. As médias populacionais seguiram a seguinte ordem decrescente: G-02 ~ NAP-ET > NAP-PZ ~ NAP-PM > G-01 > NAP-CE ~ NAP-PP). Entre as populações NAP, a mais produtiva no primeiro ciclo foi NAP-PP com $6,30 \text{ t ha}^{-1}$ (MIRANDA FILHO et al., 2001b) e a menos produtiva foi NAP-ET com $4,39 \text{ t ha}^{-1}$ (MIRANDA FILHO et al., 2001a e; as demais populações NAP ficaram com produção entre 5 e 6 t ha^{-1} . Neste mesmo ciclo as médias de produção representaram valores entre 57% e 82% em relação à testemunha (híbrido Máster da empresa *Novartis Seeds*). No segundo ciclo, sobressaiu NAP-ET com $6,26 \text{ t ha}^{-1}$ e a menos produtiva foi NAP-PP com $5,34 \text{ t ha}^{-1}$. Esta inversão de valores nos dois ciclos de seleção se deve principalmente às diferenças de ambiente nos dois ciclos de seleção. De fato, o ambiente do ciclo I (Anhembi, SP) representa região de baixada às margens do Rio Tietê no Estado de São Paulo; naquela época ainda não havia ocorrido à epidemia de *Cercospora zeamaydis*, que mais tarde causaria grandes estragos na cultura do milho no Sudoeste de Goiás, particularmente na região de Jataí. O segundo ciclo, conduzido em Jataí, já deve ter sofrido as conseqüências da mancha de *Cercospora*. De fato, nestas condições, a extensa área de cultivo de milho na região tem mostrado produtividade entre 6,0 a $7,2 \text{ t ha}^{-1}$ de grãos, que equivale a peso de espigas de *cir.* 7,0 a $8,5 \text{ t ha}^{-1}$. Assim comparando, as populações NAP apresentaram produção de espigas entre 75 e 90% e entre 62 e 74% do milho comum, respectivamente. Da mesma forma, as populações G-01 e G-02, com produção de 5,87 e $6,28 \text{ t ha}^{-1}$, teriam equivalência de 84% e 90% e de 69% e 74% em comparação com híbridos comerciais na faixa de 7,0 a $8,5 \text{ t ha}^{-1}$. Silva e Miranda Filho (2003) relataram sobre a produtividade de G-01 e G-02 em três locais, Anhembi (SP) e Jataí (GO) em safra normal e Piracicaba (SP) em *safrinha*. A superioridade de G-02 e G-01 nos três locais foi de 27,3%, 6,5% e 12,1%; e de 13,2% na média dos locais. No ciclo II esta superioridade foi de 6,9% em Jataí (GO).

Quanto aos parâmetros quantitativos relacionados com a variabilidade das populações, foi constatado que as populações NAP mostraram, em média, variância aditiva (g pl^{-1}) elevada (> 1000), bastante superiores aos compostos (< 500), mas em ambos os casos foram consideradas de magnitude acima dos valores normalmente observados em populações de polinização livre (VENCOVSKY et al., 1997). Entre as populações NAP, as maiores

estimativas (> 1000) foram para NAP-PP e NAP-PM, No ciclo I as maiores estimativas (>600) foram para NAP-PM e NAP-CE. Nos compostos G-01 e G-02 as estimativas da variância aditiva foram semelhantes (~ 470). O coeficiente de herdabilidade para médias de famílias (h_m^2) variou de 0,473 (NAP-CE) a 0,733 (NAP-PP) entre as populações NAP, em geral superiores aos compostos G-01 (0,490) e G-02 (0,375). No ciclo I, NAP-PM foi a que apresentou o maior valor de h_m^2 (COSTA et al., 2001). Os índices de variação foram superiores a 0,5 em todos os casos e só NAP-P P mostrou $\theta > 1$; de um modo geral, valores de θ em torno de 1 são bastante promissores para uma seleção efetiva (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

Conclusões

Desde o início da síntese das populações NAP, tinha-se ciência que elas não apresentariam o padrão agrônomo desejável, por resultar de intercruzamento de acessos do banco de germoplasma, muitos deles nunca submetidos a melhoramento prévio. Mesmo assim, as avaliações nos dois ciclos de seleção (sendo o segundo ciclo aqui apresentado), mostraram que as referidas populações apresentam potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento, particularmente visando o aproveitamento do seu potencial para resistência a doenças foliares específicas. Dois outros compostos (G-01 e G-02) que provieram de outro programa, igualmente mostram qualidades agrônomicas e produtividade aceitáveis para justificar a continuidade do programa de seleção recorrente.

Literatura Citada

ANDRADE, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. *Scientia Agricola*, vol. 65, p.174-182, 2008.

COSTA, F.M.P.; GORGULHO, E.P.; MIRANDA FILHO, J.B. Yield potential and variability in the maize composite RPM (resistance to *Phaeosphaeria maydis*). *In: Anais do III SIRGEALC*, p. 626-628, 2001.

GORGULHO, E.P.; MIRANDA FILHO, J.B.; COSTA, F.M.P. Yield potential and variability in the maize composite RCE (resistance to corn stunt complex). *In: Anais do III SIRGEALC*, p. 643-645, 2001.

MIRANDA FILHO, J.B.; COSTA, F.M.P.; GORGULHO, E.P. Yield potential and variability in the maize composite RET (resistance to *Exserohilum turcicum*). *In: Anais do III SIRGEALC*, p. 659-661, 2001a.

MIRANDA FILHO, J.B.; GORGULHO, E.P.; COSTA, F.M.P. Yield potential and variability in the maize composite RPP (resistance to *Puccinia polysora*). In: Anais do III SIRGEALC, p. 662-664, 2001b.

MIRANDA FILHO, J.B.; GORGULHO, E.P.; COSTA, F.M.P. Yield potential and variability in the maize composite RPZ (resistance to *Physopella zae*). In: Anais do III SIRGEALC, p. 665-667. 2001c.

MIRANDA FILHO, J.B.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X.; REGITANO NETO, A. Avaliação de acessos de milho para resistência a doenças foliares. EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA. Circular Técnica 3, 147 p., 2000.

NASS, L; MIRANDA FILHO, J.B. Synthesis of new composites of maize (*Zea mays* L.) for population improvement in Brazil. In: Reunión Latinoamericana del Maíz, 18^a. Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS; México: CIMMYT, p. 309-317, 1999.

SILVA, R.M. Valor genético e potencial heterótico de populações de milho (*Zea mays* L.). Tese de Doutorado, ESALQ/USP, Piracicaba (SP), 121 p. 2001.

SILVA, R.M. e MIRANDA FILHO, J.B. Heterosis expression in crosses between maize populations: ear yield. Scientia Agrícola, vol. 60, p.519-524. 2003.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética Biométrica no Fitomelhoramento. Ed. Sociedade Bras. Genética, Ribeirão Preto, 486 p, 1992.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA Jr., C.L. 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, 1998.

Tabela 1. Análise da variância^a para peso de espigas de famílias de meios irmãos em cinco populações de polinização livre. Jataí (GO). 2010.

Fonte de Variação	Populações com resistência a doenças foliares						Compostos			
	gl	NAP-ET	NAP-PP	NAP-PZ	NAP-PM	NAP-CE	gl	G-01	G-02	
Famílias	1	49	2,6231	2,6197	1,9947	2,4397	1,8592	49	1,1926	1,1663
	2	49	1,5682	2,6725	1,9008	2,7788	2,2814	49	1,9519	1,9465
	3	49 [†]	1,3728	1,9405	1,8851	2,7498	1,6711	49	0,7637	---
	4	---	---	---	---	---	---	24	0,6925	---
	Ag.	147 [†]	1,8547	2,4109	1,9334	2,6561	1,9372	171 [‡]	1,2171	1,5564
Erro	1	49	0,9501	0,5992	1,0984	1,1076	0,8453	49	0,5268	0,8296
	2	49	0,7849	0,6858	1,0039	1,0369	1,0619	49	0,8981	1,1167
	3	49 [†]	0,5007	0,6491	0,7337	0,9549	1,1562	49	0,4920	---
	4	---	---	---	---	---	---	24	0,5068	---
	Ag.	147 [†]	0,7452	0,6447	0,9787	1,0331	1,0212	171 [‡]	0,6204	0,9731
Média ^e	---	---	---	---	---	---	---	---	---	
1	1	---	6,876	5,293	6,040	5,983	5,541	---	5,413	6,416
	2	---	6,060	5,637	5,508	6,220	6,091	---	5,946	6,145
	3	---	5,858	5,102	6,266	5,723	4,624	---	5,886	---
	4	---	---	---	---	---	---	---	5,784	---
	Ag.	---	6,264	5,344	5,938	5,975	5,419	---	5,872	6,280
CV%	1	---	15,8	16,3	19,3	19,5	18,4	---	14,9	15,8
	2	---	16,2	16,3	20,2	18,2	18,8	---	17,7	19,1
	3	---	13,4	17,5	15,2	19,0	25,8	---	13,2	---
	4	---	---	---	---	---	---	---	13,2	---
	Ag.	---	15,3	16,7	18,5	18,9	20,7	---	15,2	17,5

gl - Graus de liberdade: [†]para NAP-PZ • 29, 127, 29 e 127; [‡]para G-02 • 98 e 98, respectivamente.

^a [Quadrados médios de Famílias (Q_F) e Erro (Q_E) expressos em kg parcela⁻¹ e multiplicados por 10²].

^e [Médias expressas em t ha⁻¹]. Ag. - análise agrupada.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros quantitativos da produção de espigas (kg parcela⁻¹ em sete populações de polinização livre de milho. Jataí (GO). 2010.

Parâmetros	simbo- logia	Populações com resistência a doenças foliares					Compostos	
		NAP-ET	NAP-PP	NAP-PZ	NAP-PM	NAP-CE	G-01	G-02
Média geral (t ha ⁻¹)	m ₀	6,264	5,344	5,938	5,975	5,419	5,872	6,280
Coefficiente de variação	CV%	15,3	16,7	18,5	18,9	20,7	15,2	17,5
Variância de famílias	• _f ²	221,9	353,2	191,0	324,6	183,2	119,3	116,7
Variância aditiva	• _A ²	887,6	1413,0	763,8	1298,4	732,9	477,4	466,6
Coefficiente de herdabilidade	h _m ²	0,598	0,733	0,494	0,611	0,473	0,490	0,375
Coef. de variação genética	CVg%	13,2	19,5	12,9	16,8	13,9	10,5	9,6
Índice de variação	θ	0,863	1,170	0,698	0,886	0,670	0,693	0,547
Ganho esperado (t ha ⁻¹)	Gs	1,123	1,568	0,947	1,373	0,908	0,746	0,645
Ganho esperado (% de m ₀)	Gs%	17,9	29,4	15,9	23,0	16,7	12,7	10,3

• Estimativas de •_f² e •_A² expressas em (g planta⁻¹)²; θ = CVg/ CV; Gs = 1,755 h_m² .(Q_F/2)⁻² para seleção truncada de 10% entre famílias.