

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO COMPOSTO DE MILHO (*Zea mays* L.) ARQUITETURA<sup>1</sup>

Bruno G. M. Churata<sup>2</sup>  
Juan T. Ayala-Osuna<sup>2</sup>

## 1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético é um processo de seleção que visa modificar geneticamente uma população para aumentar o rendimento e a qualidade de seus produtos. A variabilidade genética presente na população é essencial para o desenvolvimento desse processo. Assim, a estimativa de parâmetros genéticos tem sido usada por melhoristas para determinar os componentes de variação genética e os métodos de melhoramento mais apropriados.

Estimativas de parâmetros genéticos têm sido freqüentemente obtidas em milho; RAMALHO (11), por exemplo, relata resultados da variância genética aditiva para várias populações de milho. A obtenção e o uso dos parâmetros genéticos aumentam a eficiência na execução dos programas de melhoramento. Esses parâmetros são característicos de cada população, sendo alterados pela seleção.

Durante os quatro ciclos de seleção de famílias de meios-irmãos nas populações Dentado Compos NE, foi observado por SANTOS e NASPOLINI FILHO (13) que a variância genética aditiva e o coeficiente de variação genética apresentaram um decréscimo do ciclo original para o primeiro ciclo. O progresso genético médio esperado foi de 10,34%.

---

<sup>1</sup> Parte da tese apresentada à Universidade Estadual Paulista, pelo primeiro autor, para a obtenção do título de "Magister Scientiae" em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aceito para publicação em 12.02.1996.

<sup>2</sup> Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Estadual Paulista - 18870-000 - Jaboticabal, S.P.

PACKER (8) obteve ganho total de 12,04%, 20,24% e 8,92% para três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. É interessante, além da variabilidade genética presente na população, se ter uma boa média de produção de grãos.

Por meio da condução de um ciclo de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos do Composto Arquitetura objetiva-se, neste trabalho, estimar componentes da variância e outros parâmetros genéticos para produção de espiga, altura de planta e altura de espiga.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Utilizaram-se neste trabalho 100 progênies de meios-irmãos da população de milho Arquitetura. Esse composto foi formado a partir de linhagens braquíticas e "liguleless", conforme relatam ZINSLY e VENCOVSKY (18).

As progênies de meios-irmãos foram avaliadas em látice triplo 10 x 10. As três repetições foram instaladas em campo experimental da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, UNESP, no ano agrícola 1992/93. Cada parcela foi constituída por uma fileira de 5 m com 25 plantas. O espaçamento utilizado no ensaio foi de 90 cm entre linhas e 20 cm entre plantas dentro da linha.

Foram anotados os seguintes dados: produção de espigas na parcela, altura média de planta e de espigas. A análise de variância e a esperança dos quadrados médios para produção de espigas são apresentadas no Quadro 1.

Sabe-se que

- $n, r$  = número de planta na parcela e número de repetições;  
 Q1 e Q2 = quadrado médio de erro intrabloco e de progênie ajustada;

QUADRO 1 - Esperança matemática dos quadrados médios da análise da variância para se estimarem parâmetros genéticos para produção de espiga

F.V.	Q.M.	Esperança dos quadrados médios
Em nível de totais de parcela		
F.M.I.	Q 2	$\hat{\sigma}^2 + r\hat{\sigma}_{fmi}^2 = n\hat{\sigma}_d^2 + n^2\hat{\sigma}_e^2 + rn^2\sigma_p^2$
Erro	Q 1	$\hat{\sigma}^2 = n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2$

$\hat{\sigma}_e^2, \hat{\sigma}_{fmi}^2$  = variância do erro entre parcela e variância genética entre progênes de meios-irmãos, no nível de totais; e  
 $\hat{\sigma}_d^2, \hat{\sigma}_e^2, \hat{\sigma}_p^2$  = variância fenotípica dentro de progênes, variância de erro entre parcelas e variância genética entre progênes de meios-irmãos, respectivamente, no nível de plantas.

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

1. Variância genética entre progênes:

$$\hat{\sigma}_{fmi}^2 = (Q2 - Q1) / r \quad \text{e} \quad \hat{\sigma}_p^2 = (Q2 - Q1) / n^2 r$$

2. Coeficiente de variação genético:

$$CV_g \% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{fmi}^2}}{m} \times 100$$

em que

m = média do ensaio (kg/parcela).

3. Variância fenotípica dentro de progênes ( $\sigma_d^2$ ) e variância do erro entre parcela ( $\sigma_e^2$ ), no nível de plantas, para produção, foram obtidas indiretamente, utilizando-se a relação dada por GARDNER (4):

$$\hat{\sigma}_d^2 = 10 \hat{\sigma}_e^2$$

4. Variância fenotípica no nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e variância fenotípica no nível de média de progênes ( $\hat{\sigma}_F^2$ ):

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

e

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \frac{\sigma_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{rn} = \frac{Q2}{n^2 r}$$

### 5. Variância genética aditiva:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \cdot \hat{\sigma}_p^2$$

### 6. Herdabilidade no sentido restrito:

$$\hat{h}_r^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

7. Progresso genético esperado ( $\Delta_g$ ) na seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, com sementes remanescentes (VENCOVSKY (16)). Foi considerada uma intensidade de seleção de 25% entre progênies e de 10% entre plantas dentro de progênies. Para o cálculo do ganho de seleção foi utilizado diferencial de seleção entre progênies e intensidade de seleção dentro de progênies:

$$\Delta_g = \frac{d s \cdot \frac{1}{4} \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n r}} + \frac{k \frac{3}{8} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}$$

## 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise da variância para produção de espiga, corrigidos para 15,5% de umidade, e para altura de planta e de espiga mostram diferenças significativas para tratamentos ajustados e não-ajustados no Composto Arquitetura (Quadro 2). A precisão do experimento foi boa, apresentando o maior coeficiente de variação, na ordem de 16,4%, para produção de espiga. A média de produção de espiga foi de aproximadamente 4.900 kg/ha, valor considerado razoável para população de porte baixo. A seleção deve levar em conta altura de planta e de espiga, visando manter as características da população e aumentar os valores na produção de grãos.

No Quadro 3 são dadas as estimativas da variância genética aditiva para produção em (kg/planta)<sup>2</sup>. O valor obtido foi de  $6,0 \times 10^{-4}$ , superior aos valores encontrados por CUNHA (3), que obteve estimativas de  $6,1 \times 10^{-4}$  e  $3,3 \times 10^{-4}$  (kg/planta)<sup>2</sup>, e PACKER (8), que encontrou  $4,48 \times 10^{-4}$

**QUADRO 2 - Análise da variância para produção de espiga, altura de planta e altura de espiga, em kg/4,5m<sup>2</sup> e m/planta, de um experimento em látice triplo, eficiência do látice, coeficiente de variação e média geral, referentes a 100 progênies do Composto Arquitetura**

F. Variação	GL	Quadrado		Médio
		Produção	A. Planta	A. Espiga
Repetições	2	0,3964	0,7591	0,0069
Trat. n. aj.	99	0,4134**	0,0218**	0,0183**
Bl. d. rep. (aj)	27	0,1391	0,343	0,0109
Erro intrabloco	171	0,1297	0,0093	0,0060
<b>Total</b>	<b>299</b>	-----	-----	-----
Trat. aj.	99	0,4113**	0,0173**	0,0166**
Ef. látice	----	100,07	124,43	104,69
C. V. %	----	16,37	6,34	8,93
Média (Kg/4,5 <sup>2</sup> m/pl.)	----	2,2114	1,78	0,91

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

(kg/planta)<sup>2</sup> em diferentes populações de milho. Esse fato ressalta a importância desse composto, já que, aliado ao razoável potencial de produtividade (4,9 t/ha), o Arquitetura tem ampla variabilidade.

A estimativa da herdabilidade no sentido restrito, para produção, foi de 33,74%. As estimativas de herdabilidade encontradas na literatura apresentam, para o caráter produção de grãos, valores de 35,6% para a população original Piramex (10); 29,1% no ciclo I do Composto Colômbia (15); e 11,75% e 13,32% para CMS-39 (7). O coeficiente de herdabilidade entre médias de famílias de meios-irmãos foi alto, com magnitude de 68,50%. SAWAZAKI (14) encontrou valores altos para herdabilidade, no nível de média, de 51,45% e 67,30%, para diferentes ciclos de seleção, enquanto PACKER (8) obteve 10,09% para o ciclo II de seleção de meios-irmãos.

O valor do coeficiente de variação genético para produção foi de 13,85% (Quadro 3), podendo ser considerado satisfatório para a utilização de progênies de meios-irmãos quando comparado com 15,3% encontrado por PATERNIANI (9); 11,3% por WEBEL e LONNQUIST (17); e 11,9%, por PACKER (8). Para altura de planta e espiga, os coeficientes de variação genéticos foram mais baixos, indicando que o progresso por seleção será mais lento.

O Composto Arquitetura possui o gene braquítico em homozigose, que

pode diminuir a variabilidade para o porte da planta. Assim, em relação à altura de planta e espiga, pode-se observar, no Quadro 3, que as estimativas da variância genética aditiva para esses caracteres foram da ordem de  $121,86 \times 10^{-4}$  e  $154,64 \times 10^{-4}$  (m/planta)<sup>2</sup>. Esses valores da variância genética aditiva indicam baixa variabilidade genética para porte da planta, quando comparados com os valores encontrados por CRISÓSTOMO e ZINSLY (2), que verificaram  $300 \times 10^{-4}$  e  $350 \times 10^{-4}$  para o Composto A e  $440 \times 10^{-4}$  e  $310 \times 10^{-4}$  para o Composto B. LIMA e PATERNIANI (6), com ESALQ-VD-2, obtiveram  $327 \times 10^{-4}$  e  $215 \times 10^{-4}$ ; RISSI e PATERNIANI (12)  $302 \times 10^{-4}$  e  $204 \times 10^{-4}$  para o Piranão-A e  $470 \times 10^{-4}$  e  $258 \times 10^{-4}$  para o Piranão-B; e LEMOS *et alii* (5),  $187 \times 10^2$  e  $204 \times 10^4$  para o Composto Dentado.

Os coeficientes de variações genéticos foram de baixa magnitude para os dois caracteres (3,10 e 6,80%). Resultados semelhantes foram obtidos por BASSOI (1) e LEMOS *et alii* (5). LIMA e PATERNIANI (6), trabalhando com a variedade ESALQ-VD-2, obtiveram coeficiente de variação de 32,2 e 42,2% para altura de planta e de espiga, respectivamente.

No Quadro 4 é apresentada a estimativa do progresso genético esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para produção de grãos, no Composto Arquitetura. A estimativa do ganho total esperado para esta população foi de 18,83 g/planta. Desse ganho total, 55,6% é devido à seleção entre progênies e o restante, à seleção dentro de progênies.

Os resultados obtidos permitem concluir que o Composto Arquitetura é uma boa população para ser utilizada em programas de melhoramento genético do milho. Isso porque há suficiente variabilidade genética para se selecionar em direção à maior produtividade e para manter o porte da planta usando-se esquemas relativamente simples de melhoramento, como a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos. Além disso, o Composto Arquitetura apresenta razoável nível de produtividade para se obter, no futuro, uma variedade que possa ser utilizada pelos agricultores.

#### 4. RESUMO

Foram obtidas estimativas da variância genética aditiva e da herdabilidade para produção e altura da planta e da espiga na população de milho Arquitetura. A variância genética aditiva foi estimada em  $6,0 \times 10^{-4}$  (kg/planta)<sup>2</sup> para produção de espigas, enquanto a herdabilidade no sentido restrito foi de 33,74%. Para altura da planta e da espiga, as estimativas do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito foram de 45,64 e 63,42% para altura da planta e da espiga, respectivamente. Essas estimativas de parâmetros indicam que a população apresenta alto potencial para aumento da produção, assim como para manter a altura da planta e da espiga por meio de seleção recorrente.

QUADRO 3 - Estimativas da variância genética das famílias de meios-irmãos, em nível de planta ( $\sigma_p^2$ ), variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ), variância do erro entre parcelas ( $\sigma_e^2$ ), variância fenotípica dentro de parcela ( $\sigma_d^2$ ), variância fenotípica entre planta ( $\sigma_F^2$ ), e entre médias de famílias ( $\sigma_F^2$ ), em kg/planta, coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, em nível de plantas individuais ( $h_r^2$ ) e em nível de famílias ( $h_f^2$ ) em porcentagem, coeficiente de correlação intraclasses ( $r_I$ ) e coeficiente de variação genética ( $CV_g$ %) para produção, no Composto Arquitetura

Parâmetros	Prod. de Espiga	Altura de planta	Altura de Espiga
$\hat{\sigma}_p^2 \times 10^{-4}$	1,50	30,47	38,66
$\hat{\sigma}_A^2 \times 10^{-4}$	6,00	121,86	154,66
$\hat{\sigma}_d^2 \times 10^{-4}$	1,50	—	—
$\hat{\sigma}_d^2 \times 10^{-4}$	15,00	—	—
$\hat{\sigma}_F^2 \times 10^{-4}$	18,00	—	—
$\hat{\sigma}_F^2 \times 10^{-4}$	2,20	—	—
$\hat{h}_r^2$ %	33,74	—	—
$\hat{h}_f^2$ %	68,50	41,85	63,38
$r_I$ %	42,00	19,35	36,59
$CV_g$ %	13,87	3,10	6,80

**QUADRO 4 - Progresso genético esperado, em g/pl. e em porcentagem, devido à seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no Composto Arquitetura**

	<u>Progresso Esperado</u>	
	g/Planta	%
Entre progênies	10,46	55,70
Dentro de progênies	8,32	44,30
Total	18,78	100,00

## 5. SUMMARY

### (ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR ARQUITETURA COMPOSITE (*Zea mays* L.))

Estimates of additive genetic variance and coefficient of heritability were obtained for yield, plant height and ear height for the population Arquitetura. Estimate of additive genetic variance for yield was  $6.0 \times 10^{-4}$  and the coefficient of restrict heritability 33.74%. For plant and ear height, coefficient estimates were 54.64% and 63.42%, respectively. Such parameter estimates indicate a good potential for yield improvement as well as for maintenance of plant and ear height through recurrent selection.

## 6. LITERATURA CITADA

1. BASSOI, M.C. *Avaliação de progênies de meios irmãos de milho (Zea mays L.) em função do tipo de endosperma*. Piracicaba, ESALQ, 1987. 127p. (Tese M.S.).
2. CRISÓSTOMO, J.R. & ZINSLY, J.R. Estimação de parâmetros genéticos em duas populações de milho (*Zea mays* L.). *Relat. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz*, 11:33-37, 1977.
3. CUNHA, M.A.P. *Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (Zea mays L.) ESALQ HV-1*. Piracicaba, ESALQ, 1976. 84p. (Tese D.S.).
4. GARDNER, C.O. Estimates of genetics parameters in cross-fertilizing plants and their implications in plant breeding. In: HANSON, W. D. & ROBINSON, H. F. (eds.) *Statistical genetics and plant breeding*. Washington: National Academy of Science, 1963. p.225-252.
5. LEMOS, M.A., SANTOS, J.P.O., TAVARES FILHO, J.J., ARCOVERDE, A.S.S., TABOSA, J.N., GAMA, E.E.G. & OLIVEIRA, A.C. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Dentado Composto visando resistência a pragas. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 19, 1992. Anais, Porto Alegre, 1992, p.51.



6. LIMA, M., PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípico em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD-2 Mi-HSII e suas implicações com o melhoramento. *Rel. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz*, 11:84-89, 1977.
7. PACHECO, C.A.P. *Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente - 2º ciclo de seleção*. Lavras, ESALQ, 1987. 109p. (Tese M.S.).
8. PACKER, D. *Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em milho (*Zea mays* L.) na população ESALQ VD 2-WAXY*. Piracicaba, ESALQ, 1991. 88p. (Tese M.S.).
9. PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 7:212-215, 1967.
10. PATERNIANI, E. *Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho*. Piracicaba, ESALQ, 1968. 92p. (Tese Livre Docência).
11. RAMALHO, M.A.P. *Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseado em famílias não endôgomas*. Piracicaba, ESALQ, 1977. 122p. (Tese D.S.).
12. RISSI, R. & PATERNIANI, E. Estimates of genetic parameters in two sub-populations of the variety of maize (*Zea mays*, L.) Piranão. *Rev. Brasil. Genét.*, 4:579-592, 1981.
13. SANTOS, M. X. & NASPOLINI-FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Dentado Composto Nordeste. *Rev. Brasil. Genét.*, 9:307-319, 1986.
14. SAWAZAKI, E. *Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para produção de grãos no milho IAC Maya*. Piracicaba, ESALQ, 1979. 99p. (Tese M.S.).
15. SILVA, J. *Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto*. Piracicaba, ESALQ, 1969. 74p. (Tese M.S.).
16. VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR W.E. (ed.). *Genética e melhoramento*. São Paulo, Imp. Univ., 1969. p.17-38.
17. WEBEL, O. D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 7:651-655, 1967.
18. ZINSLY, J.R. & VENCOVSKY, R. Arquitetura de planta. *Rel. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz*, 5:230-232, 1971.