

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES NA POPULAÇÃO DE MILHO PALHA ROXA¹

**Paulo Bonomo²
Nelson F. Sampaio³
José M. S. Viana⁴
Aluizio Borém⁵**

RESUMO

O trabalho teve como objetivo analisar a associação entre os principais caracteres do milho na população Palha Roxa e avaliar os prováveis efeitos indiretos da seleção, visando ao aumento de produtividade, sobre alguns caracteres. Foi utilizada uma população de polinização aberta, denominada Palha Roxa. Foram avaliadas 147 famílias de meios-irmãos, em três experimentos, no delineamento látice triplo. Os caracteres avaliados foram: número de dias para o florescimento masculino, altura de planta, altura de espiga, número de espigas por parcela, peso de espigas e peso de grãos. As correlações fenotípicas e genotípicas tiveram o mesmo sinal em todos os pares, e, na maioria das associações entre caracteres, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas, evidenciando maior contribuição dos fatores genéticos nas associações entre caracteres. Os caracteres altura de planta e altura de espiga apresentaram correlação genética aditiva alta e positiva, evidenciando que a maioria dos genes que estão associados ao aumento da altura da planta também contribuem para a elevação da altura da espiga. Foram baixas as correlações genéticas aditivas dos caracteres associados ao porte da planta e caracteres diretamente associados com produção. Portanto, a seleção truncada para produção não deverá ocasionar alteração do porte da planta na população-base. O caráter dias até o florescimento masculino apresentou-se correlacionado com os caracteres de porte da planta.

Palavras-chaves: *Zea mays*, coeficientes de correlação, seleção.

¹ Parte da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, pelo primeiro autor, para a obtenção do título de "Magister Scientiae". Aceito para publicação em 29.07.1999.

² Estudante de doutorado do curso de Genética e Melhoramento, UFV, Viçosa, MG.

³ EMBRAPA – CNPA/Rondônia, 78.900-000 Porto Velho, RO.

⁴ Departamento de Biologia Geral, UFV, 36571-000 Viçosa, MG.

⁵ Departamento de Fitotecnia, UFV, Viçosa, MG.

ABSTRACT

CORRELATIONS AMONG TRAITS OF THE MAIZE POPULATION PALHA ROXA

The objective of this work was to analyze the correlation among main maize traits related with grain yield and to evaluate the indirect effects of the selection for grain yield increase. An open population called Palha Roxa was used. Three experiments in triple lattice 7x7, testing 147 progenies, were carried out. The evaluated traits were: flowering time, plant height, ear height, ear number, ear weight and grain yield. The genetic and phenotypic correlations had the same sign. In several trait pairs, the genotypic correlations were superior to the phenotypic ones, showing a major genetic effects contribution. The additive genetic correlation between plant height and ear height was high, showing that the genes associated to plant height also contributed to increase the ear height. The additive genetic correlation between plant height and production traits was low. Thus, selection for production will not cause any alterations to plant height in the basic population. Flowering time was correlated to plant architectural traits.

Key words: *Zea mays*, correlation coefficients, selection.

INTRODUÇÃO

O coeficiente de correlação é uma medida de relação entre duas variáveis, ou, ainda, mede a intensidade de associação que expressa a mudança em uma variável, sempre que existir mudança constante em outra variável (14). Esse coeficiente varia de -1 a +1. É positivo quando ocorre aumento nas duas variáveis, e negativo, quando uma aumenta e a outra diminui.

O conhecimento da associação entre caracteres é de grande interesse nos programas de melhoramento vegetal (7). Quando se pratica seleção em um caráter, provoca-se alteração na média de todos os caracteres que são correlacionados geneticamente com o primeiro, causando um efeito indireto da seleção nesses caracteres.

Segundo Falconer (6), a correlação que pode ser diretamente mensurada entre dois caracteres, em determinado número de indivíduos que representam a população, é denominada correlação fenotípica. É necessário distinguir duas causas nessa correlação: a genética e a ambiental. Somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por conseguinte, de real interesse num programa de melhoramento.

Ainda, segundo Falconer (6), a principal causa de correlação genética entre caracteres é o pleiotropismo. O desequilíbrio de ligação gênica é uma

causa transitória, principalmente nas primeiras gerações de uma população derivada de cruzamento entre linhagens divergentes. O ambiente é uma causa de correlação, desde que os caracteres sejam influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais.

As correlações genética e de ambiente se combinam para originar a correlação fenotípica. Se ambos os caracteres têm baixa herdabilidade, a correlação fenotípica é principalmente determinada pela correlação de ambiente. Se eles têm alta herdabilidade, então a correlação genética é mais importante.

Em populações de milho, a produção de grãos, caráter normalmente objeto de seleção, encontra-se associada positivamente a alguns caracteres agrônômicos e negativamente a outros. A seleção de uma porcentagem das famílias ou indivíduos, considerando a produção, pode ocasionar alterações indesejáveis ou desejáveis em outros caracteres, dependendo da forma de associação genética entre a produção e esses caracteres.

Os resultados apresentados na literatura, quanto à associação entre florescimento e produção, foram divergentes. Por exemplo, Troyer e Hallauer (15) encontraram correlações altas e positivas, enquanto Castoldi (3) encontrou correlações negativas.

As estimativas de correlação entre produção de grãos e alturas de planta e de espiga não são perfeitamente concordantes, como apresentaram Miranda Filho (9) e Sampaio (12), embora haja uma tendência de correlações positivas entre os caracteres, como constataram Acosta e Crane (1). Sendo as estimativas de parâmetros genéticos características da população em estudo, as variações entre as estimativas possivelmente decorrem das diferenças nas constituições genéticas das populações.

O objetivo deste trabalho é analisar a associação entre os principais caracteres do milho na população Palha Roxa e avaliar os prováveis efeitos indiretos da seleção, visando ao aumento de produtividade, sobre alguns caracteres.

MATERIAL E MÉTODOS

Estudou-se uma população de milho, de polinização aberta, denominada Palha Roxa. A variedade Palha Roxa é cultivada por pequenos agricultores em diversas regiões do País, e a população em estudo é proveniente da região do Alto Jequitibá, MG. Desta população foram obtidas 147 famílias de meios-irmãos, avaliadas no início de 1996. Foram instalados três experimentos em látice triplo 7 x 7. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5,0 m, espaçada de 1,0 m. Após o desbaste,

realizado 21 dias após a emergência, foram mantidas 25 plantas por parcela, espaçadas de 20 cm. A adubação utilizada foi de 60 kg de N/ha, 80 kg de P₂O₅/ha e 50 kg de K₂O/ha. Os ensaios foram instalados na “Estação Experimental Prof. Diogo Alves de Mello”, localizada no campus da Universidade Federal de Viçosa, MG.

Os caracteres avaliados foram: número de dias para o florescimento masculino (FM), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), estande final (EF), número de espigas por parcela (NE), peso de espigas (PE), peso de grãos (PG) e umidade de grãos (UG). Para cada parcela foi calculada a relação entre as variáveis número de espigas por parcela e estande final que constituiu a variável prolificidade (PF). Os dados de peso de grãos e peso de espigas por parcela foram corrigidos para a umidade de 15,5%. Também foi realizada a correção dos dados de PE e PG para estande ideal de plantas por parcela, pelo método de covariância apresentado por Vencovsky e Barriga (16).

Uma vez que o total de 147 progênies foi dividido em três experimentos designados 1, 2 e 3, cada um contendo 49 famílias, foi realizada uma análise agrupada dos mesmos, considerando-se a análise de variância intrablocos do látice, com tratamentos ajustados, seguindo o modelo linear proposto por Cochran e Cox (5). A análise agrupada foi realizada, utilizando o modelo:

$$Y_{ijlm} = \mu + g_m + (t/g)_{im} + (r/g)_{jm} + (b/r/g)_{jlm} + e_{ijlm}$$

em que

Y_{ijlm} - total ou média do tratamento i , no bloco l da repetição j , no experimento m ($m=1,2,3$);

μ - constante comum a todas as observações;

g_m - efeito aleatório do experimento m ;

$(t/g)_{im}$ - efeito aleatório da progênie de meios-irmãos i , no experimento m ;

$(r/g)_{jm}$ - efeito aleatório da repetição j do experimento m ;

$(b/r/g)_{jlm}$ - efeito aleatório do bloco l da repetição j , no experimento m ; e

e_{ijlm} - erro ou resíduo associado à observação Y_{ijlm} (erro intrabloco).

Para estimação dos produtos médios em relação aos caracteres X e Y , PM_{xy} , foram realizadas as análises de variância individuais dos caracteres e a análise de variância da soma dos valores de X e Y , de forma que os produtos médios (covariâncias) puderam ser estimados pela equação

$$PM_{xy} = \frac{QM_{x+y} - QM_x - QM_y}{2}$$

em que QM_{x+y} é o quadrado médio da análise da soma dos caracteres X e Y, QM_x é o quadrado médio da análise do caráter X, e QM_y é o quadrado médio da análise do caráter Y.

Os componentes de covariância puderam ser estimados conhecendo-se as esperanças de produto médio das fontes de variação (Quadro 1), obtidas de acordo com aquelas apresentadas por Viana (17) e assumindo as mesmas pressuposições associadas aos modelos estatísticos dos experimentos 1, 2 e 3. As esperanças apresentadas por Viana (17) são concordantes com o sugerido por Mode e Robinson (10). Segundo esses autores, as esperanças de produtos médios são deduzidas de maneira equivalente às esperanças dos respectivos quadrados médios, apenas substituindo-se os componentes de variância por componentes de covariância.

Com base na análise de covariação apresentada no Quadro 1, é possível estimar a covariância genética entre os caracteres X e Y (σ_{gxy}), cujo estimador é

$$\hat{\sigma}_{gxy} = \left(\frac{k+1}{k} \right) \left(\frac{PMT_{(aj)} - PME}{r} \right)$$

A partir da estimativa da covariância genotípica entre dois caracteres, foi estimado o coeficiente de correlação genotípica (r_{gxy}). Seu estimador é

$$r_{gxy} = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2}}, \text{ em que}$$

$\hat{\sigma}_{gxy}$ - estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2$ - estimador da variância genotípica do caráter X; e

$\hat{\sigma}_{gy}^2$ - estimador da variância genotípica do caráter Y.

Para famílias de meios-irmãos, pode ser demonstrado que a covariância entre médias genotípicas de mesma família, em relação a dois

caracteres, corresponde a um quarto da covariância entre valores genéticos aditivos de mesmo indivíduo na população-base. Portanto, a correlação entre médias genotípicas de mesma família de meios-irmãos (r_{gxy}) é a correlação entre valores genéticos aditivos de mesmo indivíduo na população de referência, ou seja, é a correlação genética aditiva na população base (18).

QUADRO 1 - Esquema da análise de covariação agrupada mostrando as esperanças matemáticas dos produtos médios			
FV	GL	PM	E(PM)
Experimentos	$(g-1) = 2$	PMEX	-
Repetições/exp.	$g(r-1) = 6$	PMR	$\sigma_{xy} + k\sigma_{bxy} + v\sigma_{rxy}$
Blocos/rep./exp. (n. aj.)	$gr(k-1) = 54$	PMB	$\sigma_{xy} + \sigma_{gxy} + k\sigma_{bxy}$
Tratamentos/exp. (aj.)	$g(k^2-1) = 144$	$PMT_{(aj)}$	$\sigma_{xy} + \frac{k}{k+1}r\sigma_{gxy}$
Resíduo (erro intrab.)	$g(k-1)(rk-k-1) = 234$	PME	σ_{xy}
Total	$(grk^2-1) = 440$		

Também com base nos resultados das análises de covariação e variância, é possível a estimação dos coeficientes de correlação fenotípica e de ambiente, por meio das expressões descritas a seguir:

$$r_F = \frac{PMT_{xy(aj)}}{\sqrt{QMT_{(aj)x} \cdot QMT_{(aj)y}}}$$

$$r_a = \frac{PME_{xy}}{\sqrt{QME_x \cdot QME_y}}$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e de ambiente entre caracteres estão apresentadas no Quadro 2. Observa-se em todas as combinações entre caracteres que as correlações fenotípicas e genotípicas tiveram o mesmo sinal, e também pode-se notar que, na maioria dos pares de caracteres, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas, evidenciando maior contribuição dos fatores genéticos, em relação aos de ambiente, nas associações entre caracteres.

O coeficiente de correlação entre médias genotípicas da mesma família de meios-irmãos corresponde à correlação entre valores genéticos aditivos de mesmo indivíduo na população-base, devendo então ser interpretado como correlação genética aditiva. Observando o Quadro 2, nota-se alta correlação genética aditiva entre os caracteres altura de planta e altura de espiga ($r_g = 0,732$), concordante com os resultados encontrados por Regazzi et al. (11), Schnicker e Lamkey (13) e Churata e Ayala-Osuna (4). De acordo com a alta correlação genética aditiva apresentada, pode-se afirmar que a maioria dos genes que estão associados com aumento da altura da planta também contribuem para a elevação da altura da espiga.

As correlações genéticas aditivas dos caracteres associados ao porte da planta (AP e AE), com os caracteres diretamente envolvidos com produção (PG, PE e PF), apresentaram baixos valores, e resultados similares foram obtidos por Miranda Filho (9) e Sampaio (12), porém discordam daqueles obtidos por Regazzi et al. (11), Schnicker e Lamkey (13) e Churata e Ayala-Osuna (4). De acordo com este estudo, os genes que estão associados aos caracteres de porte da planta provavelmente não são os mesmos e, ou, não estão ligados com aqueles que determinam os caracteres diretamente envolvidos com produção. Portanto, conclui-se que a seleção truncada para produção não deverá ocasionar alteração do porte da população-base.

O caráter número de dias até o florescimento masculino (FM) apresentou correlação genética aditiva positiva e de média magnitude com os caracteres associados ao porte da planta (AP e AE). Também o caráter número de dias até o florescimento masculino apresentou correlação genética aditiva baixa com os caracteres de produção (PG, PE e PF), resultados concordantes com os obtidos por Lindsey et al. (8) e Schnicker e Lamkey (13), mas discordam daqueles obtidos por Bhatt (2) e Regazzi et al. (11). Estes resultados indicam que a seleção visando à produção não afetará o caráter número de dias até o florescimento. A seleção visando à obtenção de populações de porte inferior tenderá a reduzir o número de dias do plantio ao florescimento.

A correlação de ambiente (r_a) foi alta apenas entre os caracteres altura de planta e altura de espiga, prolificidade e peso de espigas, prolificidade e peso de grãos, peso de espigas e peso de grãos. Isso indica que os caracteres em questão são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais. Por outro lado, verifica-se que diferenças ambientais não foram causa da correlação entre a maior parte dos caracteres, visto que a maioria das correlações ambientais foram de baixa magnitude.

QUADRO 2 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_g), correlação fenotípica (r_F) e correlação de ambiente (r_a) entre os caracteres altura de planta (AP, metro), altura de espiga (AE, metro), floração masculina (FM, dia), prolificidade (PF), peso de espigas (PE, kg/5 m²) e peso de grãos (PG, kg/5 m²)

Caráter		AP	AE	FM	PF	PE	PG
AP	r_g	-	0,732	0,512	0,119	0,375	0,331
	r_F	-	0,748	0,399	0,106	0,347	0,314
	r_a	-	0,783	-0,004	0,109	0,280	0,274
AE	r_g		-	0,566	0,022	0,214	0,175
	r_F			0,462	0,066	0,209	0,182
	r_a			0,077	0,122	0,199	0,199
FM	r_g			-	0,108	0,066	-0,024
	r_F				0,032	0,018	-0,059
	r_a				-0,090	-0,211	-0,225
PF	r_g				-	0,787	0,794
	r_F					0,590	0,599
	r_a					0,501	0,508
PE	r_g					-	0,993
	r_F						0,989
	r_a						0,977

REFERÊNCIAS

- ACOSTA, A.E. & CRANE, P.L. Further selection for lower ear height in maize. *Crop Sci.*, 12: 165-7, 1972.
- BHATT, G.M. Significance of path coefficient analysis in determining the nature of character association. *Euphytica*, 22: 338-43, 1973.
- CASTOLDI, F.L. Comparação de métodos multivariados aplicados na seleção de milho. Viçosa, MG, UFV, 1997. 118 p. (Tese de Doutorado).
- CHURATA, B.G.M. & AYALA-OSUNA, J. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente e análise de trilha em caracteres avaliados no composto de milho (*Zea mays* L.). *Rev. Ceres*, 43: 628-36, 1996.
- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. *Diseños experimentales*. México, A.I.D., 1965. 661p.
- FALCONER, D.S. & MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. London, Longman, 1996. 464 p.
- GOLDEMBERG, J.B. El empleo de la correlacion en el mejoramiento genetico de las plantas. *Fitotecnia Latinoamericana*, 5: 1-8, 1968.
- LINDSEY, M.F.; LONQUIST, J.H. & GARDNER, C.O. Estimatives of genetic variance in open-pollinated varieties of cornbelt corn. *Crop Sci.*, 2: 105-8, 1962.
- MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays*, L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, ESALQ, 1974. 115 p. (Tese de Doutorado).
- MODE, C.J. & ROBINSON, H.F. Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics*, 15: 518-37, 1959.

11. REGAZZI, A.J.; SILVA, J.C.; THIÉBAUT, J.T.L.; OLIVEIRA, L.M. & GALVÃO, J.D. Variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas num composto de milho (*Zea mays* L.). *Rev. Ceres*, 27: 32-46, 1980.
12. SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-PB-4 e ESALQ-PB-5. Piracicaba, ESALQ, 1986. 105 p. (Dissertação de Mestrado).
13. SCHNICKER, B.J. & LAMKEY, K.R.. Interpopulation genetic variance after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Sci.*, 33: 90-5, 1993.
14. STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics. 2. ed. New York, McGraw-Hill, 1980. 633 p.
15. TROYER, A.F. & HALLAUER, A.R. Analysis of a diallel set of early flint varieties of maize. *Crop Sci.*, 8: 581-4, 1968.
16. VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, Soc. Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
17. VIANA, J.M.S. Análises individual e conjunta intrablocos de experimentos em látice quadrado ("*square lattice*") e estimação de parâmetros genéticos. Viçosa, MG, UFV, 1993. 89 p.
18. VIANA, J.M.S. Correlações entre médias genotípicas de mesma família. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 21, 1996, Londrina, Anais... Londrina, IAPAR/ABS, 1996. p.60.