

# COMPARAÇÃO ENTRE GANHOS PREDITOS E REALIZADOS NA PRODUÇÃO DE GRÃOS DA POPULAÇÃO DE MILHO PALHA ROXA<sup>1</sup>

Paulo Bonomo<sup>2</sup>  
Nelson F. Sampaio<sup>3</sup>  
José M. S. Viana<sup>4</sup>  
Aluizio Borém<sup>5</sup>

## RESUMO

Foi realizado um ciclo de seleção entre famílias de meios-irmãos, em relação ao peso de grãos, na população de milho Palha Roxa. Em Viçosa, MG, no ano agrícola de 1995/1996, foram avaliadas 147 progênies de meios-irmãos, usando três experimentos em látice triplo 7x7. As seguintes porcentagens de seleção foram utilizadas: 6,12%, 10,20%, 14,28% e 20,41%. A variância genética aditiva de peso de grãos foi estimada em 0,455 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup>, a herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de famílias, de 72,10%. A produção da população foi de 5.062 kg/ha. Estes resultados indicam que a população apresenta potencial para o melhoramento genético. Empregando-se quatro porcentagens de seleção e realizando-se a recombinação isoladamente, foram então obtidas quatro populações selecionadas, que apresentaram médias de produtividade superiores à população original, evidenciando o ganho genético. As respostas esperadas e observadas foram concordantes quanto ao sentido, diferindo apenas em magnitude. Embora os progressos realizados tenham sido inferiores aos valores preditos, verificou-se a validade das predições propostas pela genética quantitativa.

Palavras-chaves: *Zea mays*, seleção, progresso genético.

<sup>1</sup> Parte da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, pelo primeiro autor, para a obtenção do título de "Magister Scientiae". Aceito para publicação em 19.11.1999.

<sup>2</sup> Estudante de doutorado do curso de Genética e Melhoramento, UFV, 36.571-000, Viçosa, MG.

<sup>3</sup> EMBRAPA – CPAF/Rondônia, 78.900-000, Porto Velho, RO.

<sup>4</sup> Departamento de Biologia Geral, UFV, Viçosa, MG.

<sup>5</sup> Departamento de Fitotecnia, UFV, Viçosa, MG.

## ABSTRACT

### EXPECTED AND OBSERVED RESPONSE IN GRAIN YIELD OF THE MAIZE POPULATION PALHA ROXA

A selection cycle was performed for production among half-sib families of the Palha Roxa maize variety. A total of 147 progenies were tested, using three experiments in a 7 x 7 triple lattice, in Viçosa, MG, during 1995/1996. The following percentages were used: 6.12%, 10.20%, 14.28% and 20.41%. The additive genetic variability and the narrow sense heritability at the family mean level were estimated as 0.455 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup> and 72.10%, respectively. Population production was 5,062 kg/ha. These results show that the population has a potential for genetic improvement. Four selected populations were obtained using four percentages of selection and performing isolated recombination. These populations showed a production mean superior to the original one, evidencing genetic gain. The observed answers behaved as predicted. Although the results were inferior to the predicted values, the validity of the predictions proposed by quantitative genetics was verified.

Key words: *Zea mays*, selection, genetic gain.

## INTRODUÇÃO

Numa população-base, a estimação do progresso genético que pode ser obtida por uma estratégia de seleção constitui uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa ao melhoramento. Variabilidade genética existente no material sob seleção, eficiência no controle experimental, estratégia de melhoramento e intensidade de seleção adotada pelo melhorista influenciam as estimativas de progresso genético (2, 11).

As estimativas de progresso genético apresentam o inconveniente de nem sempre serem exatas. Os modelos nos quais elas se baseiam não identificam a totalidade dos efeitos envolvidos. Ainda assim, as estimativas de progressos genéticos têm apresentado boas aproximações e dado resultados associados aos progressos reais. Os maiores desvios normalmente ocorrem devido aos efeitos da interação genótipo x ambiente (14).

Um fator de grande importância na eficiência de um programa de melhoramento é a intensidade de seleção adotada pelo melhorista. Nas fórmulas deduzidas para cálculo do progresso genético observa-se que quanto maior a intensidade de seleção maior o progresso estimado. Entretanto, intensidade muito alta de seleção, em populações de tamanho reduzido, pode conduzir à endogamia, comprometendo o progresso esperado. Pode, também, ocorrer fixação gênica e perda por oscilação genética.

Desse modo, o objetivo deste trabalho foi comparar os progressos genéticos preditos e realizados para a produção de grãos na população de milho Palha Roxa.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foi utilizada uma população de milho (de polinização aberta) denominada Palha Roxa. Os ensaios foram instalados na "Estação Experimental Prof. Diogo Alves de Mello", localizada no campus da Universidade Federal de Viçosa, MG.

O estudo consistiu na seleção entre famílias de meios-irmãos, com o uso de sementes remanescentes. Foram avaliadas 147 progênies, distribuídas em três experimentos no delineamento látice triplo 7x7, no ano agrícola 1995/1996. Foram selecionadas as progênies superiores em quatro níveis de porcentagens de seleção, correspondentes a 6,12%, 10,20%, 14,28% e 20,41%. No inverno de 1996, foi realizada a recombinação manual das progênies selecionadas, tendo em vista os quatro níveis de porcentagens de seleção. Para avaliar os progressos genéticos realizados, no ano agrícola 1996/1997, foi instalado um ensaio no delineamento em blocos ao acaso, com dez repetições, no qual foram avaliadas as quatro populações selecionadas, a população original e o híbrido CX-533 comercializado pela empresa Santa Helena.

A seleção visando à produção de grãos foi realizada utilizando-se as médias ajustadas da análise intrablocos do látice. Foi selecionado igual número de progênies em cada um dos três experimentos que constituíram o teste de progênie, caracterizando uma seleção estratificada.

A recombinação foi feita num lote de polinização manual, onde foram plantadas todas as 147 progênies, em fileiras de 5,0 m, espaçadas de 1,0 m, com cinco plantas por metro. O plantio foi realizado em 02.07.1996, antes da conclusão do teste de progênie.

A polinização manual foi realizada dentro dos grupos estabelecidos, com base nos níveis de porcentagem de seleção, permitindo a obtenção das quatro populações selecionadas. No Quadro 1 estão apresentadas as porcentagens de famílias selecionadas, as respectivas intensidades de seleção e o número de progênies recombinadas para obter cada população.

Foram tomados os dados dos caracteres peso de grãos por parcela ( $\text{kg}/5\text{m}^2$ ), estande final e umidade dos grãos. Os dados de peso de grão foram corrigidos para a umidade de 15,5%; também foi realizada a correção dos dados para estande ideal de plantas, pelo método de covariâncias.

**QUADRO 1 - Porcentagem de famílias selecionadas, intensidade de seleção e número de progênies utilizadas para a obtenção das quatro populações**

População selecionada	Porcentagem de seleção	Intensidade de seleção	Número de progênies
P <sub>I</sub>	6,12%	1,977	9
P <sub>II</sub>	10,20%	1,746	15
P <sub>III</sub>	14,28%	1,580	21
P <sub>IV</sub>	20,41%	1,388	30

As análises de variância intrablocos foram realizadas para os três experimentos individualmente, seguindo o modelo linear proposto por Cochran e Cox (1). Obteve-se a variância efetiva média para verificação da eficiência do látice em relação a blocos casualizados.

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 agrupando-os, que 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  $m$  ( $m=1,2,3$ );

$\mu$  - 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).

As seguintes pressuposições estão associadas ao modelo estatístico utilizado: (i)  $g_m \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$ ; (ii)  $(t/g)_{im} \sim \text{NID}(0, \sigma_p^2)$ ; (iii)  $(r/g)_{jm} \sim \text{NID}(0, \sigma_r^2)$ ; (iv)  $(b/r/g)_{jlm} \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$ ; e (v)  $e_{ijlm} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ . No Quadro 2 estão apresentados o esquema de análise de variância e as esperanças matemáticas de quadrados médios, de acordo com Viana (15).

QUADRO 2 – Esquema da análise de variância agrupada de um experimento em látice quadrado mostrando as esperanças matemáticas dos quadrados médios			
FV	G. L.	QM	E(QM)
Experimentos	$(g-1) = 2$	QMEX	-
Repetições/exp.	$g(r-1) = 6$	QMR	$\sigma^2 + k\sigma_b^2 + v\sigma_r^2$
Blocos/rep./exp. (n. aj.)	$gr(k-1) = 54$	QMB	$\sigma^2 + \sigma_p^2 + k\sigma_b^2$
Tratamentos/exp. (aj.)	$g(k^2-1) = 144$	QMT <sub>(aj)</sub>	$\sigma^2 + \frac{k}{k+1}r\sigma_p^2$
Resíduo (erro intrabloco)	$g(k-1)(rk-k-1) = 234$	QME	$\sigma^2$
Total	$(grk^2-1) = 440$		

Antes de se realizar a análise agrupada, foi testada a homogeneidade das variâncias residuais entre os experimentos, considerando-se a relação  $QME_1/QME_2$ , sendo  $QME_1$  o maior e  $QME_2$  o menor dos quadrados médios dos resíduos intrablocos dos experimentos individuais. Segundo Gomes (7), quando esta relação não ultrapassar o valor quatro, podem-se considerar as variâncias homogêneas.

Um teste de interesse na análise de variância agrupada é o da hipótese  $H_0: \sigma_p^2 = 0$  vs.  $H_a: \sigma_p^2 > 0$ . Testar esta hipótese equivale a testar a nulidade da variância genética aditiva na população-base.

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas com base nas esperanças de quadrados médios apresentadas no Quadro 2. Obtiveram-se as estimativas da variância genotípica entre progênies ( $\sigma_p^2$ ) da variância ambiental ( $\sigma^2$ ) e da variância fenotípica entre progênies ( $\sigma_F^2$ ), segundo os estimadores

$$\hat{\sigma}_p^2 = \left( \frac{k+1}{k} \right) \left( \frac{QMT_{(aj)} - QME}{r} \right),$$

$$\hat{\sigma}^2 = QME \text{ e}$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \left( \frac{k+1}{k} \right) \frac{QMT_{(aj)}}{r} \quad (15).$$

O estimador da herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família, é  $h^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_F^2}$ .

A resposta à seleção direta em um caráter é uma função do diferencial de seleção (DS), da herdabilidade ( $h^2$ ) e do controle parental adotado pelo esquema seletivo ( $p$ ) (4). A predição do ganho esperado pode ser feita a partir da seguinte expressão:

$$GS = DS \cdot p \cdot h^2 = DS \cdot p \cdot \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\hat{\sigma}_F^2},$$

em que

GS - ganho genético por seleção;

$p$  - controle parental; neste trabalho, em que a unidade de seleção é igual à unidade de recombinação e foram recombinados apenas os indivíduos selecionados, seu valor é 1; e

$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_o$  - diferencial de seleção, sendo  $\bar{X}_s$  a média dos indivíduos selecionados e  $\bar{X}_o$  a média da população (147 progênies).

Para avaliar o ganho realizado com seleção, foi instalado um experimento em blocos ao acaso e na análise de variância foi considerado modelo fixo, pois o objetivo foi comparar os tratamentos. Utilizou-se o teste de Tukey na comparação entre médias, a 5% de probabilidade.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variância de peso de grãos mostram diferenças significativas entre os tratamentos ajustados (Quadro 3). A eficiência do látice foi superior a 114%, o que justifica a análise em látice (5). De acordo com a classificação apresentada por Scapim et al. (12), os coeficientes de variação ambiental apresentaram magnitude média, mostrando boa precisão experimental. A média da população, quanto à produção de grãos, foi de 2,531 kg/5m<sup>2</sup>, o que representa 5.062 kg/ha.

Com base na análise agrupada, a variância genotípica entre progênies foi estimada em 0,114 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup>, a variância fenotípica em 0,158 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup> e a variância genética aditiva da população-base em 0,455 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup>. Embora a variância genética aditiva encontrada seja considerada alta, é concordante com os resultados obtidos por outros autores que estimaram este parâmetro genético em populações antes de realizarem a seleção. Paterniani (10), com a população de milho Dente Paulista original, obteve 0,471 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup> e Cunha (3), com a população ESALQ-HVI-MII, 0,379 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup>. Packer (9), utilizando a população original ESALQ-VD-2, encontrou 0,280 (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup>. Quando as estimativas anteriores não estavam apresentadas em (kg/5m<sup>2</sup>)<sup>2</sup> foi realizada a transformação de forma a torná-las comparáveis.

<b>QUADRO 3 - Análises de variância do peso de grãos (kg/5m<sup>2</sup>) dos experimentos 1, 2 e 3 e análise agrupada</b>						
FV	G. L.	Quadrados Médios			Agrupada	
		Exp-1	Exp-2	Exp-3	G.L.	Q.M.
Experimentos	-	-	-	-	2	14,195
Repetições	2	0,807	2,011	0,203	6	1,007
Blocos/repetição (n. aj.)	18	1,142	1,393	0,710	54	1,082
Tratamentos (aj.)	48	0,323*	0,573*	0,345*	144	0,414*
Resíduo (erro intrabloco)	78	0,081	0,126	0,140	234	0,115

A herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família de meios-irmãos, é o quadrado da correlação entre média fenotípica de progênie de meios-irmãos e o valor genético aditivo do pai comum (16). Assim, ao se selecionarem progênies superiores, considerando um caráter que apresenta alto valor de herdabilidade, é garantido que foram selecionados aqueles progenitores que apresentam maior valor genético aditivo entre indivíduos disponíveis da população-base. Portanto, para os caracteres que apresentam valores altos de herdabilidade, verifica-se uma situação favorável para se realizar seleção. A herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família, foi de 72,10%. Com este valor alto de herdabilidade, ao selecionar famílias com maior média de produção, estarão sendo selecionados aqueles indivíduos da população-base com alto valor genético aditivo. Considerando que estes indivíduos contribuíram com 50% do conjunto genético de tais famílias, garante-se o ganho genético.

No ensaio de produção realizado no ano agrícola 1996/1997, as populações selecionadas a partir de quatro níveis de porcentagem de seleção apresentaram produtividade superior à população original, a 5% de probabilidade, pelo teste Tukey; evidenciou-se, desta forma, ganhos genéticos (Quadro 4). Observa-se ainda que não houve diferenças estatisticamente significativas entre as populações selecionadas, parecendo indicar que as diferentes intensidades de seleção tiveram a mesma eficiência nesse primeiro ciclo de seleção na população Palha Roxa.

**QUADRO 4 - Médias obtidas experimentalmente com o peso de grãos (kg/5m<sup>2</sup>) e os progressos genéticos preditos e realizados**

Tratamentos <sup>1/</sup>	PG, kg/5m <sup>2</sup>	Progressos		
		Predito (%)	Realizado (%)	Realizado (kg/ha)
P <sub>O</sub>	2,841 c	-	-	-
P <sub>I</sub>	3,189 b	23,05	12,24	696,00
P <sub>II</sub>	3,093 b	20,37	8,86	504,00
P <sub>III</sub>	3,082 b	18,58	8,45	482,00
P <sub>IV</sub>	3,148 b	16,58	10,80	614,00
CX-533	3,651 a	-	-	-

As médias seguidas de pelo menos uma mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade.

<sup>1/</sup>P<sub>O</sub>, P<sub>I</sub>, P<sub>II</sub>, P<sub>III</sub>, P<sub>IV</sub> e CX-533 - população original e populações selecionadas a partir das porcentagens de seleção 6,12%, 10,20%, 14,28% e 20,41% e o híbrido CX-533.

Apesar de boa produtividade da população original, 5.682 kg/ha, e das populações selecionadas, atingindo até 6.378 kg/ha, estas foram inferiores à do híbrido CX-533, que apresentou produção de 7.301 kg/ha. Isso era esperado, tendo em vista que a população Palha Roxa está no início de um programa de melhoramento e existia grande variabilidade dentro da população.

Conforme comentou Packer (9), a metodologia de avaliação dos ganhos realizados é ainda bastante complexa. Quando são avaliadas todas as populações, de diferentes ciclos, num único ano, pode-se concluir diretamente. Contudo, corre-se o risco de subestimar ou então superestimar os ganhos, em virtude da interação com os anos, principalmente das populações iniciais, que são mais instáveis.

Com seleção truncada no caráter peso de grãos foi obtido ganho de 695 kg/ha na população P<sub>I</sub>, que significou incremento de produtividade de 12,24% em relação à população original. Nas populações P<sub>II</sub>, P<sub>III</sub> e P<sub>IV</sub>, foram obtidos ganhos de 504 kg/ha, 480 kg/ha e 614 kg/ha, que representam ganho percentual de 8,86%, 8,45% e 10,80%, respectivamente.

Os progressos genéticos preditos e realizados, apresentados no Quadro 4, foram concordantes quanto ao sentido, diferindo apenas na magnitude. Os progressos realizados em nenhum momento alcançaram os valores dos preditos. Para menores porcentagens de seleção, ou seja, menor número de famílias selecionadas, estima-se maior progresso com seleção. Essa tendência foi em parte verificada com os valores de progressos realizados, pois a menor porcentagem de seleção foi responsável pelo maior progresso. Porém, para as demais porcentagens de seleção abordadas, não foi possível verificar tal concordância. Esses resultados, em parte, diferem daqueles apresentados por Spezzi e Mariotti (13), que encontraram

discordância entre progressos preditos e realizados, tanto maior quanto menor a porcentagem de seleção empregada.

Segundo Gardner (6), o componente de variância devido à interação genótipo x ambiente pode representar mais de 50% da variância genética aditiva, provocando previsões superestimadas de ganhos. Moll e Robinson (8) argumentam que a falta de precisão das estimativas e a impossibilidade de se isolar o componente de interação, quando os experimentos são instalados em apenas um local e um ano, são as principais causas da discordância entre progressos preditos e realizados.

## CONCLUSÕES

1. A população Palha Roxa apresenta potencial possível de ser explorado em programas de melhoramento genético.

2. As populações obtidas a partir dos quatro níveis de intensidade de seleção apresentaram médias de produtividade superiores à população original, evidenciando ganho genético.

3. As respostas esperadas e observadas, quanto à produtividade, foram concordantes em relação ao sentido, diferindo apenas na magnitude, demonstrando a validade das previsões propostas pela genética quantitativa.

## REFERÊNCIAS

1. COCHRAN, W.G. & COX, G.M. Deseños experimentales. México, A.I.D, 1965. 661 p.
2. CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2ª ed. Viçosa, UFV, 1996. 390 p.
3. CUNHA, M.A.P. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays*, L.) ESALQ HV-1. Piracicaba, USP-ESALQ, 1976. 84 p. (Dissertação de Mestrado).
4. EBERHART, S.A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. *Afri. Soils*, 15: 669-72, 1970.
5. FEDERER, W.T. Experimental design. New York, Macmillan, 1955. 455 p.
6. 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, NAS-NCS, 1963. p.225-52.
7. GOMES, P. Curso de estatística experimental. 13ª ed. Piracicaba, Livraria Nobel, 1990. 467 p.
8. MOLL, R.H. & ROBINSON, H.F. Observed and expected response in four selection experiments in maize. *Crop Sci*, 6: 319-24, 1966.
9. PACKER, D. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.) na população ESALQ VD 2 Waxy. Piracicaba, USP-ESALQ, 1991. 88 p. (Dissertação de Mestrado).
10. PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 7: 212-6, 1967.

11. RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, USP-ESALQ, 1977. 122 p. (Tese de Doutorado).
12. SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P. & CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesq. Agrop. Bras.*,30: 683-6, 1995.
13. SPEZZI, S. & MARIOTTI, J. Comparacion de heredabilidades y avances por seleccion esperados y realizados en una poblacion de maices colorados. *Revista Industrial y Agrícola de Tucumán*, 64: 99-119, 1987.
14. VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, Soc. Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
15. VIANA, J.M.S. Análises individual e conjunta intrablocos de experimentos em látice quadrado ("*square lattice*") e estimação de parâmetros genéticos. Viçosa, UFV, 1993. 89 p.
16. VIANA, J.M.S. Herdabilidade em nível de média de família. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 21, Londrina, 1996. *Anais...* Londrina, IAPAR/ABS, 1996. p.61.