

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES NA POPULAÇÃO DE MILHO-PIPOCA DFT 1 - RIBEIRÃO¹

Ronaldo Rodrigues Coimbra²
Glauco Vieira Miranda³
José Marcelo Soriano Viana⁴
Cosme Damião Cruz⁴

RESUMO

Com o objetivo de estudar correlações entre caracteres, foram extraídas 121 progênies de meios-irmãos da população de milho-pipoca DFT1-Ribeirão. O delineamento experimental utilizado foi o látice simples 11 x 11. A parcela experimental foi constituída de uma linha de 5 m, espaçada 0,9 m, com densidade de semeadura de cinco plantas por metro linear. Foram obtidas estimativas de herdabilidade em sentido restrito em nível de média de família e dos coeficientes de correlação fenotípica, correlação genética aditiva e correlação ambiental de sete caracteres. A população DFT1-Ribeirão apresentou variabilidade genética aditiva na maioria dos caracteres de interesse agrônômico, elevada produtividade e valor de CE (capacidade e expansão dos grãos) acima do mínimo para comercialização (15 mL/mL). A CE apresentou correlação negativa com todos os caracteres avaliados. Uma alternativa para o melhoramento dessa população seria a seleção com base em índice de seleção dos caracteres CE, peso de grãos e proporção de plantas acamadas, sendo também adequada a seleção com base em níveis independentes de eliminação.

Palavras-chaves: *Zea mays*, melhoramento, seleção, variabilidade genética.

¹ Aceito para publicação em 20.03.2001.

² Estudante do curso de pós-graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa. rcoimbra@hotmail.com.br

³ Dept° de Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. 36571-000 Viçosa, MG. glauco@mail.ufv.br

⁴ Dept° de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa.

ABSTRACT

CORRELATION AMONG CHARACTERS IN THE POPCORN POPULATION DFT-1 RIBEIRÃO

Aliming to study correlations among characters, 121 half-sib progenies of the popcorn population DFT-1 Ribeirão were extracted. The experimental design used was an 11 x 11 simple lattice. Heritability estimates in a restricted sense at family level average were obtained as well as estimates of phenotypic correlation coefficients, additive genetic correlation and environmental correlation for seven characters. The DFT-1 Ribeirão population had additive genetic variability for most the characters of economic interest, high productivity and EC value (expansion capacity of the grain) above the minimum accepted for commercial purposes (15 mL/mL). EC had negative correlation for all the characters analyzed. An alternative for the improvement of this population would be selection based on selection index for the characters EC, grain weight and proportion of lodged plants; selection based on independent levels of elimination could also be adequate.

Key words: *Zea mays*, breeding, selection, genetic variability.

INTRODUÇÃO

No melhoramento do milho-pipoca, entre os principais objetivos encontra-se o desenvolvimento de populações com elevada produtividade e alta capacidade de expansão dos grãos (CE). Entretanto, no melhoramento populacional, não se trabalha com caracteres isoladamente e sim com um conjunto de caracteres, estudando a associação entre estes, ou seja, como a seleção com base em um caráter interfere em um ou mais caracteres.

O estudo de correlações entre caracteres é de grande importância por fornecer informações que venham auxiliar o melhorista no processo de seleção. Estas correlações podem ser causadas por fatores genéticos e ambientais. Naturalmente, o melhorista preocupa-se principalmente com correlações de origens genéticas, as quais podem ser causadas por efeitos pleiotrópicos dos genes ou, então, por desequilíbrio de ligação gênica. Neste último caso, a correlação genética é transitória, manifestando-se especialmente nas primeiras gerações de populações obtidas do intercruzamento de genitores geneticamente divergentes (8).

Portanto, este trabalho teve como objetivo estudar herdabilidades, magnitude e sentido dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental dos caracteres altura de planta, altura de espiga, peso de grãos,

número de ramificações do pendão, proporção de plantas acamadas e capacidade de expansão na população DFT1-Ribeirão.

MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi conduzido na estação experimental da Universidade Federal de Viçosa, situada no município de Coimbra, MG. Utilizou-se a população DFT1-Ribeirão, obtida de cruzamentos de compostos indígenas com cultivares comerciais. O método de melhoramento empregado foi o de seleção entre famílias de meios-irmãos, adaptado de Lonquist (7).

Em abril de 1998, uma amostra da população original foi plantada em campo isolado no tempo e espaço de outra cultura de milho. Realizou-se uma seleção massal de 121 progênies de meios-irmãos com base principalmente na sanidade, prolificidade, tipo e cor de grão e espiga.

Estas progênies foram avaliadas em um experimento instalado em novembro de 1998, utilizando-se o delineamento em látice simples 11 x 11. A adubação de plantio foi composta de 500 kg/ha de N-P₂O₅-K₂O (formulação 4-14-8). A parcela experimental foi constituída de uma linha de 5 m, espaçada 0,9 m com densidade de semeadura de cinco plantas por metro. Plantaram-se duas sementes por cova, e, aos 21 dias após a emergência, realizou-se o desbaste, deixando-se uma planta por cova, correspondendo a uma população de 55.555 plantas por hectare. Na mesma época realizou-se a adubação de cobertura com 30 kg de N/ha. Os tratos culturais foram realizados à medida que se fizeram necessários.

Foram avaliados os caracteres estande final (EF), altura de planta (AP, metro), altura de espiga (AE, metro), prolificidade (PRL), peso de grãos (PG, kg/4,5 m²), número de ramificações do pendão (NRP), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de espigas doentes (PED) e capacidade de expansão dos grãos (CE, mL/g).

A CE foi obtida pela razão entre o volume da pipoca expandida e o peso dos grãos. Utilizou-se uma pipoqueira elétrica doméstica, a Hot Air Popcorn Pumper H7340, da Proctor Silex. Os grãos foram postos na pipoqueira quando esta apresentava uma temperatura de 100° C. O volume da pipoca expandida foi medido em uma proveta graduada de 1.000 ml.

Para a determinação da capacidade de expansão foi realizado um experimento no delineamento em blocos casualizados, pois a estrutura do látice foi desconsiderada, sendo avaliadas 109 progênies.

Realizou-se uma análise de variância, considerando os caracteres isoladamente, e, para estimação dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental, realizou-se também uma análise de variância da soma dos caracteres X e Y (Quadro 1).

QUADRO 1 - Esquema da análise de variância dos caracteres X, Y e de X + Y, para um experimento em blocos casualizados					
FV	GL	QM			E(QM)
		X	Y	X+Y	
Blocos	1				
Tratamentos	108	QMT _X	QMT _Y	QMT _{X+Y}	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$
Resíduo	108	QMR _X	QMR _Y	QMR _{X+Y}	σ^2

Fonte: Cruz e Regazzi (3).

Os componentes de covariância foram estimados a partir das esperanças de produtos médios das fontes de variação (Quadro 2).

A variância genética aditiva (σ_A^2) foi estimada a partir da seguinte relação (5):

$$\sigma_g^2 = \frac{1}{4}\sigma_A^2,$$

QUADRO 2 - Esquema da análise de covariação, mostrando as esperanças matemáticas dos produtos médios			
FV	GL	PM	E(PM)
Blocos	$r-1 = 1$	PMB _{xy}	$\sigma_{xy} + g\sigma_{rxy}$
Tratamentos	$g-1 = 108$	PMT _{xy}	$\sigma_{xy} + r\sigma_{gxy}$
Resíduo	$(r-1)(g-1) = 108$	PME _{xy}	σ_{xy}

Fonte: Cruz e Regazzi (3).

O estimador da herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família de meios-irmãos, é

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

O coeficiente de correlação genética (r_{gxy}), foi obtido, utilizando-se a seguinte fórmula:

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

em que:

$\hat{\sigma}_{gxy}$ é o estimador da covariância genética entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2$ é o estimador da variância genética do caráter X; e

$\hat{\sigma}_{gy}^2$ é o estimador da variância genética do caráter Y.

Os estimadores dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F) e de ambiente (r_a) são:

$$r_F = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x \cdot QMT_y}}$$

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

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa GENES (2).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo a análise de variância (Quadro 3), existe diferença significativa entre os caracteres AP, AE, PE, PG, NRP, PPA e CE, a 5% de probabilidade pelo teste F. Por se tratar de famílias de meios-irmãos, a existência de variabilidade entre progênies significa existência de variabilidade genética aditiva desses caracteres na população-base, o que sugere a possibilidade de obtenção de ganhos por meio do processo de seleção.

No caráter PRL não houve diferença significativa a 5% de probabilidade, ou seja, não existe variabilidade genética entre as progênies. A existência de variabilidade genética é fundamental para o melhorista, pois, não se pode obter ganhos em programas de melhoramento na ausência de variabilidade. Entretanto, deve-se ressaltar que, apesar da ausência de variabilidade na prolificidade, a sua média foi de 1,63 espigas por planta, valor considerado satisfatório.

Com exceção do caráter PPA, os coeficientes de variação demonstram boa precisão experimental.

Pode-se observar alta eficiência do látice, em relação a blocos completos, quanto aos caracteres AP, AE, PRL, PE, PG e PPA, indicando que o delineamento foi adequado para se obter melhor controle local,

sendo possível isolar o efeito da variação de blocos dentro de repetição. Porém, no caso do caráter NRP, a eficiência do látice foi considerada baixa.

QUADRO 3 - Resumo da análise de variância dos caracteres altura de planta (AP, metro), altura de espiga (AE, metro), prolificidade (PRL), peso de espigas (PE, kg/ha), peso de grãos (PG, kg/ha), número de ramificações do pendão (NRP), proporção de plantas acamadas (PPA) e capacidade de expansão (CE, mL/g)

FV	GL	AP	AE	PRL	PE	PG	NRP	PPA	CE ^{1/}
Rep.	1	1,53	1,33	0,04	5,66	4,33	6,70	0,03	-----
Bl/rep (n.aj.)	20	0,09	0,05	0,15	0,60	0,48	8,49	0,17	-----
Progênes (aj.)	120	0,03*	0,02*	0,07 ^{ns}	0,58*	0,4*	8,12*	0,07*	16,3*
Resíduo	100	0,01	0,008	0,05	0,20	0,13	3,56	0,03	6,33
Média		2,1	1,24	1,63	2,74	2,21	15,6	28,4	19,7
CV(%)		6,04	7,1	14,1	16,4	16,1	12,4	66,0	12,8
Efic. látice		35	23	13	17	21	02	55	-----

* , ^{ns} Significativo e não-significativo, respectivamente, a 5% de probabilidade pelo teste F.

^{1/} Os graus de liberdade da CE foram 1, 108 e 108 para blocos, progênes e resíduo, respectivamente.

No Quadro 4, encontram-se as estimativas da variância genotípica entre progênes (σ_g^2), variância genética aditiva (σ_A^2), variância fenotípica entre progênes (σ_F^2) e herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família (h^2), dos caracteres AP, AE, PE, PG, NRP, PPA e CE. Não foram calculadas estimativas de parâmetros genéticos e estudo de correlações entre caracteres envolvendo o caráter PRL, por não ser um procedimento adequado devido à falta de diferença significativa entre as progênes.

O coeficiente de correlação entre caracteres por si só não é de grande valia para o melhorista. Ele deve, sempre que possível, ser interpretado conjuntamente com o coeficiente de herdabilidade dos caracteres envolvidos e ser de preferência um coeficiente de correlação genética aditiva, permitindo ao melhorista escolher de forma mais precisa os caracteres a serem utilizados no processo de seleção, de modo a alcançar mais rapidamente seus objetivos.

As estimativas dos coeficientes de correlação entre médias genotípicas de mesma família, coeficientes de correlação fenotípica e coeficientes de correlação ambiental são apresentadas no Quadro 5.

QUADRO 4 - Estimativas da variância genotípica entre progênies (σ_g^2), variância genética aditiva (σ_A^2), variância fenotípica entre progênies (σ_F^2) e herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família (h^2), obtidas de sete caracteres da população DFT1-Ribeirão

Parâmetro	AP	AE	PE	PG	NRP	PPA	CE
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0115	0,0079	0,2036	0,1470	2,4901	0,0203	4,9434
$\hat{\sigma}_A^2$	0,0460	0,0327	0,8143	0,5881	9,9605	0,0812	19,773
$\hat{\sigma}_F^2$	0,0190	0,0122	0,3143	0,2167	4,4312	0,0372	8,1083
h^2	60,47	65,09	64,78	67,84	56,19	54,54	60,97

O coeficiente de correlação genética aditiva entre os caracteres AP e AE foi positivo e de elevada magnitude, ou seja, grande parte dos genes envolvidos na determinação de AP estão também envolvidos na determinação de AE. Pode-se observar que a seleção com base em AE será eficiente em alterar a média de AP, pois, além de a correlação entre valores genéticos aditivos entre estes dois caracteres se mostrar elevada, a herdabilidade de AE também é elevada, evidenciando eficiência de seleção direta deste caráter, assim como eficiência da seleção indireta de AP.

A correlação genética aditiva entre os caracteres PE e PG também foi positiva e de elevada magnitude. Já no caso de PG e NRP, a correlação genética aditiva foi positiva e de baixa magnitude. Portanto, ao selecionar o caráter PG, considerando sua alta herdabilidade, é de se esperar um pequeno aumento em relação ao número de ramificações do pendão, contrariando a expectativa, que era a obtenção de correlação negativa entre os dois caracteres, pois, quanto menor o número de ramificações do pendão, mais recursos a planta poderia direcionar para o aumento da produção.

Contrariando a expectativa, a AE apresentou correlação positiva com PE e PG, provavelmente devido à correlação praticamente nula entre AE e PPA, embora a relação entre AE e AP seja 0,6, isto é, as espigas encontram-se acima da metade do colmo, proporcionando um situação propícia ao acamamento de plantas.

A correlação entre os caracteres PPA e NRP foi positiva, entretanto, de pequena magnitude. Já a correlação entre PPA e AP foi surpreendentemente negativa. Os demais caracteres correlacionaram-se negativamente com PPA.

O caráter CE correlacionou-se negativamente com todos os demais caracteres. Como sua herdabilidade é de alta magnitude (60,97%), ao se

selecionar CE espera-se que ocorra uma redução na média dos demais caracteres, mas em pequenas proporções, por serem correlações de baixa magnitude. Em experimentos realizados por Brunson (1), Lima et al. (6) e Dofing et al. (4) foram encontrados valores de correlação entre CE e produção de -0,59, -0,25 e -0,34, respectivamente. Isso mostra que existe variação em relação ao valor dessa correlação, sendo o melhoramento destes caracteres mais fácil em algumas populações que em outras.

QUADRO 5 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (F), correlação genética aditiva (G) e correlação ambiental (A) de sete caracteres com base na avaliação entre famílias de meios-irmãos

Caract.		AE	PE	PG	NRP	PPA	CE
AP	F	0,8175	0,3111	0,3053	0,1777	-0,1723	-0,2126
	G	0,9646	0,2231	0,2610	0,0646	-0,4410	-0,3640
	A	0,6436	0,4204	0,3688	0,3244	-0,0551	-0,0228
AE	F		0,3791	0,3830	0,1441	-0,0391	-0,0992
	G		0,4274	0,4323	0,0597	-0,0501	-0,1027
	A		0,3094	0,3064	0,2723	-0,0387	-0,0940
PE	F			0,9733	0,2176	-0,1271	-0,1815
	G			0,9976	0,2075	-0,1195	-0,3707
	A			0,9375	0,2330	-0,1495	0,1012
PG	F				0,1984	-0,1336	-0,1583
	G				0,1892	-0,2001	-0,3064
	A				0,2133	-0,1168	0,0816
NRP	F					0,0157	-0,1823
	G					0,0327	-0,2445
	A					0,0081	-0,0848
PPA	F						-0,0801
	G						-0,1634
	A						-0,0432

A correlação fenotípica é determinada por fatores tanto genéticos como ambientais. No presente trabalho, dispõem-se de estimativas de correlações genéticas aditivas. Portanto, o estudo de correlações fenotípicas mostra-se de importância secundária. No Quadro 5, são observados elevados valores de correlações fenotípicas e ambientais entre os caracteres AP e AE, assim como entre PE e PG. Portanto, os caracteres

em questão são influenciados pelas mesmas condições ambientais. No caso dos demais caracteres, os valores de correlações fenotípicas e ambientais foram de baixa magnitude, indicando que eles não foram grandemente influenciados pelas mesmas condições ambientais.

CONCLUSÕES

1) A população DFT1-Ribeirão apresenta variabilidade genética aditiva na maioria dos caracteres de interesse agrônômico para a cultura do milho-pipoca.

2) A população DFT1-Ribeirão apresenta elevada produtividade e valor de capacidade de expansão do grãos (CE) maior que o mínimo aceito para comercialização (15 mL/mL).

3) A CE apresenta valor de correlação negativa com todos os caracteres avaliados.

REFERÊNCIAS

1. BRUNSON, A. M. Popcorn selection for added popping expansion would pay large growers. Yearbook Agriculture, 16: 441-3, 1931.
2. CRUZ, C.D. Programa genes; aplicativos computacional em genética e estatística. Viçosa, Editora UFV, 1997. 442p.
3. CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, Editora UFV, 1997. 390 p.
4. DOFING, S.M.; D. CROZ-MASON, N. & THOMAS-COMPTON, M.A. Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. Crop Science, 31: 715-18, 1991.
5. FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, UFV, 1987. 279p.
6. LIMA, M.; ZINSLY, J. R.; VENCOVSKY, R. & MELLO, M. R. C. Resultados parciais de um programa de melhoramento do milho-pipoca (*Zea mays* L.) visando o aumento da produção, caracteres agrônômicos e capacidade de expansão. Relatório Científico do Inst. Genética da ESALQ, 5: 84-93, 1971.
7. LONNQUIST, J.H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population. Crop Science, 4: 227-8, 1964.
8. VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.