

BRAGANTIA

Revista Científica do Instituto Agrônomo do Estado de São Paulo

Vol. 36

Campinas, agosto de 1977

N.º 19

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO IAC-1 OPACO-2 (1)

CELSO VALDEVINO POMMER (2), LUIZ TORRES DE MIRANDA, LUIZ EUGENIO COELHO DE MIRANDA e EDUARDO SAWAZAKI, *Seção de Milho e Cereais Diversos, Instituto Agrônomo*

SINOPSE

Através dos testes de progênies realizados para o melhoramento da população de milho IAC-1 opaco-2 obtiveram-se estimativas de uma série de parâmetros genéticos.

As estimativas obtidas para variância entre progênies de meios-irmãos, coeficiente de variação genética e variância genética aditiva permitem concluir que a população deve continuar reagindo favoravelmente à seleção.

As estimativas do progresso esperado na seleção foram bastante próximas do progresso real calculado, mostrando grande eficiência da metodologia empregada.

As estimativas de parâmetros genéticos no IAC-1 opaco-2 mostraram ser de grande valia para a apreciação do processo de seleção nessa população permitindo, inclusive, predições seguras a respeito do progresso genético a ser obtido.

1 — INTRODUÇÃO

O melhoramento de plantas e animais em geral, e o de populações de milho em especial, passou a contar com um número adicional de informações, com as contribuições na área da genética quantitativa dadas por Comstock e Robinson (1), Com-

stock e outros (2), Lush (6), Robinson e outros (9, 10), entre outros autores. A aplicação de métodos estatístico-genéticos adequados tem levado a uma maior eficiência no melhoramento e permitiu que métodos considerados ineficientes, voltassem a

(1) Trabalho desenvolvido em parte com recursos do Projeto BNDE/CIA., Contrato Fundepro-42. Recebido para publicação em 28 de dezembro de 1976.

(2) Com bolsa de suplementação do C.N.Pq.

ser usados e com grande sucesso, como é o caso da seleção espiga-por-fileira modificado por Lonquist (5) e seleção massal estratificada-Zinsly (13).

Entre as contribuições, pode-se considerar as estimativas de parâmetros genéticos como das mais significativas, pois permitem a obtenção de informações como variâncias

genéticas e projeções como o progresso genético esperado na seleção.

No presente caso, procurou-se estimar uma série de parâmetros genéticos na população de milho IAC-1 opaco-2, visando obter uma análise das possibilidades de progresso na seleção em certas características como a produção de grãos e a porcentagem de lisina na proteína.

2 — MATERIAL E MÉTODOS

A variedade sintética IAC-1 foi obtida da combinação por cruzamento em cadeia das linhagens Ip 48-5-3, Ip 365-4-1, Ip 398, Línea 1 da Colômbia, Ip 701-1, Ip 723-4, SLP 103-3, Tx 303 e PD (MS) 6. As linhagens Ip 701-1 e Ip 723-4 foram obtidas por autofecundação da variedade Tuxpan originária do cruzamento entre Tuxpenho branco com Creole Yellow Flint, no Texas. As linhagens Ip 48-5-3, Ip 365-4-1 e Ip 398 foram obtidas por autofecundação da raça cateto, sendo talvez originárias da variedade assis brasil. A linhagem SLP 103-3 foi obtida por autofecundação da coleção SLP 103 coletada no Estado de San Luis Potosí, no México, em altitudes de até 200 metros; é um tuxpenho amarelo talvez originado por introgressão em tuxpenhos brancos típicos, de germoplasma da raça Na1-Tel. Tx 303 foi obtida da variedade yellow surecropper. PD (MS) 6 foi obtida por autofecundação da variedade pozo dulce-mass selection. Esta variedade vem sendo melhorada pelo método de espiga-por-fileira modificado (7).

O IAC-1 opaco-2 foi obtido do cruzamento da variedade IAC-1 com linhagem portadora do gene opaco-2, originária do "Corn Belt" americano. Em seguida foram feitos quatro retrocruzamentos para o pai recorrente, o IAC-1. Após uma geração de polinização livre, por seleção foi obtida a população com o fator opaco-2.

O método empregado no melhoramento do IAC-1 opaco-2 é o da espiga-por-fileira modificado, também chamado de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos. Tem sido conduzido da seguinte maneira:

Após uma geração de polinização livre, escolhem-se 169 espigas de plantas com boas características agrônomicas, sendo cada uma delas debulhada e as sementes mantidas separadas. As progênes das espigas assim obtidas constituem as progênes ou famílias de meios-irmãos. Essas progênes são plantadas em ensaios de produção nos quais usa-se o delineamento reticulado ("lattice") $13 \times 13 + 1$, onde cada repetição consta de 13 sub-blocos e em cada sub-bloco entram 13 progênes e mais um controle intercalar. O controle utilizado para o IAC-1 0₂ tem sido o híbrido duplo IAC Hmd 6999 B. São plantadas quatro repetições sendo uma em cada um dos seguintes locais do Estado de São Paulo: Fazenda de Milho Híbrido do Estado, em Ataliba Leonei, município de Manduri; Estações Experimentais do Instituto Agrônomico, em Campinas, Pindorama e Ribeirão Preto. Cada parcela é constituída de uma fileira de 10 m, na qual são semeados três grãos a cada 40 cm. Mais ou menos 20 a 30 dias após o plantio é feito um desbaste deixando-se duas plantas a cada 40 cm. O espaçamento mantido entre as fileiras é de 1 m.

Em Campinas é plantado ainda um lote de despendoamento isolado de outras culturas de milho. Este é constituído das mesmas 169 progênes usadas nos ensaios sendo que, a cada quatro famílias, intercala-se o plantio de uma fileira cujas sementes são constituídas da mistura das sementes de todas as progênes incluídas no ensaio. Na época oportuna, as 169 linhas com as famílias são despendoadas, funcionando como fileiras femininas, e as linhas com as misturas de sementes servirão como polinizadoras.

Nos ensaios são feitas as seguintes anotações: número inicial e final de plantas por parcela, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, altura relativa das espigas, número de espigas atacadas por moléstias, nota de planta, nota de espiga e peso de espigas.

Após a colheita, o peso total de cada uma das famílias nas quatro repetições é transformado em porcentagem em relação ao peso total dos controles que entraram em cada sub-bloco correspondente. São selecionadas as 20-25% melhores famílias. Esta parte corresponde à seleção entre famílias de meios-irmãos.

Com base nas informações dos ensaios, as 35-40 melhores famílias são colhidas no lote de despendoamento em sacos numerados e separados. Em seguida é feita uma seleção visual dentro de cada família, eliminando-se espigas atacadas por moléstias, espigas com defeitos como fasciação, coloração indesejável de aleurona e espigas com número de sementes insuficiente para o prosseguimento do trabalho. Cada uma das espigas restantes é colocada num pequeno saco de papel. São agora enviadas para o laboratório a fim de serem analisadas quanto ao teor de proteína e de lisina. Para essas análises são obtidas amostras de 20 a 30 grãos de cada espiga, retirados da sua porção mediana.

As quatro ou cinco espigas de cada progênie que apresentarem os maiores teores de lisina (g de lisina por 100 g de proteína ou, simplesmente, % de lisina na proteína) são selecionadas, completando-se a fase de seleção dentro de famílias. Estas espigas que constituem o ciclo seguinte, formam, de novo, 169 progênies que servirão para o plantio do próximo ciclo de seleção.

Vencovsky (12), segundo Silva (11), indica os componentes de variância ao nível de parcela e ao nível de indivíduo, conforme a seguinte tabela:

Esperanças dos quadrados médios

Causa de Variação	QM	Ao nível de totais de parcelas	Ao nível de indivíduos
Fam. de meios-irmãos	Q_2	$\sigma_1^2 + r\sigma_{m1}^2$	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_c^2 + n^2 r\sigma_a^2$
Resíduo combinado	Q_1	σ_1^2	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_c^2$

onde: Q_1 = quadrado médio do resíduo

Q_2 = quadrado médio de famílias de meios-irmãos

σ_1^2 = variância entre parcelas

σ_{m1}^2 = variância entre progênies de meios-irmãos

r = número de repetições dos experimentos

n = número de plantas por parcela

σ_d^2 = variância entre plantas dentro de parcelas

σ_c^2 = variância do efeito de parcelas

σ_a^2 = variância de progênies de meios-irmãos ao nível de indivíduos

Portanto:
$$\sigma_{m1}^2 = \frac{Q_2 - Q_1}{r}$$

Para o cálculo do coeficiente de variação genética faz-se agora:

$$C.V. \text{ gen} = \frac{\sigma_{mi}^2}{\bar{x}_{mi}} \cdot 100$$

onde \bar{x}_{mi} é a média da população.

Para a variância genética aditiva, faz-se:

$$\sigma_A^2 = 4 \frac{\sigma_{m1}^2}{n^2} = 4 \sigma_p^2$$

O progresso genético esperado foi estimado através da fórmula de Vencovsky (12):

$$\Delta g = \frac{k_1 \frac{1}{8} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{rn}}} + \frac{k^2 \frac{3}{8} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}$$

onde: Δg = progresso genético esperado

k_1 = constante que depende da intensidade de seleção entre famílias

k^2 = constante que depende da intensidade de seleção dentro de famílias

A primeira fração representa o progresso esperado na seleção entre famílias e a segunda, o progresso na seleção dentro das famílias.

Como não se dispôs, para o caso de produção de grãos, de observações ao nível de indivíduos, não foi possível separar σ_d^2 de σ_c^2 . Para tanto, foi feito uso da relação $\frac{\sigma_d^2}{\sigma_c^2} = 10$, dada por Gardner (4) e $4 \leq \frac{\sigma_d^2}{\sigma_c^2} \leq 5$, dada por Queiroz (8) segundo Silva (11).

Para composição química em lisina na proteína, pôde-se dispor de duas observações por parcela, de análises feitas no material do ciclo I, o que permitiu chegar à relação $\frac{\sigma_d^2}{\sigma_c^2} = 2$ usada para as outras determinações do ciclo original.

Quanto à herdabilidade, estimaram-se dois tipos: o primeiro, dado por Lush (6) como sendo a relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_d^2}$$

O segundo, de Dudley e Moll (3), dado como a relação entre a variância entre famílias e a variância fenotípica ao nível de famílias

$$h_{m1}^2 = \frac{\frac{1}{4} \sigma_A^2}{\frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{\sigma_1^2}{n}}$$

3 — RESULTADOS E DISCUSSÃO

O quadro 1 mostra as estimativas das médias da população, as médias das amostras selecionadas em porcentagem das médias dos controles intercalares e a amplitude da população também em porcentagem das médias dos controles, para a produção de grãos, nos diversos ciclos de seleção.

É de se notar o grande acréscimo de produção que houve após a introdução de fatores de prolificidade na população, através das linhagens Col 2(22), ETO 344 e Pm 423, portadoras desses fatores.

Outro fato interessante é que no ano em que o controle, que é um híbrido duplo, produz bem, a população, a partir de um certo teto, produz melhor ainda e quando o ano agrícola apresenta condições más para o híbrido, a população também produz mal.

Explica-se isto pelo fato de que o híbrido, tendo uma variação genética restrita, não tem grande adaptação às diferentes condições ambientes, ao passo que a população, tendo uma grande variabilidade genética, pode se adaptar razoavelmente bem em situações adversas e no momento que encontra situações boas, ela tem condições para produzir melhor.

No quadro 2 são apresentadas as estimativas encontradas para a variância entre progênies de meios-irmãos, os coeficientes de variação genética, estimativas das variâncias aditivas e as estimativas das herdabilidades.

Os coeficientes de variação genética encontrados se situaram em

torno de 15%, com exceção do ciclo II (P), onde baixou para 9%.

Quanto à variância aditiva, é de se notar o fato de que, tanto para produção de grãos como para lisina na proteína, houve uma redução brusca na mesma, na passagem do ciclo original para o ciclo I, o que já se podia supor. Com a seqüência dos ciclos de seleção, ela tendeu a cair mais, vindo a subir quando houve a introdução dos fatores de prolificidade, o que aumentou a variabilidade da população.

Com as herdabilidades ocorreram fatos semelhantes, isto é, redução brusca do material original para o ciclo I e, em seguida, uma elevação, com a introdução dos fatores de prolificidade.

No quadro 3 são apresentadas as estimativas do progresso genético esperado, separadas as frações do mesmo para a seleção entre famílias e dentro de famílias e em seguida o progresso total esperado e sua porcentagem em relação à média da população.

É de se notar que, para produção de grãos, as frações entre e dentro do progresso esperado se situaram ao redor de 50%, fato já confirmado na literatura (11).

No entanto, para lisina na proteína, a fração entre, do progresso, se situou ao redor de 30% e a fração dentro, ao redor de 70%, que era o que se esperava, pois o trabalho de melhoramento é feito neste sentido, isto é, dando ênfase mais para a seleção dentro das famílias, neste caso de lisina na proteína.

A regressão da produção de grãos (y), dada em porcentagem em

QUADRO 1. — Estimativas das médias da população; médias da amostra selecionada em porcentagens das médias dos controles intercalares. Amplitude da população em porcentagens das médias dos controles. Milho IAC-1 opaco-2, população original e ciclos I, II, III (P). 1969/70 a 1972/73

Ciclo	Ano Agrícola	Número de progênes	População				Média da amostra selecionada em % do controle	Média do controle *
			Média	% do controle intercalar		Média		
				Em valor absoluto *	Média			
Original	69/70	169	4,0940 ± 0,0483	68,4	23,3 a 96,1	83,3	7,1673	
I	70/71	169	3,1968 ± 0,0517	82,2	48,1 a 149,4	96,1	3,8862	
II	71/72	100	3,6955 ± 0,1033	70,3	36,2 a 102,8	—	5,2588	
II (P)	71/72	49	7,6071 ± 0,0820	128,4	106,8 a 160,2	132,1	5,9250	
III (P)	72/73	169	4,0977 ± 0,0679	118,8	44,6 a 194,6	140,4	3,4485	

(P) = Com introdução de fatores de prolificidade através das linhagens; Col 2 (22); ETO 344 e Pm 423

* = Dados em kg espigas/10 m²

QUADRO 2. — Estimativas das variâncias entre famílias de meios-irmãos (σ_{mi}^2), coeficientes da variação genética (C.V.gen); variância genética aditiva (σ_A^2) herdabilidade entre (h_{mi}^2) e dentro (h_1^2 e h_2^2) de famílias de meios-irmãos — Milho IAC-1 opaco 2

Característica	Ciclo	σ_{mi}^2	C.V.gen %	σ_A^2	Herdabilidades		
					h_{mi}^2	h_1^2 (1)	h_2^2 (2)
Produção de grãos	Original	0,5835	15,6	0,002326	43,8	41,0	79,2
	I	0,2275	14,9	0,000659	32,9	24,9	48,8
	II	0,2866	14,5	0,000650	29,8	21,0	41,8
	II (P)	0,4670	9,0	0,000989	35,9	27,6	55,0
	III (P)	0,3756	15,0	0,000864	31,9	23,3	46,2
% de lisina na proteina	Original	—	—	0,117439	—	72,0 *	—
	Ciclo I	—	—	0,042393	—	50,1 *	—

(1) = Estimativa usando $\frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2} = 2,10$, de Gardner (4)

(2) = Estimativa usando $4 \leq \frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2} \leq 5$, de Queiroz (8)

* = Com $\frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2}$ estimado em 2^c

relação ao controle, para os ciclos de seleção (x) mostrou a equação $y = 81,9 + 20,7 x$ com $r = 0,97^*$. Isto significa que o progresso calculado foi de 20,7% por ciclo, valor muito parecido com o obtido para o progresso esperado, mostrando ser esta uma boa estimativa.

4 — CONCLUSÕES

a) As estimativas obtidas para variância de meios-irmãos, coeficiente de variação genética e variância genética aditiva permitem concluir

que a população deve continuar reagindo favoravelmente à seleção para produção.

b) As estimativas do progresso esperado na seleção foram bastante próximas do progresso real calculado, mostrando grande eficiência da metodologia empregada.

c) As estimativas de parâmetros genéticos no IAC-1 opaco-2, mostraram ser de grande valia para a apreciação do processo de seleção nessa população, permitindo inclusive predições seguras a respeito do progresso genético a ser obtido.

QUADRO 3. — Estimativas do progresso genético esperado na seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos (ΔG) para produção de grãos e para % de lisina na proteína. Milho IAC-1 opaco 2, 1969/70 a 1972/73

Característica	Ciclo	Progresso esperado na seleção (ΔG)					
		Entre		Dentro		Total	
		Por planta	% do total	Por planta	% do total	Por planta	% da média
Produção de grãos	Original *	0,014688	47,53	0,016217	52,47	0,030905	19,96
	Original **	0,014689	39,47	0,022529	60,53	0,037218	24,03
	I *	0,007300	52,07	0,006719	47,93	0,014019	16,30
	I **	0,007300	43,66	0,009420	56,34	0,016720	19,44
	II (P) *	0,007847	51,36	0,007432	48,64	0,015279	8,73
	II (P) **	0,007847	42,79	0,010493	57,21	0,018340	10,47
	III (P) *	0,008307	52,75	0,007440	47,25	0,015747	16,03
	III (P) **	0,008307	44,21	0,010485	55,79	0,018791	19,12
% lisina na proteína	Original	0,055316	26,59	0,152704	73,41	0,208019	5,90
	Ciclo I	0,031126	28,92	0,076517	71,08	0,107644	3,35

* = Estimativas determinadas utilizando $\frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2} = 2,10$, de Gardner (4)

** = Estimativas determinadas utilizando $4 \leq \frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2} \leq 5$, de Queiroz (8)

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS IN THE
IAC-1 OPAQUE-2 MAIZE POPULATION

SUMMARY

Progeny tests used for the improvement of IAC-1 opaque-2 maize population led to estimates of a series of genetic parameters.

Estimates obtained for variance among half-sib progenies, coefficient of genetic variance and additive genetic variance permit to come to a conclusion that population will continue reacting favorably to selection.

The estimates of expected progress in selection were quite proximate with the observed progress showing great efficiency in the methodology.

Estimates of these genetic parameters of IAC-1 opaque-2 showed to be of great value in the study of selection in this population permitting reliable prediction of the genetic progress.

LITERATURA CITADA

1. COMSTOCK, R. E. & ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266, 1948.
2. ———; ——— & HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal* 41:360-367, 1949.
3. DUDLEY, J. W. & MOLL, R. H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Science* 9:257-262, 1969.
4. GARDNER, C. O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Science* 1:241-245, 1961.
5. LONNQUIST, J. H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. *Crop Science* 4:227-228, 1964.
6. LUSH, H. *Animal breeding plans*. 3rd Ed. Ames, Iowa State College Press 1945. 443p.
7. MIRANDA, L. T. A característica "latência" do milho e suas possibilidades no melhoramento. Piracicaba, ESALQ, 1972. (Tese de doutoramento)
8. QUEIROZ, M. A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ, 1969. 71p. (Tese de M. S.)
9. ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E. & HARVEY, P. H. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. *Agronomy Journal* 41:353-359, 1949.
10. ———; ——— & ———. Genetic variance in open-pollinated varieties of corn. *Genetics* 49:45-60, 1955.
11. SILVA, J. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colúmbia Composto. Piracicaba, ESALQ, 1969. 74p. (Tese de M. S.)
12. VENCOVSKY, R. Genética Quantitativa. In W. E. Kerr, ed. *Melhoramento e Genética*. São Paulo, Edições Melhoramentos e Editora da USP, 1969.
13. ZINSLY, J. R. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1969. 52p. (Tese de doutoramento)