

DIALELO MISTO APLICADO AOS COMPONENTES DO RENDIMENTO DO MILHO

NATHAN LÖBLER DOS SANTOS¹; IVAN RICARDO CARVALHO¹; TIAGO CORAZZA DA ROSA¹; ALAN JUNIOR DE PELEGRIN¹; MAURICIO HORBACH BARBOSA²; LUCIANO CARLOS DA MAIA¹

¹Universidade Federal de Pelotas– loblersnathan@gmail.com; carvalho.irc@gmail.com; tiagocorazza@live.com; pelegrinagro@gmail.com; lucianoc.maia@gmail.com

²Universidade Federal de Santa Maria, Campus Frederico Westphalen – hbmauricio95@gmail.com;

1. INTRODUÇÃO

O emprego do melhoramento genético é imprescindível para a obtenção de acréscimos nos componentes do rendimento do milho (*Zea mays* L.). Os programas de melhoramento têm se aproveitado das variedades de polinização aberta (VPAs) como germoplasma, as quais são fonte de variabilidade genética e alelos favoráveis para os caracteres de interesse. O incremento dos componentes do rendimento pode ser alcançado por meio de cruzamentos intervarietais que possibilitam explorar os efeitos da heterose, complementaridade alélica e ações gênicas aditivas e não aditivas (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995).

Através da realização de cruzamentos dialélicos, torna-se possível a percepção de quais são os genitores com melhor potencial para obter transgressivos superiores. Este delineamento genético proporciona obter parâmetros imprescindíveis à seleção, revelando a contribuição dos efeitos aditivos através da capacidade geral de combinação (CGC), e ainda possibilita obter a capacidade específica de combinação (CEC) (VENCOVSKY, 1978).

Pesquisas demonstram que o emprego de modelos mistos permite obter os componentes de variância e parâmetros genéticos através da máxima verossimilhança restrita (REML), com estimativas confiáveis, aplicáveis e vantajosas ao melhoramento genético do milho (BARRETA et al., 2016). Estes modelos apresentam flexibilidade e podem auxiliar na seleção e predição de genótipos através do melhor preditor linear não viesado (BLUP), fazendo inferências ao valor genético e a nova média predita para o cultivo subsequente (RESENDE e DUARTE, 2007). Diante disto, este trabalho teve o objetivo de estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML/BLUP) de um dialelo intervarietal, selecionar e predizer os melhores genótipos e cruzamentos para componentes do rendimento do milho.

2. METODOLOGIA

O experimento foi realizado no Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas. Os genótipos utilizados foram cruzados (2014/2015) e cultivados (2015/2016) no Centro Agropecuário da Palma em Capão do Leão – RS, Brasil, na latitude de 31°47'58" S e longitude de 52°31'02" O, com altitude de 13,2 metros (m). Segundo Köppen o clima é classificado como *Cfa* subtropical, o solo é caracterizado como Argissolo vermelho amarelo distrófico (EMBRAPA, 2006).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, contendo 60 híbridos intervarietais de milho dispostos em três repetições. Sendo estes obtidos através de cruzamentos intervarietais e avaliados em esquema dialélico, foram utilizadas 14 variedades de polinização aberta (VPA) como genitores, efetuaram-se

dez cruzamentos dirigidos para cada combinação, com intuito de obter o número de sementes necessário para compor o ensaio de competição no ano seguinte.

A semeadura foi realizada na primeira quinzena de dezembro de 2015, onde se utilizou a densidade populacional de 80 mil plantas por hectare. A adubação de base foi composta por 350 kg ha⁻¹ de NPK na formulação 10-20-20, por cobertura aplicou-se 115 kg ha⁻¹ de nitrogênio no estágio fenológico V₄. O controle de plantas daninhas e insetos-praga foram procedidos preventivamente com a finalidade de reduzir os efeitos bióticos no resultado do experimento. A unidade experimental foi composta por duas linhas de cinco metros (m) de comprimento, espaçadas por 0.50 m. A colheita foi realizada na segunda quinzena de abril de 2016 após todos os genótipos apresentarem senescência foliar.

Os caracteres mensurados foram:

Massa de cem grãos (MCG): estratificou-se oito sub-amostras de cem grãos para mensurar a massa (g) através de uma balança digital, os resultados das observações compuseram o valor médio deste caráter para a unidade experimental.

Massa da espiga (ME): foi mensurada através da pesagem individual de todas as espigas da unidade experimental através de uma balança digital, os resultados compuseram o valor médio deste caráter para a unidade experimental, resultados em gramas (g).

Os dados obtidos foram submetidos ao teste de normalidade por Shapiro Wilk (1965), posteriormente, realizou-se a análise de *Deviance* a 5% de probabilidade pelo teste do Qui-Quadrado (X^2) com intuito de identificar a significância dos caracteres. Para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos (REML individual) do dialelo intervarietal utilizou-se o modelo 87 desenvolvido por Resende (2007).

Procederam-se as estimativas do BLUP individual (*Best Linear Unbiased Predictor*) para obter os componentes das médias da capacidade geral de combinação intervarietal (CGC) e selecionar os melhores genitores intervarietais (paternos e maternos), estimar a capacidade específica de combinação intervarietal (CEC), ranquear os genótipos (*R*), evidenciar os efeitos genéticos preditos (*G*), valor genético aditivo predito (*U+G*), percentual de ganho genético com a seleção (*Ganho %*) e a nova média (*NM*). As análises foram realizadas com auxílio do software estatístico Selegen (RESENDE, 2007).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de *Deviance* revelou significância para ambos os caracteres a 5% de probabilidade pelo teste do Qui-Quadrado. As proporções fenotípicas (σ^2_f) massa de cem grãos (MCG) foram promovidas por 79,6% dos efeitos da capacidade específica de combinação (σ^2_{CEC}) entre os genitores. A fração genética aditiva (σ^2_a) foi influenciada por 32,6% dos efeitos genéticos oriundos do genitor materno (σ^2_{gm}), em contrapartida, apenas 17,3% foram decorrentes do genitor paterno (σ^2_{gp}). Os componentes de variância indicam haver combinações híbridas intervarietais específicas que incrementam o rendimento de grãos, contudo, os ganhos genéticos aditivos são mais pronunciáveis ao se utilizar um genitor materno superior. Uma elevada capacidade específica de combinação é oriunda dos desvios de dominância, efeitos epistáticos, heterozigose, e pela presença de alelos favoráveis ao rendimento de grãos (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1995). A magnitude do coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação (C^2_{cec}) indica qual estratégia deve ser preconizada no melhoramento do caráter. Coeficientes elevados relacionam a obtenção de melhores genótipos através da heterose, dominância, sobredominância e efeitos epistáticos, em contrapartida, baixas magnitudes expõem o melhorista às estratégias que priorizem os efeitos

genéticos aditivos, a herdabilidade com sentido restrito e a capacidade geral de combinação (CARVALHO et al., 2017). Os resultados obtidos neste estudo revelam coeficiente alto para a massa de cem grãos (C^2_{cec} : 0,79), assim a obtenção de genótipos intervarietais se preconiza efeitos não aditivos.

O coeficiente de variação genotípico (CV_g : 21,4%) do rendimento de grãos foi superior ao residual (CV_e : 10,5%), onde evidencia uma grande variabilidade genética entre os híbridos intervarietais devido ao número de genótipos estudados e suas diferentes bases genéticas.

O desempenho fenotípico (σ^2_f) da massa da espiga (ME) foi influenciado por 22,4% através da capacidade específica de combinação (σ^2_{CEC}) dos genitores, sendo esta contribuição superior a observada para a fração genética aditiva (σ^2_a : 2,4%), do genitor paterno (σ^2_{gp} : 0,12%) e materno (σ^2_{gm} : 1,1%). A proporção genética aditiva (σ^2_a) evidenciada na progênie foi decorrente de 44,6% dos efeitos genéticos do genitor materno (σ^2_{gm}) e 5,4% oriundo do genitor doador de pólen (σ^2_{gp}). Os resultados obtidos neste estudo (C^2_{cec} : 0,22) revelam coeficiente baixo para a massa da espiga, assim a obtenção de genótipos intervarietais superiores podem ser baseadas nos ganhos genéticos aditivos.

Para a massa da espiga (ME) o coeficiente de variação genotípico (CV_g : 16,3%) foi inferior ao residual (CV_e : 29,3%), revelando a grande influência do ambiente sobre a manifestação fenotípica deste caráter, podendo resultar na maior dificuldade de identificação e seleção de indivíduos superiores em ME.

Realizaram-se as estimativas das médias (BLUP individual) para a capacidade geral de combinação (CGC), onde se considerou 14 variedades de polinização aberta (VPAs) e 60 combinações híbridas intervarietais. Como critério para realizar as inferências aos genitores (maternos e paternos) utilizou-se o percentual de ganho genético com a seleção (Ganho %) igual ou superior a 10,0% para todos os caracteres mensurados.

Para a massa de cem grãos (MCG) foi observado que os genótipos AL25, Taquarão, BRS Pampeano e Caiano rajado obtiveram ganhos genéticos preditos de 0,34%, 0,19%, 0,14% e 0,11% quando utilizados como genitores maternos, respectivamente. A seleção de genitores paternos revelou ganho genético predito de 0,19%, 0,11%, 0,79% e 0,6% para os genótipos Argentino Branco, BRS 473, AL25 e BRS Pampeano. Os genitores maternos selecionados obtiveram nova média predita (NM) de 38,7g e os paternos de 38,5g para a massa de cem grãos. As estimativas determinam que mesmo selecionando os melhores genitores maternos e paternos através da capacidade geral de combinação, o incremento genético expresso pela média predita do caráter na progênie intervarietal foi inferior a 1,0% em relação à média geral do rendimento de grãos. Portanto, maiores probabilidades de identificar combinações híbridas superiores são evidenciadas através da capacidade específica de combinação, explorando os desvios de dominância, efeitos epistáticos e a heterose intervarietal.

A massa da espiga (ME) define que os genótipos, AL30, Argentino amarelo, Bico de ouro, e BRS Pampeano revelaram os maiores ganhos genéticos preditos de 1,79%, 1,70%, 1,45% e 1,28% quando utilizados como genitores maternos, respectivamente. Ao selecionar genitores paternos foi possível determinar ganhos genéticos preditos de 0,21%, 0,20%, 0,16% e 0,14% para BRS 473, Argentino branco, Cateto amarelo e BRS Taquarão. Os genitores maternos selecionados obtiveram nova média predita (NM) de 116,56g e os paternos de 114,98g para a massa da espiga. Ao utilizar os melhores genitores foi possível obter um ganho genético predito em relação à média geral do caráter de 1,56% aos genitores maternos e 0,18% para os paternos.

A estimativa dos componentes das médias por BLUP para a capacidade específica de combinação (CEC), evidenciou para a massa de cem grãos (MCG)

que todos híbridos intervarietais obtiveram nova média (NM) predita superior a média geral, em contrapartida, apenas 24 genótipos apresentaram acréscimos devido aos efeitos genéticos (G) influenciando positivamente o valor genético predito (U+G). Para a massa de espiga (ME), também todos os híbridos intervarietais apresentaram nova média (NM) predita superior à média geral e 31 genótipos proporcionaram acréscimos devido aos efeitos genéticos (G). O melhoramento do milho carece dos valores genéticos para o caráter de interesse, desta maneira, o uso de predições BLUP possibilita compreender e selecionar genótipos promissores por meio de informações que revelem o verdadeiro valor genético e minimizam as distorções das estimativas devido aos efeitos do ambiente (BORGES et al., 2010).

As predições para o MCG expressaram maiores estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) para o cruzamento do genitor materno AL 25 e paterno BRS Pampeano, onde revelaram ao valor genético aditivo predito (U+G) e a nova média superioridade em relação aos demais genótipos. Para a ME o cruzamento de genitor materno AL 30 e paterno AL 25 determinaram maiores estimativas da CEC.

4. CONCLUSÕES

A massa de cem grãos e o rendimento de grãos possuem maior influência de genes com efeito aditivo.

O genitor materno BRS Pampeano e paterno Argentino Branco obtém as melhores capacidades gerais de combinação para os caracteres mensurados.

Os cruzamentos AL 25 x BRS Pampeano e AL 30 x AL 25 evidenciam maior capacidade específica de combinação.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos (Rio de Janeiro, RJ). Sistema brasileiro de classificação de solos. **ed. Rio de Janeiro: EMBRAPA-SPI**, p. 306, 2006.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative Genetics in Maize Breeding. 2nd edn. **Iowa State University Press. Ames, Iowa**, 1995.

RESENDE M.D.V. Software Selegem REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Colombo: Embrapa Florestas**, p.350, 2007.

CARVALHO, I. R.; De PELEGRIN, A.J.; SZARESKEI, V.J.; FERRARI, M.; ROSA, T.C.; MARTINS, T.S.; Dos SANTOS, N.L.; NARDINO, M.; De Souza, V.Q.; De Oliveira, A.C.; Da MAIA, L.C. Diallel and prediction (REML/BLUP) for yield components in intervarietal maize hybrids. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 16, n. 3, 2017.

SHAPIRO, S.S.; WILK, M.B. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). **Biometrika**, v. 52, n.3/4, 1965.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., ed. Melhoramento e produção de milho no Brasil. **Piracicaba: Fundação Cargill**, p.122-201, 1978.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; DE OLIVEIRA, A. C.; DE SOUZA, V. Q.; DA MAIA, L. C. Performance of maize genotypes of Rio Grande do Sul using mixed models. **Científica**, v. 44, n. 3, p. 403-411, 2016.

BORGES, V.; FERREIRA, P.V.; SOARES, L.; SANTOS, G.M.; SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum**, v. 32, n. 4, p.643-649, 2010.