AVALIAÇÃO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES NO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO NO MACIÇO DE BATURITÉ-CE.

Matheus Lima Oliveira [1], Ana Kelly de Sousa Julião [2], Maryssol Torres Gadelha [3], Francisco Aglauberto de Lima Gouveia [4], Lucas Nunes da Luz [5]

RESUMO

Esse trabalho tem como objetivo demonstrar os resultados da avaliação de 60 progênies de meios-irmãos (PMI), na fazenda repouso das águas, em Capistrano-CE. E também apresentar a diversidade genética das 20 melhores PMI's que foram recombinadas, na Fazenda Experimental Piroás, em Redenção/CE. Utilizou-se para a avaliação o delineamento experimental em blocos ao acaso, com três repetições. O espaçamento utilizado foi 0,70m entre linhas e 0,20m entre plantas, cada parcela com 5m de comprimento. Utilizou-se na recombinação o delineamento experimental em set, com três repetições. A variedade BRS-Catingueiro foi utilizada como testemunha. O espaçamento foi 0,70m entre linhas e 0,30m entre plantas, cada parcela com 9 metros por linha, semeou-se 3 sementes por cova, realizou-se o desbaste ficando duas plantas/cova. Foram avaliados os seguintes descritores populacionais CE= Comprimento da espiga, DE=Diâmetro da espiga, PEC=Peso da espiga cheia, PSE=Peso total das sementes e PROG=Produtividade de grãos em kg.ha-1. Adicionalmente foram estimados os parâmetros genéticos populacionais das variações fenotípica, genotípica, herdabilidade, coeficiente de variação genético e do índice de variação. As progênies superiores foram, respectivamente 56, 3, 31, 23, 30, 37, 44, 18, 47, 49, 60, 27, 26, 39, 59, 55, 24, 22, 38 e 54. A progênie 31 obteve uma produtividade de grãos (PROG) de 5.927,42 kg ha -1 e a testemunha 4.778,19 kg ha -1. Formou-se cinco grupos distintos, esses são formados pelas famílias mais similares em relação as características avaliadas.

Palavras-chave:

Zea mays L. seleção recorrente. progênies. diversidade genética.

[1] Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira., Instituto de Desenvolvimento Rural , Discente, e-mail: mts.lima518@gmail.com
[2] Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira., Instituto de Desenvolvimento Rural, Discente, e-mail: anakelly.juliao@gmail.com
[3] Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira., Instituto de Desenvolvimento Rural , Discente, e-mail: maryssoltorres@gmail.com
[4] Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira., Instituto de Desenvolvimento Rural, Discente, e-mail: aglaubertogouveia@gmail.com
[5] Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira., Instituto de Desenvolvimento Rural, Docente, e-mail: lucasluz@unilab.edu.br

INTRODUÇÃO

O milho (Zea mays L.) é um cereal de grande importância socioeconômica, sendo cultivado em praticamente todas as regiões agrícolas do mundo para a alimentação humana, animal e, mais recentemente, como fonte de biocombustível (COIMBRA, 2015).

A seleção de plantas, ou melhoramento, como arte vem sendo realizada desde os primórdios da agricultura, e essa ciência atualmente estabelece hipóteses e as avalia pelo método científico com bases em conhecimentos genéticos, fisiológicos, estatísticos, botânicos, fitopatológicos, entomológicos e agronômicos (BORÉM et al., 2013).

O melhoramento de plantas integra avanços na ciência com as questões ambientais e sociais para a obtenção de produtos que trazem benefícios ambientais, sendo que essa ciência é a forma mais ecologicamente responsável de se aumentar a produção de alimentos com a adaptação da planta ao ambiente e não do ambiente à planta. Esse é o principal sustentáculo para que a agricultura possa disponibilizar alimentos, fibras, energia e lazer a sociedade.

O nordeste brasileiro tem sofrido com a baixa produtividade da cultura milho como mostra o levantamento da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), realizado em 2017, sendo que a região apresenta uma área plantada de 1.806,6 hectares com uma produtividade média de 3.194 kg.ha-1, ficando bem atrás da média nacional que é de 5.556 kg.ha-1.

A elevada produção e produtividade nacional se faz em função do uso de híbridos, cultivares transgênicas e um alto nível de tecnologia empregado na lavoura, porém essas práticas não são viáveis para o agricultor familiar pelo seu alto custo, além disso normalmente essas sementes são melhoradas para as condições edafoclimáticas das regiões centro-oeste e sudeste.

Esse trabalho tem como objetivo demonstrar os resultados da avaliação de 60 progênies de meios-irmãos (PMI) obtidas a partir de dez variedades crioulas locais. E também apresentar a diversidade genética das 20 melhores PMI’s que foram recombinadas.

METODOLOGIA

Após a obtenção de progênies, que é a primeira fase da seleção recorrente, selecionou-se 60 PMI’s para serem avaliados, levando em consideração descritores agronômicos. Essa segunda fase da metodologia foi conduzida na fazenda Repouso das Águas em Capistrano-CE, entre os meses de março e julho de 2017.

Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com três repetições. O espaçamento utilizado foi 0,70m entre linhas e 0,20m entre plantas, cada parcela com 5m de comprimento. Semearam-se três sementes por cova e posteriormente realizou-se o desbaste, ficando uma planta/cova. A variedade BRS-Catingueiro foi utilizada como testemunha.

De cada repetição foram selecionadas cinco plantas, onde foram analisadas Comprimento da espiga (CE), Diâmetro da espiga (DE), peso da espiga cheia (PEC), peso das sementes (PSE) e produtividade de grãos (PROG).

A terceira etapa da seleção recorrente foi realizada Fazenda Experimental Piroás (FEP), de propriedade da UNILAB situada no município de Redenção/CE. Utilizou-se o delineamento experimental em set, com três repetições. O espaçamento foi 0,70m entre linhas e 0,30m entre plantas, cada parcela com 9 metros por linha, semeou-se 3 sementes por cova, realizou-se o desbaste ficando duas plantas/cova.

Foram avaliados os seguintes descritores populacionais CE= Comprimento da espiga, DE=Diâmetro da espiga, PEC=Peso da espiga cheia, PSE=Peso total das sementes e PROG=Produtividade de grãos em kg.ha-1. Adicionalmente serão estimados os parâmetros genéticos populacionais das variações fenotípica, genotípica, herdabilidade, coeficiente de variação genético e do índice de variação. Essa etapa do experimento é a seleção dentro das progênies de meios-irmãos (PMI’s).

Os dados foram submetidos a análise de variância e ao teste f a 1 e 5% de probabilidade de erro, em conjunto com o teste de Tukey a 5%. Também foi realizado teste por meio do índice de seleção clássico de Smith e Hazel, que leva em consideração as matrizes de covariâncias fenotípica e genotípica, a fim de selecionar as 20 melhores progênies de meios-irmãos. Nesse índice são definidos pesos econômicos para as variáveis

(Tabela 1).
Também foi realizado o agrupamento da diversidade genética das PMI´s da recombinação com o teste de Mahalanobis, pelo método de ligação média dentro de grupo. Os procedimentos estatísticos foram realizados no programa computacional Genes 1990.2019.49 (CRUZ,2013).

Tabela 1. Pesos econômicos utilizados no índice clássico de Smith e Hazel.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As Tabelas 02 e 03 apresentam as análises de variância das duas etapas, de avaliação e recombinação de progênies, submetidas ao teste f a 1 e 5% de probabilidade de erro, e nela observa-se que foi possível constatar diferenças significativas entre as famílias para todas as variáveis (Tabela 02 e 03). Esse resultado indica a presença de variabilidade genética entre os genótipos, o que é de fundamental importância para obtenção de ganhos genéticos em programas de melhoramento (VETTORAZZI, 2014).

Tabela 02. Síntese da análise de variância para as variáveis CE, DE, PEC, PSE e PROG, para a etapa de avaliação de progênies, na fazenda repouso das águas, em Capistrano-CE.

**Significativo a 1 e 5% de significância pelo teste F. QM - Quadrado médio, FV – Fonte de variação, GL- Graus de liberdade, CV- Coeficiente de Variação.

Tabela 03. Síntese da análise de variância das variáveis CE, DE, PEC, PSE e PROG, para a etapa recombinação de progênies, na fazenda experimental Piróas, em Redenção-CE.

**Significativo a 1 e 5% de significância pelo teste F. QM - Quadrado médio, FV – Fonte de variação, GL- Graus de liberdade, CV- Coeficiente de Variação.
Vale-se ressaltar a produtividade de grãos, onde a média geral dos tratamentos foi de 4.316 kg ha-1, ficando bem à frente dos resultados apresentados pela região Nordeste nas últimas safras. Outro ponto são os coeficientes de variação, que de acordo com Fritsche-Neto et al. (2012), são classificados como bons, o que demostra a precisão experimental.
A principal característica para esse programa de melhoramento em questão é a produtividade de grãos (PROG), essa apresentou resultados extremamente significativos, como também foi demonstrado por Vettorazzi et al. (2014), que também trabalhando com a seleção recorrente obteve significância para a produção de grãos, com média de 7.019,4 kg.ha-1.
Na tabela 04 são apresentados os resultados do índice de seleção, com os dados da média da população original e da selecionada, a herdabilidade, o ganho de seleção e o ganho de seleção em porcentagem. O peso foi definido a partir das medias das variedades e cultivares mais utilizadas pelos produtores no Brasil.
As progênies superiores foram, respectivamente 56, 3, 31, 23, 30, 37, 44, 18, 47, 49, 60, 27, 26, 39, 59, 55, 24, 22, 38 e 54. A progênie 31 obteve uma produtividade de grãos (PROG) de 5.927,42 kg ha -1 e a testemunha 4.778,19 kg ha -1.

Tabela 04. Estimativas dos ganhos percentuais pelo índice de Smith e Hazel com base em pesos econômicos para seis características avaliadas.

Xo – média da população original, Xs – média da população melhorada, h^2 %- herdabilidade, GS-ganho de seleção, GS% – ganho de seleção em porcentagem.

Figura 01. Endograma relativo ao teste de Mahalanobis, pelo método de ligação média dentro de grupo, da etapa de recombinação.

Em relação ao teste de Mahalanobis, pelo método de ligação média dentro de grupo (Figura 01), formou-se cinco grupos distintos, esses são formados pelas famílias mais similares em relação as características avaliadas. Esses serão trabalhados afim de se manter uma boa variabilidade genética no programa de melhoramento.

CONCLUSÕES

Conclui-se com o fim desse primeiro ciclo, que o programa está alcançando resultados satisfatórios para o objetivo do programa de melhoramento. Principalmente em relação a produtividade de grãos por hectare e a variabilidade genética demonstrada retrata boas perspectivas para os demais ciclos.

AGRADECIMENTOS

Deixo o agradecimento ao GEREM, a Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-brasileira pela concessão da bolsa de pesquisa e ao produtor Geraldo Filho pela disponibilização do espaço e dos insumos.

REFERÊNCIAS

Borém, A.; Miranda, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: UFV, 2013. 529 p.
Coimbra, R.R., Miranda, G.C., Cruz, C.D., Melo, A.V., Eckert, F.R. (2010) Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, 41:159-166.
CONAB. Acompanhamento de safra brasileiro – grãos: Décimo levantamento, julho 2018 – safra 2017/2018.: Brasília: **Companhia Nacional de Abastecimento**. 2018.
Cruz, C.D. GENES (2013) A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, 35:271-276.
Fritsche-Neto, R., Vieira, R.A., Scapim, C.A., Miranda, G.V., Rezende, L.M. (2012) Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum**, 34: 99-101.
Smith, H. F. (1936) A discriminant function for planta selection. **Ann. Eugen**, 7:240-250.
Vettorazzi, J.C.F. (2014) Obtenção e avaliação de híbridos e linhagens de milho comum via seleção recorrente recíproca entre famílias de irmãos completos. **Monografia** (Agronomia) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 43p.
VISÃO Agrícola. Piracicaba-SP: Esalq, 2015. Disponível em: . Acesso em: 20 dez. 2018.