



## VARIABILIDADE GENÉTICA EM LINHAGENS S<sub>5</sub> DE MILHO

**Luiz Antonio Assis Lima<sup>(1)</sup>, Samuel Silva Souza<sup>(1)</sup>, Murilo Bitencort de Lima<sup>(1)</sup>, Gabriela Aparecida Amorim<sup>(1)</sup>, Joyce Castro Xavier<sup>(1)</sup>, Isabela Neves<sup>(1)</sup> e Livia Maria Chamma Davide<sup>(2)</sup>**

### 1. Introdução

A cultura do milho tem lugar de destaque no cenário agrícola brasileiro, uma vez que participa de diversas cadeias produtivas que vão desde a alimentação animal até a indústria de alta tecnologia. No ano de 2016, a área cultivada na safrinha de milho teve um incremento de 10,3% em relação ao ano de 2015, chegando a 10.534,8 mil hectares (CONAB, 2016). Apesar do aumento da área cultivada, a produtividade de milho no Brasil ainda é inferior à de países como Estados Unidos e China.

A obtenção de híbridos de milho com alto desempenho agrônômico pode contribuir para o aumento da produtividade de grãos. Os programas de melhoramento para obtenção de híbridos são normalmente compostos pelas fases de escolha das populações, obtenção das linhagens, avaliação da capacidade de combinação das linhagens e teste das combinações híbridas obtidas (Paterniani & Campos, 1999). Dessas etapas, obtenção e seleção de linhagens endogâmicas com bom desempenho agrônômico é uma das mais trabalhosas e onerosas do programa. As linhagens são obtidas por seguidas gerações de autofecundação. De cada linhagem são tomados dados de características agrônômicas de interesse aos agricultores e selecionados os melhores germoplasmas (Bespalhok et al., 2007).

Desta forma, o presente trabalho visou avaliar a variabilidade genética de linhagens parcialmente endogâmicas de milho, visando futuramente a obtenção de híbridos.

### 2. Material e Métodos

O presente trabalho foi implantado na safrinha de 2016, na área experimental da Universidade Federal de Dourados (UFGD), situada a 22° 11' 55" S, 54° 56' 07" W e 452 m de altitude. O clima da região é do tipo Cwa (Fietz & Fisch, 2008) e o solo é classificado como Latossolo vermelho Distroférico (Embrapa, 2006).

<sup>(1)</sup>Discente(s) do curso de Agronomia, Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Bolsista de Iniciação Científica do CNPQ. Dourados - MS. E-mails: [assislimala@gmail.com](mailto:assislimala@gmail.com); [samuel-ssouza@hotmail.com](mailto:samuel-ssouza@hotmail.com); [bitencort.murilo@gmail.com](mailto:bitencort.murilo@gmail.com); [gabyalmeidaamorim@hotmail.com](mailto:gabyalmeidaamorim@hotmail.com); [joyce-castro-xavie@hotmail.com](mailto:joyce-castro-xavie@hotmail.com); [isabelaneves1@outlook.com](mailto:isabelaneves1@outlook.com)

<sup>(2)</sup>Professora, Dra., UFGD. Dourados - MS. E-mail: [liviadavide@ufgd.edu.br](mailto:liviadavide@ufgd.edu.br)





Foram utilizadas 17 linhagens parcialmente endogâmicas, na geração S<sub>5</sub>, conduzidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Milho da UFGD. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições. A unidade experimental foi constituída de uma parcela de duas linhas de 3,0 m, espaçadas em 0,9 m entre fileiras e 0,2 m entre plantas. Na semeadura foram utilizados 300 kg ha<sup>-1</sup> da formulação N-P-K 08-20-20.

No campo foram avaliadas a altura de inserção de espiga (AE) em cm; diâmetro do colmo (DC) em mm, dias para florescimento masculino e feminino (FM e FF); o número de folhas acima da espiga, (NFAE) e número de folhas abaixo da espiga (NFABE) por contagem do número total de folhas acima e abaixo da espiga principal no início da antese e prolificidade (PROL), por contagem do número de espigas por planta.

Os dados foram submetidos à análise de variância a 5% de probabilidade, sendo as médias comparadas pelo teste de agrupamento de média Scott-Knott (1974) e pela estimativa dos parâmetros genéticos como, variância fenotípica, variância ambiental, variância genotípica e herdabilidade. As análises estatísticas foram realizadas por meio do pacote computacional Genes (Cruz, 2013).

### 3. Resultados e discussões

Observa-se que apenas DC não apresentou diferença significativa entre as 17 linhagens S<sub>5</sub> de milho (Tabela 1). Para as demais características pode-se afirmar que houve variabilidade genética e existe possibilidade de seleção.

**Tabela 1.** Resumo da análise de variância de 17 linhagens S<sub>5</sub> de milho de sete caracteres agrônômicos avaliados na safrinha 2016, em Dourados – MS.

FV	GL	Quadrados médios						
		AE	DC	FF	FM	NFABE	NFAE	PROL
Blocos	2	3,16	51,32	1,20	1,66	0,64	0,15	0,27
Linhagens	16	136,04**	16,95 <sup>ns</sup>	14,50**	14,80**	1,63**	0,63**	0,31*
Resíduo	32	43,46	10,55	2,19	1,79	0,20	0,06	0,12
Média	-	29,79	15,16	63,57	60,50	4,82	4,59	1,46
CV (%)	-	22,12	21,42	2,32	2,21	9,43	5,70	23,68

<sup>ns</sup> Não significativo pelo teste F; \*\* significativo a (P < 0,01); \* significativo a (P < 0,05) pelo teste F. AE: altura de inserção de espiga, em cm; DC: diâmetro de colmo, em mm; FF: florescimento feminino, em dias; FM: florescimento masculino em dias; NFABE: número de folhas abaixo da espiga; NFAE: número de folhas acima da espiga; PROL: prolificidade; FV: fonte de variação; GL: grau de liberdade.



Para a característica AE, observou-se a formação de dois grupos (Tabela 2). O primeiro foi composto pelas linhagens 1, 3 e 5, que apresentaram as menores estimativas de AE. É importante notar que mesmo no grupo com as maiores estimativas as linhagens apresentaram valores muito baixos para AE; inferiores a 38,11 cm. A baixa AE das linhagens é resultado da depressão por endogamia que ocorre em germoplasmas com alto nível de homozigose.

**Tabela 2.** Médias de 17 linhagens S<sub>5</sub> de milho quanto a sete caracteres agrônômicos avaliados na safrinha 2016, em Dourados – MS.

Linhagens	AE	DC	FF	FM	NFABE	NFAE	PROL
1	23,40 b	13,50 a	63,33 c	60,33 a	3,93 c	4,73 b	1,46 b
2	29,11 a	15,30 a	64,67 b	61,66 a	4,33 c	4,93 b	1,46 b
3	24,86 b	16,20 a	59,60 c	57,00 c	5,46 b	5,06 b	1,33 b
4	33,44 a	16,90 a	61,66 c	56,33 c	4,40 c	4,73 b	1,13 b
5	24,30 b	8,90 a	62,84 c	62,30 a	5,26 b	4,33 c	1,20 b
6	30,10 a	14,96 a	66,67 a	62,85 a	5,06 b	4,73 b	1,73 a
7	28,50 a	15,58 a	61,66 c	59,00 b	4,80 b	4,33 c	1,60 a
8	31,20 a	15,90 a	64,91 b	62,34 a	6,93 a	4,46 c	1,93 a
9	29,10 a	18,18 a	63,00 c	60,33 a	5,46 b	5,63 a	1,86 a
10	38,00 a	14,60 a	62,00 c	59,33 b	4,26 b	4,46 c	1,00 b
11	32,95 a	14,20 a	65,17 b	62,30 a	4,00 c	4,46 c	1,66 a
12	38,11 a	13,70 a	62,30 c	59,66 b	4,13 c	3,86 d	1,26 b
13	35,20 a	17,15 a	61,66 c	56,66 c	4,93 b	3,93 d	1,06 b
14	35,05 a	15,02 a	67,91 a	62,46 a	5,00 b	4,00 d	1,40 b
15	30,50 a	16,50 a	62,65 c	61,62 a	4,93 b	4,46 c	1,06 b
16	34,99 a	15,40 a	67,00 a	63,00 a	4,80 b	4,66 b	1,60 a
17	32,85 a	16,50 a	63,60 c	62,00 a	4,16 c	5,20 a	2,05 a

Médias seguidas por mesma letra na coluna não diferem estatisticamente a 5% de probabilidade pelo teste de Skott-Knott. AE: altura de inserção de espiga, em cm; DC: diâmetro de colmo, em mm; FF: florescimento feminino, em dias; FM: florescimento masculino em dias; NFABE: número de folhas abaixo da espiga; NFAE: número de folhas acima da espiga; PROL: prolificidade.

Em relação ao FF e FM as linhagens apresentaram um comportamento protândrico, ou seja, as flores masculinas (pendão) foram emitidas antes das femininas (boneca). O tempo semeadura-florescimento masculino estimado para as linhagens variou entre 57 e 63 dias, e para florescimento feminino variou entre 59 e 67 dias (Tabela 2). A população em estudo apresentou características desejáveis para a produção de híbridos precoces.



As características NFABE e NFAE apresentaram valores que variaram de 3,93 para a linhagem 1 a 6,93 para a linhagem 8, respectivamente (Tabela 2). A linhagem 8 se destacou por apresentar maior NFABE, e as linhagens 9 e 17, maior NFAE, sendo essas mais promissoras, pois as folhas acima da espiga estão diretamente relacionadas a atividade fotossintética e a capacidade da planta em armazenar carboidratos para produção de grãos (Fornasieri Filho, 2007). As linhagens 6, 7, 8, 9, 11, 16 e 17 apresentaram as menores estimativas de prolificidade. Como concluído por Pinho et al. (2009), cultivares de milho com maior prolificidade são desejadas no mercado e visadas por produtores por ser um caráter diretamente relacionado com a produtividade de grãos.

Em relação aos parâmetros genéticos, na Tabela 3 observa-se que os valores estimados de herdabilidade foram de 85,71% para NFAE; 87,33% para NFABE; 81,01% para FF; 74,81% para FM e 61,37% para PROL. Quanto maior os valores de herdabilidade, maior é a correspondência entre fenótipo e valor genético, neste caso, a maior parte da variação é de origem genética, e serão em grande parte transmitidos a sua progênie, por meio da herdabilidade, indicando que há possibilidade de sucesso na seleção de plantas.

**Tabela 3.** Resumo dos parâmetros genéticos para as sete características avaliadas em linhagens S<sub>5</sub> de milho na safrinha 2016, em Dourados – MS.

Caracteres	Parâmetros genéticos				
	$\sigma_F^2$	$\sigma_G^2$	$\sigma_E^2$	$h^2\%$	Índice b
AE	45,34	30,85	14,40	68,04	0,84
DC	5,65	2,13	3,51	37,70	0,44
FF	5,28	4,28	1,00	81,01	1,31
FM	4,89	3,65	1,23	74,81	1,10
NFABE	0,54	0,47	0,07	87,33	1,51
NFAE	0,21	0,18	0,02	85,71	1,65
PROL	0,10	0,06	0,03	61,37	0,72

$\sigma_F^2$ : estimativas da variância fenotípica;  $\sigma_E^2$ : variância ambiental;  $\sigma_G^2$ : variância genotípica;  $h^2$ : herdabilidade com base na média de famílias.. AE: altura de inserção de espiga; DC: diâmetro de colmo; FF: florescimento feminino; FM: florescimento masculino; NFABE: número de folhas abaixo da espiga; NFAE: número de folhas acima da espiga; PROL: prolificidade.

O índice de variação “b”, que dá a proporção da variância genética entre as linhagens em relação ao erro residual, variou de 0,44 para DC a 1,65 para NFAE. Estimativas do índice b superiores a 1,0 indicam possibilidade de sucesso na seleção. Assim, pode-se destacar as características FF, FM, NFABE e NFAE.



#### 4. Conclusão

A população em estudo é promissora para se obter sucesso na seleção e obtenção de híbridos de milho considerando os caracteres de florescimento feminino, florescimento masculino, número de folhas abaixo da espiga e número de folhas acima da espiga.

#### Referências

BESPALHOK, J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. **Introdução ao melhoramento de plantas**. 2007. Disponível em: <[www.bespa.agrarias.ufpr.br/](http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/)>. Acesso em: 14 set. 2017.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos, décimo segundo levantamento, setembro/2016**. Brasília: Conab, 2016.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: estatística experimental e matrizes**. Viçosa - MG: UFV, 2013. 285p.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2.ed. Brasília: Embrapa-SPI; Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2006. 306p.

FIETZ, C.R.; FISCH, G.F. **O clima da região de Dourados, MS**. 2.ed. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2008. 32p. (Documentos, 92).

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep, 2007. 547p.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa - MG: UFV, 1999. p.429-485.

PINHO, R.G.V.; RIVERA, A.A.C.; BRITO, A.H.; LIMA, T.G. Avaliação agronômica do cultivo de milho em diferentes níveis de investimento. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.33, n.1, p.39-46, 2009.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington D.C., v.30, n.3, p.507-512, 1974.

