

CARACTERES SECUNDÁRIOS RELACIONADOS À TOLERÂNCIA À SECA EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS INTERPOPULACIONAIS DE MILHO

MARIA ELISA AYRES GUIDETTI ZAGATTO PATERNIANI¹, PAULA DE SOUZA GUIMARÃES¹,
CRISTIANI SANTOS BERNINI¹ E PAULO BOLLER GALLO²

¹IAC, Campinas, SP, Brasil. elisa@iac.sp.gov.br; psguim@yahoo.com.br; cristianibernini@yahoo.com.br

²APTA Regional, Mococa, SP, Brasil, paulogallo@apta.sp.gov.br

Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.14, n.1, p. 130-144, 2015

RESUMO - Os objetivos do trabalho foram estimar parâmetros genéticos visando ao melhoramento para tolerância à seca e distinguir progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho contrastantes quanto à tolerância à seca. Avaliaram-se 150 progênies de irmãos germanos em delineamento de blocos casualizados com três repetições, em Campinas e em Mococa, na safrinha de 2012. Foram avaliados os florescimentos masculino (FM) e feminino (FF), o intervalo entre os florescimentos (IF), as alturas da planta (AP) e da espiga (AE), o comprimento (CE) e o diâmetro da espiga (DE), o número de fileiras de grãos na espiga (NFG), o stay green (SG), o comprimento (CP) e o número de ramificação do pendão (NRP), a prolificidade (PROL) e a massa de grãos (MG). Houve diferenças significativas entre as progênies para todos os caracteres avaliados, indicando que os cruzamentos entre as duas populações contrastantes quanto à tolerância à seca produziram progênies com variabilidade genética. Obtiveram-se altos valores de herdabilidade para NFG, NRP, FM, FF, DE e AE, demonstrando a possibilidade de se obterem ganhos com a seleção entre progênies. As progênies mais promissoras para tolerância à seca foram 9B x 7A, 140A x 153B, 156A x 150B, 20A x 24B, 141A x 149B e 127A x 110B, apresentando valores de massa de grãos de aproximadamente 10% acima do padrão de tolerância DAS2B707. As médias de produtividade e a magnitude das estimativas dos parâmetros genéticos indicam que existe variabilidade genética para ser explorada nos próximos ciclos de seleção recorrente recíproca para tolerância à seca em progênies de milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; variabilidade genética; produtividade; seleção recorrente interpopulacional.

EVALUATION OF SECONDARY TRAITS RELATED TO DROUGHT TOLERANCE IN FULL SIB PROGENIES OF MAIZE

ABSTRACT - The objectives of this study were to evaluate full sib progenies of maize, to estimate genetic parameters for improving tolerance to drought, to distinguish the progenies with different levels of sensitivity to water stress, regarding the secondary traits related to drought tolerance. For this, 150 full sib progenies were assessed in a randomized block design with three replications in Campinas and Mococa, during the second crop of 2012. The traits male (FM) and female flowering (FF), interval between flowering (IF), plant (AP) and ear (AE) height, length (CE) and diameter (DE) of ear, number of kernels rows per ear (NFG), stay green (SG), tassel branch number (NRP) and tassel size (CP), prolificacy (PROL) and grain mass (MG) were evaluated. Significant differences among progenies were observed for all traits, indicating that the crosses made between the two contrasting populations for tolerance to drought produced progenies with genetic variability. The high values of heritability to NFG, NRP, FM, FF and AE demonstrate the possibility of obtaining high gains with the selection among progenies. The promising progenies for drought tolerance were: 9B x 7A, 140A x 153B, 156A x 150B, 20A x 24B, 141A x 149B and 127A x 110B with grain mass approximately 10% above the DAS2B707. The productivity and the magnitude of the estimates of genetic parameters indicate that there is genetic variability to be explored in the next cycles of reciprocal recurrent selection for drought tolerance in progenies of maize.

Key words: *Zea mays* L.; Genetic variability; Productivity; Interpopulation recurrent selection.

O déficit hídrico é considerado um dos principais problemas da agricultura e a habilidade das plantas para resistir a esse estresse é de grande importância para o desenvolvimento do agronegócio de qualquer país (Shao et al. 2008). Por isso, o conhecimento dos mecanismos fisiológicos responsáveis pela diferenciação dos genótipos sob condição de seca pode facilitar o processo de geração de novas cultivares tolerantes ao déficit hídrico, além de contribuir para o desenvolvimento de técnicas de seleção para reduzir o tempo e o trabalho de avaliação de fontes genéticas de tolerância à seca (Magalhães et al. 2009).

No entanto, caracterizar o déficit hídrico na cultura do milho em trabalhos de melhoramento genético vegetal é um problema amplo, variando de um local para o outro e do período da safra. Além disso, fica difícil distinguir os efeitos diretos da seca de outros fatores como fungos, baixa fertilidade do solo e altas temperaturas. Por isso, colocar no mercado cultivares de milho produtivas e com características de tolerância à seca é um desafio contínuo para os programas de melhoramento dessa cultura, pois o déficit hídrico é a maior fonte de instabilidade do rendimento de grãos em áreas tropicais. Agrega-se a isso o fato da herdabilidade para a característica produção de grãos ser baixa e, assim, ser muito influenciada pelo ambiente. Portanto, genótipos melhor adaptados e com maior rendimento poderiam ser mais eficientes se atributos que conferem rendimento sob condições limitantes de água pudessem ser identificados e usados como critério de seleção (Durães et al. 2004).

Segundo Câmara et al. (2007), a seleção para produção de grãos sob déficit hídrico tem sido considerada ineficiente em vista da alta proporção da variância ambiental em relação à genética, o que reduz

a herdabilidade do caráter e dificulta a seleção de genótipos superiores. Nessas condições, o emprego de caracteres secundários pode melhorar a eficiência da seleção se esses possuírem valor adaptativo ao estresse, alta herdabilidade, correlação genética alta e significativa com a produção de grãos e que sejam de fácil mensuração (Bänzinger et al. 2000, Kamara et al. 2003). Caracteres como o *stay green* (Jiang et al. 2004, Carmo et al. 2007), a prolificidade (Bänzinger et al. 2000), o tamanho do pendão (Câmara 2006) e o intervalo entre florescimentos feminino e masculino (Bänzinger et al. 2000, Kamara et al. 2003, Xiao et al. 2004, Monneveux et al. 2006) são considerados dos mais importantes caracteres secundários a serem selecionados para a obtenção de genótipos de milho tolerantes à seca.

Porém, para se desenvolverem cultivares tolerantes ao déficit hídrico, são necessários o uso de estratégias de melhoramento apropriadas e a aplicação de conhecimentos no manejo dos ambientes para maximizar o ganho genético dos caracteres desejados.

A falta de informação sobre trabalhos referentes à seleção recorrente recíproca visando à obtenção de genótipos tolerantes ao déficit hídrico revela a importância de estudos relacionados a esse tema. Por essa razão, a seleção de caracteres relacionados à tolerância à seca deve ser enfatizada em programas de melhoramento de milho, visando a fornecer informações para o desenvolvimento de genótipos de milho capazes de tolerar períodos de seca sem que a produtividade seja substancialmente prejudicada.

Diante disso, os objetivos do trabalho foram avaliar progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho, obter estimativas de parâmetros genéticos visando ao melhoramento para tolerância à seca e distinguir progênies com diferentes níveis de

sensibilidade ao déficit hídrico, quanto a caracteres agronômicos relacionados à tolerância à seca.

Material e Métodos

Foram realizados cinco experimentos com progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho no Centro Experimental Central do Instituto Agrônomo – IAC em Campinas (22° 53'S, 47° 04'W e altitude de 600 m) e no Pólo de Desenvolvimento da Apta em Mococa (21° 28'S, 47° 1'W e altitude de 665 m) no período da safrinha do milho em 2012. As condições de temperatura e precipitação durante a condução dos experimentos realizados nas duas localidades são apresentadas na Figura 1, indicando que em Mococa houve escassez de chuvas nas fases fenológicas mais críticas da cultura do milho.

Cada experimento constou de 34 tratamentos, sendo 30 progênies de irmãos germanos e as testemunhas População Tolerante A, População Sensível

B, os híbridos AS1522 e DAS2B707, totalizando 150 progênies de irmãos germanos interpopulacionais.

O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 5 m, com espaçamento de 0,90 m entrelinhas e 0,2 m entre plantas, totalizando 25 plantas por parcela.

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos: florescimento masculino (FM); florescimento feminino (FF); intervalo entre florescimentos (IF); altura da planta (AP); altura da espiga (AE); comprimento da espiga (CE); diâmetro da espiga (DE); número de fileiras de grãos na espiga (NFG); *stay green* (SG); comprimento do pendão (CP); número de ramificações do pendão (NRP); prolificidade (PROL); e massa de grãos (MG).

Os florescimentos masculino (FM) e feminino (FF) foram obtidos pelo número de dias da semeadura até que 50% das plantas de cada parcela estivessem com antese e estilo-estigmas visíveis, respectivamente. O intervalo entre os florescimentos (IF) foi

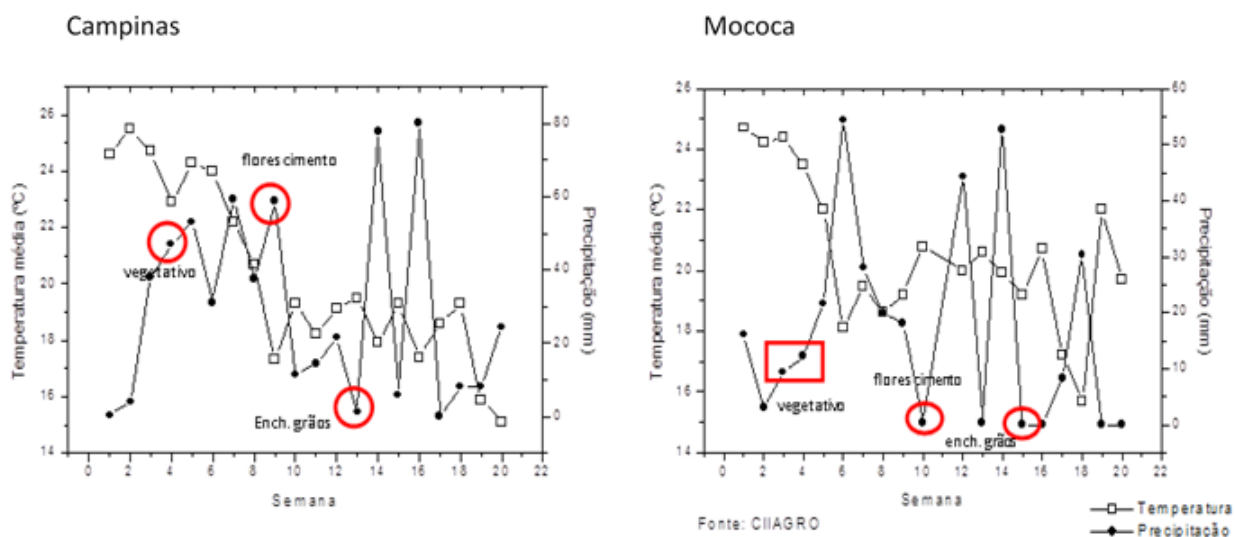


FIGURA 1. Temperatura e precipitação média das localidades de Campinas (período de 01/03/2012 a 01/08/2012) e de Mococa (período de 23/03/2012 a 01/08/2012). As semanas destacadas no gráfico indicam as fases vegetativa, de florescimento e de enchimento de grãos, respectivamente.

obtido pela diferença entre florescimento feminino (FF) e florescimento masculino (FM), em dias. As alturas de planta (AP) e da espiga (AE) foram obtidas em cinco plantas pela medida tomada do nível do solo até a inserção da folha bandeira e da espiga principal, respectivamente, em cm. Os componentes de produção (CE, DE e NFE) foram avaliados em cinco espigas, tomadas aleatoriamente na parcela.

O *stay green* (SG) foi avaliado cerca de 120 dias após a semeadura, com base em uma escala de notas variando de 1 a 5 em cinco plantas tomadas ao acaso por parcela. A nota 1 correspondeu à média de cinco plantas na parcela com todas as folhas acima da espiga principal e pelo menos duas folhas verdes abaixo da espiga; nota 2 às plantas em que todas as folhas acima da espiga estivessem verdes; nota 3 às plantas em que duas folhas acima da espiga estivessem secas e as demais verdes; nota 4 às plantas em que duas folhas no ápice da planta estivessem verdes e 5 às plantas com todas as folhas secas (Costa 2008).

O número de ramificações do pendão (NRP) foi avaliado pelo número de ramificações primárias dos pendões de cinco plantas na parcela, enquanto o comprimento do pendão (CP) foi medido do início da inserção das ramificações até a extremidade do eixo central, em cm. A prolificidade (PROL) foi medida pela relação do número de espigas pelo número de plantas da parcela, corrigido para estande ideal do experimento, e a massa de grãos (MG) foi medida em gramas por planta ($g \text{ planta}^{-1}$), ajustada para umidade de 14% e estande ideal de 25 plantas na parcela pelo método proposto por Vencovsky & Cruz (1991).

Pelos resultados das análises individuais dos experimentos referentes às progênies de irmãos germanos conduzidas em cinco experimentos em Campinas e em Mococa, realizou-se a análise agrupada pela somatória das Somas de Quadrados e dos

Graus de Liberdade de cada experimento. A significância dos dados foi verificada pelo teste F.

Posteriormente, pelas Esperanças dos Quadrados Médios, foram estimados os componentes de variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) e variância ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$) para todos os caracteres avaliados, na análise conjunta.

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade em nível de média de progênies (\hat{h}^2), com base na análise conjunta, pela seguinte fórmula:

$$\hat{h}^2 = \frac{\sigma_X^2}{\sigma_p^2 + (\sigma_E^2 / ar)}$$

Sendo que a indica o número de locais de experimentação e r refere-se ao número de repetições.

Os ganhos genéticos com a seleção entre progênies (G_s) foram calculados por: $G_s = K \times \hat{\sigma}_F$

$\times \hat{h}^2$, ou seja, $G_s = \frac{K \cdot \sigma_p^2}{\sigma_F}$, em que k é função da intensidade de seleção aplicada entre progênies (intensidade de seleção estandardizada) e $\hat{\sigma}_F$ é o desvio padrão fenotípico em nível de médias. A intensidade de seleção foi de 20% ($k = 1,4$).

O índice de variação (b) foi determinado pela relação $CVg/CV\%$, em que CVg é o coeficiente de variação genético e $CV\%$ é o coeficiente de variação ambiental.

Realizou-se a correlação fenotípica de Pearson entre os caracteres por meio do programa estatístico Genes (Cruz 2006).

Resultados e Discussão

Os resultados da análise de variância individual agrupada dos experimentos realizados em Campinas e em Mococa indicam diferenças significativas entre as progênes (P < 0,01) para todos os caracteres agrônômicos avaliados, exceto para o caráter intervalo entre florescimentos feminino e masculino (IF) na localidade de Mococa (dados não apresentados).

Pela análise de variância conjunta agrupada referente aos cinco experimentos realizados em Campinas e em Mococa, verificou-se diferença significativa (P < 0,01) entre as progênes para todos os caracteres avaliados, indicando que os cruzamentos realizados entre as duas populações contrastantes quanto à tolerância à seca produziram progênes contendo alta variabilidade. A fonte de variação ambientes não

apresentou significância somente para *stay green* (SG), confirmando a grande diferença edafoclimática entre Campinas e Mococa. Foram constatados efeitos significativos da interação entre progênes x ambientes para todos os caracteres avaliados, indicando que essas progênes possuem desempenho diferenciado face às variações ambientais, o que caracteriza a importância de realizar a seleção por local (Tabelas 1 e 2).

Na Tabela 3, são apresentadas as médias conjuntas das 20% melhores progênes selecionadas em relação à massa de grãos (MG) e dos principais caracteres secundários para tolerância à seca.

O caráter intervalo entre os florescimentos feminino e masculino (IF) é considerado indicador para selecionar genótipos com tolerância ao déficit hídrico (Bolaños & Edmeades 1993, Durães et al. 1997, Monneveux et al. 2006) e foi utilizado para

TABELA 1. Quadrados médios da análise de variância conjunta agrupada de florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), intervalo entre florescimentos (IF), *stay green* (SG), prolificidade (PROL), número de ramificações de pendão (NRP) e comprimento de pendão (CP) referentes a 150 progênes de irmãos germanos interpopulacionais de milho. Campinas e Mococa, 2012.

		Quadrados médios						
FV	GL	FM	FF	IF	SG	PROL	NRP	CP
		dias			nota	espigas planta ⁻¹	ramif. pendão ⁻¹	cm
Blocos/Amb/E	20	11,08	10,05	0,97	0,73	16,84	2,71	9,09
Progênes	145	13,82**	16,48**	2,02**	0,31**	0,02**	11,27**	7,36**
Ambientes	1	675,15*	806,28*	39,57*	0,45	0,96**	157,23**	490,25**
(Prog x Amb)/E	145	13,27**	14,75**	1,55**	0,33**	0,02**	11,32**	7,07**
Resíduo médio	580	4,90	5,93	1,21	0,18	4,51	2,26	3,77
Total	899							
Média		62,84	64,14	1,30	2,08	0,98	12,37	23,53
CV (%)		3,5	3,8	84,6	20,3	10,6	18,0	10,6

**, *Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

discriminar as progênies estudadas no presente trabalho. O baixo IF apresentado por algumas progênies selecionadas em relação à testemunha padrão de tolerância à seca DAS2B707 indica uma adaptação ao déficit hídrico, evitando a característica de protandria no milho, que é acentuada sob condições de déficit hídrico pelo maior retardamento do florescimento feminino em relação ao masculino. Desse modo, dependendo da extensão do período de seca, a produção de grãos tende a ser afetada em função da assincronia entre liberação de pólen e dos estilo-estigmas, causando perda na produtividade.

As progênies também apresentaram bom desempenho de *stay green*, resultando em um melhor aproveitamento da fotossíntese para o fornecimento de carboidratos para as plantas que, provavelmente, possuem uma maior tolerância à seca. A testemunha tolerante ao déficit hídrico apresentou nota 1,79, valor próximo da nota 2 da escala utilizada, indicando

que todas as folhas acima da espiga principal apresentam-se verdes. Das progênies selecionadas, 23% apresentaram notas menores que a da testemunha DAS2B707.

A média das progênies selecionadas para o caráter prolificidade (PROL) foi de 1,03 espiga planta⁻¹, valor semelhante ao híbrido simples DAS2B707. No entanto, 30% das progênies selecionadas obtiveram prolificidade acima de 1,06 espiga planta⁻¹, com destaque para a progênie 127A x 110B, com 1,11 espiga planta⁻¹.

O número de ramificações do pendão (NRP) das progênies foi considerado de médio a baixo, apresentando 12,9 ramificações. Todas as progênies selecionadas apresentaram valor de NRP superior em comparação ao da testemunha utilizada como referência à tolerância à seca (10 ramificações pendão⁻¹). Fischer et al. (1987), realizando seis ciclos de seleção recorrente em três populações de milho, observaram

TABELA 2. Quadrados médios da análise conjunta agrupada de variância de altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de fileiras de grãos na espiga (NFG) e massa de grãos (MG) referentes a 150 progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho. Campinas e Mococa, 2012.

FV	GL	Quadrados médios					
		AP	AE	CE	DE	NFG	MG
		cm					
		g planta ⁻¹					
Blocos/Amb/E	20	411,92	190,77	2,71	0,22	1,01	1095,81
Progênies	145	353,29**	219,46**	4,35**	0,18**	4,15**	442,27**
Ambientes	1	12659,53*	34451,40**	1261,90**	18,70**	362,98**	44270,06**
(Prog x Amb)/E	145	253,87**	169,18**	5,05**	0,18**	3,96**	470,14**
Resíduo médio	580	152,38	83,69	2,20	0,07	0,83	290,15
Total	899						
Média		198,32	105,07	15,25	4,93	15,73	112,37
CV (%)		6,0	8,7	10,0	5,1	5,8	15,5

**, *Significativo a 1% e a 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

que o NRP foi reduzido de 18 para 9 ramificações em média.

Quanto à média de massa de grãos (MG) das progênes, observaram-se elevados valores dessa variável em comparação com as quatro testemunhas empregadas e, principalmente, com a testemunha padrão de tolerância à seca. O valor médio obtido pelas 20% progênes selecionadas em relação à massa de grãos foi de 126,00 g planta⁻¹, enquanto que a MG para DAS2B707 foi de 119,52 g planta⁻¹, ou seja, um aumento de 5,42% na produtividade de grãos. Merecem destaque as progênes 9B x 7A, 140A x 153B, 156A x 150B e 20A x 24B apresentando incremento em MG de 12,58%, 11,30%, 10,34% e 10,07% em relação ao DAS2B707.

Nas Tabelas 4 e 5, são apresentadas as estimativas dos componentes de variância e da herdabilidade em nível de médias para os caracteres avaliados. Foram obtidos elevados a médios coeficientes de herdabilidade no sentido amplo para NFG (0,80), NRP (0,78), DE (0,65), FM (0,65), FF (0,64), AE (0,62), CP (0,58) e AP (0,57), indicando alto a médio controle genético nesses caracteres, condição favorável para a seleção (Flint-Garcia et al. 2005). Para CE (0,49), SG (0,42), IF (0,40), PROL (0,39) e MG (0,34), os coeficientes de herdabilidade indicam baixo controle genético, indicando que esses caracteres são governados por muitos genes (quantitativos) e sofrem muita influência do ambiente. As estimativas de herdabilidade ampla de progênes apresentadas neste trabalho são difíceis de serem comparadas com outras relatadas na literatura, uma vez que as estimativas dos valores de herdabilidade tendem a variar com o tipo de progênie, o número de ambientes empregados e o número de repetições para a estimação do parâmetro. O baixo valor de herdabilidade obtido para

MG no presente trabalho pode ser em função do estresse hídrico que ocorreu nas fases fenológicas mais críticas da cultura.

Segundo Câmara et al. (2007), é interessante empregar caracteres secundários que apresentem herdabilidade elevada e estejam relacionados com a produtividade, pois esses caracteres podem auxiliar na seleção. Os mesmos autores, selecionando caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical, verificaram valores elevados de herdabilidade em progênes de milho F_{2:3} para os caracteres massa de grãos (86,79 a 94,84% nas populações D e U, respectivamente), florescimento masculino (94,12%), florescimento feminino (95,88%), número de ramificações do pendão (76,58%) e intervalo entre os florescimentos (76,58%), sendo, portanto, caracteres considerados adequados à seleção para tolerância à seca. Porém, destaca-se que o trabalho de Câmara et al. (2007) foi desenvolvido na safra de verão, diferentemente do presente trabalho, conduzido em condições de safrinha.

A estimativa do componente da variância de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) e o ganho genético (Gs%) para MG foram considerados relativamente baixos. Souza Junior & Pinto (2000) obtiveram ganho de 7,2% para a característica produtividade empregando o método de seleção recorrente em progênes de meio-irmãos, enquanto Gabriel (2009) verificou ganhos de até 14,10% no décimo ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos de milho. Reis (2009), avaliando populações derivadas de híbridos simples comerciais de milho empregando a seleção recorrente recíproca, verificou que o método foi eficiente para promover o progresso genético em 7,9% por ciclo para

TABELA 3. Médias conjuntas de intervalo entre florescimentos (IF), *stay green* (SG), prolificidade (PROL), número de ramificações de pendão (NRP), comprimento de pendão (CP), massa de grãos (MG) e porcentagem de massa de grãos (MG%) referentes às 30 progênies de irmãos germanos interpopulacionais selecionadas (20%) e de quatro testemunhas comerciais de milho. Campinas e Mococa, 2012.

Progênies	IF	SG	PROL	NRP	CP	MG	MG
	dias	nota	espigas planta ⁻¹	ramif. pendão ⁻¹	cm	g planta ⁻¹	(%)*
9B x 7A	1,33	2,10	1,02	12,45	34,75	134,55	112,58
140A x 153B	1,00	1,67	1,02	14,05	34,35	133,03	111,30
156A x 150B	1,50	2,07	1,10	13,55	34,55	131,88	110,34
20A x 24B	1,50	1,87	1,09	12,73	33,75	131,56	110,07
141A x 149B	1,67	1,77	1,07	10,00	34,30	131,38	109,92
127A x 110B	0,67	2,40	1,11	15,30	34,05	130,83	109,46
119A x 84B	1,17	2,17	1,09	16,00	33,85	127,85	106,97
19A x 37B	0,50	1,70	1,03	10,45	34,85	127,65	106,80
67B x 93A	0,33	1,57	1,08	14,35	35,65	127,47	106,65
73A x 41B	1,00	2,10	0,97	11,95	31,15	126,63	105,95
142A x 148B	1,17	2,40	0,97	10,70	34,80	126,27	105,65
97B x 58A	0,83	2,20	1,00	12,35	32,90	125,90	105,34
31B x 34A	1,33	2,20	0,99	14,25	34,00	125,63	105,11
148A x 135B	1,17	1,87	0,98	12,80	33,10	125,42	104,94
159B x 161A	0,50	1,93	1,06	13,35	32,78	125,37	104,89
97A x 81B	1,67	2,27	1,09	10,20	32,70	125,07	104,64
79B x 88A	0,83	2,00	0,99	12,65	30,65	124,97	104,56
51B x 27A	1,33	2,13	0,99	13,20	34,70	124,90	104,50
83A x 77B	1,67	1,90	0,96	16,40	33,18	124,73	104,36
52A x 49B	0,50	1,87	0,96	11,30	33,10	123,76	103,55
68A x 75B	1,50	2,10	1,00	12,65	31,00	123,69	103,49
176A x 171B	0,33	2,07	1,02	12,70	36,20	123,61	103,42
176B x 170A	1,50	2,20	1,03	13,15	30,95	123,13	103,02
138B x 118A	1,50	1,60	1,01	13,85	36,15	122,97	102,89
27A x 51B	0,33	2,63	1,01	12,75	34,60	122,58	102,56
12B x 11A	1,83	1,57	1,04	14,55	34,30	122,33	102,35
69A x 100B	0,33	2,03	1,01	14,55	34,70	122,01	102,08

163B x 158A	0,83	1,80	1,07	12,13	32,05	121,95	102,03
124B x 76A	0,50	1,73	0,92	11,90	33,25	121,87	101,97
47A x 168B	1,50	2,20	1,06	12,55	32,65	120,97	101,21
Média Prog.	1,06	2,00	1,02	12,96	33,63	126,00	105,42
Pop. tolerante	1,17	1,99	1,01	11,94	32,18	99,33	83,11
Pop. sensível	1,80	1,97	0,96	12,62	33,14	86,30	72,21
FT510	2,16	1,92	0,85	11,64	33,26	74,26	62,13
DAS2B707	0,80	1,79	1,03	10,02	35,00	119,52	100,00
Média Test.	1,48	1,92	0,96	11,56	33,40	94,85	79,36

*Porcentagem em relação à testemunha tolerante DAS2B707. A: progênie oriunda da população tolerante à seca; B: progênie oriunda da população sensível à seca.

produtividade de espigas despalhadas nos híbridos interpopulacionais obtidos a partir de populações F_2 . No presente estudo, o ganho previsto para MG foi de 1,25%. Ressalta-se que essas progênies foram semeadas em condições adversas de irrigação (safrinha), enfrentando períodos de seca em pelo menos um dos estádios fenológicos da cultura, principalmente na localidade de Mococa.

Observaram-se para $\hat{\sigma}_p^2$ valores bem próximos àqueles obtidos para a variância da interação progênies x ambientes ($\hat{\sigma}_{p \times a}^2$) para alguns caracteres, como FM, FF, PROL, NRP, CP, DE, NEG e MG (Tabelas 4 e 5). No entanto, a variância de progênies foi maior que a variância da interação genótipo por ambiente para IF, AP e AE. Essas diferenças entre progênies para tais caracteres são decorrentes da constituição genética diferencial.

Entretanto, estimativas de $\hat{\sigma}_E^2$ e de $\hat{\sigma}_{p \times a}^2$ foram de magnitude elevada para MG. Esse resultado está de acordo com o comportamento esperado para o caráter, em que boa parte da sua variação fenotípica tem sido atribuída a influências ambientais.

Os caracteres SG, DE e IF tiveram, proporcionalmente, as menores estimativas de $\hat{\sigma}_{p \times a}^2$, indicando pouca influência das condições ambientais sobre eles.

A presença de variabilidade genética também pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genética (CVg), que expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter (Resende, 1991). Segundo Sebbenn et al. (1998), coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos. No presente estudo, os coeficientes de variação genética para os caracteres NRP, IF e SG foram considerados elevados (67,6, 28,3 e 7,1%, respectivamente), indicando a existência de variação genética herdável na população, o que possibilita maiores ganhos genéticos para tais caracteres. Os coeficientes de variação genética para NFG (4,73%), AE (4,53%) e MG (4,48%) foram medianos e baixos para CE (3,92%), AP (2,92%), DE (2,85%), CP (2,81%), FF (2,07%) e FM (1,94%).

Somente para as variáveis NRP e NFG, os valores de índice de seleção (b) foram maiores e próximos a um (3,75 e 0,82, respectivamente).

TABELA 4. Estimativas de variâncias de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$) e da interação progênies por locais ($\hat{\sigma}_{p \times a}^2$), da herdabilidade em nível de médias (\hat{h}^2), ganho genético (Gs e Gs%), índice de variação (b), coeficiente de variação genética (CVg %) e coeficiente de variação experimental (CV %) relativas aos caracteres avaliados nas 150 progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho. Campinas e Mococa, 2012.

Parâmetros genéticos	FM	FF	IF	SG	PROL	NRP	CP
	dias			nota	espiga planta ⁻¹	ramif. pendão ⁻¹	cm
$\hat{\sigma}_p^2$	1,486	1,758	0,135	0,720	0,475	1,462	0,874
$\hat{\sigma}_E^2$	4,900	5,929	1,205	0,181	4,512	2,495	3,774
$\hat{\sigma}_{p \times a}^2$	1,395	1,471	0,058	1,818	0,426	1,472	0,865
\hat{h}^2	0,645	0,640	0,403	0,419	0,387	0,779	0,581
Gs	0,640	0,690	0,120	0,050	0,220	0,760	0,440
Gs (%)	1,010	1,070	9,210	2,390	21,14	6,150	1,320
b	0,551	0,546	0,334	0,348	0,276	3,746	0,341
CV _G (%)	1,940	2,067	28,285	7,065	2,928	67,557	2,806
CV %	3,520	3,786	84,586	20,316	10,614	18,036	8,220

FM - florescimento masculino; FF - florescimento feminino; IF - intervalo entre florescimentos; SG - stay green; PROL - prolificidade; NRP - número de ramificações do pendão; e CP - comprimento do pendão. *Intensidade de seleção de 20%.

Segundo Vencovsky & Barriga (1992), uma situação favorável para a seleção entre progênies de milho é observada quando a estimativa do índice b apresenta valor próximo ou superior à unidade.

De maneira geral, houve a formação de progênies promissoras para todos os caracteres agrônômicos avaliados quando comparadas ao híbrido DAS2B707, que é o híbrido considerado tolerante à seca. Tal resultado indica a eficiência do cruzamento entre as populações contrastantes quanto à tolerância à seca para o desenvolvimento de progênies de IG interpopulacionais com potencial de tolerância à **seca**, em condições de safrinha. Destacam-se, ainda, em todos os experimentos o comportamento diferencial da população tolerante

e sensível e o desempenho produtivo do híbrido tolerante DAS2B707. Assim, destaca-se o híbrido DAS2B707 como padrão de tolerância à seca e confirma-se a sensibilidade à seca do FT510.

Na Tabela 6, são apresentadas as estimativas de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados no presente estudo. Os maiores valores de correlação fenotípica foram obtidos entre os caracteres FM e FF (0,96**) e entre AP e AE (0,80**). Foram obtidos valores de correlação fenotípica positiva e significativa (P<0,05) entre FF e IF (0,42*), NRP e NFG (0,37*), enquanto houve correlação fenotípica negativa e significativa (P < 0,05) entre SG e AP (-0,37*) e entre NRP e CP (-0,16*).

O caráter MG apresentou estimativa da correlação fenotípica positiva e significativa ($P < 0,05$) apenas com PROL (0,39*). Esse resultado para correlação entre MG e PROL está de acordo com Zaidi et al. (2004) e com Câmara et al. (2007), que relataram fortes evidências de correlação positiva entre esses dois caracteres. Infere-se, portanto, que plantas de milho mais prolíficas apresentaram maior produtividade de grãos. Em trabalhos de melhoramento, o conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância, principalmente se houver dificuldades na seleção de um desses caracteres devido a baixa herdabilidade e/

ou a problemas na identificação e medição. Nesse caso, a seleção indireta pode levar a progressos mais rápidos que a seleção direta para o caráter desejado (Câmara et al. 2007). Diante dos resultados obtidos, a seleção para prolificidade tenderia a ser mais precisa que os demais caracteres e poderia, indiretamente, aumentar a massa de grãos sob condições de déficit hídrico.

Conclusões

Ressaltam-se progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho promissoras com

TABELA 5. Estimativas de variâncias de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$) e da interação progênies por locais

($\hat{\sigma}_{p \times a}^2$), da herdabilidade em nível de médias (\hat{h}^2), ganho genético (Gs e Gs%), índice de variação (b), coeficiente de variação genética (CVg %) e coeficiente de variação experimental (CV%) relativas aos caracteres avaliados nas 150 progênies de irmãos germanos interpopulacionais de milho. Campinas e Mococa, 2012.

Parâmetros genéticos	AP	AE	CE	DE	NFG	MG
	cm					g planta ⁻¹
$\hat{\sigma}_p^2$	33,485	22,629	0,358	0,020	0,553	25,353
$\hat{\sigma}_E^2$	152,379	83,686	2,201	0,065	0,830	290,154
$\hat{\sigma}_{p \times a}^2$	16,916	14,249	0,475	0,019	0,522	29,997
\hat{h}^2	0,569	0,619	0,494	0,646	0,800	0,344
Gs	2,660	2,380	0,240	0,070	0,480	1,400
Gs (%)	1,340	2,260	1,570	1,490	3,060	1,250
b	0,484	0,522	0,357	0,555	0,817	0,297
CV _G (%)	2,918	4,528	3,922	2,853	4,730	4,481
CV%	6,032	8,672	10,998	5,142	5,788	15,072

AP - altura da planta; AE - altura da espiga; CE - comprimento da espiga; DE - diâmetro da espiga; NFG - número de fileiras de grãos na espiga; e MG - massa de grãos. *Intensidade de seleção de 20%.

TABELA 6. Valores e significâncias dos coeficientes de correlação fenotípica (r_p) entre os caracteres avaliados nas 20% progênes de irmãos germanos interpopulacionais de milho selecionadas em Campinas e em Mococa. Safrinha 2012.

Caracteres	MG	FM	FF	IF	SG	AP	AE	CE	DE	NFG	CP	NRP	PROL
MG	-	-0,16	-0,11	-0,27	-0,04	0,27	0,09	0,08	0,05	0,18	0,25	0,01	0,39*
FM		-	0,96**	0,17	-0,13	0,55**	0,66**	-0,03	-0,22	-0,25	0,10	0,27	0,23
FF			-	0,42*	-0,13	0,57**	0,66**	-0,08	-0,21	0,18	0,04	0,25	0,25
IF				-	0,03	0,19	0,20	-0,42*	0,04	-0,16	-0,18	0,04	0,16
SG					-	-0,37*	-0,03	-0,28	-0,12	0,20	0,18	-0,04	0,04
AP						-	0,80**	-0,02	0,01	0,45*	0,18	0,22	0,14
AE							-	-0,17	-0,22	0,32	0,01	0,30	0,21
CE								-	0,21	0,18	0,35	0,09	0,07
DE									-	0,40*	0,11	0,05	-0,17
NFG										-	0,09	0,37*	0,16
CP											-	-0,16*	0,15
NRP												-	0,16
PROL													-

MG - massa de grãos; FM - florescimento masculino; FF - florescimento feminino; IF - intervalo entre florescimentos; SG - stay green; AP - altura da planta; AE - altura da espiga; CE - comprimento da espiga; DE - diâmetro da espiga; NFG - número de fleiras de grãos na espiga; CP - comprimento do pendão; NRP - número de ramificações de pendão; e PROL - prolificidade. *, ** significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

elevada produtividade em condições de safrinha (déficit hídrico).

Confirma-se a importância de caracteres secundários (intervalo entre florescimentos, prolificidade, número de ramificações de pendão e *stay green*) em progênies tolerantes à seca.

Existe elevada herdabilidade para os caracteres número de fileiras de grãos na espiga (NFG), número de ramificações de pendão (NRP), florescimentos masculino (FM) e feminino (FF), diâmetro da espiga (DE) e altura da espiga (AE), demonstrando forte controle genético na herança desses caracteres e a possibilidade de se obterem altos ganhos com a seleção entre progênies.

As progênies 9B x 7A, 140A x 153B, 156A x 150B, 20A x 24B, 141A x 149B e 127A x 110B foram consideradas as mais promissoras para tolerância à seca, apresentando valores de massa de grãos de aproximadamente 10% acima do padrão de tolerância DAS2B707.

As médias de produtividade e a magnitude das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos das progênies indicam que, de maneira geral, existe variabilidade genética para ser explorada nos próximos ciclos de seleção recorrente para tolerância à seca em milho.

Agradecimentos

À Fapesp, pela concessão da bolsa de doutorado e pelo financiamento do projeto.

Referências

BÄNZINGER, M.; EDMEADES, G. O.; BECK, D.; BELLON, M. **Breeding for drought and nitrogen stress tolerance in maize: from**

theory to practice. Mexico, D.F.: CIMMYT. 2000. 68 p.

BOLAÑOS, J.; EDMEADES, G. O.; MARTINEZ, L. Eight cycles of selection for drought tolerance in lowland tropical maize. III. Responses in drought-adaptive physiological and morphological traits. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 31, p. 269- 286, 1993.

CÂMARA, T. M. M. **Mapeamento de QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico em milho tropical**. 2006. 178 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CÂMARA, T. M. M.; VIEIRA BENTO, D. A.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; SOUZA JUNIOR, C. L. de. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 595-603, 2007.

CARMO, S. L. M.; SANTOS, J. B.; HAGIWARA, W. E.; FERREIRA, J. L. Avaliação do "*stay green*" em famílias segregantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, p. 953-957, 2007.

COSTA, E. F. N.; SANTOS, M. F.; MORO, G. V.; ALVES, G. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Herança da senescência retardada em milho. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, n. 2, p. 207-213, 2008.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo Computacional em Genética e Estatística**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2006.

DURÃES, F. O. M.; PAIVA, E.; MAGALHÃES, P.

- C.; SANTOS, M. X. DOS; PEREIRA, J. J.; LABORY, C. R. G. Critérios morfofisiológicos utilizados para seleção de genótipos de milho visando tolerância a seca. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FISILOGIA VEGETAL, 6., Belém. 1997, Belém. **Resumos**. Belém: SBFV: EMBRAPA-CPATU, 1997. p. 291.
- DURÃES, F. O. M.; SANTOS, M. X. dos.; GOMES e GAMA; E. E.; MAGALHÃES, P. C.; GUIMARÃES, C. T. **Fenotipagem associada à tolerância à seca em milho para uso em melhoramento, estudos genômicos e seleção assistida por marcadores**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2004. 18 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 39).
- FISCHER, K. S.; EDMEADES, G. O.; JOHNSON, E. C. Recurrent selection for reduced tassel branch number and reduced leaf-area density above the ear in tropical maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 27, p. 1150-1156, 1987.
- GABRIEL, A. P. C. **Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores moleculares: avanço de gerações e avaliação do progresso genético**. 2009. 103 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes.
- JIANG, G. H.; HE, Y. Q.; XU, C. G.; LI, X. H.; ZHANG, Q. The genetic basis of stay-green in rice analyzed in a population of doubled haploid lines derived from an indica by *japonica* cross. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, p. 688-698, 2004.
- KAMARA, A. Y.; MENKIR, A.; BADU-APRAKU, B.; IBIKUNLE, O. Reproductive and stay-green trait responses of maize hybrids, improve open-pollinated varieties and farmer's local varieties to terminal drought stress. **Maydica**, Bergamo, v. 48, p. 29-37, 2003.
- MAGALHÃES, P. C.; ALBUQUERQUE, P. E. P.; KARAM, D.; CANTÃO, F. R. O. **Caracterização de plantas de milho sob estresse hídrico**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2009. 6 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 116).
- MONNEVEUX, P.; SÁNCHEZ, C.; BECK, D.; EDMEADES, G. O. Drought tolerance improvement in tropical maize source populations: evidence of progress. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 180-191, 2006.
- REIS, M. C. **Viabilidade da seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbrido simples de milho**. 2009. 81 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- RESENDE, M. D. V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 22/23, p. 61-77, 1991.
- SHAO, H.; CHU, L.; JALEEL, C. A.; ZHAO, C. Water-deficit stress induced anatomical changes in higher plants. **Comptes Rendus Biologies**, Paris, v. 331, p. 215-225, 2008.
- SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Alemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 53, p. 31-38, 1998.

- SOUZA JUNIOR, C. L.; PINTO, R. M. C. Responses to a short-term reciprocal recurrent selection procedure in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 45, p. 21-28, 2000.
- XIAO, Y. N.; LI, X. H.; ZHANG, S. H.; WANG, X. D.; LI, M. S.; ZHENG, Y. L. Identification of quantitative trait loci (QTLs) for flowering time using SSR marker in maize under water stress. **Korean Journal of Genetics**, Seoul, v. 26, n. 4, p. 405-413, 2004.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 1992. 496 p.
- VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 26, n. 5, p.647-657, 1991.
- ZAIDI, P. H.; SRINIVASAN, G.; CORDOVA, H. S.; SANCHEZ, C. Gains from improvement for mid-season drought tolerance in tropical maize (*Zea mays* L.) **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 89, p. 135-152, 2004.