

## Desempenho agrônômico de genótipos de milho em fase de pré-melhoramento

**Flavia França Teixeira<sup>(1)</sup>; Lauro José Moreira Guimarães<sup>(1)</sup>; Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães<sup>(1)</sup>; Arley Figueiredo Portugal<sup>(1)</sup>; Adelmo Resende da Silva<sup>(1)</sup>.**

<sup>(1)</sup> Pesquisador; Embrapa Milho e Sorgo; Sete Lagoas; MG; flavia.teixeira@embrapa.br.

**RESUMO:** O Banco de Germoplasma preserva a diversidade genética do milho, entretanto, o uso direto dos seus acessos no melhoramento tem baixo potencial, pois, de uma forma em geral, os acessos do BAGMilho apresentam desempenho inferior quando comparados às cultivares comerciais. Tendo em vista esse impasse, foi elaborado o presente estudo com o objetivo de selecionar famílias endogâmicas em fase de pré-melhoramento em cruzamento com linhagens testadoras. Foram avaliados 308 híbridos experimentais obtidos pelo cruzamento entre famílias endogâmicas selecionadas previamente, linhagens testadoras e 5 testemunhas. As avaliações foram conduzidas em Santo Antonio de Goiás (GO) e Nova Porteirinha (MG) na safra 2012-13 e foram considerados a produtividade de grãos e outros caracteres que configuram o bom desempenho agrônômico. As famílias endogâmicas avaliadas não diferiram entre si quanto a produtividade de grãos. Desta forma, caracteres que configuram o bom desempenho agrônômico foram empregados para a seleção de 18 tratamentos superiores. Entre os materiais selecionados, destacaram-se as famílias NAPCS-pl358xL3-pl11 e SE016xL540001-pl3 pelo desempenho superior.

**Termos de indexação:** *Zea mays*, recursos genéticos, banco de germoplasma

### INTRODUÇÃO

O Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAGMilho) preserva cerca de 4.000 acessos que são, em sua maioria, provenientes de coletas realizadas em diversas regiões brasileiras. Esses acessos contrastam com as cultivares de milho comerciais disponibilizadas por programas de melhoramento quanto à produtividade e outros caracteres de importância agrônômica. Assim, as variedades preservadas pelo BAGMilho não têm o padrão agrônômico de cultivares comerciais atuais e, por essa razão, não têm potencial de uso direto. Não obstante, o BAGMilho mantém a diversidade genética da cultura, o que faz com que essa coleção

tenha grande potencial de uso na busca de soluções para as mais diversas demandas agrícolas.

A avaliação agrônômica de acessos do BAG Milho e o pré-melhoramento são algumas das atividades desenvolvidas nele com o potencial de promover o uso da diversidade genética útil preservada no Banco. Alguns trabalhos já foram conduzidos visando identificar genótipos superiores quanto a produção de grãos em condições de estresses. Dentre as formas de ampliar o uso da variabilidade genética dessa coleção encontra-se o pré-melhoramento.

Compostos obtidos pela recombinação de acessos do BAG Milho resistentes a patógenos foram desenvolvidos por Miranda Filho et al. (2000). Um destes compostos é o NAP enfezamento, assim denominado por ser indicado como fonte de resistência ao enfezamento, o qual foi hibridizado com linhagens elites do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo visando a avaliação de genótipos derivados composto em cruzamentos e a comparação de metodologias de seleção (TEIXEIRA et al., 2013).

Acessos das regiões do Cerrado e da Caatinga foram avaliados per se quanto a produtividade em condições de estresse de seca e de fornecimento normal de água (TEIXEIRA et al., 2010). Os acessos de melhor desempenho foram avaliados em cruzamentos, o que levou a seleção de alguns genótipos de melhor performance.

O objetivo desse trabalho foi selecionar famílias endogâmicas em fase de pré-melhoramento em cruzamento com linhagens testadoras.

### MATERIAL E MÉTODOS

**Genético** avaliados – Foram avaliados 308 híbridos experimentais obtidos pelo cruzamento entre famílias endogâmicas selecionadas previamente, linhagens testadoras e 5 testemunhas. As famílias endogâmicas foram selecionadas em dois estudos prévios, ambos envolveram acessos do BAG Milho (genitores doadores) e linhagens elite (genitores recorrentes) e foram feitos dois retrocruzamentos e

três autofecundações, o que levou ao percentual acima de 95% de endogamia. O primeiro grupo de famílias endogâmicas foi selecionado em um estudo de tolerância à seca (TEIXEIRA et al., 2010), os pais recorrentes formam as linhagens elite L540000 e L540160. O segundo grupo de famílias endogâmicas foi obtido a partir de uma seleção para resistência aos enfezamentos (TEIXEIRA et al., 2013) em que foi empregado o composto fonte de tolerância aos enfezamentos (MIRANDA FILHO et al., 2000) e os pais recorrentes foram as linhagens L3 e L228. Foram usadas 3 linhagens testadoras: LTA empregada como testadora para todas as famílias e as linhagens LTF e LTD foram usadas como testadoras apenas para as famílias cujos pais recorrentes eram dos grupos heteróticos dentado e duro, respectivamente.

**Condução de Ensaios e Avaliação:** os híbridos experimentais foram conduzidos em ensaios com o emprego do delineamento em blocos aumentados com 308 tratamentos regulares e 5 tratamentos comuns dispostos em 7 blocos de 49 parcelas. Os ensaios foram conduzidos nos municípios de Santo Antonio de Goiás (GO) e Nova Porteirinha (MG) na safra 2012-13. Cada parcela experimental foi composta de 1 linha de 4 m lineares com espaçamento de 0,80 m entre linhas e com densidade de semeadura de 5 plantas por m linear. Os tratamentos culturais foram os usuais da cultura do milho e foi usada a irrigação suplementar, se necessária. Em ambos os ensaios, foram avaliados: o percentual de plantas acamadas ou quebradas (%ACQ, correspondendo à divisão do número de plantas acamadas ou quebradas por parcela pelo número de plantas da parcela) e produtividade de grãos (PG, t/ha, com a padronização da umidade nos grãos para 13% e com a correção de estande considerando-se o estande ideal de 20 plantas por parcela). No ensaio conduzido em Nova Porteirinha, foram avaliados também o número de dias para florescimento feminino (NDF), altura de planta (AP, cm) e altura de espiga (AE, cm) e a prolificidade (PROL, correspondendo à divisão do número de espigas por parcela pelo número de plantas da parcela).

**Análises estatísticas** – foram realizadas as análises em cada ambiente separadamente e a análise conjunta. De acordo com os resultados das análises foi usado o teste de Tuckey ao nível de 5% de probabilidade para comparação entre as médias. Tanto as análises de variância quanto os testes de médias foram realizados com o emprego do programa GENES (CRUZ, 2013).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância conjunta mostraram a presença dos efeitos dos tratamentos, ambientes e da interação entre esses dois fatores para o percentual de plantas acamadas ou quebradas, entretanto, para a produtividade de grãos, foi observado apenas o efeito do ambiente. Os ensaios mostraram boa precisão experimental

com a estimativa média de 14,68% para coeficiente de variação para produtividade de grãos.

As análises de variância dos caracteres avaliados apenas em Nova Porteirinha mostraram que os tratamentos diferiram para número de dias para florescimento feminino e altura de plantas, enquanto que para a altura de espigas e prolificidade não foram encontradas diferenças significativas entre os tratamentos.

O desempenho similar dos tratamentos para produtividade de grãos possivelmente se deva à menor precisão experimental do delineamento em blocos aumentados e/ou às condições de seleção nos ensaios anteriores, ou seja, os tratamentos incluídos na presente avaliação foram selecionados nos estudos anteriores (TEIXEIRA et al., 2010, 2013) por apresentarem produtividade de grãos elevada, e ainda uma das localidades usadas nessas avaliações prévias foi comum a avaliação atual. Entretanto, nas avaliações prévias, outros caracteres de importância agrônômica considerados no melhoramento foram apenas observados e não foram considerados restritivos para as indicações dos genótipos de melhor desempenho.

Tendo em vista os resultados observados nas análises de variância, foram realizados os testes de médias e estabelecido o critério de seleção para identificação dos genótipos de melhor desempenho. O teste de Tuckey a 5% de probabilidade não permitiu a identificação de tratamentos favoráveis quanto ao %ACQ nos dois ambientes. Portanto, foram selecionados os genótipos que aliaram o menor número de dias para florescimentos feminino à menor altura de planta. Na Tabela 1, são apresentadas as médias e classificação pelo testes de médias de FF e AP e as médias conjuntas para PG das testemunhas e dos tratamentos de melhor performance tanto para FF quanto para AP.

De acordo com esse critério, foram selecionados 18 tratamentos o que corresponde ao índice de 5,8% de seleção. As famílias endogâmicas SE016xL540001-pl3, BA154xL540001-pl4, NAPCSxpl358xL3-pl11 e BA154xL540001-pl8 apresentaram bom potencial em combinação com a linhagem LTA; enquanto que NAPCS-pl91-xL228-pl8, NAPCS-pl91xL228-pl6, NAPCS-pl91xL228-pl6, BA154xL540160-pl2 e NAPCS-pl91xL228-pl2 se destacaram em cruzamentos com a LTF e NAPCS-pl-358xL3-pl11, SE016xL540001-pl2, SE016xL540001-pl3, PR053xL540001-pl3, NAPCS-pl586xL3-pl7, BA154xL540001-pl3, SE016xL540001-pl8 e NAPCS-pl586xL3-pl4 se destacaram em cruzamentos com a LTD.

As famílias endogâmicas NAPCS-pl358xL3-pl11 e SE016xL540001-pl3 foram selecionadas em cruzamento com as duas linhagens e, por essa razão, apresentaram maior potencial de prosseguir no programa de melhoramento. A comparação dos genótipos selecionados no presente estudo com a indicação de genótipos superiores nos trabalhos que antecederam essa avaliação (TEIXEIRA et al., 2010, 2013) levam à confirmação do bom desempenho do acesso do banco de germoplasma

SE 016 e o cruzamento NAPCS-pl358xL3.

Outro fator que merece ser destacado é que o presente estudo avaliou genótipos obtidos em dois distintos trabalhos anteriores em pré-melhoramento. Em um deles em que foi considerado estresse de seca e no outro o estresse causado pelos enfezamentos. Nesses trabalhos, os genitores recorrentes também foram diferentes, assim como as condições de avaliação e os critérios de seleção. Contudo, foi possível, na presente seleção, indicar materiais superiores derivados de ambos os estudos com a participação de cada pai recorrente. O que é favorável, uma vez que os pais recorrentes são representantes de diferentes grupos heteróticos e que a obtenção de cultivares que maximizem a exploração do vigor híbrido por meio do cruzamento de genótipos entre grupos heteróticos é uma prática usual no melhoramento.

### CONCLUSÕES

As famílias endogâmicas avaliadas não diferiram entre si quanto a produtividade de grãos. Desta forma, caracteres que configuram o bom desempenho agrônômico foram empregados para a seleção de 18 tratamentos superiores. Entre os materiais selecionados, destacaram-se as famílias NAPCS-pl358xL3-pl11 e SE016xL540001-pl3 pelo desempenho superior nos cruzamentos com as duas linhagens testadoras empregadas.

### AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem o apoio da Fapemig à publicação dos resultados.

### REFERÊNCIAS

CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013.

MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X.; REGITANO NETO, A. **Avaliação de acessos de milho para resistência a doenças foliares**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000. 147 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Circular Técnica, 3).

TEIXEIRA, F. F.; COSTA, F. M.; SABATO, E. de O.; LEITE, C. E. P.; MEIRELLES, W. F.; GUIMARAES, C. T.; BELICUAS, S. N. J. Pré-melhoramento de milho quanto à resistência a enfezamentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 1, p. 51-58, jan. 2013.

TEIXEIRA, F. F.; GOMIDE, R. L.; ALBUQUERQUE, P. E. P.; ANDRADE, C. T. L.; LEITE, C. E. P.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O.; GUIMARÃES, L. J. M.; SILVA, A. R.; BASTOS, E. A.; CARDOSO, M. J. Evaluation of maize core collection for drought tolerance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, p. 312-320, 2010.

Tabela 1. Médias das testemunhas e dos tratamentos de melhor desempenho e classificação dos testes de médias para os caracteres número de dias para florescimento feminino (FF) e altura de plantas (AP), avaliados em Nova Porteirinha, e médias das testemunhas e dos tratamentos de melhor desempenho para produtividade de grãos obtidos nas avaliações conduzidas em Goiânia e Nova Porteirinha na safra 2012-2013.

Tratamento	FF (dias)		AP (cm)		PG (ton/ha)
(NAPCS-pl91xL228-pl8) x LTF	49,74	abc <sup>1</sup>	222,00	bcd	9,41
(NAPCS-pl358xL3-pl11) x LTD	51,14	abc	223,00	bcd	9,35
(SE016xL540001-pl2) x LTD	51,74	abc	232,00	abcd	9,04
(SE016xL540001-pl3) x LTD	49,74	abc	232,00	abcd	8,93
(SE016xL540001-pl3) x LTA	47,74	abc	232,00	abcd	8,73
(NAPCS-pl91xL228-pl7) x LTF	49,74	abc	227,00	abcd	8,58
(PR053xL540001-pl3) x LTD	51,14	abc	226,00	abcd	8,53
(NAPCS-pl586xL3-pl7) x LTD	50,14	abc	213,00	cd	8,29
(BA154xL540001-pl4) x LTA	50,14	abc	231,00	abcd	8,20
(NAPCS-pl91xL228-pl6) x LTF	49,74	abc	227,00	abcd	7,97
(BA154xL540001-pl3) x LTD	51,14	abc	226,00	abcd	7,95
(BA154xL540160-pl2) x LTF	51,34	abc	153,00	d	7,75
(SE016xL540001-pl8) x LTD	50,74	abc	227,00	abcd	7,53
(NAPCS-pl358xL3-pl11) x LTA	50,14	abc	223,00	bcd	7,43
(BA154xL540001-pl8) x LTA	49,14	abc	231,00	abcd	7,31
(NAPCS-pl586xL3-pl4) x LTD	50,14	abc	228,00	abcd	7,29
(NAPCS-pl91xL228-pl3) x LTF	50,74	abc	232,00	abcd	7,10
(PR053xL540001-pl7) x LTD	51,14	abc	226,00	abcd	6,69
<b>Testemunhas</b>					
P30F35H	49,86	abc	280,71	abc	9,81
BRS1055	51,43	abc	262,86	abc	9,43
P3646H	47,43	abc	259,29	abc	8,60
P30F53HY	49,00	abc	257,86	abc	8,22
Híbrido exp.	50,00	abc	244,29	abc	8,40
<b>Média geral</b>	<b>49,68</b>		<b>260,38</b>		<b>8,26</b>

1 Estimativas seguidas da mesma letra dentro da coluna não diferiram entre si de acordo com o teste de Tuckey ao nível de 5% de probabilidade.