

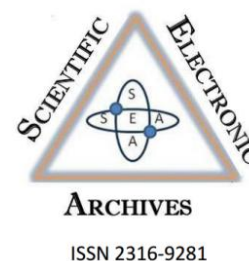
Scientific Electronic Archives

Issue ID: Sci. Elec. Arch. Vol. 14 (9)

September 2021

DOI: <http://dx.doi.org/10.36560/14920211453>

Article link: <https://sea.ufr.edu.br/SEA/article/view/1453>



Parâmetros genéticos de progênes interpopulacionais de milho para caracteres relacionados com tolerância à seca

Genetic parameters of interpopulation progenies of maize for traits related to drought tolerance

Corresponding author

Cristiani Santos Bernini

Universidade Federal de Mato Grosso

cristianibernini@yahoo.com.br

Paula de Souza Guimarães

Instituto Agrônômico de Campinas

Paulo Boller Gallo

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA)

Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani

Instituto Agrônômico de Campinas

Resumo. A seca é uma das maiores limitações no cultivo de plantas e um grande desafio para programas de melhoramento genético que visam obter cultivares tolerantes. Esse trabalho objetiva estimar parâmetros genéticos de 196 progênes de milho obtidas de um sintético com alto grau de tolerância cruzado com a variedade IAC Maya latente, quanto a caracteres relacionados com tolerância à seca. Os experimentos foram conduzidos na Segunda Safra de 2012, em dois locais do Estado de São Paulo, sob delineamento de látice quadrado parcialmente balanceado 14 x 14, com duas repetições. Foi possível estimar os seguintes parâmetros: variância fenotípica, variância genética entre progênes, variância aditiva, herdabilidade em sentido amplo, coeficiente de variação genética e experimental, índice e ganho de seleção. Detectaram-se progênes com alta produtividade e caracteres secundários favoráveis para seleção em Campinas e Mococa, onde houve drástica seca no florescimento. As condições de estresse hídrico em Mococa provocaram reduções na variância entre progênes para todos os caracteres, exceto para intervalo entre florescimento (IF) e número de ramificações do pendão (NRP), e no ganho estimado de seleção para florescimento masculino (FM) e feminino (FF), para NRP, massa de grãos (MG) e prolificidade (PROL).

Palavras-chaves: Caracteres secundários, Ganho de seleção, Seleção recorrente.

Abstract. Drought is one of the greatest limitations in plant cultivation and a major challenge for breeding programs aimed at obtaining tolerant cultivars. This research aims to estimate genetic parameters of 196 maize progenies, obtained from a synthetic with a high degree of cross tolerance with the latent IAC Maya variety to the characters of drought tolerance. The experiments were conducted in the Second crop of 2012, in two locations in the State of São Paulo, under a 14 x 14 partially balanced square lattice design, with two replications. It was possible to estimate the following parameters: phenotypic variance, genetic variance between progeny, additive variance interpopulation, broad sense heritability at the level of mean progeny, coefficient of genetic variation and experimental, selection index and selection gain. Progenies with high productivity and favorable secondary characters were detected for selection in Campinas and Mococa, where there was drastic drought in flowering. The water stress conditions in Mococa caused reductions in variance between progenies for all characters, except to flowering interval (IF) and tassel branches numbers (NRP), and the estimated selection gain for the male (FM) and female flowering (FF), NRP, grain yield (MG) and prolificacy (PROL).

Keywords: Secondary characters, Selection gain, Recurrent selection.

Introdução

A seca é a causa mais severa da redução da produção agrícola e o aquecimento global previsto agravará, consideravelmente, o impacto do déficit hídrico. Alterações climáticas e custos elevados da irrigação são outros fatores que podem ampliar a frequência da seca, aumentando a necessidade de melhoramento genético para tolerância em milho (Bänzinger & Araus, 2007).

A seleção de plantas em condições de estresse abiótico requer a atuação do melhoramento de plantas e áreas afins para compreensão de mecanismos genéticos e fisiológicos envolvidos nos caracteres relacionados com tolerância. O genótipo ideal deve apresentar produtividade de grãos satisfatória em duas condições, a não estressante e sob estresse hídrico e por isso pesquisas que envolvam melhoramento devem buscar o máximo potencial para produtividade e diminuir a lacuna entre o potencial produtivo e a produtividade de grãos em estresse (Messmer & Stamp, 2010).

As estimativas de parâmetros genéticos auxiliam o desenvolvimento de cultivares, permitindo prever o efeito da seleção e planejar os procedimentos de melhoramento, tendo suas origens nos quadrados médios da análise de variância de dados experimentais e em suas esperanças matemáticas (Vencovsky & Barriga, 1992). De acordo com Blum (2010), duas considerações são levadas na experimentação: (1) a condução do campo em déficit hídrico deve apresentar homogeneidade das condições de umidade do solo e assim reduzir o erro experimental; e (2) utilizar populações que contenham variabilidade genética para produtividade de grãos, tolerância à seca e ideótipos de plantas que contenham os caracteres secundários.

O uso de caracteres secundários tem sido sugerido para complementar a seleção fenotípica através do método de seleção recorrente recíproca. Estes caracteres podem ser definidos como outras características da planta, morfológicas e fisiológicas, que fornecem informações adicionais sobre as alterações da produção em estresse hídrico

Progênes interpopulacionais foram obtidas do cruzamento de um sintético tolerante do programa de melhoramento de milho do IAC (Pop Tol 1) com a variedade IAC Maya latente, ambas com alto nível de tolerância à seca.

As 196 progênes de meios-irmãos interpopulacionais e quatro testemunhas: População Tolerante 1, uma população sensível à seca, o híbrido DAS2B707 e a variedade IAC Maya Latente, foram avaliados em delineamento de látice quadrado parcialmente balanceado 14 x 14, com duas repetições. As parcelas foram constituídas de uma linha de 5 m, espaçadas de 0,90 m.

Os experimentos foram conduzidos na 2ª safra do ano agrícola de 2012 em dois locais do Estado de

(Monneveux & Ribault, 2006). Estas são importantes porque, usualmente, a herdabilidade da característica "produção" diminui enquanto a herdabilidade de algumas características secundárias permanece alta e as correlações entre produtividade e caracteres secundários aumentam nitidamente, (Bolano & Edmaedes, 1997). Prolificidade, intervalo entre florescimentos feminino e masculino, stay-green e número de ramificações do pendão são caracteres secundários efetivamente usados para melhorar a produção de grãos de milho em ambientes sob estresse hídrico (Bänzinger et al., 2000).

A variedade IAC Maya latente é de grãos dentados e amarelos desenvolvida na década de 70, derivada do cruzamento da Maya com o Michoacan "latente", fonte de tolerância à seca e geadas e a calor e geadas. Bernini et al. (2015), estudaram a variedade Maya Latente sob estresse hídrico no florescimento e irrigação e verificaram que seu desempenho produtivo em condições de déficit hídrico se manteve constante e com alto valor de RTV - índice de valor relativo de tolerância. Aparentemente, a Maya Latente possui características adaptativas que permitem assegurar a produtividade em condições estressantes.

O melhoramento interpopulacional, por meio da seleção recorrente recíproca, tem por objetivo o melhoramento de duas populações e da heterose que se manifesta nos cruzamentos, sendo também utilizado na seleção de híbridos tolerantes e no aumento da probabilidade de obtenção de linhagens superiores.

Diante o exposto é fundamental caracterizar materiais genéticos como fonte de tolerância à seca nos programas de melhoramento. Com este foco, o artigo tem por objetivo obter estimativas de parâmetros genéticos de progênes interpopulacionais de milho relacionados aos caracteres secundários de tolerância à seca.

Métodos

São Paulo: no Centro Experimental do Instituto Agrônomo, em Campinas (22° 53'S. 47° 04'W e altitude de 600 m) e no Polo de Desenvolvimento da APTA, em Mococa (21° 28'S. 47° 1'W e altitude de 665 m).

Os dados climáticos referentes aos meses de março a agosto de 2012/13 em Campinas e Mococa foram: precipitação pluvial total e temperaturas máxima e mínima. Para precipitação pluvial total dos experimentos de Campinas e Mococa, foram obtidos valores de 676 e 421 mm, respectivamente (Centro Integrado de Informações Agrometeorológicas [CIIAGRO], 2013). Os valores médios de temperatura máxima e mínima, durante o período do experimento em Campinas, foram de

26,2°C e 14,5°C, e em Mococa, foram de 27,3°C e 15°C, respectivamente. Ainda com relação à precipitação, mostra que Mococa ocorreu o período de maior estiagem de junho a agosto, com apenas 21,7% do total do pluviométrico do período do experimento, enquanto Campinas com 35,8% de índice pluviométrico.

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos: florescimento masculino (FM); florescimento feminino (FF); intervalo entre florescimentos (IF); alturas de planta (AP) e de espiga (AE); stay-green (SG); 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 florescimentos (IF) correspondeu a diferença, em dias, entre o florescimento feminino e o florescimento masculino. 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.

A avaliação do stay-green (SG) foi realizada 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. Nesta avaliação, 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.

O número de ramificações do pendão (NRP) foi avaliado pelo número de ramificações primárias dos pendões de cinco plantas na parcela. 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 planta^{-1}), ajustada para umidade de 14% e estande ideal de 25 plantas na parcela.

Pelos resultados das análises individuais dos experimentos referente às progênes de meios irmãos, e de posse das esperanças de quadrados médio foi possível estimar os componentes de variância. Foram utilizados os seguintes estimadores descritos por Silva et al. (1999): $\hat{\sigma}_{p(1,2)}^2$ - variância genética entre

progênes interpopulacionais. $\sigma_{p(1,2)}^2 = \frac{(QM_p - QM_E)}{r}$.

$\hat{\sigma}_{E(1,2)}^2$ - variância ambiental. $\sigma_{E(1,2)}^2 = \frac{QM_E}{r} \cdot \hat{\sigma}_{F(1,2)}^2$ -

variância fenotípica entre progênes. $\sigma_{F(1,2)}^2 = \frac{QM_p}{r}$.

$\hat{\sigma}_{A(1,2)}^2$ - variância genética aditiva.

$\sigma_{A(1,2)}^2 = \frac{1}{4} \sigma_{p(1,2)}^2 \cdot h_{\bar{x}(1,2)}^2$ - herdabilidade em

sentido amplo em nível de média de progênes interpopulacional. $h_{\bar{x}(1,2)}^2 = \frac{\sigma_{p(1,2)}^2}{\sigma_{p(1,2)}^2 + \frac{\sigma_{E(1,2)}^2}{r}}$. Em que.

QM_p e QM_E referem-se, respectivamente, aos quadrados médios das fontes de variação progênes e do erro efetivo médio; r refere-se ao número de repetições. Os coeficientes de variação genética ($CV_{\hat{V}_g}$), experimental ($CV_{\hat{V}_E}$) e o índice de seleção

(b): $CV_{\hat{V}_g} (\%) = \frac{\sigma_{p(1,2)}}{\bar{X}} \cdot 100$; $CV_{\hat{V}_E} (\%) = \frac{\sigma_{E(1,2)}}{\bar{X}} \cdot 100$ e

$b = \frac{CV_g}{CV_E}$. A predição de ganho (\hat{G}_s),

$\hat{G}_s (\%) = \frac{\hat{G}_s}{\bar{X}} \cdot 100$. Em que. $\hat{\sigma}_{p(1,2)}$ e $\hat{\sigma}_{E(1,2)}$ referem-se,

respectivamente, aos desvios padrão genéticos de progênes e erro efetivo médio; $\sigma_{A(1,2)}^2$ é a variância aditiva da progênie interpopulacional 1,2 (Pop Tol 1 e IAC Maya Latente); \bar{X} é a média do caráter e 1,2 referem-se, respectivamente, a Pop Tol 1 e o IAC Maya Latente.

Para a realização das análises genético-estatísticas foi utilizado o programa computacional Genes (Cruz, 2013).

Resultos e discussão

As estimativas dos parâmetros genéticos são apresentadas e discutidas por local, uma vez que houve interação progênes x ambientes significativa. Ressaltam-se as diferenças edafoclimáticas de Campinas e Mococa e um déficit hídrico pronunciado, inclusive no florescimento, das progênes em Mococa. Assim, pretendeu-se selecionar progênes de meios-irmãos interpopulacionais que venham a formar populações com adaptações específicas aos locais avaliados.

O componente de variância de progênes ($\hat{\sigma}_{p(1,2)}^2$) é resultado das diferenças genéticas entre os indivíduos. Um valor elevado desse componente é indicativo de ampla variabilidade genética para o caráter, sendo de importância na identificação de genótipos superiores. As estimativas de $\hat{\sigma}_{p(1,2)}^2$ para massa de grãos (MG) foram de $394,5 (\text{g planta}^{-1})^2$ e $94,8 (\text{g planta}^{-1})^2$, em Campinas e Mococa, respectivamente (Tabela 1),

podendo ser utilizadas para o próximo ciclo de seleção recorrente.

A variância aditiva é relativa ao efeito médio dos alelos, sendo a de maior importância no melhoramento. Esta variância é a causa de semelhança entre parentes, já que os pais passam seus alelos e não os seus genótipos para sua progênie, ou seja, é o efeito médio dos alelos parentais, que determina a média do valor genotípico de sua progênie. A variância genética aditiva apresentada pelas progênies interpopulacionais é de alta magnitude e constitui indicativo da possibilidade de ganho em todos os locais. Porém, as estimativas da variância genética aditiva em Campinas apresentaram valores muito próximos e superaram a estimativa obtida em Mococa para os caracteres avaliados. O valor da estimativa de variância genética para massa de grãos (MG) foi de $194,9 \text{ (g planta}^{-1})^2$ e $1052,5 \text{ (g planta}^{-1})^2$ em Mococa e Campinas, respectivamente, indicando que a condição de estresse em Mococa ocasionou uma diminuição expressiva na variância entre as progênies (Tabela 1). Paterniani et al. (2004) e Nass e Miranda Filho (1999) obtiveram para variância genética aditiva, valores oscilando de 502,00 a $821,56 \text{ (g planta}^{-1})^2$, para peso de espiga.

Ressalta-se que é do máximo interesse que a variância genética aditiva permaneça tão alta quanto possível, para permitir progressos substanciais por seleção. Paterniani et al. (2012), encontraram estimativas menores de $\hat{\sigma}_A^2$ de $115,55 \text{ (g planta}^{-1})^2$ para MG, utilizando ciclo 0 da Pop Tol 1. Valores altos de variância aditiva foram encontrados em populações com ciclos iniciais de seleção, onde toda a variabilidade genética livre é liberada, que corresponde à segregação de blocos poligênicos. A partir do primeiro ciclo de seleção, é utilizada a variabilidade genética, presente dentro de blocos poligênicos, que é liberada gradativamente por meio da permuta genética.

A estimativa da variação genética (CV_g) permite ao melhorista ter uma noção de grandeza relativa das mudanças, que podem ser obtidas por meio da seleção. Em Campinas, os caracteres PROL e MG apresentaram as maiores estimativas do CV_g de 11,6% e 18,5%, respectivamente. Em Mococa, destacou o caráter IF com a maior estimativa de CV_g de 12,7%.

As estimativas do índice b foram, em geral, altas para os caracteres, indicando baixa influência do ambiente (Tabela 1). Observa-se, portanto, que as progênies envolvidas neste estudo apresentam um valor superior demonstrando sua possibilidade de exploração em programas de melhoramento. Além disso, estimativas de b na média de dois ou mais locais, normalmente, apresentam-se inferiores às estimativas com base em apenas um local, no qual é mais comum encontrar valores bem próximos ou superiores a 1. Para MG o índice de seleção foi de 1,41 em Campinas e de 0,92 em Mococa, que representam

um valor significativo para seleção em termos de seleção em fase inicial (C_0) das progênies. Paterniani et al. (2012), encontraram valor de índice de seleção de 0,53 para MG. As progênies interpopulacionais de milho, avaliadas por Guimarães et al. (2012) apresentaram estimativas de índice de seleção inferior de MG de 0,33.

Para cada um dos locais as maiores estimativas de herdabilidade em sentido amplo (Tabela 1) foram obtidas para AP, AE, FM, FF, MG e PROL em Campinas e para AP, AE, FM, FF, NRP e SG em Mococa, indicando maior variabilidade genética a ser explorada pela seleção destes caracteres. Estas herdabilidades consideradas altas para cada caráter, associadas com a variabilidade genética da população indicam eficiência da seleção para essas características, o que proporcionará ganhos satisfatórios, em cada um dos locais. Essas estimativas de herdabilidade foram superiores às obtidas por Edmeades et al. (1997) em estudo de seleção recorrente de progênies S_1 , com 57% no ambiente sem estresse e 43% no ambiente com estresse. Estimativas de herdabilidade de trabalhos diferentes são difíceis de serem comparadas visto que elas tendem a variar, dentre outros, com o tipo de progênie, o número de repetições e número de ambientes utilizados na estimação.

A alta herdabilidade de 84% apresentada para SG e nota média de 1,48 em Mococa indica que esta é uma característica importante dos programas de melhoramento à seca particularmente pela facilidade de visualização e seleção, principalmente em pós-florescimento. Tem sido utilizado por vários melhoristas na seleção de híbridos de milho produtivos, o retardo da senescência foliar com notáveis folhas verdes escuras, além de outros caracteres. Este caráter secundário é de fácil observação e mensuração, herdabilidade moderadamente alta, apresentando média relação com rendimento de grãos sob estresse, durante o enchimento de grãos (Monneveux & Ribaut, 2006).

De acordo com Campos et al. (2004) a seleção para stay-green, baseada em amplas áreas de experimentação tem obtido sucesso na melhoria da produtividade sob estresse hídrico em milho temperado quando o estresse ocorre no período do florescimento até o início do enchimento de grãos. Contudo esses ganhos são consideravelmente reduzidos quando o período de seca ocorre entre a fase intermediária até a fase final de enchimento de grãos. Genótipos com stay-green apresentam tolerância à seca justamente nos períodos finais de enchimento de grãos permitindo que a planta não interrompa o fornecimento de fotoassimilados durante esse período.

Para número de ramificações de pendão (NRP) e stay-green (SG) verificou-se que a

herdabilidade em Mococa foi maior que a de Campinas (Tabela 1) permitindo a seleção com base nestes caracteres para locais sujeitos à seca. Os caracteres que são controlados por muitos genes de forma aditiva geralmente têm maiores valores de herdabilidade do que os governados por genes de efeito não-aditivos. Entretanto, em condições de estresse hídrico os valores de herdabilidade são baixos em relação aos encontrados nas condições favoráveis.

Para massa de grãos (MG) a estimativa da herdabilidade foi de 80% em Campinas e de 63% em Mococa (Tabela 1). Este resultado foi semelhante ao encontrado por Cairns et al. (2013), que obtiveram estimativas de herdabilidade em sentido amplo de 64% a 84% em condições irrigadas e 47% a 80% em déficit hídrico. Gama et al. (2001) obtiveram valores de herdabilidade em sentido amplo para peso de espigas em condições de estresse hídrico e de não estresse de 38% e 75% para progênies "Synflint" de irmãos germanos.

A média geral de massa de grãos foi de 159,81 g planta⁻¹ (8.524 kg ha⁻¹), com amplitude de variação de 135,46 g planta⁻¹ (7.225 kg ha⁻¹) a 181,12 g planta⁻¹ (9.656 kg ha⁻¹) em Campinas, enquanto para a média geral em Mococa foi de 117,23 g planta⁻¹ (6.252 kg ha⁻¹) com amplitude de variação de 97,44 g planta⁻¹ (5.197 kg ha⁻¹) a 149,07 g planta⁻¹ (7.951 kg ha⁻¹). Em Mococa houve uma redução média de 27% da MG em relação ao experimento de Campinas (Tabela 1).

No desenvolvimento de população base via seleção recorrente o conhecimento do ganho de seleção aumenta a probabilidade de obter híbridos promissores. Em média os ganhos preditos para todos os caracteres foram satisfatórios demonstrando potencial das progênies visando tolerância à seca. Destacou-se a previsão do ganho de seleção para PROL, NRP e MG em Campinas e para IF e SG em Mococa. Para MG o ganho de seleção foi de 13% em Campinas e de 5% em Mococa, evidenciando a influência do déficit hídrico e corroborando com Monneveux e Ribaut (2006) que obtiveram ganhos com a seleção para MG nas populações DTP 1 e DTP 2 de 14,3% e 4%, respectivamente. Os autores concluíram que nestas populações os ganhos de produtividade significativos observados em condições de seca foram associados a um aumento significativo do número de espigas por planta e grãos por espiga e reduções significativas do IF.

O ganho de seleção predito para caráter IF obtido indica que as progênies das próximas gerações apresentem o mecanismo de diminuir o intervalo entre florescimentos em ambientes sujeitos a déficit hídrico e de extrema vantagem do "escape à seca", resultando na melhor adaptação dos genótipos nesses ambientes devido ao sincronismo dos florescimentos.

Para FM e FF verificou-se ampla variabilidade genética das progênies interpopulacionais, em Campinas e Mococa, com valores médios de 68,8 d.a.s. e de 69,2 d.a.s. respectivamente. Para IF as progênies interpopulacionais obtiveram amplitude de variação de 0,6 a 6,4 dias em Campinas e média de 2,5 d.a.s. Em Mococa, foi verificado que o IF apresentou amplitude de variação de -1,2 a 5,5 dias para as progênies e média de 2,1 d.a.s. (Tabela 1). Resultados semelhantes foram obtidos por Câmara et al. (2007) em populações derivadas de milho tropical que indicaram baixa prolificidade (0,70 espiga planta⁻¹), apresentaram comportamento protogínicas com valores negativos de intervalo entre florescimentos e pouco retardamento da senescência de folhas e colmos (nota de 3,44).

O reduzido IF assegura que um número maior de plantas receberá pólen no momento da emergência dos estilos-estigmas garantindo a polinização e a fertilização. Gama et al. (2001) enfatizaram a necessidade da utilização de caracteres secundários como o IF, além da seleção *per se* para produtividade de grãos a fim de obter progresso mais rápido. O sincronismo floral é influenciado pelas condições ambientais adversas, principalmente pelo estresse hídrico, onde a emergência dos estilos-estigmas pode atrasar em relação à liberação do pólen. Conjuntamente, este resultado sugere que a seleção para tolerância à seca utilizando IF pode resultar na seleção direta para protoginia (negativo valor de IF), sendo esta abordagem bastante prática nos programas de melhoramento.

A relação de competição por fotoassimilados dos órgãos reprodutivos, feminino (espiga) e masculino (pendão), está principalmente relacionada à própria organização floral do milho que é monóica e protândrica, que assegura a produção de pólen e sua dispersão nas espigas. De Leon e Coors (2002) relataram que a seleção baseada na prolificidade diminuiu o comprimento e número de ramificações de pendão, confirmando assim a competição desses caracteres. Neste estudo a redução do número de ramificações de pendão (NRP) pode levar a um importante aumento da produtividade a médio prazo, como observado pelos altos valores de herdabilidade e ganho de seleção.

Conclui-se que somente a seleção para NRP não seja eficiente, sendo recomendada a incorporação de PROL como fator primordial nos trabalhos de seleção nos germoplasmas de origem tropical.

Tabela 1 - Médias e estimativas da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_{F(1,2)}^2$), variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_{P(1,2)}^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_{A(1,2)}^2$), variância do erro ($\hat{\sigma}_{E(1,2)}^2$), da herdabilidade em sentido amplo ($\hat{h}_{\bar{x}(1,2)}^2$), do coeficiente de variação genética (CV_g) e experimental (CV_e), índice de seleção (b) e ganho de seleção (\hat{G}_S) para nove caracteres avaliados em 196 progênies interpopulacionais de milho em Campinas e Mococa na 2ª safra de 2012/13.

Parâmetros genéticos ^a	Campinas								
	FM (d.a.s.)	FF (d.a.s.)	IF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	NRP (ram. pend. ⁻¹)	SG (nota)	MG (g.pl. ⁻¹)	PROL (espiga. plant. ⁻¹)
$\hat{\sigma}_{F(1,2)}^2$	4,73	7,29	0,085	256,01	237,73	0,143	0,024	394,54	0,037
$\hat{\sigma}_{P(1,2)}^2$	4,11	5,51	0,047	198,85	217,86	0,073	0,013	263,13	0,026
DP	±0,02	±0,03	±3,9,10 ⁻⁴	±1,10	±1,00	±6,7,10 ⁻⁴	±1,1,10 ⁻⁴	±2,42	±1,6,10 ⁻⁴
$\hat{\sigma}_{A(1,2)}^2$	16,44	22,04	0,188	795,4	871,44	0,292	0,052	1052,52	0,104
$\hat{\sigma}_{E(1,2)}^2$	0,62	1,78	0,038	57,15	19,87	0,07	0,011	131,40	0,011
$\hat{h}_{\bar{x}(1,2)}^2$ (%)	92,98	86,09	71,21	87,43	95,63	67,59	70,27	80,02	82,54
DP	±0,01	±0,02	±0,04	±0,02	±0,006	±0,05	±0,04	±0,03	±0,02
CV_g (%)	2,96	3,29	8,67	5,75	9,81	3,92	6,86	11,66	18,53
CV_e (%)	1,14	1,87	7,79	3,08	2,96	1,71	6,32	8,24	12,05
b	2,57	1,76	1,11	1,86	3,31	2,29	1,08	1,41	1,54
\hat{G}_S	2,12	2,85	0,226	17,39	19,28	2,70	0,117	18,55	0,189
\hat{G}_S (%)	3,08	4,01	9,03	7,09	12,81	17,51	7,07	13,33	21,75
Média das progênies	68,8	71,3	2,5	245,2	150,4	15,44	1,66	159,81	0,87
Média IAC Maya Lat,	68,5	71,1	2,5	272	150	16	1,61	121,66	1,10
Média DAS2B707	69,9	73,3	3,4	232	113	17	0,94	181,58	0,56
Parâmetros genéticos ^a	Mococa								
	FM (d,a,s.)	FF (d,a,s.)	IF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	NRP (ram. pend. ⁻¹)	SG (nota)	MG (g.pl. ⁻¹)	PROL (espiga. plant. ⁻¹)
$\hat{\sigma}_{F(1,2)}^2$	3,31	4,15	0,13	215,86	130,10	0,205	0,016	94,86	0,003
$\hat{\sigma}_{P(1,2)}^2$	2,59	3,05	0,072	183,71	97,85	0,165	0,012	43,74	0,001
DP	±0,01	±0,02	±6,10 ⁻⁴	±0,63	±0,56	±8,7,10 ⁻⁴	±7,2,10 ⁻⁵	±0,46	±1,8,10 ⁻⁵
$\hat{\sigma}_{A(1,2)}^2$	10,36	12,2	0,288	734,84	379,4	0,66	0,048	194,96	0,004
$\hat{\sigma}_{E(1,2)}^2$	0,72	1,1	0,058	32,15	32,25	0,04	4,5,10 ⁻³	51,12	2,5,10 ⁻³
$\hat{h}_{\bar{x}(1,2)}^2$ (%)	87,79	84,72	71,28	91,95	85,85	89,19	84,21	63,12	44,44
DP	0,02±	±0,02	±0,04	±0,01	±0,02	±0,02	±0,02	±0,05	±0,08
CV_g (%)	2,32	2,45	12,77	5,60	7,33	2,64	7,40	5,65	3,16
CV_e (%)	1,22	1,47	11,47	2,34	4,21	1,30	4,53	6,11	5,00
b	1,90	1,66	1,11	2,39	1,74	2,03	1,63	0,92	0,63
\hat{G}_S	1,99	2,09	0,28	17,51	12,01	0,51	0,13	6,29	0,026
\hat{G}_S (%)	2,87	2,94	13,33	7,24	8,90	3,32	8,98	5,37	2,6
Média das progênies	69,2	71,3	2,1	241,8	134,9	15,36	1,48	117,0	1,48
Média IAC Maya Lat,	69,0	71,8	2,7	250	142	15	1,58	80,66	1,58
Média DAS2B707	69,0	70,7	1,7	205	114	9	0,96	117,54	0,96

^aAP, AE, FM, FF, IF, NRP, SG, MG e PROL referem a altura de planta, altura de espiga, florescimento masculino, florescimento feminino, intervalo entre florescimento feminino e masculino, número de ramificações de pendão, stay-green, massa de grãos e prolificidade, respectivamente, DP: desvio-padrão,

Conclusão

Detectaram progênies interpopulacionais com produtividade e caracteres secundários favoráveis nos dois ambientes, sob duas condições hídricas, indicando que a seleção de caracteres secundários será efetiva.

Os valores de variância aditiva indicaram acentuada variabilidade genética nas progênies, recomendando que a seleção recorrente seja um método eficiente no melhoramento para tolerância à seca a longo prazo.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de doutorado da primeira autora.

References

Bänzinger, M., Araus, J.L. Recent advances in breeding maize for drought and salinity stress tolerance. In: Jenks, M.A.; Hasegawa, P.M.; Jain, S.M. (Eds.) *Advances in molecular breeding toward drought and salt tolerance crops*. Netherlands: Springer, 587-601, 2007.

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, 68p, 2000.

Bernini, C. S.; Guimarães, P. S.; Garcia, L. A. C. & Paterniani, M. E. A. G. Z. Caracteres fisiológicos e agronômicos em progênies interpopulacionais de milho selecionadas sob condições de déficit hídrico. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 15, 39-52, 2015. <http://dx.doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v15n1p39-52>.

Blum, A. *Plant breeding for water-limit environments*. 1.ed. New York/Dordrech/Heidelberg/London: Springer, 2010.

Cairns, J.E.; Hellin, J.; Sonder, K.; Araus, J.L.; Macrobert, J.F., Thierfelder, C., Prasanna, B.M. Adapting maize production to climate change in sub-Saharan Africa. *Food Security*, London, 5, 345–360, 2013. <https://doi.org/10.1007/s12571-013-0256-x>.

Câmara, T.M.M.; Bento, D.A.V.; Alves, G.F.; Santos, M.F.; Moreira, J.U.V., Souza Júnior, C.L. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. *Bragantia*, Campinas, 66 (4), 595-603, 2007. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000400009>.

Campos, H.; Cooper, M.; Habben, J.E.; Edmeades, G.O., Schussler, J.R. Improving drought tolerance in

maize: a view from industry. *Field Crops Research*, Amsterdam, 90, 19-34, 2004. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2004.07.003>.

CIIAGRO - Centro Integrado de Informações Agrometeorológicas, 2013. Disponível em: <http://www.ciiagro.sp.gov.br/ciiagroonline/MenuBH.htm>.

Cruz C.D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, Maringá, 35 (3), 271-276, 2013. <https://doi:10.4025/actasciagron.v35i3.21251>.

De Leon, N., Coors, J.G. Twenty-four cycles of mass selection for prolificacy in the Golden Glow maize population. *Crop Science*, Madison, 42, 325-333, 2002. <https://doi:10.2135/cropsci2002.0325>.

Edmeades, G.O.; Bänzinger, M.; Beck, D.L.; Bolaños, J., Ortega, A. Development and *per se* performance of CIMMYT maize populations as drought tolerant sources. In: *Proceeding of a Symposium, 1996, El Batán. Developing Drought and Low N-Tolerant Maize: proceedings...* Mexico, DF.: CIMMYT. 1997.

Gama, E.E.G.; Parentoni, S.N.; Durães, F.O.M.; Leite, C.E.P.; Santos, M.X.; Pacheco, C.A.P., Oliveira, A.C. Tropical maize synthetics improvement for moisture-stress tolerance for small-scale farmers. *Seventh Eastern and Southern Africa regional maize conference*. 11th-15th February. 2001.

Guimarães, P.S.; Bernini, C.S.; Pedroso, F.K.J. & Paterniani, M.E.A.G.Z. Characterizing corn hybrids (*Zea mays* L.) for water shortage by principle components analysis. *Maydica*, Bergamo, 59 (1), 72-79, 2014. <https://journals-crea.4science.it/index.php/maydica/article/view/971>.

Guimarães, P.S.; Bernini, C. S.; Paterniani, M.E.A.G.Z.; Gallo, P.B., Lodovico, F.A. Seleção de progênies de irmãos germanos interpopulacionais visando a discriminação quanto à tolerância à seca em milho. In: *XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo*, 29, 2012, Águas de Lindóia. *Diversidade e inovações na era dos transgênicos: resumos...* Campinas: Instituto Agrônomo/Associação Brasileira de Milho e Sorgo. 2012.

Messmer, R., Stamp, P. Trends in drought research. *Kasetsart Journal Nature Science*, Zurich, 44 (4), 507-516, 2010. http://kasetsartjournal.ku.ac.th/kuj_files/2010/A1009080933056150.pdf.

- Monneveux, P., Ribaut, J.M. Secondary traits for drought tolerance improvement in cereals. In: Ribaut, J.M. (Ed.) Drought adaptation in cereals. N.Y.: The Haworth Press. 2006.
- Nass, L.L., Miranda Filho, J.B. Synthesis of new composites of maize (*Zea mays* L.) for population improvement in Brazil. In: Memórias de la XVIII Reunión Latinoamericana del Maíz. Embrapa/CNPMS, CIMMYT, Sete Lagoas. 1999.
- Paterniani, M.E.A.G.Z.; Bernini, C.S.; Guimarães, P.S., Gallo, P.B. Seleção de progênies de meios-irmãos e estimativas de parâmetros genéticos da população tolerante à seca de milho IAC Tol 1. In: XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 29, 2012, Águas de Lindóia. Diversidade e inovações na era dos transgênicos: resumos...Campinas: Instituto Agrônomo/Associação Brasileira de Milho e Sorgo. 2012.
- Paterniani, M.E.A.G.Z.; Sawazaki, E.; Gallo, P.B.; Luders, R.R., Silva, R.M. da. Estimates of genetic parameters in a maize composite and potential for recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, 4, 81-85, 2004. <https://doi:10.12702/1984-7033.v04n01a13>.
- Paterniani, E., Vencovsky, R. Reciprocal recurrent selection in maize based on half-sib progênies and prolific plants in maize. *Maydica*, Bergamo, 23, 209-219, 1978.
- Silva, H.D.; Regazzi, A.J.; Cruz, C.D., Viana, J.M.S. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. i. Análises individuais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 34 (10), 1811-1822, 1999.
- Vencovsky, R., Barriga, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992.