

Estimativa de parâmetros genéticos e ganho com seleção em acessos de milho crioulo

Estimation of genetic parameters and gain with selection in accessions of maize landraces

DOI:10.34117/bjdv6n10-633

Recebimento dos originais: 27/09/2020

Aceitação para publicação: 28/10/2020

Giandrei Dudek

Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal do Paraná
Instituição: Itaipu Binacional – Técnico de Controle de Meio Ambiente
Endereço: Rua Carlos Gomes, 810. Apto 404. Bairro São José - Guaíra. 85980-000
E-mail: giandreid@gmail.com

Murilo Henrique Machado Chaves

Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal do Paraná
Instituição: Syngenta
E-mail: murilo_henrique_96@hotmail.com

Bruno Cândido de Lima

Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal do Paraná
Instituição: Universidade Federal do Paraná-UFPR
Endereço: Rua Pioneiro, 2153, Jardim Dalas, Palotina - PR, Brasil
E-mail: brunocandido.bl@gmail.com

Alan Grigório Martins

Mestrando em Biotecnologia-UFPR
Instituição: Universidade Federal do Paraná-UFPR
Endereço: Rua Pioneiro, 2153, Jardim Dalas, Palotina - PR, Brasil
E-mail: alan_grm@hotmail.com

Vivian Carré Missio

Departamento de Ciências Agronômicas/Programa de Mestrado em Biotecnologia-UFPR
Instituição: Universidade Federal do Paraná-UFPR (orcid.org/0000-0001-8786-6525)
Endereço: Rua Pioneiro, 2153, Jardim Dalas, Palotina - PR, Brasil
E-mail: carremisso@ufpr.br

Robson Fernando Missio

Departamento de Ciências Agronômicas/Programa de Mestrado em Biotecnologia-UFPR
(<http://www.prppg.ufpr.br/site/ppgbiotecnologia/pb/>)
Instituição: Universidade Federal do Paraná-UFPR (orcid.org/0000-0002-8534-1175)
Endereço: Rua Pioneiro, 2153, Jardim Dalas, Palotina - PR, Brasil
E-mail: rfmissio@ufpr.br

RESUMO

Com o objetivo de avaliar o ganho genético e simular seleção em acessos de milho crioulo, cultivou-se 171 acessos na região de Palotina-PR provindos do banco de germoplasma da UFPR (Universidade Federal do Paraná) - Setor Palotina. Coletou-se os dados para todos os descritores morfológicos recomendados para a cultura, avaliando-se neste trabalho as características de altura de plantas, peso de 1000 grãos e número de grãos por fileira. Foram estimados os principais parâmetros genéticos e a predição de ganho de seleção pelo software SELEGEN para cada variável. A intensidade de seleção praticada para predição de ganho genético foi de 6,3%, 12,6%, 19,0%, 25,3% e 31,6%. Os valores de herdabilidade foram de 0,45; 0,06 e 0,14 e a predição de ganho genético expressou incremento de 7,95 a 6,24%; 2,11 a 1,62% e 6,62 a 10,35% para altura de plantas, peso de 1000 grãos e número de grãos por fileira, respectivamente, variando de acordo com a intensidade de seleção. Os acessos avaliados mostraram-se eficientes para programas de melhoramento por apresentarem variabilidade e de ganho genético expressivo melhorando consideravelmente a média da população original e contribuindo para o programa de melhoramento de milho crioulo.

Palavras-chave: Melhoramento, Herdabilidade, Germoplasma.

ABSTRACT

In order to obtain genetic gain and to simulate accesses of maize, it is cultivated in the Palotina-PR of the germplasm bank of UFPR (Federal University of Paraná). The data were collected for all morphological descriptors recommended for a crop, being evaluated in this work as characteristics of plant height, weight of 1000 grains and number of particles per row. Estimating genetic parameters of heritability, genotypic variance, variance environmental, residual variance, phenotypic variance, accuracy, coefficient of variation and gain prediction in selection for different intensities by the software SELEGEN, using the model 74 - Blocks augmented in individual BLUP. Heritability values were of 0.45 were found; 0.06 and 0.14, and a genetic gain prediction increased from 7.95 to 6.24%; 2.11 to 1.62% and 6.62 to 10.35% for plants of weight, weight of 1000 grains and number of grains per row also varying according to a selection intensity. The overdue accesses were useful for large-scale breeding programs and the most significant genetic gain potential for the islands of the original average.

Keywords: Improvement, Inheritability, Germplasm.

1 INTRODUÇÃO

Segundo a USDA (2018) a produção mundial de milho na safra 2016/2017 foi de mais de 1,07 bilhões de toneladas do cereal. Neste cenário, o Brasil estabeleceu uma produção de mais de 97 milhões de toneladas de milho na safra do mesmo ano agrícola, e produtividade média de 5562 Kg ha⁻¹ (CONAB, 2017). A cultura do milho vem mantendo sua grande importância como commodity, representando um importante produto para a agricultura e economia nacional, onde foi cultivado em mais de 17,5 milhões de hectares no território brasileiro na safra 2016/2017, seguindo um histórico crescente de produtividade na atividade (CONAB, 2017).

O milho é cultivado em todas as microrregiões do Brasil, e serve de base para a alimentação de bovinos, suínos e aves. Observa-se uma especificação dos produtores em relação ao setor, havendo em sua maioria produtores do cereal que o comercializam e produtores do setor zootécnico que compram

o grão industrializado, ou seja, existe pouca produção para consumo próprio dentro das propriedades rurais, que quando ocorrem são em sua maioria de pequena proporção e com variedades crioulas (BARROS; ALVES, 2015).

Os usos do milho envolvem tanto o abastecimento da indústria como o setor energético, tendo aplicação principal como matéria prima para rações animais, porém, sendo também empregado na produção direta de alimentos básicos para consumo humano e de amidos industriais. No setor energético o milho pode ser utilizado para produção de etanol, com importância mundial e mais importante fonte bioenergética dos Estados Unidos (SOLOGUREN, 2015). Com sua amplitude de utilidades e aplicações na indústria, o milho se destaca por sua versatilidade o que viabiliza a cultura e dita um ritmo crescente de produção.

Por ser uma atividade de grande importância, amplamente difundida e estabelecida como commodity, o crescimento constante da produtividade a cada safra é atribuído a mudanças tecnológicas recentes, como o desenvolvimento de genética mais produtiva, qualificação das adubações de base e de cobertura, otimização do desempenho e uso da mecanização agrícola, uso de irrigação e implantação da agricultura de precisão aprimorando a gestão dos recursos (VIAN, et al., 2015). Cerca de 50% da produtividade de uma lavoura de milho depende do cultivar empregado e grande parte do aumento da produtividade é devido a genótipos melhorados (FRIETSCHE-NETO; MORÔ, 2015).

O melhoramento genético busca por meio de seleção e manipulação de cruzamentos planejados a geração de germoplasma superior, expressando alta produção de grãos associado a resistências a acamamento, quebramento de colmo, principais pragas e doenças, boa uniformidade e sanidade de grãos. Para isso é fundamental a escolha dos materiais genéticos de maior interesse para serem incorporados como genitores em um programa de melhoramento.

Neste cenário, se destaca a importância de variedades crioulas, por apresentarem ampla variabilidade e grande capacidade em tolerar estresses bióticos e abióticos, isso representa um modo importante de conservação de recursos genéticos (VIEIRA, 2010).

Levando em consideração o aumento de pressão de pragas e doenças, associado às condições ambientais, novas tecnologias e demandas de mercado e consumidores assim como dos agricultores são essenciais a conservação e o uso eficiente do germoplasma em programas de melhoramento e pesquisa.

Neste contexto é necessário que as novas fontes de material genético apresentem características de resistência a estresse bióticos e abióticos e melhoria de qualidade nutricional. Atividades estratégicas

como a caracterização, avaliação, regeneração e documentação para conservação e disponibilização dos recursos genéticos, são imprescindíveis para um programa de melhoramento (EMBRAPA, 2017). Com o objetivo de conservar a variabilidade genética de culturas de interesse, o CGIAR (Consultative Group on International Agricultural Research) criou o International Plant Genetic Resource Institute, o qual promove a coleta, a preservação, a documentação e o intercâmbio de germoplasma no mundo (SILVA et al. 2001).

Nacionalmente o Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAG Milho) visa preservar a variabilidade genética da cultura, assim como o seu uso na pesquisa e desenvolvimento agrícola, onde ocorre a conservação de sementes, multiplicação/regeneração de acessos, introdução de novas fontes de variabilidade, intercâmbio, caracterização, avaliação agrônômica, documentação e promoção do uso da coleção.

Atualmente, no BAG Milho são preservados cerca de 3.800 acessos de milho. As atividades no BAG Milho são desenvolvidas de forma integrada e assim, proporcionam o aumento no uso da coleção em ações de pesquisa, como o pré-melhoramento, o melhoramento participativo e a introdução ou reintrodução de variedades em comunidades tradicionais (TEIXEIRA et al. 2009).

O germoplasma não deve ser material isolado em um único local, deve ser difundido e compartilhado entre os melhoristas, desde que mantendo as suas características de identidade e viabilidade genética, para que se possa obter as informações que são estáveis em diferentes ambientes ou não (ANDRADE, 2004).

Um dos grandes desafios para a agricultura é o aumento da produção de alimentos concomitantemente com a redução dos custos de produção, em razão do crescimento populacional acelerado e da limitação para aumento de áreas cultivadas. Neste cenário é essencial o emprego de tecnologias que satisfaçam essa demanda, onde destacam-se os resultados e potenciais do melhoramento genético que por sua vez dependem de variabilidade genética, condição sobre a qual destaca-se a importância das variedades crioulas de milho como fontes de germoplasma.

Um programa de melhoramento depende diretamente do germoplasma que está disponível, pois as habilidades do melhorista somente podem ser expressas em sua melhor forma quando de posse de germoplasma que permita expressar as características de interesse. Assim, quanto maior a variabilidade disponível, maiores as chances de sucesso, e é neste cenário que as populações crioulas mostram sua importância. Embora sejam geralmente menos produtivas que as cultivares modernas, apresentam alta variabilidade genética e adaptação específica de acordo com a microrregião em que se encontra e as pragas e doenças as quais estão expostas (ARAÚJO e NASS, 2002).

As populações de milho crioulo, ou *landraces*, como são chamadas provem de sucessivas gerações de cultivos por agricultores familiares, com cruzamentos de materiais antigos, ou pela seleção de plantas mais adaptadas dentro das populações. Algumas variedades crioulas destacam-se por elevada variabilidade genética e adaptação a déficit hídrico, nutricional ou excesso de acidez ou alcalinidade do solo (FERREIRA et al. 2008).

O resgate e a conservação das variedades crioulas e de paiol são de fundamental importância para a manutenção da variabilidade da espécie e para conservar esses genótipos em local protegido contra a possibilidade de cruzamento (introgressão) com cultivares comerciais tradicionais ou transgênicos, o que ocorre com frequência nas pequenas propriedades ou comunidades indígenas, devido à introdução de genótipos melhorados com maior potencial produtivo (COIMBRA et al., 2010).

As populações crioulas são menos produtivas que as cultivares comerciais, mas são importantes por constituírem fonte de variabilidade genética que pode ser utilizada em programas de melhoramento e na busca por genes tolerantes e/ou resistentes aos fatores bióticos e abióticos (SILVEIRA et al., 2015). Uma das estratégias recomendada pela Convention on Biological Diversity no âmbito da conservação e do uso sustentável da biodiversidade, consiste no estabelecimento de bancos de germoplasma para a conservação *ex situ*, para a preservação dos recursos genéticos, mas também para possíveis reintroduções, no caso de ocorrerem situações catastróficas, ou o desaparecimento de uma determinada população (COIMBRA et al., 2010).

O objetivo deste trabalho foi estimar os principais parâmetros genéticos para altura de plantas, peso de 1000 grão e número de grãos por fileira pelo software SELEGEN (RESENDE, 2016). Além disso, realizamos uma simulação de seleção e ganho genético para altura de plantas com intensidades de 6,3%; 12,6%; 19,0%; 25,3% e 31,6%.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi desenvolvido no campo experimental da Cooperativa Agroindustrial C-Vale localizada no município de Palotina - Paraná (24°20'40.39"S e 53°51'28.76"O), com altitude aproximada de 353 metros e área de 800 m².

Os 100 acessos utilizados no início do experimento pertencem ao banco de germoplasma de milho UFPR - Setor Palotina, além destes acessos foram incorporados materiais de variedades de polinização aberta e milho crioulo de diversas regiões do país. Estes acessos iniciais passaram por um processo de multiplicação antecedendo este trabalho, com isso obteve-se 171 acessos finais, resultado de polinização aberta e autofecundações, que foram os respectivos genótipos avaliados neste trabalho.

O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados e para realização da caracterização morfológica e agrônômica os acessos foram distribuídos a campo em 171 linhas únicas com 5 metros de comprimento e divididos em 6 blocos, as plantas foram semeadas com espaçamento de 0,25 metros entre plantas e 0,45 metros entre linhas. O delineamento em blocos aumentados é caracterizado pela ausência de repetições dos tratamentos principais e pela presença de testemunhas repetidas em todos os blocos. Em geral, são usados nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, situação essa em que pode se dispor de um número limitado de propágulos por acesso (RESENDE, 2006).

Os tratos culturais foram realizados de acordo com as necessidades e recomendações para a cultura do milho (EMBRAPA, 2015). Dos 171 acessos implantados no campo, apenas 158 foram utilizados para avaliação final. Muitos acessos não se adaptaram, portanto, não produziram informações consistentes para serem utilizadas neste trabalho.

O cronograma de avaliações envolveu todos os descritores morfológicos recomendados para a cultura seguindo metodologia de Teixeira e Costa (2010). Sendo a avaliação dos parâmetros genéticos e simulação de seleção aplicados sobre as características de altura de plantas, peso de 1000 grãos e número de grãos por fileira, determinados em estudo prévio por apresentarem maior contribuição para a diversidade genética da população e englobarem características de seleção primárias, que estão relacionadas diretamente com a produção e secundárias, que estão relacionadas com o desenvolvimento da planta como classificado por Souza et al. (2008).

A avaliação de altura de plantas foi realizada com fita métrica, medindo-se a distância entre a base da planta e a ponta da inflorescência masculina, sendo avaliadas 5 plantas ao acaso dentro das linhas de cada acesso.

Para determinação de peso de 1000 grãos, foram colhidas 5 espigas ao acaso em cada linha, acondicionadas no Laboratório de Plantas Daninhas da UFPR – Setor Palotina, debulhadas, misturadas, passando por uniformização de umidade até 13%, contagem de 1000 grãos e estimativa do peso com balança de precisão.

A determinação de número de grãos por fileira foi realizada mediante contagem do número de grãos por fileira de cinco espigas colhidas ao acaso, estimando-se a média de cada acesso.

Para análise estatística utilizou-se o programa estatístico SELEGEN (RESENDE, 2016), seguindo o modelo 74 - Blocos aumentados (BLUP Individual) estimando-se parâmetros genéticos e fenotípicos, ganho genético e simulação de seleção. O modelo estatístico do delineamento em blocos aumentados é expresso por $y = Xf + Zg + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),

b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2006).

A intensidade de seleção praticada para predição de ganho genético foi de 6,3%, 12,6%, 19,0%, 25,3% e 31,6%, que correspondem a um número de 10, 20, 30, 40 e 50 acessos da população final de 158 acessos.

3 RESULTADO E DISCUSSÃO

3.1 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS

Observou-se variação genética entre os genótipos para todos os descritores avaliados (Tabela 1). Esses dados representam a diversidade apresentada pela população de milho crioulo avaliada, confirmando presença de variabilidade genética, evidenciando assim a importância dos acessos para o programa de melhoramento, cumprindo com a premissa básica das fontes de germoplasma com grande probabilidade de conter alelos de interesse.

Tabela 1. Estimativa de parâmetros genéticos para altura de plantas, peso de 1000 grãos e número de grãos por fileira em acessos de milho crioulo da UFPR – Setor Palotina.

Parâmetros	Altura (m)	Peso (g)	Número de Grãos por Fileira
V_g	0,04	208,61	15,01
V_{bloc}	0,002	335,92	1,11
V_e	0,05	2548,99	87,74
V_f	0,10	3093,53	103,88
h_g^2	$0,45 \pm 0,13$	$0,067 \pm 0,054$	$0,14 \pm 0,07$
C_{bloc}^2	0,02	0,10	0,01
h_{mgen}^2	0,45	0,06	0,14
h_{mgenaj}^2	0,46	0,07	0,14
A_{cgen}	0,67	0,25	0,38
$CVg\%$	7,79	4,26	14,03
Média geral	2,75	338,91	27,61

Variância genotípica (V_g), variância ambiental entre blocos (V_{bloc}), variância residual (V_e), variância fenotípica individual (V_f), herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h_g^2), coeficiente de determinação dos efeitos de bloco (C_{bloc}^2), herdabilidade média de genótipo (h_{mgen}^2), herdabilidade ajustada da média de genótipo (h_{mgenaj}^2), acurácia da seleção de genótipos (A_{cgen}), coeficiente de variação dos genótipos ($CVg\%$).

3.2 ALTURA DE PLANTAS

A altura média de plantas observada na população de milho crioulo foi de 2,75 metros, valor semelhante ao encontrado por Teixeira et al. (2010) onde observaram altura média de 2,74 metros e Coimbra et al. (2010) que observaram altura de 2,70 metros, ambos em populações de milho crioulo. A população apresentou de modo geral porte alto, condição esta que Araújo e Nass (2002) também observaram em milho crioulo com valores de 2,61 metros de altura, característica expressa comumente em variedades crioulas (Patzlaff et al. 2020), pois não sofreram seleção para redução de porte, o que ocorre para obtenção dos genótipos modernos por razão de ser frequentemente relacionada como propensão a acamamento.

Plantas de milho de porte elevado foram descritas como mais suscetíveis ao acamamento, principalmente quando relacionadas com elevada altura de inserção de espiga por Miranda *et al.* (2003). Em contraste Campos *et al.* (2010) não observaram os mesmos resultados em estudo semelhante, não encontrando relação entre altura de plantas e taxa de acamamento.

A ocorrência de acamamento pode ter relação com a altura de plantas, porém sofre influência de caracteres genéticos para diâmetro de caule e relação fonte-dreno e ambientais como nutrição e condições climáticas.

O coeficiente de variação ($CV_{g\%}$) foi de 7,79%, apresentando valor próximo ao descrito por Araújo e Nass (2002) que relatou coeficiente de variação de 8,9% para população de milho crioulo. Soares *et al.* (2011) relatou $CV_{\%}$ de 7,6 e 15,6% para altura de plantas de milho crioulo. Segundo a classificação proposta por Scapin, Carvalho e Cruz (1995) o presente valor de coeficiente de variação classifica-se como médio.

A herdabilidade (h_g^2) da característica altura de planta foi de 0,45 com variação de 0,13 sendo este dado superior ao encontrado por Souza (2006) que foi de 0,04 a 0,53 em diferentes locais, e inferior aos encontrados por Soares (2008) que encontrou valores de h_g^2 entre 0,56 e 0,82 para a mesma característica, com a variação explicada por aumento de teor de nitrogênio aplicado ao solo, fator este que pode explicar a herdabilidade reduzida encontrada no presente estudo, visto que um experimento conduzido a campo sofre maior variação ambiental se comparado a um ambiente controlado.

A variância fenotípica será próxima da variância genotípica quando as variações ambientais forem mínimas. Assim a variância ambiental influi em um dos principais fatores que determinam o ganho de seleção que é a herdabilidade (SOARES et al., 2011).

Portanto, a altura de plantas sofre influência do ambiente, visto que a maior ou menor disponibilidade das condições favoráveis interfere diretamente nos processos de crescimento,

desenvolvimento, formação e acúmulo de biomassa. Mesmo assim apresenta-se como interessante fator de seleção devido a sua herdabilidade significativa, sendo um fator que colabora positivamente mediante ao processo de seleção permitindo a incorporação desta característica no programa de melhoramento.

3.3 PESO DE 1000 GRÃOS

Para a característica peso de 1000 grãos observou-se coeficiente de variação de 4,26% valor considerado baixo segundo a classificação proposta por Scapin, Carvalho e Cruz (1995), sendo inferior aos dados obtidos por Soares *et al.* (2011) que encontrou CV% de 16 e 16,3%.

O peso médio de 1000 grãos foi de 338,91 gramas, valor superior ao encontrado por Silva *et al.* (2018) e Soares *et al.* (2011) que encontraram médias de 133,44 a 135,54 e 228 a 232 gramas para peso de 1000 grãos respectivamente, e, próximo ao encontrado por Vieira (2010) com 345,6 e 316,6 gramas.

A herdabilidade apresentada para a característica em questão foi de 0,06 inferior a encontrada por Soares *et al.* (2011) que foi de 0,65. Esse fato indica que houve grande influência da condição ambiental sobre o peso de grãos para o ciclo avaliado.

Entre os fatores que podem interferir no peso de grãos para a cultura do milho e que podem explicar a baixa herdabilidade destaca-se a densidade de semeadura, visto que é necessário espaço físico adequado para desenvolvimento de sistema radicular e expansão foliar e por consequência adequada absorção de nutrientes e água e eficiência fotossintética. Neste estudo, foram utilizados espaçamentos de 0,45x0,25 metros entre linhas e entre plantas respectivamente, e considerando-se que as variedades crioulas não sofreram seleção visando otimização de arquitetura, podem necessitar desta forma de espaçamentos mais amplos para expressão de máximo potencial.

Outro fator que contribui para o incremento desta característica é descrito como relação fonte/dreno. Sendo boa absorção de nutrientes, fotossíntese eficiente e armazenamento de reservas em biomassa essencial para o equilíbrio da planta de milho no momento da exportação de fotoassimilados para incremento da massa de grãos.

3.4 NÚMERO DE GRÃOS POR FILEIRA

A estimativa de herdabilidade para a característica número de grãos por fileira foi de 0,14, dentro da margem encontrada por Barros (2007) que foi entre 0,05 e 0,52, indicando que a característica em questão se classifica como característica potencial para seleção com incremento positivo e

significativo, compondo inclusive uma característica relacionada diretamente com o produto de interesse econômico.

Os fatores que influenciam no número de grãos por fileira além do potencial genético são condições ambientais, onde estresses podem levar a menor expressão do potencial desta característica. Segundo Ciampitti et al. 2016, entre os estádios vegetativos V6 e V10 o potencial do número de fileiras por espiga é determinado. Esse intervalo de desenvolvimento caracteriza uma etapa de rápido crescimento, e desta forma, de elevada absorção de nutrientes e água juntamente com interceptação luminosa.

Isso representa claramente que as características das plantas são interdependentes acima de seu potencial genético, uma planta de milho produtiva precisa de estrutura adequada para sustentação, absorção de nutrientes e água, interceptação de radiação solar, armazenamento e translocação de fotoassimilados para máximo acúmulo de biomassa em seu respectivo órgão de interesse comercial.

3.5 SIMULAÇÃO DE SELEÇÃO

A possibilidade de prever ganhos é considerada uma das maiores contribuições da genética quantitativa para o melhoramento. Assim, os processos de seleções direta e indireta surgem como as primeiras alternativas para obtenção de ganhos genéticos compensadores (MARTINS et al., 2003).

A predição dos ganhos genéticos por ocasião da simulação de seleção é apresentada na Tabela 2. Para todas as variáveis avaliadas a predição de ganho genético foi expressiva, apresentando incremento sobre a média da população, mostram-se assim como características interessantes para a seleção dentro desta população. O ganho genético se mostrou inversamente proporcional a intensidade de seleção

Para a cultura do milho os caracteres morfológicos a serem levados em consideração por ocasião da prática de seleção podem ser divididos entre primários e secundários, sendo que os primários envolvem fatores diretamente produtivos e os secundários consideram o desenvolvimento da planta. Como descrito por Souza et al. (2008) na cultura do milho ou dos cereais em geral, os componentes primários são número de espigas/área, número de espigas/planta, número de grãos/espiga e peso de grãos, os componentes secundários podem ser altura de planta, altura de espiga e dias para florescimento.

Para altura de plantas o melhor ganho genético foi de 21,89 cm com a intensidade de seleção mais rigorosa com 10 acessos e 17,20 cm para 50 acessos, representando 7,95 e 6,24 % sobre a média

da população original. A predição das novas médias indicou altura para a população melhorada de 2,97 e 2,92 cm para seleção de 10 e 50 acessos, respectivamente.

Quando selecionada a característica peso de 1000 grãos apresenta ganho genético que varia de 7,15 a 5,50 gramas representando 2,11 e 1,62% e média de populações melhoradas de 346,07 e 344,42 gramas, respectivamente sobre a média da população melhorada.

Tabela 2. Intensidade de seleção e predição de ganho genético para as características de altura de plantas, peso de 1000 grãos e número de grãos por fileira, em acessos de milho crioulo da UFPR – Setor Palotina

Variáveis	N	Acessos	Ganho	Ganho (%)	Nova Média
Altura (m)	10	89;33;93;71;18;110;115;97;75;29	0,21	7,95	2,97
	20	*106;69;86;147;66;76;84;49;77;27	0,19	7,25	2,95
	30	*39;167;125;156;95;123;31;38;132;22	0,18	6,82	2,94
	40	*34;157;36;45;85;91;25;88;58;37	0,17	6,51	2,93
	50	*163;90;154;105;127;92;142;74;137;40	0,17	6,24	2,92
Peso (g)	10	141;121;8;163;166;120;58;73;90;103	7,15	2,11	346,07
	20	*115;162;127;133;20;32;41;42;43;66	6,54	1,93	345,46
	30	*72;75;80;83;96;17;109;142;146;150	6,12	1,80	345,04
	40	*154;160;164;124;22;27;29;31;36;39	5,79	1,70	344,70
	50	*71;74;77;81;88;102;6;14;104;106	5,50	1,62	344,42
Número de grãos por fileira	10	T3;150;131;77;145;103;69;34;157;137	2,86	10,35	30,44
	20	*45;100;102;127;153;88;19;133;117;1	2,34	8,47	29,95
	30	*138;41;56;143;9;29;167;97;42;11	2,10	7,60	29,71
	40	*28;89;74;49;12;17;146;159;68;84	1,94	7,02	29,55
	50	*115;18;61;76;47;123;5;66;60;161	1,83	6,62	29,44

* acrescido dos acessos considerados na classe anterior.
Intensidade de seleção (N).

Para a característica número de grãos por fileira a simulação de seleção e predição de ganho elevou a característica para novas médias de 30,44 e 29,44 grãos por fileira para as intensidades de seleção de 10 e 50 acessos, respectivamente. O ganho genético proporcionado pela seleção em intensidade mais rigorosa permite incremento de 2,86 grãos por fileira representando 10,35%.

4 CONCLUSÃO

A população de milho crioulo apresentou variabilidade genética para os caracteres, demonstrando potencial para programas de melhoramento. Todas as características avaliadas apresentaram resultados relevantes, melhorando a média da população original.

Os melhores resultados de ganho foram encontrados com as intensidades de seleção mais rígidas, porém reduz-se drasticamente o número de indivíduos e por consequência o tamanho genético a ser trabalhado com as demais características de interesse.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, R. V.; TEIXEIRA, F. F. F.; NETTO, D. A. M.; PADILHA, L.; FERREIRA, A. S.; PITTA, G. V. E.; DOS SANTOS, M. X.; LEITE, C. E. P. **Banco ativo de germoplasma de milho**. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/33086/1/Banco-ativo.pdf>. >. Acesso em: 23 de abril de 2018.

ARAÚJO, P.M.; NASS, L. L. **Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo**. Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/sa/v59n3/10595.pdf>>. Acesso em: 31 de agosto de 2018.

BARROS, G. S. C.; & ALVES, L. R. A. **Visão Agrícola – Milho - maior eficiência econômica e técnica depende do suporte das políticas públicas**. Disponível em: <http://www.esalq.usp.br/visaoagricola/sites/default/files/Esalq-VA13-Milho.pdf>>. Pag. 5. Acesso em: 23 de abril de 2018.

CAMPOS, M. C. C.; SILVA, V.; CAVALCANTE, I. H. L.; BECKMANN, M. Z. **Produtividade e características agronômicas de cultivares de milho safrinha sob plantio direto no Estado de Goiás**. Disponível em: <https://periodicos.pucpr.br/index.php/cienciaanimal/article/view/10544/9941.html>. Acesso em: 31 de agosto de 2018.

CARPENTIERE-PIPOLO, V.; SOUZA, A.; SILVA, D. A.; BARRETO, T. P.; GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, J. M. **Avaliação de cultivares de milho crioulo em sistema de baixo nível tecnológico**. Disponível em: <http://www.redalyc.org/html/3030/303026591015/>>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

CATÃO, H. C. R. M.; COSTA, F. M.; VALADARES, S. V.; DOURADO, E. R.; JUNIOR, D. S. B.; SALES, N. L. P. **Qualidade física, fisiológica e sanitária de sementes de milho crioulo produzidas no norte de minas gerais**. Disponível em: <<http://www.redalyc.org/html/331/33119160001/>> Acesso em: 10 de maio de 2018.

CIAMPITTI, I. A.; ELMORE, R. W.; LAUER, J. **Fases de desenvolvimento da cultura do milho**. Disponível em: <[http://brasil.ipni.net/ipniweb/region/brasil.nsf/0/81A0BBD6E936445D83257AA0003A892E/\\$FILE/MF3305BP-CornGrowth-portuguese_FINAL.pdf](http://brasil.ipni.net/ipniweb/region/brasil.nsf/0/81A0BBD6E936445D83257AA0003A892E/$FILE/MF3305BP-CornGrowth-portuguese_FINAL.pdf)>. Acesso em: 27 de setembro de 2018.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V.; ECKERT, F. R. **Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do sudeste de minas gerais.** Disponível em: < <http://www.redalyc.org/html/1953/195314910021/> > Acesso em: 10 de maio de 2018.

CONAB. **Boletim Grãos Setembro 2017.** Disponível em: https://www.conab.gov.br/index.php/info-agro/safra/safra-graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/1317_3b92fdb4c81421e032d3de69c6243135.html. >. Acesso em: 23 de abril de 2018.

CONAB. **Grãos – Série Histórica Milho.** Disponível em: <https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/index.php/safra-serie-historica-dashboard.html>>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento Genético de Plantas.** Londrina: UEL, 1999.

EMBRAPA. **Banco ativo de germoplasma de milho.** Disponível em: <http://plataformarg.cenargen.embrapa.br/rede-vegetal/projetos-componentes/pc2-bancos-ativos-de-germoplasma-de-cereais/planos-de-acoes/pa7-banco-ativo-de-germoplasma-de-milho.html>. >. Acesso em: 23 de abril de 2018.

FERREIRA, J. M.; MOREIRA, R. M.P. & HIDALGO, J. A. F. **Capacidade combinatória e heterose em populações de milho crioulo.** Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/cr/2008nahead/a58cr136.pdf>>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

FILHO, A. B.; PATERNIANI, E.; CORDEIRO, C. M. T.; GARCIA, J. C.; MAGALHÃES, J. R.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X.; ANDRADE, R. V.; PARENTONI, S.; ABADIE, T. **Uma história brasileira do milho – o valor dos recursos genéticos.** Disponível em: ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/.../Uma-historia-brasileira-do-milho.pdf. >. Acesso em: 23 de abril de 2018.

FRIETSCHÉ-NETO, R.; MORÔ, G. V. **Melhoramento genético.** Disponível em: http://www.esalq.usp.br/visaoagricola/sites/default/files/VA_13_Melhoramento_Genetic-artigo1.pdf. Acesso em 04 de setembro de 2018.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. **Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*.** Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/rarv/v27n3/a08v27n3.pdf>. Acesso em: 04 de setembro de 2018.

MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; & MELO, A. D. **Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca.** Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/109097/1/v38n6a03.pdf>. Acesso em: 31 de agosto de 2018.

OLIVEIRA, J. P. D. **Influência da densidade populacional na fenologia e na produtividade da cultura do milho.** Disponível em: <http://w3.ufsm.br/ppgap/images/dissertacoes/2014/Juan-Paulo-Padilha-de-Oliveira.pdf>>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

OLIVEIRA, P.; NASCENTE, A. S.; KLUTHCOUSKY, J.; PORTES, T. A. **Crescimento e produtividade de milho em função da cultura antecessora.** Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/pat/v43n3/a05.pdf>>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

PATZLAFF, N.L.; MARTINS, C.E.N.; ARBOITTE, M. Z.; HÖFS, A. Variedades de milho com polinização aberta da Epagri sob efeito do espaçamento entre linhas. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v. 6, n. 2, p. 5750-5766, 2020 (DOI:10.34117/bjdv6n2-032).

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen-Reml/Blup.** Embrapa: 47, 2006.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Croop Breeding and Applied Biotechnology**, 16: 330-339, 2016.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, 683-686, 1995. Disponível em: <https://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/4353/1639.html>. Acesso em: 04 de setembro de 2018.

SILVA, S. N.; GURJÃO, K. C. O.; ALMEIDA, F. A. C.; SILVA, R. M.; SILVA, P. B. Características físicas de milho crioulo da Paraíba. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v.13, n.5, p.590-594, 2018.

SILVA, D.J.H.; Moura, M.C.C.L.; CASALI, V.W.D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**, 19: 108-114, 2001.

SILVEIRA, D. C.; BONETTI, L. P.; TRAGNAGO, J. L.; NETO, N.; MONTEIRO, V. Caracterização agromorfológica de variedades de milho crioulo (zea mays l.) na região noroeste do rio grande do sul. **Revista Ciência e Tecnologia**, v.1, n.1, p 01-11, 2015.

SOARES, M. O. et al. Parâmetros genéticos de uma população de milho em níveis contrastantes de nitrogênio. **Rev. Ciênc. Agron.** vol.42, n.1, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100021>.

SOUZA, A. R. R. **Potencial de ganho genético em raça local de milho-branco.** Disponível em: <http://uenf.br/posgraduacao/producao-vegetal/wp-content/uploads/sites/10/2017/11/Ana-Raquel-Souza.pdf>. Acesso em: 04 de setembro de 2018.

SOUZA, A. R. R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIRA, P. L. **Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo.** Disponível em: <https://periodicos.ufersa.edu.br/index.php/caatinga/article/view/424/428.html>. Acesso em: 04 de setembro de 2018.

SOLOGUREN, L. **Visão Agrícola – Milho - Demanda mundial cresce e Brasil tem espaço para expandir produção.** Disponível em: <http://www.esalq.usp.br/visaoagricola/sites/default/files/Esalq-VA13-Milho.pdf>>. Pag. 9. Acesso em: 23 de abril de 2018.

TEIXEIRA, F. F.; COSTA, F. M. **Caracterização de recursos genéticos de milho.** Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/883797/caracterizacao-de-recursos-geneticos-de-milho>. Acesso em: 12 de setembro de 2018.

TEIXEIRA, F. F.; LEITE, C. E. P.; BELICUAS, S. N. J.; PAES, M. C. D.; **Banco ativo de germoplasma de milho do Brasil.** Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/59700/1/Banco-ativo-3.pdf>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

USDA. **Grain: World Markets and trade.** Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/grain.pdf>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

VIAN, A. L.; SANTI, A. L.; AMADO, T. J. C.; CHERUBIN, M. R.; SIMON, D. H.; DAMIAN, J. M.; BREDEMEIER, C. **Variabilidade espacial da produtividade de milho irrigado e sua correlação com variáveis explicativas de planta.** Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/cr/v46n3/1678-4596-cr-46-03-00464.pdf>. Acesso em: 23 de abril de 2018.

VIEIRA, L. C. **Caracterização de germoplasma de milho crioulo e suas implicações no melhoramento genético.** Disponível em: <https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/49043/000825970.pdf?sequence=1.html>. Acesso em: 23 de abril de 2018.