

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-7

Hélio Wilson Lemos de Carvalho<sup>1</sup>, Paulo Evaristo Oliveira Guimarães<sup>2</sup>, Cleso Antônio Patto Pacheco<sup>2</sup>  
Ivênio Rubens de Oliveira<sup>1</sup> e Kátia Estelina de Oliveira Melo<sup>3</sup>

## Resumo

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos da população de milho CPATC-7, submetida a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no Estado de Sergipe. Avaliaram-se, por ciclo, 196 progênies de meios-irmãos em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada ciclo foi completado pela seleção das 20 progênies superiores, considerando o peso de espigas, que foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento. O potencial de produtividade de espigas da população CPATC-7 e as magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos possibilitam a obtenção de ganhos genéticos para aumento da produtividade de espigas, com a continuidade do programa de melhoramento.

## Introdução

Distintas condições ambientais existem no Nordeste brasileiro (Silva *et al.*, 1993), e o milho, com algumas restrições, é cultivado em todas elas. A expansão desse cultivo nessa região vem aumentando, ano após ano, registrando-se, também, acréscimos na produtividade (CARVALHO *et al.*, 2007a e 2007b). Atribui-se tal fato à incorporação de novas fronteiras agrícolas, ao uso de variedades melhoradas e híbridos de melhor adaptação e ao crescente aumento da exploração de aves e suínos.

Neste contexto, e dada a vocação de mais de dois milhões de hectares para a produção de milho variedade, o programa de melhoramento genético em execução nessa região tem procurado obter e difundir variedades de melhor adaptação, que possam contribuir para provocar mudanças nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais.

Esse programa de melhoramento vem utilizando com sucesso o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, o qual tem mostrado eficiência em diversos outros trabalhos (PATERNIANI, 1968), (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988) e (CARVALHO *et al.*, 2007b).

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos da população de milho CPATC-7, submetida a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no Estado de Sergipe.

## Material e Métodos

No ano agrícola de 2004 realizou-se o cruzamento entre os híbridos simples DKB 747 e AG 8080, resultando em uma geração F<sub>1</sub> que recebeu a denominação CPATC-7. No decorrer desse ano agrícola, praticou-se um ciclo de seleção massal simples nesse material, onde foram obtidas 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agrônômicas. A seguir, foram realizados três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, nos anos agrícolas de 2005 (Teresina e Nossa Senhora das Dores), 2006 (Frei Paulo e Simão Dias) e 2007 (Frei Paulo).

Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0m de comprimento, espaçadas de 0,80m e, com 0,40m entre covas, dentro das fileiras.

Cada ciclo foi completado pela seleção das 20 progênies superiores, considerando o peso de espigas, que foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento, com as fileiras femininas

1. Pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mails: helio@cpac.embrapa.br; Ivenio@cpac.embrapa.br.

2. Pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, Km 45, Sete Lagoas, MG, CEP: 35701-970. E-mails: evaristo@cpms.embrapa.br; cleso@cpms.embrapa.br.

3. Graduada em ciências Biológicas. E-mail: katia\_bio1984@yahoo.com.br

(despendoadas) representadas pelas progênies selecionadas, e as masculinas representadas pela mistura das mesmas. Foram selecionadas 196 novas progênies, correspondentes à intensidade de seleção de 10% entre e 10% dentro do mesmo ano agrícola.

Foram tomados os pesos de espigas, os quais foram submetidos à análise de variância, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso, realizando-se, a seguir, e a análise de variância conjunta. Os quadrados médios dessas análises foram ajustadas para o nível de indivíduos, obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível expressas em (g/planta)<sup>2</sup>, conforme VENCOVSKY (1978). As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelas expressões apresentadas por VENCOVSKY, BARRIGA (1992).

## Resultados e Discussão

A análise conjunta de progênies para os ciclos I e II revelou diferenças genéticas significativas ( $p < 0,01$ ), o que expressa presença de variabilidade genética entre elas quanto ao peso de espigas. Encontrou-se, também, diferença significativa ( $p < 0,01$ ) entre progênies no ciclo III, quando a avaliação foi realizada em um só local. Obteve-se também evidência da interação progênies x locais, o que mostra comportamento inconsistente das progênies nos ambientes considerados.

As progênies avaliadas produziram, em média, 8.332kg/ha de espigas, e as selecionadas, 9.801kg/ha de espigas, o que evidencia o bom potencial para a produtividade da população CPATC-7 e mostra a sua importância para exploração na região.

A amplitude de variação para o peso de espigas encontrada no ciclo I não foi ampla. Tal fato se deve em razão desse ciclo corresponder a geração  $F_2$ , onde ainda não houve muita segregação dos genes quantitativos responsáveis para a produtividade. Na população de ciclo II, que corresponde a geração  $F_3$ , obteve-se uma maior amplitude entre as progênies menos produtivas e as mais produtivas, muita embora tenha havido uma seleção na geração anterior. Fato semelhante foi observado por Paterniani (1968), no processo de obtenção da variedade Centralmex e CARVALHO *et al.*, (2007a), quando desenvolveu a população CPATC-4.

O valor relativo a variância genética entre progênies (Tabela 1), indica uma menor variabilidade para a população de ciclo I e, uma maior variabilidade para o ciclo II, o que evidencia que a variabilidade presente numa população de ciclo  $F_2$ , para o caráter quantitativo como produtividade é reduzida. Na geração  $F_3$  é que as segregações se acentuam, aumentando, assim, a variabilidade genética. A variação observada na variância genética aditiva acompanhou a observada na variância genética entre progênies e suas magnitudes mostram que é possível a obtenção de ganhos para a produtividade de espigas com o desenvolver de novos ciclos de seleção.

Os progressos estimados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram de 2,69 %, no ciclo I, 9,30%, no ciclo II e 7,42 %, no ciclo III, com média de 6,47 %, por ciclo ano. Tais estimativas expressam o potencial genético da população CPATC-7 em responder a seleção, com vistas ao aumento da produtividade de espigas.

## Conclusão

O potencial de produtividade de espigas da população CPATC-7 e as magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos possibilitam a obtenção de ganhos genéticos para aumento da produtividade de espigas, com a continuidade do programa de melhoramento.

## Referências

CARVALHO, H. W. L. de; SANTOS, M. X. dos; LEAL, M. de L da S.; SOUZA, E. M. de. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-4 no Nordeste brasileiro. *Revista Científica Rural*, Bagé, RS v.102n. 1, p.42-48, 2007a.

CARVALHO, Hélio Wilson Lemos de; SOUZA, Evanildes Menezes de. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v. 42, n. 6, 2007b.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J. B. *Quantitative genetics in maize breeding*. 2. Ed. Ames: Iowa, State University Press, 1988. 468p.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L). *Crop Science*, Madison, v. 7, n.3, p. 212-216, 1968.

SILVA, F.B.R. de.; RICHE, G.R.; TORNGAU, J.P.; SOUSA NETO, N.C. de; BRITO, L.T. de L.; CORREIA, R.C.; CAVALCANTI, A.C.; SILVA, F.H.B.B. da.; SILVA, A.D. da.; ARAÚJO FILHO, J.C. de.; LEITE, A.P. *Zoneamento ecológico do Nordeste: diagnóstico do quadro natural e agrossocioeconômico*. Petrolina: Embrapa-CPATSA/ Embrapa-CNPS, v.1, 1993.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa . In: PATERNIANI, E. (Ed.). *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Piracicaba: ESALQ, 1978. P.122-201.

VENCOVSKY. R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

**Tabela 1.** Estimativas dos parâmetros genéticos do caráter peso de espigas (g/planta)<sup>2</sup> da população CPATC-7. Região Nordeste do Brasil, 2005 a 2007.

Parâmetros genéticos	Ciclo I	Ciclo II	Ciclo III
$\sigma_p^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	19,45	84,44	80,35
$\sigma_A^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	77,80	337,75	321,39
$\sigma_{pxl}^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	113,99	68,16	-
$h_m^2$	10,44	39,24	31,56
$h^2$	2,28	10,81	12,02
C. V <sub>g</sub> (%)	3,46	5,96	5,06
B	0,21	0,47	0,48
Gs entre (g/planta)	2,49	10,07	8,81
Gs entre (%)	1,95	6,54	4,97
Gs dentro (g/planta)	0,93	4,26	4,34
Gs dentro (%)	0,73	2,77	2,45
Gs total (%)	2,69	9,30	7,42

Ciclo I: Teresina e Nossa Senhora das Dores, 2005; Ciclo II: Frei Paulo e Simão Dias, 20056 Ciclo III: Frei Paulo, 2007.

$\sigma_p^2$  : variância genética entre progênies;  $\sigma_A^2$  :variância genética aditiva;

$\sigma_{pxl}^2$  : variância da interação progênies x locais;  $h_m^2$  : coeficiente de herdabilidade no sentido restrito considerando as médias de progênies;  $h^2$  : coeficiente de herdabilidade no sentido restrito considerando o indivíduo; C.V<sub>g</sub>: coeficiente de variação genético; b: índice de variação; Gs: ganhos entre e dentro de progênies de meios-irmãos; Gs: ganho total por ciclo /ano.