

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-3 NO NORDESTE BRASILEIRO

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

## Resumo

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética em relação à característica peso de espigas. Foram praticados nove ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no período de 1999 a 2007. Avaliaram-se, por ciclo, 196 progênies de meios-irmãos, em látice simples 14x14. As estimativas do progresso genético esperado entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos nove ciclos de seleção foram, em média, de 8,03% e 3,40%, respectivamente, sendo de 12,43% o ganho médio ciclo/ano. As médias de produtividades e as magnitudes dos parâmetros genéticos das progênies evidenciam que a população CPATC-3 possui alta variabilidade genética, o que possibilita a obtenção de ganhos genéticos com o desenvolver de novos ciclos de seleção, para o peso de espigas.

## Introdução

O desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades de milho que possam proporcionar melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, predominantes no Nordeste brasileiro e de extrema importância, pois a maioria dos agricultores tem limitação de capital e não pode investir em tecnologias de produção.

Utiliza-se o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos por sua eficiência na obtenção de progressos mais rápidos e pela possibilidade de realização de um ciclo por ano. A eficiência desse método de seleção tem sido comprovada em diversos trabalhos (PATERNIANI, 1967; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; CARVALHO *et al.*, 2007), quanto às magnitudes dos parâmetros genéticos, especialmente, a variância genética aditiva e os ganhos esperados por seleção para a produtividade de grãos.

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética em relação à característica peso de espigas.

## Material e Métodos

A geração F<sub>1</sub>, proveniente do cruzamento entre as variedades Sertanejo e São Francisco, após sofrer um ciclo de seleção massal no ano agrícola de 1998, recebeu a denominação de população CPATC-3. Foram retiradas dessa população 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agronômicas, nesse mesmo ano agrícola. A seguir, foram realizados nove ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, entre os anos agrícolas de 1999 a 2007, em diferentes municípios do Estado de Sergipe.

As progênies foram avaliadas em látice 14x14. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0m de comprimento, espaçadas de 0,80m, e com 0,40m, entre covas, dentro da fileira. Foram mantidas duas plantas/cova, após o desbaste. Nos ciclos com ensaios em mais de um local, após a realização das análises de variância por local, efetuou-se a análise de variância conjunta, a partir das médias ajustadas de tratamento, tendo-se considerado aleatório, o efeito de local. Após a realização das análises de variância, por local e conjunta, os quadrados médios dessas análises foram ajustados para o nível de

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

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

3. Graduada em Ciências Biológicas. E-mail: katia@cpatc.embrapaba.br

indivíduos obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível e expressas em (g/planta)<sup>2</sup>, conforme Vencovsky (1978). Na estimação dos componentes da variância, utilizaram-se os métodos descritos por Vianna e Silva (1978). Após a realização dos ensaios foi praticada uma intensidade de seleção de 10% entre progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lote isolado, por despendoamento, onde foram selecionadas 196 novas progênies, correspondendo a uma intensidade de seleção de 10% dentro de progênies, dentro do mesmo ano agrícola.

## Resultados e Discussão

As análises de variância revelaram diferenças significativas entre as progênies, em todos os ciclos de seleção, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre elas, quanto ao peso de espigas. Nos ciclos com avaliações em mais de um local, obteve-se efeito estatisticamente significativo de interação progênies x locais, o que mostra comportamento inconsistente das progênies em relação aos ambientes. Os valores dos coeficientes de variação oscilaram de 10,07 a 16,94, o que indica boa precisão dos ensaios (LÚCIO *et al.*, 1999).

A produtividade média de espigas obtidas nas progênies avaliadas variou de 6.314kg/ha a 9.586kg/ha, o que atesta o alto potencial genético para a produtividade dessa população. As progênies selecionadas superaram a testemunha BR 106 em todos os ciclos de seleção, o que evidencia um melhoramento considerável na população CPATC-3.

Obtiveram-se estimativas das variâncias entre progênies e aditiva mais altas em todos os ciclos de seleção, à exceção das magnitudes encontradas nos ciclos IV e V (Tab.1). Nos ciclos 0, I, II, III, IV e V essas estimativas foram obtidas na média de dois locais, estando, portanto, pouco influenciadas pela interação progênies x locais (Tab.1). Hallauer e Miranda Filho (1988) ressaltaram que a avaliação de progênies em mais de um local melhora a eficiência do processo seletivo e permite a obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância. Houve acréscimo da variabilidade genética no ciclo I em relação ao ciclo 0. Isto não é esperado, pois resultados relatados por diversos autores têm mostrado redução do ciclo inicial para o ciclo I, utilizando esse tipo de progênie (CARVALHO *et al.*, 2000 e 2003).

As estimativas da variância genética entre progênies foram coerentes com as registradas por Carvalho *et al.*, (2000, 2003 e 2007) e estão dentro do limite do levantamento realizado por Ramalho (1977). Verificou-se, também, que a variação detectada na variância genética aditiva acompanhou a variação mostrada para a variância genética entre progênies. Segundo Paterniani (1967) é de interesse que a variância genética aditiva permaneça tão alta quanto possível, para garantir a obtenção de ganhos substanciais por seleção.

Os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com média de progênies ( $h^2_m$ ) superaram os valores obtidos nas próprias plantas ( $h^2$ ), em todos os ciclos de seleção (Tab.1). Isto indica que a variação genética existente entre indivíduos meios-irmãos é grande em relação à variância fenotípica. Os coeficientes  $b$  retratam uma situação mais favorável para a seleção nos ciclos I e III.

As estimativas do progresso genético esperado entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos nove ciclos de seleção, foram, em média de 8,03% e 3,40%, respectivamente, sendo de 12,43% o ganho médio ciclo/ano.

## Conclusão

As médias de produtividades e as magnitudes dos parâmetros genéticos das progênies evidenciam que a população CPATC-3 possui alta variabilidade genética.

## Referências

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M.X.; PACHECO, C.A.P. Potencial genético da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 35, n.6, p.1169-1176, junho, 2000c.

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M. X.; LEAL, M.L.;S.; SOUZA, E. M.; Estimativas dos parâmetros genéticos de variedades de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 38, n.8, p. 929-935, 2003.

CARVALHO, H. W. L. de; SOUZA, Evanildes M. de. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v. 42, n°. 6, 2007.

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

LÚCIO, A.D.; STORCK, L.; BANZATTO, D. A. Classificação dos experimentos de competição de cultivares quanto à sua precisão. *Pesquisa Agropecuária Gaúcha*, Porto Alegre, v. 5, p.99-103, 1999.

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, 1967.

RAMALHO, M. A. P. *Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas* Piracicaba: ESALQ, 1977. 122p. Dissertação de Mestrado.

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

VIANNA, R. T.; SILVA, J. C. Comparação de três métodos estatísticos de análise de variância em experimentos em látice em milho (*Zea mays* L.). *Experientiae*, Viçosa, v. 24, p. 21-41, 1978.

**Tabela 1.** Estimativas dos parâmetros genéticos do caráter peso de espigas (g/planta)<sup>2</sup> da variedade CPATC-3. Região Nordeste do Brasil, 1999 a 2007.

Parâmetros genéticos	Ciclo 0	Ciclo I	Ciclo II	Ciclo III	Ciclo IV	Ciclo V	Ciclo VI	Ciclo VII	Ciclo VIII
$\sigma_p^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	75,76	120,25	83,39	319,95	40,57	51,49	122,27	80,17	86,83
$\sigma_A^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	303,04	481,02	333,56	1279,00	162,28	205,96	489,08	320,68	347,33
$\sigma_{pxl}^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	97,05	185,29	78,96	-	126,29	-	58,12	-	-
$h_m^2$	40,02	48,59	40,20	61,58	24,98	19,86	49,49	24,54	34,97
$h^2$	14,03	34,94	12,12	37,98	6,26	6,66	15,73	8,37	13,78
C. V <sub>g</sub> (%)	6,56	10,96	6,13	11,22	5,68	5,04	9,57	5,23	5,81
b	0,53	1,09	0,50	0,90	0,35	0,35	0,57	0,40	0,52
Gs entre (g/planta)	9,67	13,40	10,16	24,64	5,58	5,60	13,61	7,76	9,64
Gs entre (%)	7,30	11,48	6,82	15,46	4,98	3,93	11,78	4,53	6,02
Gs dentro (g/planta)	4,70	10,14	4,53	16,02	2,28	2,55	6,22	3,60	4,85
Gs dentro (%)	3,55	8,68	3,04	1,04	2,03	1,79	5,38	2,11	3,02
Gs total (%)	10,85	20,16	9,86	25,50	7,01	5,72	17,17	6,64	9,04

<sup>(1)</sup>Ciclo original: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 1999; Ciclo I: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 2000; Ciclo II: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 2001; ciclo III: Nossa senhora das dores, 2002; ciclo IV: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2003; ciclo V: Nossa senhora das dores , 2004; ciclo VI: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2005; ciclo VII; Frei Paulo, 2006; ciclo VIII: 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.