

# ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 47 NA REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL

Milton José Cardoso<sup>1</sup>, Hélio Wilson Lemos de Carvalho<sup>2</sup>, Manoel Xavier dos Santos<sup>3</sup> e Evanildes Menezes de Souza<sup>4</sup>

**Palavras-chave:** *Zea mays*, melhoramento intrapopulacional, ganho genético

## Introdução

A deficiência hídrica causada por períodos de estiagem e por distribuição irregular de precipitação pluvial são fatores limitante para obtenção de boas produtividades de grãos de milho no Meio-Norte brasileiro, principalmente, na região semi-árida do Piauí. Nesse sentido é importante a inclusão, nos sistemas de produção, de variedades de ciclo precoces e superprecoces.

A rede de avaliação de variedades e híbridos de milho em execução no Meio-Norte já identificou materiais precoces e superprecoces, a exemplo da população CMS 47 (Cardoso et al., 1997), sendo por isso contemplada para ser incorporada ao programa de melhoramento intrapopulacional em realização na região, visando à obtenção de um material superprecoce capaz de proporcionar melhorias nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, principalmente, nas áreas do semi-árido.

O presente trabalho teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos da população de milho CMS 47 quando submetidas a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos nos diferentes ambientes.

## Material e Métodos

A população CMS 47 tem como características principais a superprecocidade, baixas alturas de planta e de inserção da primeira espiga e tipo de grão semiduro.

Foram realizados os ciclos original, I e II de seleção, entre e dentro de progênies de meios-irmãos, nos municípios de Teresina e Parnaíba, no decorrer dos anos agrícolas de 2000, 2001 e 2002.

---

<sup>1</sup>Eng. Agrôn., D.Sc., Embrapa Meio-Norte, Caixa Postal 01, CEP: 64006-220, Teresina-PI. E-mail: milton@cpamn.embrapa.br

<sup>2</sup> Eng. Agrôn., M. Sc, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, Caixa Postal 44, CEP 49001-970, Aracaju-SE. E-mail: helio@cpatc.embrapa.br

<sup>3</sup> Eng. Agrôn., D.Sc., Embrapa Milho e Sorgo, Caixa Postal 152, CEP: 35701-970, Sete Lagoas-MG. E-mail: xavier@cnpms.embrapa.br

<sup>4</sup>Estagiária Embrapa/UFS, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, Caixa Postal 44, CEP 49001-970, Aracaju-SE. E-mail: eva@cpatc.embrapa.br

Nos três ciclos de seleção, as progênies foram avaliadas em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0m de comprimento, a espaços de 0,80m e 0,20m entre covas, nas fileiras. Foram colocadas três sementes por cova, deixando-se uma planta por cova, após o desbaste. Foi praticada intensidade de seleção de 10%, entre e dentro de progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento, dentro do mesmo ano agrícola, onde foram selecionadas 196 novas progênies de meios-irmãos para iniciar o ciclo seguinte de seleção.

Em todos os ensaios foram tomados o peso de espigas, os quais foram ajustados para o nível de 15% de umidade. Realizou-se, inicialmente, a análise de variância por local, obedecendo-se ao modelo em blocos ao acaso. Posteriormente, procedeu-se a análise de variância conjunta, obedecendo-se aos critérios de homogeneidade dos quadrados médios residuais (Pimentel-Gomes, 1990).

As estimativas dos componentes de variância foram baseados nas esperanças dos quadrados médios para blocos casualizados, sendo obtidas pelas expressões apresentadas por Vencovsky & Barriga (1992).

### Resultados e Discussão

Nos três ciclos de seleção foram detectadas diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) entre as médias de progênies, indicando a presença de variabilidade genética entre elas (Tabela 1). Em todos os ciclos também foi significativo ( $P < 0,01$ ) a interação progênies x ambientes, mostrando, assim, os comportamentos diferenciados das progênies nos ambientes (Tabela 1).

**Tabela 1.** Quadrados médios das análises de variância conjuntas das médias de produção de espigas da população de milho CMS 47 e coeficientes de variação, em três ciclos de seleção. Piauí, 2000 a 2002.

Fontes de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios		
		Ciclo original	Ciclo I	Ciclo II
Progênies	195	426,24**	888,57**	412,97
Progênies x locais	195	359,49**	722,66**	253,93
Erro médio	390	100,83	205,37	136,95
C.V. (%)		11,31	10,35	9,74

\*\*Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

As produtividades médias de espigas obtidas nas progênies avaliadas foram de 4.406 kg/ha (ciclo original), 6.837 kg/ha (ciclo I) e 5.136 kg/ha (ciclo II), o que evidencia o alto potencial produtivo da população CMS 47 (Tabela 2). Essas médias correspondem a - 18%, - 18 e - 5% em relação às produtividades de espigas obtidas com a variedade testemunha

Asa Branca, nos ciclos original, I e II, respectivamente. As progênies selecionadas produziram - 1%, - 3% e 9% em relação a referida testemunha, evidenciando que progênies mais produtivas foram obtidas no ciclo II.

**Tabela 2.** Produtividade média de espigas das testemunhas Asa Branca e das progênies avaliadas e selecionadas nos ciclos original, I e II e médias ajustadas das progênies avaliadas em relação à testemunha. Piauí, 2000 a 2002.

Material	Produtividade média (kg/ha)	Média ajustada (kg/ha)	Porcentagem com relação à testemunha
<b>Ciclo original</b>			
Asa Branca	5.382		-
Progênies avaliadas	4.406	5.398	82
Progênies selecionadas	5.325		99
Amplitude de variação	2955 a 5.609		
<b>Ciclo I</b>			
Asa Branca	8.340		-
Progênies avaliadas	6.837	4.871	82
Progênies selecionadas	8.113		97
Amplitude de variação	4734 a 8.444		
<b>Ciclo II</b>			
Asa Branca	5.400		-
Progênies avaliadas	5.136	6.110	95
Progênies selecionadas	5.893		109
Amplitude de variação	3.843 a 6.164		

As estimativas dos parâmetros genéticos, em todos os ciclos de seleção, constam na Tabela 3, podendo-se averiguar que houve um acréscimo da variabilidade do ciclo original para o ciclo I, com estabilização do ciclo II. Isto não é esperado, pois resultados relatados por diversos autores têm mostrado uma redução do ciclo original em relação ao ciclo I, com posterior estabilização nos demais ciclos (Santos & Naspolini, 1986; Carvalho et al., 2000a, 2000b e 2000c).

**Tabela 3.** Estimativas obtidas referentes à variância genética entre progênies ( $\sigma^2_p$ ), variância genética aditiva ( $\sigma^2_A$ ), variância da interação progênies x locais ( $\sigma^2_{pxl}$ ), coeficientes de herdabilidade no sentido restrito de médias de progênies ( $h^2m$ ) e quanto à seleção massal ( $h^2$ ), coeficientes de variação genética (C.Vg), índices de variação B e ganhos genéticos entre e dentro de progênies de meios-irmãos (Gs), considerando-se o caráter peso de espigas, para a população CMS 47, em três ciclos de seleção. Piauí, 2000 a 2002.

	$\sigma^2_p$	$\sigma^2_A$	$\sigma^2_{pxl}$	$h^2m$	$h^2$	C.Vg	B	Gs entre <sup>1</sup>		Gs dentro <sup>1</sup>	
	(g/planta)				%			(g/planta)	%	(g/planta)	%
Ciclo 0	16,8	67,2	129,3	15,7	6,8	4,6	0,4	2,8	3,1	1,3	1,4
Ciclo I	41,5	166,0	259,0	18,7	9,0	4,7	0,5	4,9	3,5	2,9	2,1
Ciclo II	40,0	160,0	58,5	38,5	15,1	???	0,5	6,9	5,7	3,6	3,0

<sup>1</sup>Para cada ganho genético entre e dentro de progênies considerando-se a relação  $\sigma^2_d = 10\sigma^2_e$ .

As estimativas da variância genética aditiva obtidas (Tabela 3) enquadraram-se no levantamento relatado por Ramalho (1977) e foram coerentes com as encontradas por Carvalho et al. (2000 b e 2000 c), com os ciclos I e II das populações CMS 453 e CMS 52, respectivamente, também realizados na média de dois locais, ressaltando a variabilidade genética na população CMS 47.

As estimativas da variância da interação progênes x locais (Tabela 3) evidenciaram grande divergência entre os locais, principalmente nos ciclos original e I. Para Hallauer & Miranda Filho (1988) esse componente das variâncias pode atingir mais de 50% da variância genética entre progênes, e as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicas obtidas em apenas um local são superestimados, pela existência do componente da variação resultante da interação progênes x local, que não pode ser isolado.

Os valores dos coeficientes de variação no sentido restrito com médias de progênes de meios-irmãos ( $h^2m$ ) superaram os obtidos nas próprias plantas ( $h^2$ ), em todos os ciclos de seleção, o que indica que a seleção com média de progênes de meios-irmãos deve ser mais eficiente que a seleção massal. Essa evidência tem sido observada em outros trabalhos (Sawazaki, 1979 e Carvalho et al., 2000 a, 2000 b e 2000 c).

As estimativas obtidas dos coeficientes de variação genético e dos índices B (Tabela 3) expressaram a variabilidade da população CMS 47. Para Vencovsky & Barriga (1992), quando o coeficiente B atinge o valor de 1,0 ou mais, na experimentação com progênes de meios-irmãos, indica uma situação mais favorável a seleção. Contudo, deve-se salientar que as estimativas obtidas pela seleção realizada em mais de um local, estando, assim, pouco influenciadas pela interação progênes x locais, atingem valores inferiores, conforme tem sido observado por Carvalho et al., (2000 b e 2000 c).

Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro de progênes foram 3,1% e 1,4%, totalizando 4,5%, no ciclo original, 3,5% e 2,1, totalizando 5,6%, no ciclo I e, 5,7% e 3,0%, totalizando 8,7%, no ciclo II. Na média dos três ciclos, obteve-se um ganho estimado de 6,3%. Tais estimativas evidenciaram o potencial genético dessa população em responder à seleção. Vários trabalhos na literatura têm relatado progressos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos e uso de sementes remanescentes, sendo, porém, um ciclo completado em dois anos (Webel & Lonquist, 1967; Paterniani, 1968). Os resultados obtidos neste trabalho foram relativamente concordantes com os detectados pelos autores supracitados, devendo-se, no entanto, chamar atenção para a sua superioridade quando são feitas comparações de um ano para dois anos.

Considerando que as diferenças entre as médias da testemunha Asa Branca refletiram as diferenças ambientais e interação de um ciclo para outro, pode-se ajustar as médias dos ciclos das progênes avaliadas, para torná-las comparáveis. Assim, o ganho acumulado obtido nos três ciclos de seleção foi de 712 kg/ha, equivalente a 13,2%, o que fornece um

ganho ciclo/ano de 237 kg/ha, correspondente a 4,4%. Segundo Sawazaki (1979), na maioria dos casos existe concordância entre os valores do ganho obtido e do ganho esperado, a exemplo de Segóvia (1976) que obteve um ganho esperado de 3,25% e um observado de 3,3%.

### **Conclusão**

- 1- Associando-se o bom potencial para a produtividade das progênes da população CMS 47 às magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos, infere-se que há grandes possibilidade de obter respostas à seleção para aumento de produtividade de espiga com o desenvolver de novos ciclos de seleção.
- 2- A população CMS 47 constitui-se em alternativa importante para a Região Meio-Norte, principalmente, do semi-árido.

### **Referências Bibliográficas**

CARDOSO, M. J.; CARVALHO, H. W. L. de.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M. X. dos e LEAL, M. de L. da S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Estado do Piauí no biênio 1993/94. **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 2, n. 1, p. 35-44, 1997.

CARVALHO, H. W. L. de.; GUIMARÃES, P. E. de O.; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P.C. L. de .; SANTOS, M. X. dos. Avaliação de progênes de meios-irmãos da população de milho CMS 453 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35,n.8, p.1577-1584,2000b.

CARVALHO, H. W. L. de.; LEAL, M. de L. da S.; GUIMARÃES, P. E. de O.; SANTOS, M. X. dos e CARVALHO, P.C. L. de. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos da população de milho CMS 52. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35,n.8, p.1624-1628, ,2000c.

CARVALHO, H. W. L. de.; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos.; PACHECO, C.A.P. Potencial. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35,n.6, p.1169-1176, 2000a.

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

PIMENTEL-GOMES, F. Curso de estatística experimental. Piracicaba: Livraria Nobel S.A., 13<sup>a</sup> ed., 1990. 467p.

PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays L.*)**. Piracicaba: ESALQ, 1968. 92p. Dissertação de Mestrado.

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.

SANTOS, M. X dos.; NASPOLINI FILHO. W. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no milho (*Zea mays L.*) Dentado Composto Nordeste. **Revista Brasileira de Genética** , Ribeirão Preto, v.9, n.2, p.307-3019, 1986.

SAWAZAKI, E. **Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para a produção de grãos no milho IAC Maia**. 99p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 1979.

SEGOVIA, R.T. **Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays L.*)Centalmex**. 98p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz. Piracicaba. 1976.

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

WEBEL, O.D.; LONQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays L.*). **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 651-655, 1967.