

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS DA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 14 NO ESTADO DO AMAPÁ¹

Emanuel da Silva CAVALCANTE²
João Tomé de FARIAS NETO³

RESUMO: Com o objetivo de aumentar a frequência de alelos favoráveis e estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos de algumas características, a população de milho CMS 14 foi submetida ao primeiro ciclo de seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos. Avaliaram-se duzentas progênies, em dois látices simples. O espaçamento utilizado foi de 1,0 m x 0,40 m, para parcelas de 5,2 m com 26 plantas, correspondendo a uma densidade de 50 000 plantas por hectare. Foram detectadas diferenças altamente significativas entre as progênies para os caracteres avaliados, indicando a presença de variabilidade genética. As altas estimativas dos parâmetros genéticos para produção de grãos, como a variância genética aditiva [$1028,77(\text{g/planta})^2$], coeficiente de herdabilidade (64,0%) e coeficiente b (1,03), associado à alta média de produtividade das progênies são indicadores do grande potencial desta população em um programa de melhoramento. O ganho para produção de grãos com a seleção das 20 progênies superiores foi de 29,08%

TERMOS PARA INDEXAÇÃO: *Zea mays*, Melhoramento Intrapopulacional, Herdabilidade, Ganho Genético, Variância Genética Aditiva

EVALUATION OF HALF-SIB PROGENIES OF THE POPULATION OF MAIZE CMS 14 IN STATE OF AMAPÁ

ABSTRACT: With the objective to increase the frequency of favorable allele and to estimate the genetic and phenotypics parameters of some characteristics, the population of maize CMS 14 was subjected to the first cycle of selection between and inside prohenies of half brothers. Two hundred progenies were evaluated in two simple látice 10 x 10. The used spacing was of 1.0m x 0.40m, for plots of 5.2m with 26 plants and a density of 50.000 plants for hectare. Highly significant differences were detected between the progenies for the evaluated characters indicating the presence of genetic variability. The high estimates of the genetic parameters for production of grains, like the genetic additive variance [$1028.77 (\text{g/plant})^2$], coefficient of heritability (64.0%) and b coefficient (1.03), associated to the high average of productivity of the progenies are indicating of the great potential

¹ Aprovado para publicação em 16.02.2006

² Engenheiro Agrônomo, M.Sc., Pesquisador da Embrapa Amapá. E-mail: emanuel@cpafap.embrapa.br

³ Engenheiro Agrônomo, Dr., Pesquisador da Embrapa Amazônia Oriental . E-mail: tome@cpatu.embrapa.br

of this population in an improvement program. The profit for production of grains with the selection of the twenty upper progenies was of 29.08%

INDEX TERMS: *Zea mays*, Intrapopulation Breeding, Heritability, Genetic Gain, Additive Genetic Variance.

1 INTRODUÇÃO

A utilização de cultivares de milho adaptadas aos diferentes tipos de clima, solos e sistemas de produção é essencial para alcançar alta produtividade. No Brasil são utilizados dois tipos de cultivares de milho: as variedades e os híbridos. As variedades melhoradas possibilitam fornecer ao agricultor sementes de baixo custo e mais produtivas que as variedades locais, além de poderem ser reproduzidas pelo próprio produtor, desde que tomados alguns cuidados, como, por exemplo, o isolamento de outras variedades. Essas variedades podem, ainda, apresentar maior estabilidade de produção, mas são inferiores aos híbridos em produtividade.

No estado do Amapá a cultura do milho é predominantemente de subsistência, pois seu cultivo é feito por pequenos produtores rurais que são caracterizados pelo baixo poder aquisitivo e pelo baixo nível tecnológico utilizado. As cultivares locais de milho possuem um potencial genético produtivo bastante limitado, além de apresentarem altura de plantas e espiga muito alta, com susceptibilidade ao acamamento e quebramento (CAVALCANTE; BARRIGA; MONTEIRO FILHO, 1982). Portanto, o desenvolvimento e a difusão de novas cultivares de porte baixo, resistentes ao acamamento, de alto potencial produtivo

e adaptadas às condições locais podem aumentar substancialmente a produtividade da cultura, além das sementes dessas cultivares se constituírem em insumos baratos e acessíveis para os produtores e as tecnologias serem de fácil adoção. Desse modo, a partir de 1982, foram introduzidos através do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo diversos germoplasmas de milho, os quais foram avaliados e, posteriormente, a população CMS 14 foi selecionada por apresentar características desejáveis quanto à altura da planta e espiga, além de bom potencial produtivo (CAVALCANTE; ALBUQUERQUE, 1985).

O conhecimento do nível de variação genética de uma população, por meio da estimação dos diversos parâmetros genéticos, é de grande valia e relevância para os melhoristas porque permite direcionar as estratégias de melhoramento a serem adotadas, de modo a maximizar os ganhos genéticos e avaliar a viabilidade da continuação de um programa de melhoramento (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). No Brasil, o método de seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos tem sido o mais usado no melhoramento intrapopulacional de milho, o qual permite estimar a variância genética aditiva, a herdabilidade e o progresso genético esperado por meio da seleção (SOUZA JÚNIOR, 1983).

Diversos trabalhos têm apresentado ganhos genéticos com o emprego da seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos em milho e, também, focado sobre a magnitude da variância genética aditiva (PATERNIANI, 1967; RAMALHO, 1977; CRISÓSTOMO, 1977). Em amplo levantamento realizado por Ramalho (1977), os valores da variância genética aditiva oscilam de 41,0 a 758,0 (g/planta)², com uma média de 320,0 (g/planta)². Hallauer e Miranda Filho (1988) encontraram um valor médio para 99 estimativas de 469,1(g/planta)².

Diante do exposto, a Embrapa Amapá, visando oferecer ao produtor material adaptado de milho às condições de terra firme, iniciou um programa de melhoramento genético. O objetivo do presente trabalho compreende a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos da população de milho CMS 14, com o emprego da seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

A população CMS 14 foi formada a partir da recombinação de 90 progênies

S₁, selecionadas entre 1 100 progênies da população Pool 25 e avaliadas em solos sob vegetação de cerrado, na Embrapa- Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), em Sete Lagoas - MG.

A pesquisa teve início em 1998, sendo a população CMS 14 submetida inicialmente a dois ciclos de seleção massal estratificada. Foram extraídas duzentas famílias de meio-irmãos com base em boas características de altura da planta e espigas, resistência ao acamamento e empalhamento.

As progênies foram avaliadas no Campo Experimental do município de Mazagão (AP), cujas características químicas encontram-se na Tabela 1, em dois experimentos tipo látice simples 10 x 10, no espaçamento de 1,0m x 0,40m, com duas plantas por cova após o desbaste e parcelas representadas por uma fileira de 5,2 metros lineares, correspondendo a uma densidade de 50 mil plantas por hectare. A adubação constou de 19 - 19- 19 kg/ha de nitrogênio (uréia), fósforo (superfósforo triplo) e potássio (cloreto de potássio), respectivamente, sendo o nitrogênio parcelado em duas vezes iguais, na semeadura e 30 dias após.

Tabela 1- Análise química do solo da área experimental obtida no Campo Experimental do Mazagão, nos primeiros 20cm de profundidade. Embrapa Amapá, Macapá-(AP), 2000/2001.

Ph	K	Ca + Mg	Al	H	SB	CTC	V	M	MO	P
H ₂ O			mmolc/dm ³					%	g/dm ³	mg/dm ³
5,7	0,6	18	2	24	18,6	45	41	7	22	4

Embora tenham sido tomados dados de vários caracteres agrônômicos, foram analisados estatisticamente somente os caracteres altura da planta e espiga e peso de grãos. O caráter peso de grãos foi corrigido para um grau de unidade padrão de 14,5% e para um estande ideal de 50.000 plantas/ha, por meio da correção para estande inicial, conforme descrito por Vencovsky e Barriga (1992).

As análises de variância foram realizadas inicialmente para cada experimento, segundo método proposto por Cochran e Cox (1957), para látice, com todos os efeitos considerados aleatórios, com exceção da média. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 1997).

Os Quadrados Médios foram examinados quanto à homogeneidade, obedecendo-se ao critério de relação máxima igual a quatro para o quociente entre a maior e a menor variância residual (BOX, 1954). Em seguida foi realizada análise agrupada da variância, onde os Quadrados Médios ponderados foram obtidos pelo quociente entre o somatório das Somas de Quadrados e o somatório dos Graus de Liberdade, conforme metodologia adotada por Basso (1987).

Procedeu-se a transformação dos Quadrados Médios (QM) das características analisadas ao nível de totais por parcelas (peso de grãos) e médias por parcelas (altura da planta e espiga) pelo nível de indivíduo, dividindo-se ou multiplicando-se os respectivos QM pelo número de plantas na parcela (n).

Os componentes da variância e os parâmetros genéticos para produção de grãos,

como os coeficientes de variação genética (CV_g), relação CV_g / CV_e , e herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) entre médias de progênies foram calculados conforme Vencovsky e Barriga (1992). Com base nas esperanças matemáticas dos Quadrados Médios para blocos casualizados, utilizaram-se os QM de tratamentos ajustados e o erro efetivo do látice, como proposto por Viana e Silva (1978). As estimativas dos progressos genéticos esperados com a seleção ($G_s\%$) foram estimadas adotando-se uma intensidade de seleção de 10% entre progênies (vinte progênies selecionadas).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo das análises de variância por experimento foi inferior a quatro, indicando que a precisão experimental entre os experimentos não foi discrepante.

As análises de variância mostraram que foram encontradas diferenças significativas entre progênies pelo teste F a 1% de probabilidade para todas as características analisadas (Tabela 2), indicando a presença de variabilidade genética entre elas. Este fato, aliado ao bom desempenho produtivo das progênies, que produziram em média 3 772 kg/ha de grãos (Tabela 3), com ampla variação de 1 087 a 6 517 kg/ha, indicam perspectivas favoráveis para obtenção de ganho por meio da seleção. Os coeficientes de variação experimental (CV) estão dentro dos limites encontrados na literatura com a cultura do milho (SCAPIM; CARVALHO; CRUZ, 1995).

Tabela 2 - Resumo da análise de variância agrupada de algumas características agrônômicas da população de milho CMS 14. Embrapa Amapá, Macapá (AP) 2001/2002.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade	Quadrados Médios (ao nível de indivíduos)		
		Altura da planta (cm)	Altura da espiga (cm)	Produção de grãos (g/pl)
Progênes	198	17 535,24**	9 453,00**	18 893,37**
Erro efetivo	162	9 410,30	3 844,00	6 033,72
CV %		8,35	7,58	19,54

** : significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F.

Na Tabela 3 estão apresentadas as médias do ensaio e das progênes selecionadas para as características dias de florescimento masculino, a altura da planta e espiga, porcentagem de plantas acamadas e quebradas e produção de grãos. Nota-se, pelos diferenciais de seleção, que a prática da seleção na população promoveu mudança nas direções

desejadas para as características porcentagem de plantas acamadas e quebradas. Destaque especial se deu para a característica produção de grãos, onde se verificou um diferencial de seleção de 1 714 kg/ha. Mudanças desfavoráveis ocorreram para as características altura da planta e espiga e no sincronismo de florescimento.

Tabela 3 - Caracterização da população de milho CMS 14, segundo alguns parâmetros fenotípicos. Embrapa Amapá, Macapá (AP) 2001/2002.¹

Média	FM (dias)	AP (cm)	AE (cm)	AC (%)	QU (%)	PG (kg/ha)
Geral	55	194	111	1,65	6,66	3772
Selecionadas	54	205	114	1,0	4,60	5486
DS	-1	+11	+3	-0,65	-2,06	+1714

¹FM: florescimento masculino; AP: altura da planta; AE: altura da espiga; AC: porcentagem de plantas acamadas; QU: porcentagem de plantas quebradas; PG: produção de grãos (kg/ha).

As estimativas dos parâmetros genéticos constam na Tabela 4. A estimativa da variância genética aditiva (σ^2_A) encontrada

para produção de grãos, [1028,77 (g/planta)²], explica as variações fenotípicas e o ganho esperado com a seleção de 29,08%.

Este valor de σ^2_A superou os relatados na literatura, conforme as estimativas encontradas por Aguiar (1986), Pacheco (1987) e Carvalho et al., (1994), que oscilaram de 9,60 a 758,00 (g/planta)² e foi inferior à encontrada por Carvalho et al., (1998) de 1477,7(g/planta)² e evidencia o grande potencial dessa população em responder à seleção e a perspectiva de sucesso com a continuidade do programa de melhoramento. As considerações feitas até agora podem ser consubstanciadas pelas estimativas de outros parâmetros. O coeficiente de herdabilidade entre progênies (h^2_p), da ordem de 64,0 %, e o coeficiente b (1,03) superior à unidade revelam alta proporção de varia-

ção genética, ou seja, boa condição para se selecionar genótipos superiores, conforme sugere Vencovsky (1978).

Mesmo com a possibilidade de os parâmetros genéticos estarem superestimados pelo componente da interação genótipos x ambientes, em virtude de as progênies terem sido avaliadas em apenas um ambiente, os ganhos esperados com a seleção (Gs%) são altamente promissores para peso de grãos. A média esperada no próximo ciclo de seleção, em função do diferencial de seleção e do coeficiente de herdabilidade, é de 4 869 kg/ha.

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros genéticos para produção de grãos da população de milho CMS 14. Embrapa Amapá, Macapá (AP) 2001/2002.¹

Característica	σ^2_A	b	h^2_p (%)	Gs%	X _o	X _s
Produção de grãos (g/pl)	1028,77	1,03	64,0	29,08	3772	5.486

¹ σ^2_A : variância genética aditiva; b: CV_g / CV_e ; h^2_p : herdabilidade no sentido restrito para progênies de meios irmãos; Gs%: ganho esperado com a seleção; X_o: média das 200 progênies; X_s: média esperada no próximo ciclo.

4 CONCLUSÃO

O primeiro ciclo de seleção entre progênies de meios irmãos na população CMS 14 permitiu uma redução nas médias de características agrônômicas importantes, como a porcentagem de plantas

acamadas e quebradas, e o aumento da produção de grãos, confirmando o potencial genético dessa população na continuidade do programa de melhoramento genético.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, P.A. de. *Avaliação de progênies de meio-irmãos da população de milho CMS 39 em diferentes condições de ambiente*. 1986. 68p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura de Lavras, 1986.

BASSOI, M.C. *Avaliação de progênies de meio-irmãos de milho (Zea mays L.) em função do tipo de endosperma*. 1987. 127p. (Dissertação em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1987.

BOX, G.E.P. Some theorems on quadratic forms applied in the study of analysis of variance problems. *Annual Mathematic Statistic*, v.25, p.290-320, 1954.

CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos na população de milho BR 5208- São Francisco, no Nordeste Brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v.29, n.11, p.1727-1733, 1994.

_____; _____; _____; _____; _____. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 no nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v.33, n.5, p. 713-720, 1998.

CAVALCANTE, E. da S.; ALBUQUERQUE, G.C.A. *Melhoramento da população de milho CMS 14*. Macapá:Embrapa-UEPAT de Macapá, 1985. 2p. (Pesquisa em Andamento, 48).

CAVALCANTE, E. da S.; BARRIGA, R.H.M.P.; MONTEIRO FILHO, E. dos S. *Ensaio de competição regional de milho no Território Federal do Amapá*. Macapá:EMBRAPA -UEPAT de Macapá, 1982. 3p. (Pesquisa em Andamento, 1).

COCHRAN, W.G.; COX, G.M. *Experimental designs*. 2nd ed. New York: J. Wiley, 1957. 661p.

CRISÓSTOMO, J.R. *Estimação de parâmetros genéticos visando seleção em dois compostos de milho (Zea mays L.)*. 1977. 71p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1987.

CRUZ, C.D. *Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa (MG): UFV, 1997. 442p.

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

PACHECO, C.A.P. *Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS 39 em diferentes condições de ambiente: 2º ciclo de seleção*. 1987. 109 p. Dissertação (Mestrado) – ESALQ, Lavras, 1987.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian populations of maize (*Zea mays L.*). *Crop Science*, v. 7, p.212-216, 1967.

RAMALHO, M.A.P. *Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas*. 1977. 122p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1977.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P. de; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v.30, n.5, p.683-686, 1995.

SOUZA JÚNIOR, C.L. *Variabilidade genética em milho (Zea mays L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional*. 1983.151p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1983.

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

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

VIANNA, R.T.; SILVA, J.C. Comparações de três métodos estatísticos de análise de variância em experimentos em lattice em milho (*Zea mays* L.). *Experientiae*, Viçosa (MG), v.48, p.21-41, 1978.