

**MELHORAMENTO DA POPULAÇÃO DE MILHO SINTÉTICO
ELITE NT PARA SOLOS POBRES EM NITROGÊNIO.
I. PARÂMETROS GENÉTICOS DE PRODUÇÃO.**

**Manoel Xavier dos Santos, Paulo Evaristo O. Guimarães, Cleso
A. Patto Pacheco, Gonçalo E. França, Sidney N. Parentoni,
Elto E. Gomes e Gama, Maurício A. Lopes**

RESUMO

A população de milho Sintético Elite NT foi desenvolvida para melhorar seu potencial genético de produção em solos com baixa disponibilidade de nitrogênio (N-) e observar seu nível de resposta em solos férteis (N+). Após o ciclo original de seleção procurou-se verificar, através das estimativas dos parâmetros genéticos, sua variabilidade genética nos ambientes (N+) e (N-). Esta população foi formada a partir de 10 linhagens elites selecionando-se, na terceira recombinação e em N-, famílias de meios irmãos (FMI) com sincronia de florescimento masculino e feminino, em uma densidade de 100.000 plantas/ha. No ano agrícola de 1994/95 as 144 FMI foram avaliadas em Sete Lagoas, nos ambientes N+ e N-, sendo que nenhuma adubação foi feita no solo N-. O delineamento experimental utilizado foi látice simples 12 x 12 e a parcela foi formada por uma fileira de 5 metros no espaçamento de 0,90m entre fileiras e 0,20m entre plantas dentro de fileiras. Utilizou-se como testemunha intercalar a variedade BR 106, que sempre foi melhorada em ambientes férteis. A média geral de peso de espigas das famílias avaliadas em N+ foi de 4.511 kg/ha e em N- foi 3.237 kg/ha, ocorrendo uma redução de produtividade de espigas de 27,14% em N-, enquanto que a variedade melhorada BR 106 o decréscimo da produtividade de N+ para N- foi de 65,80%. Esses resultados mostram que a melhor estratégia para desenvolver materiais adaptados ao estresse de nitrogênio é praticar seleção dentro do ambiente que tem a limitação desse nutriente. A análise de variância mostrou significância estatística para tratamentos em ambos ambientes ($F < 0,01$) indicando haver diferenças genéticas entre famílias. Os parâmetros genéticos estimados revelaram variabilidade genética suficiente para se conseguir progressos com a continuidade do programa de melhoramento em ambos ambientes, sendo que N- os valores obtidos foram

mais baixos. Em N- a estimativa da variância genética aditiva foi 567,50 (g/pl)² correspondendo a 46,62% e, relação a N+. A estimativa para o progresso genético esperado em N- foi de 12,78 (g/pl) e corresponde a 66% em relação a N+. O melhoramento em ambiente com estresse acompanhado de seleção para sincronia de florescimento masculino e feminino pode aumentar a eficiência da seleção.

Termos para indexação: Seleção baixo N, variabilidade genética, milho.

INTRODUÇÃO

Os fatores dos solos que podem reduzir o desenvolvimento das plantas são geralmente previsíveis e podem ser modificados por alterações químicas ou físicas para atender os requerimentos das culturas. Estima-se que dos 14 bilhões de hectares de terra no mundo apenas 1% é considerada como adequada para a agricultura, enquanto que 20,7% tem limitações decorrentes de problemas de estresse mineral (Dudal, 1976). De acordo com Lafitte e Edmeades (1988), a disponibilidade de N é o principal fator limitante da produção em mais de 20% da superfície arável da terra. A aplicação de fertilizantes nitrogenados pode corrigir esta limitação, mas os altos custos deste insumo e a incerteza do retorno econômico, principalmente, em regiões de clima tropical constituem-se em fatores de alto risco para os produtores. Por outro lado, a crescente participação do preço de fertilizantes no custo final da produção tem levado a uma intensificação na busca de tecnologias que possibilitem aumentar a eficiência do uso dos nutrientes pelas plantas (Furlani *et al.*, 1985). Esta situação torna-se mais agravante para os pequenos produtores, haja vista que não dispõem de recursos financeiros e tão pouco têm acesso aos financiamentos do governo. A alternativa para atender esta demanda e diminuir o impacto da deficiência do N disponível no solo na produção do milho é selecionar genótipos superiores no uso deste nutriente, uma vez que há diversos relatos na literatura que mostram a existência de variabilidade genética.

Os programas tradicionais de melhoramento geralmente não efetuam seleção em ambientes pobres de N, visto que nessa situação a variação ambiental é muito alta e conseqüentemente reduz a herdabilidade para o caráter produção (Blum, 1988). Esta é a principal

razão pela qual a seleção tem sido efetuada em condições ótimas, mas também não está claro para Clark e Duncan (1991) que esta é a melhor estratégia para selecionar materiais com especificidade para ambientes que têm limitação de nitrogênio.

Segundo relatos da literatura, existe variação genética entre linhagens avaliadas sob baixas condições de N no solo (Balko e Russel, 1980), entre cultivares tropicais (Thiraporn *et al.* (1987) e mesmo dentro de cultivares (Lafitte e Edmeades, 1994 a,b). Há também resultados experimentais mostrando que a seleção em uma população de milho tropical foi eficiente em condições de estresse de N e ineficiente para produção de grãos em altos níveis de N (Muruli e Paulsen, 1981). Em germoplasma de clima temperado, Moll *et al.*, (1987) observaram que os materiais selecionados para eficiência no uso do nitrogênio produziram bem em altos níveis, mas não podiam ser separados da parte não selecionada em baixo nível de N.

Recomendações têm sido feitas no sentido de melhorar a eficiência da seleção em ambientes com baixo N através do uso de correlações com características secundárias uma vez que são menos influenciadas pelo ambiente. A dificuldade em medir com rapidez e precisão essas características tem, no entanto, limitado sua utilização como sendo uma rotina nos programas de melhoramento (Beauchamp *et al.*, 1976 e Clark, 1982).

Assim sendo, o presente trabalho teve por objetivo avaliar uma população de milho desenvolvida para solos pobres em N, procurando-se verificar seu potencial genético em dois ambientes (com e sem estresse de nitrogênio) e determinar as estimativas dos parâmetros genéticos para o caráter peso de espigas.

MATERIAL E MÉTODOS

O processo de formação da população de milho Sintético Elite NT foi iniciado em 1987 com a seleção das dez melhores linhagens do programa de melhoramento do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS). Realizou-se um dialélico completo com as linhagens e na colheita foram retiradas quantidades iguais de sementes de cada cruzamento as quais foram misturadas e plantadas para a obtenção da primeira recombinação. A segunda e terceira recombina-

nação foram realizadas em 1989 e 1990, respectivamente, plantando-se em campos isolados e tomando-se uma amostra balanceada de cada espiga selecionada. Na terceira recombinação foram escolhidas 400 progênies S_1 as quais foram avaliadas em solo fértil (N+) e solo pobre em nitrogênio (N-). As 10% melhores famílias passaram por duas recombinações em solos com N+ , sendo a terceira recombinação realizada em 1993 em um solo com N- e na densidade de 100.000 plantas/ha. Nessa recombinação foram selecionadas plantas competitivas e que apresentavam sincronia de florescimento masculino e feminino. Diariamente foram tomados de 50 pendões, no mínimo, que se encontravam protegidos, misturava-se o pólen e efetuava-se a polinização nas plantas que tinham sincronia de florescimento. Foram selecionadas 144 famílias de meios irmãos (FMI) para avaliação em dois ambientes: solo fértil (N+) e solo pobre (N-) no município de Sete Lagoas-MG, Brasil (latitude 19 28 S e longitude 44 15 W). As características destes solos são mostradas na Tabela 1. Estes solos são classificados como latossolos vermelho escuro, distróficos e de textura argilosa.

Os experimentos foram implantados na época normal das chuvas e o delineamento utilizado foi o látice simples 12 x 12, tendo como testemunha intercalar a variedade comercial BR 106. No ambiente N+ a adubação de base foi com 400 kg/ha da formulação 4-14-8 de N-P-K e na adubação de cobertura foi aplicado 60 kg de N/ha. No ambiente N- não foi utilizada nenhuma adubação. A parcela experimental foi formada por uma fileira de 5m de comprimento com espaçamento de 0.90m entre fileiras e 0.20m entre plantas dentro de fileiras. Ambos experimentos sofreram um estresse de água no florescimento (veranico de 10 dias) mas não foi houve suplementação com irrigação. Na colheita foi tomado o peso de espigas de cada parcela e efetuada a determinação de umidade para posterior correção para 14,5%. A análise de variância para cada ambiente foi efetuada de acordo com a recomendação de Cochran e Cox (1957) e as estimativas dos parâmetros genéticos foram feitas segundo o método apresentado por Vencovsky (1978).

Após as análises individuais foram selecionadas, dentro de cada ambiente, as 20% FMI mais produtivas para verificar o índice de repetibilidade entre N+ e N-. O critério de seleção das 20% FMI para recombinação foi baseado no índice de repetibilidade entre os dois

ambientes e na média das melhores famílias no ambiente N- em função da produtividade média das 20% famílias selecionadas no ambiente N+.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 1 apresenta os resultados das análises dos solos em ambiente fértil (N+) e em ambiente com deficiência de nitrogênio (N-), podendo-se constatar que todos os elementos químicos foram altos em N+. No ambiente N- percebe-se que o Ca e P estão em um nível médio, o K em um nível baixo e o Mg em nível de alta fertilidade (Comissão, 1989). No ambiente N+ a cultura não sofreu estresse de nenhum elemento essencial ao seu desenvolvimento, visto que foram aplicados 76-42-32 kg/ha de N-P-K, respectivamente.

Verificando-se o teor de matéria orgânica no solo N- pode parecer que ele seja rico em N, mas sabe-se que a forma mais correta para se avaliar a disponibilidade do nitrogênio para as plantas é através da análise do nitrato e da amônia. Efetuando-se a soma desses valores, após a devida transformação, nota-se que equivale a 25 kg/ha de N na profundidade de 0 a 40cm, na densidade do solo de 0.98 g/cc. Considerando que 40 kg de N/ha é tido como um valor muito baixo, em termos de suprimento para as plantas, o ambiente N- onde o ensaio foi instalado estava bem abaixo do valor crítico.

Na Tabela 2 são apresentados os quadrados médios obtidos na análise de variância para cada ambiente, bem como o coeficiente de variação experimental. O teste F revelou significância a 1% de probabilidade para tratamentos em ambos ambientes (N+ e N-), indicando haver diferenças significativas entre os tratamentos avaliados. Os coeficientes de variação experimental foram altos para os dois ambientes. No ambiente N+ isto pode ser explicado devido ao estresse de umidade ocorrido no florescimento. No ambiente N-, valores deste natureza são normais (Blum, 1988) e resultados similares ou mais altos têm sido encontrados em ensaios que sofreram estresses ambientais (Parentoni *et al.*, 1992; Machado *et al.*, 1992; Gama *et al.*, 1994).

No ambiente N+ a amplitude de variação das famílias avaliadas foi de 2.380 kg/ha a 9.000 kg/ha, enquanto que no ambiente N- foi de

1.764 kg/ha a 5.447kg/ha. A produtividade média do peso de espigas das 20% famílias selecionadas em cada ambiente são mostradas na Tabela 3. Observa-se que treze famílias selecionadas são comuns aos dois ambientes, o que representa uma repetibilidade de 46%. A média geral das famílias avaliadas no ambiente N+ foi de 4.511kg/ha e em N- foi de 3.287 kg/ha, constatando-se uma redução de produtividade em N- de 27,14 %. Esse valor ficou bem próximo ao encontrado por Resende (1989) em avaliações de famílias em solos contrastantes para alumínio e bem mais baixo em relação ao encontrado por Lafitte e Edmeades (1994 a) em avaliações com famílias de irmãos germanos em solos com baixo e alto N. A explicação para este fato pode ser devido a seleção praticada ter sido feita para famílias que apresentavam sincronia de florescimento masculino e feminino, uma vez que esta característica está associada com a quantidade de biomassa da espiga (Edmeades *et al.*, 1993).

Observando-se a produtividade média da testemunha BR 106 nos dois ambientes, nota-se que em N- houve uma redução de produtividade de 65,8% em relação ao N+. Verificando-se a origem desta variedade (Santos *et al.*, 1994) percebe-se que foi selecionada em condições ideais de cultivo sem passar por nenhum tipo de estresse. Ainda que as produções sejam mais baixas em N-, conforme se observa na Tabela 3, o menor custo de produção nesse sistema pode compensar a desvantagem e ser viável, principalmente, para pequenos produtores de baixo poder aquisitivo. Essa viabilidade tem sido comprovada quando a produtividade da lavoura oscila de 500 a 1.000 kg/ha (Aspectos...1993).

Verifica-se, por outro lado, que a seleção em ambiente de estresse de N não reduziu o potencial genético das famílias quando avaliada em solo fértil, conforme foi constatado por Muruli e Paulsen (1981), mas está de acordo com os resultados obtidos por Resende (1989), Lafitte e Edmeades (1994 a,b) e confirma a suposição levantada por Clark e Duncan (1991).

Para que um programa de melhoramento tenha sucesso é necessário, no entanto, que exista variabilidade genética na população. A Tabela 4 mostra as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas para o caráter peso de espigas, considerando os ambiente fértil (N+) e com deficiência de nitrogênio (N-). A estimativa obtida

para a variância genética aditiva em N+ foi 1.217,284 (g/pl)² e em N- foi 567,500 (g/pl)². Para o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito a nível de plantas as estimativas foram 39,42 % e 33,43 %, enquanto que ao nível de média de famílias as herdabilidades foram 62,89 % e 58,78 %, respectivamente para os ambientes N+ e N-. Estas estimativas podem ser consideradas de médias a altas e não foram concordantes com a hipótese de Blum (1988) e indicam que a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos deve ser mais eficiente que a seleção massal.

As estimativas para o progresso genético esperado com seleção de 20 % entre famílias e de 10 % dentro de famílias foram de 19,37 (g/pl) para N+ e de 12,78 (g/pl) para N-. Resultados semelhantes também foram observados por Resende (1989), sendo que valores bem mais baixos foram obtidos para a variância genética aditiva, herdabilidades e progresso genético. Este fato pode ter ocorrido porque no ciclo original de seleção, como é o caso em questão, toda variabilidade genética livre é liberada (Ramalho, 1977), enquanto que a população trabalhada por Resende (1989) já havia passado por ciclos de seleção. Valores mais altos para a variância genética aditiva também foram encontrados em populações com ciclos iniciais de seleção (Goodman, 1965; Subandi e Compton, 1974) mostrando a quantidade de variação genética que podia ser explorada nos programas de melhoramento.

De um modo geral as estimativas das variâncias genéticas aditivas têm sido utilizadas para comparar a variabilidade entre populações, mas as diferenças observadas entre populações com diferentes ciclos, entre densidades de plantio e entre os diferentes ambientes de avaliação, dentre outros, podem ser altas ou baixas e interferir nas conclusões.

Para solucionar o problema, Vencovsky (1978) propôs o uso do índice b que dá a proporção da variância genética em relação ao erro residual, não havendo, portanto, influência da média populacional. Observando-se a Tabela 4 pode-se notar que o valor obtido para o índice b no ambiente N+ foi de 0,92 enquanto que em N- foi 0,84 indicando suficiente variabilidade genética para ser aproveitada com a continuidade do programa e estando de acordo com os resultados apresentados por Ramalho (1977) e Carvalho *et al.* (1994).

De um modo geral, todas as estimativas foram mais baixas no ambiente N- em decorrência do estresse ambiental e menor produção das famílias avaliadas, porém, detectou-se suficiente variabilidade genética para se obter progresso nos ciclos posteriores de seleção. Os resultados obtidos confirmam a existência de variabilidade genética para o milho em condições de baixo N no solo e são coerentes com os resultados apresentados por Balko e Russel (1980), Thiraporn *et al.* (1987), Lafitte e Edmeades (1994a,b).

CONCLUSÕES

1. As estimativas dos parâmetros genéticos apresentaram-se mais baixas no ambiente que tinha limitação de nitrogênio, entretanto, pode-se detectar suficiente variabilidade genética para se obter progresso com a continuidade do programa;
2. A seleção em condição de baixa disponibilidade de N no solo mostrou ser eficiente para melhorar a performance produtiva e proporcionou nível satisfatório de produtividade em solo fértil;
3. Sugere-se selecionar, dentro da população a ser melhorada, progênies que mostrem sincronia de florescimento masculino e feminino ou que apresentem o menor intervalo entre a extrusão dos estilo-estigmas e liberação de pólen.

REFERÊNCIAS

- ASPECTOS das atividades agropecuária e extração vegetal; agricultura. **Anuário Estatístico do Brasil 1993**, Rio de Janeiro, v. 53, p. 3.33-3.38, 1993.
- BALKO, L.G.; RUSSEL, W.A. Effects of rates of nitrogen fertilizer no maize inbred lines and hybrids progeny. I. Prediction of yield response. **Maydica**, v.25,p. 65-79, 1980.
- BEAUCHAMP, E.G.; KANNENBERG, L.W.; HUNTER, R.B. Nitrogen accumulation and translocation in corn genotypes following silking. **Agron. Journal.**, v.68: 418-422, 1976.

- BLUM, A. **Plant Breeding For Stress Environments**. CRC Press, Boca Raton, 1988. 223p.
- CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Tres ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste Brasileiro. **Pesq. Agropec. Bras**, v.29, p.1727-1733, 1994.
- CLARK, R.B. Plant response to mineral element toxicity and deficiency. In: John Wiley&Sons (Ed.).**Breeding plants for less favorable environments**. New York, 1982. p.71-142.
- CLARK, R.B.; DUNCAN, R.R. Improvement of plant mineral nutrition through breeding. **Field Crops Res.**, v.27,p. 219-240, 1991.
- COCHRAN,G.W.; COX, C.M. **Experimental designs**. 2.ed. New York: J. Wiley, 1957. 611p.
- DUDAL, R. Inventory of the major soils of the world with special reference to mineral stress hazards. In: Wright, M. J.(Ed.).**Plant adaptation to mineral stress in problem soils**. Ithaca, Cornell University Agr. Exp. Station, 1976. p. 3-14.
- EDMEADES, G.O.; BOLANOS, J.; HERNANDEZ, M.; BELLO, S. Causes for silk delay in lowland tropical maize. **Crop Science**,v.33, p.1029-1035, 1993.
- FURLANI, A.M.C.; BATAGLIA, O.C.; LIMA, M. Eficiência de linhagens de milho na absorção e utilização de fósforo em solução nutritiva. **Bragantia**, v.44,p. 129-147, 1985.
- GAMA, E.E.G.; BARROS, D.G.; LEITE, C.E.P.; SANTOS, M.X.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, S.N. Avaliação do Composto CMS 54. **Relatório Técnico do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo 1992-1993**, Sete Lagoas, v.6, p. 201, 1994.
- GOODMAN, M.M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic population of maize. **Crop Science**, v.5,p.87-90, 1965.

- LAFITTE, H.R.; EDMEADES, G.O. An update on selection under stress: selection criteria. In: B. GELAW (Ed.). **Towards self-sufficiency**. A proceedings of the second Eastern, Central and Southern African Regional Maize Workshop, 1988. p.309-331.
- LAFITTE, H.R.; EDMEADES, G.O. Improvement for tolerance to low soil nitrogen in tropical maize. I. Selection criteria. **Field Crops Res.**, 39: 1-14, 1994a.
- LAFITTE, H.R.; EDMEADES, G.O. Improvement for tolerance to low soil nitrogen in tropical maize. III. Grain yield, biomass production, and N accumulation. **Field Crops Res.**, v.39, p.15-25, 1994b.
- MACHADO, A.T.; MAGALHÃES, J.R.; MAGNAVACA, R.; SILVA, M.R.; PESQUERO, J.L. Determinação da atividade de enzimas envolvidas no metabolismo do nitrogênio em diferentes genótipos de milho. **Relatório Técnico Anual do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo 1988-1991**, Sete Lagoas, v.5, p.134-135, 1992.
- MOLL, R.H.; KAMPRATH, E.J.; JACKSON, W.A. Development of nitrogen efficient prolific hybrids of maize. **Crop Science**, v.27, p. 181-186, 1987.
- MURULI, B.I.; PAULSEN, G.M. Improvement of nitrogen use efficiency and its relationship to other traits in maize. **Maydica**, v.26, p. 63-73, 1981. p.122-201.
- PARENTONI, S.N.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; LOPES, M.A.L.; SANTOS, M.X.; MAGALHÃES, P.C.; PAIVA, E.; BAHIA FILHO, A.F.C. Melhoramento do Composto de milho CMS 54. **Relatório Técnico Anual do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo 1988-1991**, Sete Lagoas, v.5, p. 139-140, 1992.
- RAMALHO, M.A.P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intra populacional no milho baseados em famílias não endógamas**. Piracicaba: ESALQ, 1977. 122p. Tese de Doutorado.

- RESENDE, M.D.V. **Seleção de genótipos de milho em solos contrastantes**. Piracicaba: ESALQ, 1989, 212p. Tese de Mestrado.
- SANTOS, M.X.; PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; SILVA, A.E.; PARENTONI, S.N. Seleção recorrente recíproca com progênies de meios irmãos interpopulacionais obtidas em plantas não endógamas e endógamas. **Relatório Técnico Anual do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo 1992-1993**, Sete Lagoas, v.6, p.194, 1994.
- SUBANDI, W.; COMPTON, W.A. Genetic studies in an exotic population of corn grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. **Theor. Appl. Genet.**, v.44, p. 153-159, 1974.
- THIRAPORN, R.; GEISLER, G.; STAMP, P. Effects of nitrogen fertilization on yield and yield components of tropical maize cultivars. **J. Agron. Crop Sci.**, v.159, p. 9-14, 1987.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., (Ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: ESALQ, 1978. cap 5, p.122-201.

TABELA 1. Resultados das análises químicas dos solos onde foram conduzidos os experimentos em ambientes fértil (N+) e com deficiência de nitrogênio (N-). Sete Lagoas-MG, Brasil, 1994/95.

Profundidade	pH	Ca	Mg	K	P	M.O.	NH ₄	NH ₃
	eq.mg / 100 cc			ppm		%	ppm	
Sete Lagoas (N-)								
0-20cm	6,2	3,69	1,04	34	7,5	3,18	1,72	3,26
20-40cm	6,4	3,95	1,15	45	10,0	3,19	2,45	3,08
Sete Lagoas (N+)								
0-20 cm	6,4	6,65	0,63	194	42	2,56	-	-
20-40 cm	6,4	5,40	0,54	122	15	2,19	-	-

TABELA 2. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos para o caráter peso de espigas nas análises individuais, considerando os ambiente fértil (N+) e com deficiência de nitrogênio (N-) para o caráter peso de espigas (g/pl). Sete Lagoas-MG, Brasil, 1994/95.

F.V.	G.L.	QM(N+)	QM(N-)
Tratamentos	143	23.091,60**	11.860,16**
Erro efetivo	121	8.569,41	4.888,42
CVe(%)		22,27	23,43

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 3. Valores médios obtidos, considerando o caráter peso de espigas (kg/ha), para as 20% famílias selecionadas em Sete Lagoas-MG em solos fértil (N+) e com deficiência de nitrogênio (N-) em comparação com a testemunha BR 106 (T). Sete Lagoas-MG, Brasil, 1994/95.

PESO DE ESPIGAS			
Tratamentos	Sete Lagoas (N+)	Tratamentos	Sete Lagoas(N-)
58	9000	58	5447
55	6812	91	5320
116	6749	141	5102
19	6697	31	5092
59	6661	16	4887
110	6649	55	4863
94	6566	71	4853
90	6418	47	4800
88	6405	50	4726
9	6396	90	4615
20	6328	99	4612
92	6195	129	4604
44	6154	125	4603
34	6114	77	4592
131	6051	144	4524
48	6018	21	4514
107	5967	116	4511
108	5933	88	4478
137	5908	9	4464
3	5898	20	4427
141	5884	62	4368
73	5880	34	4345
50	5847	142	4303
144	5688	97	4282
37	5673	114	4266
51	5659	69	4212
17	5648	87	4171
87	5602	48	4114
BR 106(T)	5585	BR 106(T)	1910

TABELA 4. Estimativas dos parâmetros genéticos obtidas para o caráter peso de espigas, em g/planta, considerando os ambiente fértil (N+) e com deficiência de nitrogênio (N-). Sete Lagoas-MG, Brasil, 1994/95.

Estimativa	N+	N-
$\hat{\sigma}_p^2$	304,321	141,875
$\hat{\sigma}_A^2$	1.217,284	567,500
$\hat{\sigma}_F^2$	483,898	241,354
$\hat{\sigma}_e^2$	253,084	141,406
$\hat{\sigma}_d^2$	2.530,840	1.414,060
$\hat{h}^2_{\%}$	39,42	33,43
$\hat{h}_x^2_{\%}$	62,89	58,78
b	0,92	0,84
Δ_g	19,37	12,78

σ_p^2 = variância genética entre famílias ; σ_A^2 = variância genética aditiva; σ_F^2 variância fenotípica entre médias de famílias; σ_e^2 = variância ambiental entre parcelas; σ_d^2 = variância fenotípica dentro de famílias ($\sigma_d^2 = 10 \sigma_e^2$); h^2 = herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas; h_x^2 = herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias; b = CVg/CVe que é um índice de variação; Δ_g = progresso genético esperado com a seleção de 20% entre famílias e 10% dentro de famílias.

**IMPROVEMENT OF THE MAIZE SYNTHETIC POPULATION
ELITE NT FOR SOILS WITH LOW NITROGEN CONTENT. I.
GENETIC PARAMETERS FOR YIELD.**

ABSTRACT

The maize population Elite Synthetic NT has been selected with the objective of improving its yield potential in soils with low nitrogen availability (N-). Also, its response to soils with higher levels of nitrogen (N+) has been evaluated during the improvement process. After the original cycle of selection the genetic variability of the population in both environments (N- and N+) was evaluated based on estimations of its genetic parameters. The population was formed by recombination of 10 elite inbred lines. During the third recombination in the environment N- with high plant density (100.000 plants/ha) half-sib families showing good male-female synchrony were selected. During the 1994/95 season, 144 half-sib families were evaluated in Sete Lagoas, MG in environments N- and N+. No fertilization was done in the environment N-. The experimental design utilized was a 12 x 12 lattice with 5m plot row. Spacing was 0.9 m between rows and 0.2 m between plants within each row. The open-pollinated variety BR 106, improved in soils with high fertility, was used as a between block check. The general mean to ear weight for the families evaluated in the N+ and N- environments was 4.511 kg of ears/ha and 3.237 kg of ears/ha, respectively. Yield reduction between N+ and N-environments was 27.14% for the half-sib families and 65.80% for BR 106. These results indicate that the best strategy to develop materials adapted to nitrogen stress is to carry out selection in environments with limited amounts of this nutrient. The analysis of variance showed significance for treatments in both environments ($F < 0.01$), indicating genetic differences among the families. The estimated genetic parameters revealed genetic variability sufficient to achieve further improvements in both environments with the continuity of the improvement program. The estimates for the N- environment were smaller than those for the N+ environment. In N- the estimate for additive variance was 567,50 (g/pl)², corresponding to 46.62% of the estimate obtained in N+. The estimate for expected genetic progress in N- was of 12,78 g/pl and corresponds to 66% of the estimate found in N+. In summary, our results indicate that selection in environments with nitrogen stress carried out with selection for synchrony of flowering has potential to increase efficiency in a program for development of genotypes with better performance in soils with low nitrogen content.

Index Therms: Selection under low N, genetic variability, *Zea mays* (L).