

ADAPTABILIDADE DE GERMOPLASMA DE MILHO AVALIADOS EM DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL. Elto Eugenio Gomes e Gama⁽¹⁾; Sidney Netto Parentoni⁽¹⁾; Cleso Antônio Patto Pacheco⁽¹⁾, Antônio Carlos de Oliveira⁽¹⁾; Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães⁽¹⁾; Manoel Xavier dos Santos⁽¹⁾; Walter Fernandes Meirelles⁽¹⁾ & Luíz André Correa⁽¹⁾ – ⁽¹⁾ Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas – MG.

Palavras-chave: Zea mays L., adaptabilidade, parâmetro, interação genótipo x ambiente.

Com a evolução da agricultura e o direcionamento para atender também as peculiaridades das diferentes regiões produtoras de milho, os melhoristas tem-se empenhados em trabalhar com populações que, por seleção, possam fornecer cultivares com tipos de plantas com características agronômicas desejáveis e mais produtivas. Atualmente, a contribuição de germoplasma de milho tropical com ou sem introgressão de genes de milhos temperados tem sido notória para o aumento da área plantada, bem como para incrementar a aceitação dessas cultivares de ciclo precoces ou semiprecoces para plantios no País. A importância de germoplasma de base ampla no melhoramento de milho foi enfatizada por Sprague (1955), Lonquist (1967), Hallauer e Miranda Filho (1981), dentre outros. Na literatura brasileira, inexistem referências a estudos sobre o comportamento de populações de milho de ciclo precoce e com características agronômicas modernas, quanto à estabilidade de produção frente a híbridos comerciais, que possam ser utilizadas em programas de melhoramento. Várias metodologias têm sido utilizadas para obtenção de estimativas de parâmetros de estabilidade (Vencovsky & Barriga, 1992) Usando-se a metodologia proposta por Silva e Barreto. (1985), foi feito um estudo para verificar o comportamento de diferentes populações de milho de ciclo precoce através das estimativas dos parâmetros de estabilidade. Foram avaliados 30 diferentes genótipos (híbridos, variedades e populações), avaliados em 14 ambientes (regiões Sul, Centro Sul e Centro Oeste) do País, no ano agrícola 1995/96. Na análise de variância (Tabela 1), a significância da interação genótipos x ambientes sugere a existência de um comportamento linear diferenciado dos genótipos frente aos diferentes ambientes. As produtividades médias de espigas, os coeficiente de regressão lineares, os desvios da regressão e os coeficientes de determinação para cada genótipo, nos 14 ambientes, são apresentados na Tabela 2. As produtividades médias variaram de 4.036 kg/ha (CMS 41) a 7.583 kg/ha (P 3041), sendo a média geral dos ensaios de 5.540 kg/ha. Dos cinco híbridos comerciais estudados somente o C 901 apresentou-se com adaptabilidade ampla. Os híbridos BR 3123, C 505, P 3041 e XL 370 diferiram da unidade exibindo comportamento específico para ambientes favoráveis. As populações CMS 14, CPA 5202A, CE 1, CD 2, Taiuba, IAPAR 51 e CMS 41 apresentaram maior adaptação a ambientes desfavoráveis. BR 105, BR 473, BR 451, CMS 54, CMS 59, EMCAPA 202, OC 22, CMS 11, IAPAR 50, IAPAR 26, EMPASC 131, CEP 922, CEP 304 e Composto Jaíba foram as populações mais estáveis a variação dos ambientes. Já as populações CMS 50, CMS 28 e CMS 39 foram as mais responsivas e mais adequadas a ambientes favoráveis. Com relação à variedade BR 106, a variedade mais plantada no País, ficou evidenciada que ela é exigente em ambientes desfavoráveis responsiva a melhoria do ambiente.

Tabela 1 - Análise de variância conjunta simplificada para o caráter peso de espigas despalhadas (kg/ha), para 30 genótipos de milho avaliados em 14 ambientes no Brasil. Embrapa Milho e Sorgo, S.L., MG, 1996.

Fonte de Variação	G.L.	QM
Locais (L)	13	253.112,064.0 **
Genótipos (G)	29	22.970,710.0 **
L x G	377	3.088.730.25 **
Resíduo	688	570.067.0
Média (kg/ha)	5.540	
CV (%)	13,63	

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

Tabela 2 - Estimativas e desvio padrão dos parâmetros de estabilidade para produção de espigas despalhadas (kg/ha), para 30 genótipos de milho, avaliados em 14 locais no Brasil. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas., MG. 1996.

Genótipos	\hat{B}_0 ¹	\hat{B}_1 ²	$\hat{B}_1 + \hat{B}_2$ ²	σ_d^2	R^2 (%)
1. BR 3123	6380 cd	1,24 **	0,35	11.266.388,0 **	56,7
2. BR 105	5733 fg	1,07	2,45 **	2.705.547,7 **	83,3
3. BR 106	5677 fghi	1,16 *	2,01 **	6.053.205,2	96,1
4. BR 473	4894 mn	0,95	0,29 *	1.489.277,9	85,4
5. BR 451	5160 klm	0,95	0,30 *	2.806.276,2 **	75,6
6. CMS 14	5144 klm	0,74 **	0,72	1.802.749,1 *	75,2
7. CMS 54	5733 fg	1,00	0,62	875.904,7	91,7
8. CMS 50	6093 de	1,19 **	1,67 *	5.007.110,0 **	74,7
9. CMS 28	5582 fghij	1,19 **	0,46	3.536.641,5 **	79,4
10. CMS 59	5702 fgh	1,07	1,62	1.479.937,5	89,1
11. CMS 39	5596 fghij	1,21 **	1,36	3.218.458,2 **	82,1
12. C 505	7136 b	1,29 **	0,38 **	1.113.770,1	93,4
13. P 3041	7583 a	1,32 **	0,20 *	3.162.221,0 **	84,0
14. XL 370	6475 c	1,25 **	1,29	10.691.625,0 **	59,5
15. C 901	6363 cd	1,07	1,12	5.538.607,5 **	67,6
16. ENCAPA 202	5506 fghijkl	0,98	2,27 **	3.222.963,0 **	78,0
17. CPA 5202 A	4544 o	0,66 **	1,17	2.583.933,0 **	64,8
18. CE 1	4523 o	0,69 **	0,47	2.443.727,5 **	65,5
19. CD 1	5134 lm	0,76 **	2,97 **	5.041.205,0 **	64,8
20. TAIUBA	5486 fghijkl	0,71 **	0,28 **	3.370.509,0 **	58,8
21. OC 202	5491 fghijkl	0,99	1,94 **	1.115.981,9	90,8
22. CMS 11	5381 ghijkl	0,88	1,00	1.648.254,5	82,7
23. IAPAR 50	5786 ef	1,08	0,28 *	3.351.434,2 **	76,8
24. IAPAR 51	5214 jklm	0,84 *	0,06 **	1.835.935,2 **	78,7
25. IAPAR 26	4916 mn	0,87	0,57	602.237,8	93,2
26. EMPASC 131	4770 no	0,99	0,57	1.220.950,5	88,5
27. CEP 922	5296 ijkl	1,07	0,14 **	1.601.937,5	87,2
28. CEP 304	5526 fghijk	1,01	2,01 **	705.576,0	94,2
29. COMP. JAIBA	5332 hijkl	1,03	0,84	1.451.664,0	87,7
30. CMS 41	4036 p	0,72 **	0,53	1.782.026,5 *	74,1
D.P.	116,5	0,07	0,14	—	—

¹. Médias seguidas pela mesma letra nas colunas não diferem entre si pelo teste de Duncan (p=0,05).

². Significativo aos níveis de 5 e 1% de probabilidade pelo teste "t".

³. Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste "t".

Bibliografia

Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.B. Quantitative Genetics In Maize Breeding. Ames: Iowa State University Press, 1981. 486p.

Lonnquist, J.H. Mass selection for prolificacy in maize. Der Züchter. 37: 185-187, 1987.

Silva, J.G.C. e N.N. Barreto (9185). Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: 1º Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agrônômica. Resumos. Campinas, Fundação Cargill, pp. 49-50.

Sprague, G.F. Corn Breeding. In: Sprague G.F. (Ed) Corn and corn improvement. New York, NY: Academy Press, Inc. 1955. P. 221-292.

Vencovsky, R. ; Barriga, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 1992. 495 p.