

TRÊS CICLOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS-52.

Hélio Wilson Lemos de Carvalho⁽¹⁾; Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães⁽²⁾; Manoel Xavier dos Santos⁽²⁾; Maria de Lourdes da Silva Leal⁽¹⁾ & Paulo César Lemos de Carvalho⁽³⁾. ⁽¹⁾ - Embrapa/CPATC, Aracaju/SE, ⁽²⁾ - Embrapa/CNPMS, Sete lagoas/MG, ⁽³⁾ - Escola de Agronomia da U.F.BA, Cruz das Almas/BA.

Palavras chaves: Zea mays, alta qualidade protéica, progressos genéticos.

A utilização de variedades melhoradas no Nordeste brasileiro é bastante vantajosa por ser uma prática de fácil adoção, além de permitir o replantio de suas sementes em cultivos subsequentes. Grande parte da população dessa região sofre de desnutrição provocada, basicamente, por um contínuo déficit protéico, o que gera um problema muito grave para a região. Embora seja o milho uma importante fonte de energia, ele apresenta um teor protéico relativamente baixo, por ser a zeína, sua proteína mais abundante, deficiente nos aminoácidos essenciais triptofano e lisina, tornando-se indispensável a adição de uma fonte protéica para melhorar a qualidade alimentar do milho, tanto para uso humano quanto animal. Procurando, portanto, estimular a produção e o consumo direto e indireto de milho de alta qualidade protéica, a Embrapa/Tabuleiros Costeiros introduziu da Embrapa/Milho e Sorgo uma amostra da população de milho CMS-52, de porte baixo e superprecoce, visando desenvolver uma variedade produtiva e melhor adaptada às condições edafoclimáticas da região. Para isso, a população CMS-52 foi submetida a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no Nordeste brasileiro, no período de 1995 a 1997. Em cada ciclo foram avaliadas 196 progênies de meios-irmãos, em látice 14 x 14 com duas repetições, realizando-se as recombinações das progênies superiores dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter um ciclo/ano. Foram observadas diferenças genéticas entre as progênies nesses três ciclos de seleção, bem como, um comportamento inconsistente dessas progênies frente às variações ambientais. A produtividade média dos progênies avaliadas, na média dos três ciclos de seleção, foi de 5.352 kg/ha (Tabela 1), atestando o alto potencial produtivo dessa população. As progênies avaliadas produziram -17,88%, -7,30% e -8,00%, em relação à testemunha BR 5033, -21,10%, -8,60% e -10,80% em relação à testemunha BR 5028, respectivamente, nos ciclos original, I e II, mostrando um melhoramento significativo na população em estudo (Tabela 1). As estimativas dos parâmetros genéticos constam na Tabela 2. Observa-se uma redução nas variâncias genéticas entre progênies e aditiva do ciclo original para o ciclo I, estabilizando-se deste para o ciclo II. Essa tendência foi também observada em trabalhos similares (Paterniani, 1968; e Carvalho et al. 1994 e 1995) e ressaltada por Ramalho (1977) como sendo devida a utilização máxima da variabilidade livre no ciclo original e que corresponde a segregação entre blocos gêneros. As magnitudes dessas estimativas e dos outros parâmetros genéticos evidenciam suficiente variabilidade genética na população para permitir ganhos posteriores com o decorrer de novos ciclos de seleção. A estimativa do progresso esperado, na média dos três ciclos de seleção, foi de 12,30%, expressando mais uma vez o potencial genético da população CMS-52 em responder à seleção. Verificou-se também que o ganho obtido por ciclo/ano foi de 3,7%, em relação à testemunha BR 5033 e 4,41% em relação à BR 5028. Com relação à qualidade protéica, as progênies selecionadas apresentaram na média dos três ciclos de seleção, 0,87% e 3,92% de triptofano e lisina, respectivamente, evidenciando a alta qualidade protéica da população CMS-52, o que associado às magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos e altas produtividades médias

de espigas das progênies, justificam a continuidade do programa de melhoramento, na busca de uma variedade produtiva e de alta qualidade protéica para difusão no Nordeste brasileiro.

Tabela 1. Comparação das produtividades médias das progênies avaliadas e selecionadas nos ciclos original, I e II de seleção com as testemunhas BR 5033 e BR 5028 e, médias ajustadas das progênies avaliadas em relação às testemunhas. Região Nordeste do Brasil, 1995 a 1997.

Ciclo	Materiais	Produtividade	Médias ajustadas em relação às testemunhas		Porcentagem em relação às testemunhas	
			BR 5033	BR 5028	BR 5033	BR 5028
Original	BR 5033	5.490			100	-
	BR 5028	5.720			-	100
	Progênies avaliadas ¹	4.511	5.016	4.948	82.2	78.9
	Progênies selecionadas ²	5.920			107.8	103.5
I	BR 5033	7.490			100	-
	BR 5028	7.597			-	100
	Progênies avaliadas ¹	6.942	5.447	5.502	92.7	91.4
	Progênies selecionadas ²	8.116			108.4	106.8
II	BR 5033	5.006			100	-
	BR 5028	5.156			-	100
	Progênies avaliadas ¹	4.602	5.591	5.603	92.0	89.2
	Progênies selecionadas ²	5.606			112.0	108.7

¹196 progênies avaliadas; ² 10 progênies selecionadas no ciclo original e 15 nos ciclos I e II

Tabela 2 . Estimativas obtidas referentes às variâncias genéticas entre progênies (σ_p^2), aditiva (σ_A^2) e da interação progênies x locais ($\sigma_{px\lambda}^2$), coeficientes de herdabilidade no sentido restrito entre médios de progênies (h^2m), para a seleção massa (h^2) e de variação genética (C.Vg) e ganhos genéticos entre e dentro de progênies de meios-irmãos (Gs)*, considerando o caráter peso de espiga, para a população CMS 52. Região Nordeste do Brasil, 1995 a 1997.

Ciclos	σ_p^2	σ_A^2	σ_{pxL}^2	h^2m	h^2	CVg	b	Gs entre		Gs dentro	
	(g/planta) ²				%			g/planta	%	g/planta	%
Original	67,6	270,5	134,9	41,0	23,6	9,3	0,8	9,74	11,01	5,64	7,41
I	33,3	133,2	107,1	29,5	14,2	4,6	0,6	5,79	4,64	3,01	2,41
II	33,7	134,8	26,2	45,8	15,3	6,7	0,6	7,27	8,42	2,60	3,01

* Para cálculo dos ganhos consideram-se a relação $\sigma_d^2=10 \sigma_e^2$

Bibliografia

- Carvalho, H.W.L. de; Pacheco, C.A.P.; Santos, M.X. dos; Gama, E.E.G.; Magnavaca, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho BR 5028 - São Francisco, no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.29, n.11, p. 1727-1733, 1994.
- Carvalho, H.W.L. de; Pacheco, C.A.P.; Santos, M.X. dos; Gama, E.E.G.; Magnavaca, R. Potencial genético da população de milho (*Zea mays* L. CMS-33) para fins de melhoramento no Nordeste brasileiro. *Ciência e Prática*, Lavras, v.19, n.1, p. 37-42, 1995.
- Paterniani, E. *Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento do milho (Zea mays L.)*. Piracicaba: ESALQ, 1968. 92p. Tese de Mestrado.
- Ramalho, M.A.P. *Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas*. Piracicaba: ESALQ, 1979. 99p. Tese de Mestrado.