

DÉCIMO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE COM A POPULAÇÃO DE MILHO CMS 28

SANTOS, M.X.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N; MEIRELLES, W.F.; GAMA, E.E.G.G.; CARVALHO, H.W.L.; CORREA, L.A.

¹Embrapa Milho e Sorgo, Caixa postal 151, 35701-970, Sete Lagoas, MG.

²Embrapa Tabuleiros Costeiros, Caixa postal 44, 49025-040, Aracaju, SE.

Email: xavier@cnpmc.embrapa.br

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

O melhoramento intrapopulacional tem permitido a obtenção de variedades tanto para uso per se quanto como fonte para a extração de linhagens superiores uma vez que seu objetivo é aumentar a frequência de alelos favoráveis. Diversos esquemas têm sido utilizados e, entre eles, destaca-se a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (Paterniani, 1967), tanto pela sua facilidade de execução quanto em se conseguir ganhos genéticos, aliando-se ainda a vantagem de se poder estimar a variância genética aditiva. Conhecer a magnitude da variância genética aditiva é de fundamental importância para os melhoristas, haja vista que é através dela que pode se avaliar a disponibilidade de variabilidade da população e definir o esquema de melhoramento que poderá conferir maiores ganhos. A revisão efetuada por Ramalho (1977) mostrou a amplitude de variação para estimativas de parâmetros genéticos para o caráter produção em famílias de meios irmãos e tem servido de suporte de confiabilidade em se determinar a variabilidade genética com outras populações. Trabalhos mais recentes têm evidenciado estimativas de parâmetros genéticos para diversas populações de milho mostrando que podem ocorrer variações nos valores obtidos e isto pode depender tanto da frequência gênica da população base quanto de fatores ambientais (Arriél, 1991; Carvalho *et al.*, 1994; Pacheco *et al.*; 1998). A contribuição e eficiência deste esquema de seleção para o desenvolvimento de novas variedades de milho para o Brasil tem sido muito grande, podendo-se citar como exemplo a variedade BR 106 (Santos *et al.*, 1994).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar o X ciclo de seleção na população de milho CMS 28 e efetuar estimativas de parâmetros genéticos para o caráter produção utilizando-se do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

MATERIAL E MÉTODOS

A população de milho CMS 28 foi introduzida do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) no México, sendo originalmente de grãos com coloração branca e pertencente a raça Tuxpeño. A partir de uma segregação para grãos amarelos foi iniciado um programa de melhoramento com o objetivo de se obter uma variedade de porte baixo, ciclo precoce e grãos amarelos. No seu processo de melhoramento foram utilizados diferentes esquemas de seleção e maiores informações podem ser encontradas em Santos *et al.*, (1994). No ano agrícola de 1998/99 foi iniciado o X ciclo de seleção com as 100 famílias de meios irmãos (FMI) selecionadas do campo de recombinação. Os ensaios foram avaliados em Ponta Grossa-PR e Sete Lagoas-MG sendo utilizado o delineamento em latice simples 10 x 10 e tendo-se como testemunha intercalar a variedade BR 106. A parcela foi formada por uma fileira de 4 m com espaçamento de 0,90 m entre fileira e 0,20 m entre plantas dentro de fileiras. A análise estatística foi efetuada para cada local e foi considerado

apenas o caráter produção de espigas (PE). Foram também mensurados os dados de altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), não se efetuando, todavia, análise estatística para estes dois caracteres. As estimativas dos parâmetros genéticos foram feitas para cada ambiente e de acordo com a metodologia proposta por Vencovsky (1978).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variância evidenciaram diferenças altamente significativas para o caráter peso de espigas em ambos os locais ($P < 0,001$). A produtividade média dos ensaios em Ponta Grossa-PR (PG) e Sete Lagoas-MG (SL) foi, respectivamente, 7.590 kg/há e 7.990 kg/há, sendo que para a testemunha intercalar BR 106 a produtividade foi de 6.870 kg/há e 8.320 kg/há. Para os caracteres altura de planta e de espiga (dados não analisados), a população CMS 28 apresentou valores médios de 2,10 m e 1,15 m em PG enquanto que em SL estes valores foram de 1,90 m e 0,95 m, enquanto que para a testemunha intercalar BR 106 estes valores foram de 2,50 m e 1,40 m em PG e 2,25 m e 1,20 m em SL. Pode-se verificar, através destes resultados, que a população CMS 28 tem excelente potencial para ser aproveitada comercialmente haja vista que, além de sua precocidade e reduzido porte de planta tem mostrado boa produtividade tanto para a região Centro quanto para a região Sul. Considerando que Ponta Grossa-PR representa um dos ambientes da região Sul e que a variedade BR 106 tem ciclo tardio e não tem mostrado boa adaptação nesta condição, a população CMS 28 se constituirá numa boa opção para os sistemas de produção dos pequenos produtores desta região. Na Tabela 1 são mostradas as 20% famílias selecionadas dentro de cada ambiente, podendo-se verificar que progressos genéticos podem ser obtidos para aumento da produtividade desta população. Os valores para os coeficientes de variação experimental foram de 16,14% e 20,50% em PG e SL, respectivamente, e podem ser considerados como de boa precisão para o caráter em estudo (Pimentel Gomes, 1978).

Tabela 1. Resultados médios obtidos com as 20% famílias selecionadas para cada ambiente, considerando o caráter peso de espigas (kg/há) com a população de milho CMS 28. Ano Agrícola 1998/99.

Ponta Grossa – PR		Sete Lagoas -MG	
Tratamentos	PE	Tratamentos	PE
64	10734	15	10694
94	9916	57	10416
79	9734	16	10139
6	9503	12	9861
13	9336	99	9722
41	9022	41	9583
90	8997	72	9583
7	8959	84	9580
55	8829	14	9440
75	8810	17	9440
59	8709	24	9160
84	8709	58	9160
98	8680	59	9160
60	8671	65	9160
24	8595	75	9160
85	8563	44	9020
99	9430	91	9020
88	8408	95	9020
95	8389	1	8890
78	8378	7	8890
BR 106 (T)	6870	BR 106 (T)	8320
CV%	16,14		20,50

A Tabela 2 mostra a estimativa dos parâmetros genéticos obtidos para cada local, notando-se que para a variância genética aditiva os valores foram 750,02 e 581,34 (g/planta)², respectivamente, para PG e SL. Pode-se verificar que os coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas individuais foram mais baixos, enquanto que ao nível de médias de famílias os valores foram de 25,60% e 21,60%. A estimativa do ganho genético para o próximo ciclo de seleção mostrou resultados animadores uma vez que espera-se um ganho de 15,60 g/planta em PG e 12,20 g/planta para SL. Estes valores estão de acordo com o levantamento efetuado por Ramalho (1977) e com trabalhos mais recentes (Arriel, 1991; Carvalho *et al.*, 1994). Pode-se notar que mesmo com dez ciclos de seleção esta população ainda apresenta suficiente variabilidade genética que pode ser explorada para continuidade do programa de melhoramento.

Tabela 2. Estimativas dos parâmetros genéticos* para a população de milho CMS 28 considerando cada ambiente e o caráter peso de espigas. Ano agrícola 1998/99.

	Ponta Grossa – PR	Sete Lagoas - MG
σ_p^2	187,55	145,33
σ_A^2	750,02	581,34
σ_e^2	707,57	753,63
σ_d^2	7075,71	7536,36
h_p^2	9,40	6,90
h_x^2	25,60	21,60
CVg	6,60	7,60
b	0,40	0,37
Δ_g	15,60	12,20

* σ_p^2 = variância genética entre famílias

σ_A^2 = variância genética aditiva

σ_d^2 = variância fenotípica dentro de famílias

σ_e^2 = variância ambiental entre parcelas

h_{pi}^2 = herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas em %

h_x^2 = herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias em %

CVg = coeficiente de variação genética em %

b = índice de variação b

Δ_g = progresso genético esperado com 20% de seleção entre 10% de seleção dentro em g/planta.

CONCLUSÕES

1. As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos mostraram haver suficiente variabilidade genética para continuidade do processo de seleção.
2. Os valores médios obtidos evidenciaram o potencial produtivo da população CMS 28 para as regiões Centro e Sul.

LITERATURA CITADA

ARRIEL, E.F. **Avaliação de famílias de meios irmãos da população de milho CMS 39 em duas densidades de semeadura.** Lavras: ESAL, 1991. 121p. Tese Mestrado.

CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênes 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.

PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O; SANTOS, M.X.; FERREIRA, A.S. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS 42 e CMS 43

de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33 n. 12, p. 1995-2001, 1998.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize. **Crop Science**, Madison, v.3, p. 212-216, 1967.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 8. ed. São Paulo: Nobel, 1978. 450p.

RAMALHO, M. A.P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. Piracicaba: USP-ESALQ, 1977. 122p. Tese Doutorado.

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 alternadamente em plantas não endógamas e endógamas. In: **RELATÓRIO TÉCNICO ANUAL DO CENTRO NACIONAL DE PESQUISA DE MILHO E SORGO 1992-1993**. Sete Lagoas, v.6, p. 194, 1994.

VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E. coord. **Melhoramento e Produção de Milho no Brasil**. Piracicaba: ESALQ, 1978. p.122-201.