

MELHORAMENTO GENÉTICO DA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-3 NO NORDESTE BRASILEIRO

Hélio Wilson Lemos de Carvalho; Manoel Xavier dos Santos; Miguel Michereff Filho e Evanildes Menezes de Souza. Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju/Sergipe. E-mail: helio@cpatc.embrapa.br

Introdução

A seleção de variedades adaptadas e portadoras de atributos agrônômicos desejáveis consubstancia-se em alternativa importante para o desenvolvimento da agricultura regional, onde a maioria dos produtores de milho tem capital limitado e não pode investir em tecnologia de produção. Dessa forma, é plenamente justificável o desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades, que podem provocar melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais. Utilizou-se o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos por sua eficiência na obtenção de progressos genéticos mais rápidos e pela possibilidade de realização de um ciclo/ano. Desenvolveu-se este trabalho visando obter uma população de milho mais produtiva e melhor adaptada às condições edafoclimáticas do Nordeste brasileiro.

Material e métodos

Após a realização dos ciclos original, I e II de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (Carvalho et al., 2003), obtiveram-se, de um campo de recombinação, 196 novas progênies de meios-irmãos, com base em boas características agrônômicas. A seguir, foram realizados mais três ciclos de seleção, no decorrer dos anos agrícolas 2002 (ciclo III, em Nossa Senhora das Dores), 2003 (ciclo IV, em Nossa Senhora das Dores e Simão Dias) e 2004 (Ciclo V, em Nossa Senhora das Dores). Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com duas repetições. Praticou-se intensidade de seleção de 10 %, tanto entre quanto dentro de progênies, e as recombinações foram realizadas dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter um ciclo/ano. Foram tomados os pesos de espigas de cada ensaio, os quais foram submetidos a análise de variância obedecendo ao modelo em blocos ao acaso. As estimativas dos parâmetros genéticos foram feitas conforme Vencovsky & BARRIGA (1992).

Resultados e discussão

As análises de variância revelaram diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as progênies, em todos os ciclos de seleção (Tabela 1), evidenciando a presença de variabilidade genética entre elas. As altas produtividades de espigas com as progênies avaliadas e selecionadas, nesses ciclos de seleção, atestam a capacidade produtiva da população CPATC-3 (Tabela 2).

As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos encontradas (Tabela 3), revelaram a variabilidade genética presente na população CPATC-3 e mostraram que há grandes possibilidades de obtenção de respostas favoráveis à seleção para aumento do peso de espigas, com a continuidade do programa de melhoramento. As estimativas dos ganhos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram de 25,50%, no ciclo III, 7,05%, no ciclo IV e 5,72%, no ciclo V, com média de 12,76%, por ciclo/ano.

Conclusão

A alta capacidade produtiva associada à magnitude das estimativas dos parâmetros genéticos da população CPATC-3 evidencia sua resposta à seleção para aumento da produtividade.

Referências

CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos SOUZA, E. M. de., Estimativas dos parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.1, p. 73-78, 2003.

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

TABELA 1. Quadrados médios das análises de variância conjunta de pesos de espigas, em (g/planta)², médias de produtividades (g/planta) e coeficientes de variação (%), nos ciclos III, IV e V da população de milho CPATC-3, no Nordeste brasileiro, de 2002 a 2004.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios		
		Ciclo III	Ciclo IV	Ciclo V
Progênies	195	1039,14**	649,56**	518,31**
Progênies x locais	195	-	568,41**	-
Erro médio	390	-	315,82	-
Erro	195	399,24	-	415,32
Média		159,30	112,04	142,28
C.V.(%)		12,54	15,86	14,32

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

TABELA 2. Produtividade média da testemunha BR 106 e das progênies de milho avaliadas e selecionadas da população CPATC-3 nos ciclos de seleção III, IV e V, porcentagens médias das progênies avaliadas e selecionadas em relação à testemunha. Nordeste brasileiro, 2002 a 2004.

Ciclo	Material	Produtividade média (kg/ha)	Porcentagem em relação a testemunha
III	BR 106	8120	100
	Progênies avaliadas	9120	112
	Progênies selecionadas	11168	137
	Amplitude de variação	4795 a 12677	
IV	BR 106	5857	100
	Progênies avaliadas	6448	110
	Progênies selecionadas	7657	131
	Amplitude de variação	4432 a 8179	
V	BR 106	6579	100
	Progênies avaliadas	7452	113
	Progênies selecionadas	8801	134
	Amplitude de variação	5075 a 9375	

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros genéticos do caracter peso de espigas (g/planta)² da população CPATC-3. Nordeste brasileiro, 2002 a 2004.

Parâmetros genéticos	Ciclo III	Ciclo IV	Ciclo V
σ_p^2 (g/planta) ²	319,95	40,57	51,49
σ_A^2 (g/planta) ²	1279,00	162,28	205,96
σ_{pxl}^2 (g/planta) ²	-	126,29	-
h_m^2	61,58	24,98	19,86
h^2	37,98	6,26	6,66
C. V _g (%)	11,22	5,68	5,04
B	0,9	0,35	0,35
Gs entre (g/planta)	24,64	5,58	5,60
Gs entre (%)	15,46	4,98	3,93
Gs dentro (g/planta)	16,02	2,28	2,55
Gs dentro (%)	10,04	2,03	1,79
Gs total (%)	25,50	7,01	5,72

σ_p^2 : variância genética entre progênies; σ_A^2 : variância genética aditiva; σ_{pxl}^2 : variância da interação progênies x locais; h_m^2 : coeficiente de herdabilidade no sentido restrito considerando as médias de progênies; h^2 : coeficiente de herdabilidade no sentido restrito considerando o indivíduo; C.V_g: coeficiente de variação genético; b: índice de variação; Gs: ganhos entre e dentro de progênies de meios-irmãos; Gs: ganho total por ciclo /ano.