

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS-35 NO NORDESTE BRASILEIRO

Hélio Wilson Lemos de Carvalho¹, Maria de Lourdes da Silva Leal¹ e Manoel Xavier dos Santos²

¹ Eng. Agrôn., M.Sc., Embrapa-Centro de Pesquisa Agropecuário dos tabuleiros Costeiros (CPATC), Caixa Postal 44, CEP 49001-970, Aracaju, SE.
Helio@cpatc.embrapa.br

² Eng. Agrôn., Ph.D., Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 152, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG.

A população de milho CMS-35 após demonstrar bom desempenho produtivo em diversos ensaios realizados em vários anos e locais do Nordeste brasileiro, mostrou também boa estabilidade de produção nesses ambientes, possuindo ainda características agrônômicas de milho moderno, tais como, superprecocidade, porte baixo de planta e de espiga e bom empalhamento (Carvalho *et al.* Pesq. agropec. bras., v. 35, n. 7, p. 1417-1425, 2000).

Considerando esses aspectos, elegeu-se a população de milho CMS-35 para ser incorporada ao programa de melhoramento intrapopulacional em desenvolvimento na região Nordeste do Brasil, visando dotar os pequenos e médios produtores rurais de uma cultivar adaptada às condições de solo e clima, dada a possibilidade de solução para muitos problemas técnicos desse cereal.

Utilizou-se o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, por mostrar como vantagens a facilidade de execução e a possibilidade de obtenção da variância genética aditiva, tendo em vista os valiosos subsídios que fornece ao melhorista, uma vez que, permite verificar quais as chances de êxito na seleção, e quais as alterações que podem ocorrer na variabilidade genética, no decorrer dos sucessivos ciclos de seleção.

Assim sendo, o presente trabalho teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos da população CMS-35 submetida a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos.

No ano agrícola de 1997, 196 progênies de meios-irmãos foram obtidas de uma quadra de 1.000 m². A seguir, foram realizados três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos em 1988 (Neópolis e Umbaúba), correspondendo ao ciclo original de seleção, e em 1999 e 2000 (N.Sra. das Dores e Neópolis), correspondendo aos ciclos I e II, respectivamente.

As progênies de cada ciclo foram avaliadas em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0 m de comprimento, espaçada de 0,87 m. Foram praticadas intensidades de seleção de 10 % entre e dentro de progênies, realizando-se as recombinações das progênies selecionadas, dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter um ciclo ano. Nesse trabalho foram considerados apenas o peso de espigas. Realizou-se, inicialmente, a análise por local, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso. A seguir, procedeu-se a análise de variância conjunta. Os quadrados médios das análises de variância por local e conjunta foram ajustados para o nível de indivíduos e, obtiveram-se todas as variâncias nesse nível e expressas em (g/pl)², conforme Vencovsky (Melhoramento e produção do milho no Brasil. Piracicaba: ESALQ, 1978. p. 122-201). As estimativas dos parâmetros genéticos, em (g/pl)², foram feitas segundo o método apresentado por Vencovsky (1978).

A análise de variância conjunta das progênies, para cada ciclo de seleção, revelou diferenças significativas a 1 % de probabilidade (teste F), entre as progênies o que expressa a presença de variabilidade genética entre elas, quanto ao peso da espiga (Tabela 1). Obteve-se também, evidência de interação significativa, em cada ciclo de seleção, o que indica comportamento

inconsistente das progênies nos ambientes considerados.

Tabela 1. Quadrados médios das análises de variância conjuntas e coeficientes de variação em três ciclos de seleção de progênies da população de milho CMS 35.

Fonte de variação	Graus de Liberdade	Quadrados médios		
		Ciclo original.	Ciclo I	Ciclo II
Progênies	195	543,8**	253,5**	731,6**
Progênies x locais	195	298,4**	158,2**	414,5**
Erro médio	390	68,1**	139,4**	101,0**
Médias		91,9	117,6	85,6
C. V. (%)		9,0	11,1	11,7

1 Ciclo original Neópolis e N. Sra. das Dores, 1998; ciclo I: N. S. das Dores e Neópolis, 1999; ciclo II: N. Sra. das Dores e Neópolis, 2000.

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

As progênies avaliadas produziram em média 4.896 k/ha de espigas e, as selecionadas, 5.977 k/ha de espigas, o que mostra o bom potencial produtivo da variedade CMS-35.

As estimativas dos parâmetros genéticos, em todos os ciclos de seleção, são apresentadas na Tabela 2, onde se constata uma queda da variabilidade genética do ciclo original para o ciclo I. Fato semelhante tem observado em trabalhos similares de melhoramento com esse tipo de progênie e tem sido ressaltado como sendo devido à utilização máxima da variabilidade livre existente no ciclo original e que corresponde à segregação de blocos poligênicos (Ramalho, M.P. Piracicaba: ESALQ, 1977. 122 p. Dissertação de Mestrado). Do ciclo I para o ciclo II foi observado um acréscimo da variabilidade genética, devido, provavelmente, a liberação de parte da variabilidade genética potencial.

Tabela 2. Estimativas obtidas referentes às variâncias genéticas entre progênies (s_p^2), aditiva (s_A^2) e da interação progênies x locais (s_{pxl}^2), coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com médias de progênies (h_m^2), para a seleção massal (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 espigas, para a população de milho CMS 35. Região Nordeste do Brasil, 1998 a 2000.

Ciclo ¹	s_p^2	s_A^2	s_{pxl}^2	h_m^2	h^2	C.Vg	b	Gs ² entre		Gs ² dentro	
	$(g/pl)^2$			(%).				G/pl	%	G/pl	%
O	61,3	245,2	115,1	45,1	35,7	8,5	0,9	9,3	10,1	6,0	6,5
I	23,8	95,2	9,4	37,6	8,6	4,6	0,4	5,2	4,9	1,6	1,5

II	79,3	317,2	156,8	43,3	31,5	10,4	0,9	10,2	12,0	7,9	9,2
----	------	-------	-------	------	------	------	-----	------	------	-----	-----

1 Ciclo original: Neópolis e Umbaúba, 1998; ciclo I: N. Sra. das Dores, 1999; ciclo II: N. Sra. das Dores e Neópolis, 2000.

² Para cálculo dos ganhos considerou-se $s_d^2 = 10 s_e^2$.

Vale ressaltar que em razão de as avaliações das progênes terem sido realizadas em mais de um local, as magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos encontram-se menos influenciadas pela interação progênes x locais.

As estimativas da variância genética entre progênes de meios-irmãos foram concordantes com aquelas encontradas em diversas populações brasileiras de milho (Ramalho, 1977) e ressaltam a variabilidade genética presente na população CMS-35. Verificou-se também, que a variação detectada na variância genética aditiva acompanhou a mostrada na variância genética entre progênes. Segundo Paterniani (Piracicaba: ESALQ, 1968. 92 p. Dissertação de Mestrado.) é do máximo interesse que a variância genética aditiva permaneça tão alta quanto possível, para permitir a obtenção de progressos por seleção.

Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro de progênes foram 16,6 % no ciclo original, 6,4 % no ciclo I e 21,2 % no ciclo II, com média de 14,7 % ciclo/ano. Tais estimativas expressam, mais uma vez, o potencial genético da população CMS-35 em responder à seleção para aumento da produtividade de espigas.

Associando-se, então, a superprecocidade e o bom potencial para a produtividade das progênes da população CMS-35 às magnitudes dos parâmetros genéticos, nota-se que há grandes possibilidades de obter respostas à seleção para aumento da produtividade de espigas, com o decorrer de novos ciclos de seleção.

