



HÉLIO W.L. de CARVALHO¹, MANOEL X. dos SANTOS² e EVANILDES M. de SOUZA¹

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros, Cx.P.44, e-mail: helio@cpatc.embrapa.br, eva@cpatc.embrapa.br; ²Embrapa Milho e Sorgo, Cx.P. 152, e-mail: xavier@cnpms.embrapa.br

Palavras-chave: *Zea mays L.*, melhoramento vegetal, variação genética, ganhos genéticos

INTRODUÇÃO

Estima-se que cerca de 2 milhões de hectares cultivados com o milho no Nordeste brasileiro são ocupados com variedades, com predominância de materiais tradicionais, dotados de baixo potencial para a produtividade. Nesse contexto, a seleção de variedades adaptadas, com boa uniformidade para as alturas de planta e de espiga, de bom empalhamento, de ciclos precoces e superprecoces, reveste-se de grande importância para o Nordeste brasileiro, onde a maioria dos produtores de milho tem capital limitado e não pode investir em tecnologias de produção, justificando o desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades. O método de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos tem demonstrado eficiência na obtenção de progressos mais rápido pela possibilidade de realização de um ciclo/ano. Diversos trabalhos têm mostrado a eficiência desse método de seleção (Paterniani, 1967; Carvalho et al., 2002 e 2003), quanto às magnitudes dos parâmetros genéticos, especialmente, a variância genética aditiva e os ganhos esperados por seleção. Dessa forma, desenvolveu-se o presente trabalho visando a obtenção de uma variedade de milho de melhor adaptação às condições edafoclimáticas do Nordeste brasileiro.

MATERIAL E MÉTODOS

No ano agrícola de 2000, os híbridos simples Cargill 333 B e Dina 1000 foram cruzados, resultando a geração F1, que recebeu a denominação de CPATC 4. Nesse mesmo ano agrícola foi praticado um ciclo e seleção massal simples nesse material, retirando-se, 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agrônômicas de alturas de planta e de espiga, resistência ao acamamento e quebraamento do colmo, prolificidade, empalhamento, tipo e coloração de grãos e disposição das fileiras na espiga. A seguir, foram realizados três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos nesse material, no decorrer dos anos agrícolas de 2001 (ciclo original), 2002 (ciclo I) e 2003 (ciclo II), nos municípios de Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, no Estado de Sergipe. Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0m de comprimento, a espaços de 0,80m, e 0,40m entre covas, nas fileiras. Foram mantidas duas plantas/cova, após o desbaste. Após a realização dos ensaios, foi praticada uma intensidade de seleção de 10 % entre as progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lote isolado por despendoamento, onde foram selecionadas 196 novas progênies, correspondendo a intensidade de seleção de 10 % dentro de progênies, no mesmo ano agrícola. Realizou-se, inicialmente, a análise de variância por local, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso. Posteriormente, nos ciclos original e I, realizados em dois locais, efetuou-se a análise de variância conjunta, obedecendo ao critério de homogeneidade dos quadrados médios residuais (Pimentel-Gomes, 1990). Os quadrados médios da análise de variância conjunta (ciclos original e I) e, por local (ciclo II) foram obtidas para o nível de indivíduos, obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível e expressas em (g/planta)². As estimativas dos parâmetros genéticos foram feitas conforme expressões apresentadas por Vencovsky & Barriga, (1992).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjuntas (ciclos original e I) e por local (ciclo II) revelaram diferenças significativas entre as progênies, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre elas, quanto ao peso de espigas (Tabela 1). Foram constatadas, também, nos ciclos original e I de seleção, evidências de interação progênies x locais, o que revela comportamento diferenciado das progênies em face das oscilações ambientais. As produtividades médias obtidas com as 196 progênies (Tabela 2) foram de 6.435kg/ha, no ciclo original, 7.550kg/ha, no ciclo I e 6.178kg/ha, no ciclo II, correspondendo, respectivamente, a - 4%, + 2% e + 2%, em relação à variedade Sertanejo utilizada nesses ciclos de seleção, evidenciando o alto potencial para a produtividade de espigas, desses ciclos de seleção. As estimativas dos parâmetros genéticos encontrados nos ciclos de seleção original e I foram obtidas na média de dois locais e, portanto, pouco influenciadas pela interação progênies x locais (Tabela 3). Houve acréscimo da variabilidade genética do ciclo I em relação ao ciclo original. Isto não é esperado, pois resultados relatados por diversos autores têm mostrado redução dessa variabilidade do ciclo original para o ciclo I, utilizando esse tipo de progênie (Webel & Lonquist, 1967; Carvalho et al., 2000). Ramalho (1977) ressalta que essa redução foi resultante da utilização máxima da variabilidade livre no ciclo original. Os valores das estimativas da variância genética aditiva relatadas neste trabalho ressaltam a grande variabilidade genética presente na população CPATC 4. Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram de 11,35%, no ciclo original, 13,03%, no ciclo I e 24,93 %, no ciclo no ciclo II. Considerando a variabilidade genética detectada a partir das estimativas dos parâmetros genéticos e o fato de essa população expressar alto potencial para a

produtividade , acredita-se que há possibilidades de se obter respostas à seleção quanto à adaptação, com o desenvolver de novos ciclos.

LITERATURA CITADA

- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CMS 35 no Estado de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.10, p.1399-1405, 2002.
- CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M. X. dos, LEAL, M. de L. da S.; SOUZA, E. M. de., Estimativas dos parâmetros genéticos de variedades de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.8, p. 929-935, 2003.
- CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P.C.L. de. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033-Asa Branca no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.7, p.1417-1425, julho, 2000.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays L*). **Crop Science**, Madison, v. 7, n.3, p. 212-216, 1967.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 8. Ed. São Paulo: Nobel, 1990. 450p.
- RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas** Piracicaba: ESALQ, 1977. 122p. Dissertação de Mestrado.
- VENCOVSKY. R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento** .Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- WEBEL, O.D.; LONQUIST, J.H. Na evaluation of modified ear –to-row selection in a population of corn (*Zea mays L*). **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 651-655, 1967

TABELA 1. Quadrados médios das análises de variância conjuntas (ciclos original e I) e por local (ciclo II) das médias de produção das espigas da população de milho CPATC 4. Sergipe, 2001 a 2003.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrados médios ⁽¹⁾		
		Ciclo original	Ciclo I	Ciclo II
Progenitores (P)	195	773,2**	1438,74**	164,65**
Interação (P x L)	195	497,70**	973,74**	-
Erro	195	-	-	246,11
Erro médio	390	256,60	328,92	-
Média (g/planta)		114,46	131,61	110,52
C.V (%)		14,00	13,78	14,20

⁽¹⁾Ciclo original: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 2001; Ciclo I: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2002; Ciclo II: Simão Dias, 2003. **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 2. Produtividade média da testemunha Sertanejo e das progênes avaliadas e selecionadas da população de milho CPATC-4 nos ciclos de seleção original, I e II e porcentagens médias das progênes avaliadas e selecionadas em relação à testemunha Sergipe, 2001 a 2003

Ciclo ⁽¹⁾	Material	Produtividade média (kg/ha)	Porcentagem em relação a testemunha
Original	Sertanejo	6732	100
	Progênes avaliadas	6435	96
	Progênes selecionadas	7777	116
	Amplitude de variação	4318 a 9375	
I	Sertanejo	7380	100
	Progênes avaliadas	7550	102
	Progênes selecionadas	9591	129
	Amplitude de variação	4530 a 11268	
II	Sertanejo	6050	100
	Progênes avaliadas	6178	102
	Progênes selecionadas	7626	126
	Amplitude de variação	2506 a 8175	

⁽¹⁾Ciclo original: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 2001; Ciclo I: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2002; Ciclo II: Simão Dias, 2003

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros genéticos do carácter peso de espigas (g/planta)² da variedade CPATC-4. Região Nordeste do Brasil, 2003

Parâmetros genéticos	Ciclo original ⁽¹⁾	Ciclo I ⁽¹⁾	Ciclo II ⁽¹⁾
σ_p^2 (g/planta) ²	68,88	116,25	164,65
σ_A^2 (g/planta) ²	275,52	465,00	658,60
σ_{int}^2 (g/planta) ²	120,5	322,41	-
h_m^2	35,63	32,32	57,22
h^2	12,28	15,75	32,41
C. Vg (%)	7,25	8,19	11,61
b	0,52	0,59	0,82
Gs entre (g/planta)	8,70	10,76	17,03
Gs entre (%)	7,60	8,17	15,41
Gs dentro (g/planta)	4,29	6,40	10,52
Gs dentro (%)	3,75	4,86	9,52
Gs total (%)	11,35	13,03	24,93

⁽¹⁾Ciclo original: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 2001; Ciclo I: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2002; Ciclo II: Simão Dias, 2003.

σ_p^2 : variância genética entre progênes; σ_A^2 : variância genética aditiva;

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

