

## ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-3 NO NORDESTE BRASILEIRO

*Hélio Wilson Lemos de Carvalho<sup>1</sup>, Manoel Xavier dos Santos<sup>2</sup>, Maria de Lourdes da Silva Leal<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros, Caixa Postal 44, 49001-970, Aracaju, Sergipe, Brasil, e-mail: helio@cpatc.embrapa.br.

<sup>1</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros, Caixa Postal 44, 49001-970, Aracaju, Sergipe, Brasil, e-mail: lurdirinha@cpatc.embrapa.br.

<sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Caixa Postal 152, 35701-970, Sete Lagoas, Minas Gerais, Brasil

Três novos ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram praticados na população de milho CPATC-3, no Nordeste brasileiro, no período de 2002 a 2004, visando obter estimativas de parâmetros genéticos, para posterior verificação do comportamento da variabilidade genética em relação ao peso de espiga. Foram avaliadas 196 progênies de meios-irmãos em cada ciclo de seleção, em blocos ao acaso com duas repetições, realizando-se as recombinações das progênies selecionadas dentro do mesmo ano agrícola, de modo a obter um ciclo/ano. A variabilidade genética foi reduzida do ciclo II para o ciclo IV, mantendo-se constante no ciclo V. O ganho médio estimado por ciclo de seleção foi de 12,74% para o peso de espiga. A possibilidade de ganho em peso de espiga com a seleção, a alta variabilidade genética apresentada pela população e as elevadas médias de produtividade das progênies indicam o grande potencial dessa população na continuidade do programa de melhoramento de milho.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L., progênies de meios-irmãos, variabilidade genética, melhoramento de plantas.

**Estimates of Genetic Parameters for 'CPATC-3' Maize Population in Northeast Region of Brazil.** Three new selection cycles of half-sib progenies of 'CPATC-3' maize were carried out from 2002 to 2004, in Northeast region of Brazil, aiming to determine estimates of genetic parameters as indicators of genetic variability for ear weight. It was evaluated 196 half-sib progenies in each selection cycle, using a randomized complete block design with two replications. The selected progenies were recombined in the same agricultural year in order to test one cycle per year. It was observed that the genetic variability was reduced from cycle II through cycle IV, but remained constant for cycle V. The estimated average gain per cycle was 12.74% of ear weight. The possibility of gain for ear weight with the selection, with the high genetic variability of the population, and with the high productivity averages of the progenies indicate the great genetic potential of this population for continuing the breeding program of maize.

**Key words:** *Zea mays* L., half-sib progenies, genetic variability, plant breeding.

## Introdução

O milho, no Nordeste brasileiro, é cultivado em cerca de três milhões de hectares, classificando-se entre os produtos agrícolas de importância para a região, em razão de sua participação na formação da renda agrícola, na ocupação de parcelas consideráveis da população rural, pela sua contribuição na alimentação humana e animal, onde entra como componente básico.

A produtividade de milho na região é baixa, em decorrência de sistemas de produção que utilizam pouca ou nenhuma tecnologia de produção, características dos pequenos e médios produtores rurais, das irregularidades climáticas, que provocam muitas vezes as frustrações de safras, da insuficiência de sementes selecionadas, de variedades melhoradas, dentre outras.

Existe, portanto, um grande mercado para variedades de milho no Nordeste brasileiro, as quais podem ser utilizadas nos diferentes sistemas de produção vigentes nas diferentes condições ambientais dessa ampla região, o que justifica a prioridade de se obter e difundir variedades de milho de melhor adaptação.

Sabe-se, no entanto, que uma das condições necessárias para alcançar sucesso com o melhoramento é a presença de variabilidade genética na população. Para detecção dessa variabilidade, tem sido utilizado com sucesso o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (Paterniani, 1967). Esse método tem sido bastante usado no Brasil e no exterior e a sua grande vantagem é 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 de sucessivos ciclos de seleção.

Trabalhos norte-americanos (Weber & Lonquist, 1967; Sentz, 1971; Compton & Bahadur, 1977) e brasileiros (Paterniani, 1968; Segóvia, 1976; Sawazaki, 1979; Pacheco, 1987; Carvalho et al., 2000a, 2000b, 2002 e 2003b) mostram a existência da variabilidade genética após sucessivos ciclos de seleção, e a presença de ganhos contínuos com o uso deste método.

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas dos parâmetros genéticos da variedade de milho CPATC-3, submetidos a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no Nordeste brasileiro.

## Material e Métodos

Após realização dos ciclos original, I e II de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na variedade

CPATC-3 (Carvalho et al., 2003a), foi obtido, de um campo de recombinação, 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agrônômicas de altura de planta e de espiga, resistência ao acamamento e quebranto do colmo, prolificidade, empalhamento, tipo e coloração de grãos e disposição das fileiras na espiga. A seguir, foram realizados mais três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos anos agrícolas de 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).

Foi utilizado o delineamento experimental em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,80m e 0,40m entre covas dentro das fileiras. Foram colocadas três sementes por cova, deixando-se após o desbaste, duas plantas por cova. Após a realização dos ensaios, foi praticada uma intensidade de seleção de 10 % entre progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lote isolado por despendoamento, onde foram selecionadas 196 novas progênies, correspondendo à intensidade de seleção de 10% dentro de progênies, no mesmo ano agrícola. Todos os ensaios e campos de recombinação receberam adubação de N e P, usando-se 80 kg/ha de N e 100 kg/ha de  $P_2O_5$ , nas formas de uréia e superfosfato simples. Todo o fósforo e 1/3 do N foram aplicados por ocasião do plantio no fundo dos sulcos, e o restante do N, foi aplicado em cobertura, na quarta semana após o plantio. Na colheita foi tomado o peso de espigas de progênie, o qual foi ajustado para 15% de umidade. Não foi feita a correção para o estande em razão de as parcelas mostrarem número final de plantas bem próximo do ideal. Foi realizada, inicialmente, a análise de variância por local, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso. Posteriormente, foi feita análise de variância conjunta, obedecendo ao critério de homogeneidade dos quadrados médios residuais. Os quadrados médios das análises de variância conjuntas foram ajustados para o nível de indivíduos, obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível e expressas em  $(g/planta)^2$ , conforme Vencovsky (1978). As estimativas da variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ), da variância fenotípica nas próprias plantas ( $\sigma_F^2$ ) e entre médias de progênies ( $\sigma_F^2$ ), dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito nas médias de progênies ( $h_m^2$ ) e de plantas ( $h^2$ ) foram obtidas pelas seguintes expressões (Vencovsky & Barriga, 1992).

$$\begin{aligned}(\sigma_A^2) &= 4 (\sigma_p^2) \\(\sigma_F^2) &= \sigma_p^2 + \sigma_{pxl}^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 \\(\sigma_F^2) &= \sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/nr, \\h_m^2 &= \sigma_p^2/(\sigma_F^2) \text{ e,} \\h^2 &= \sigma_A^2/\sigma_F^2.\end{aligned}$$

O índice de variação  $b$  foi determinado pela relação  $CVg/Cve$ , em que  $CVg$  = coeficiente de variação genotípica, e o  $Cve$  é o coeficiente ambiental.

O progresso esperado, quando se utiliza a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, dentro do mesmo ano agrícola, foi estimado pela fórmula:

$$Gs = K_1 \cdot \sigma_{p/}^2 / (\sigma_F^2) + K_2 \cdot (3/8) \sigma_A^2 / \sigma_d^2, \text{ em que,}$$

$K_1$ : diferencial de seleção estandardizado, que depende da intensidade de seleção entre progênies = 10% (1,755);

$K_2$ : diferencial de seleção estandardizado, que depende da intensidade de seleção dentro de progênies = 10% (1,755);

$\sigma_d$ : desvio-padrão fenotípico dentro de progênies de meios-irmãos.

Para cálculo dos ganhos considerou-se  $\sigma_d^2 = 10\sigma_e^2$  (Gardner, 1961).

## Resultados e Discussão

Os resultados das análises de variância apresentaram diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre as progênies, em todos os ciclos de seleção, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre elas, quanto ao peso de espigas (Tabela 1). Esse fato, e o bom desempenho produtivo das progênies (Tabela 2), expressam a possibilidade de sucesso na seleção. Foi observado, também, no ciclo IV de seleção, efeito significativo da interação progênies x ambientes, o que mostra o comportamento diferenciado das progênies em face das oscilações ambientais. A importância dessa interação progênies x ambientes vem sendo verificada em trabalhos correlatos de melhoramento no Nordeste brasileiro, conforme destacam Carvalho et al.; (2000a, 2002 e 2003b). Os coeficientes de variação obtidos oscilaram de 12,54% a 15,86% e conferiram boa

Tabela 1 - Quadrados médios das análises de variância conjunta de pesos de espigas, em (g/planta)<sup>2</sup>, 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 à 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	

precisão aos ensaios, conforme critérios adotados por Scapim et al., (1995), o que é bastante desejável, porque torna possível a obtenção de melhor resposta à seleção.

As progênies avaliadas apresentaram produtividade média de 7.382 kg/ha de espigas, o que evidencia boa adaptação da variedade CPATC-3 na região (Tabela 2). Essas progênies produziram +12%, +10% e +13%, em relação à variedade testemunha BR106, nos ciclos III, IV e V, respectivamente. Nesses respectivos ciclos, as progênies selecionadas superaram a testemunha BR 106 em 37%, 31% e 34%.

As estimativas dos parâmetros genéticos das populações-base nos ciclos III e V foram obtidas em um só ambiente, estando, portanto, influenciadas pela interação progênies x ambientes. Hallauer & Miranda Filho (1988) ressaltam que a avaliação de progênies em mais de um ambiente melhora a eficiência do processo seletivo e permite a obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância. As magnitudes dessas estimativas (Tabela 3) mostraram queda da variabilidade genética do ciclo III para o ciclo IV, sendo essa redução significativa, em razão das avaliações das progênies do ciclo IV terem sido realizadas em dois ambientes, ficando menos influenciadas pela interação progênies x ambientes. Decréscimos da variabilidade no decorrer de ciclos de seleção têm sido destacados por diversos autores em trabalhos envolvendo progênies de meios-irmãos (Santos & Naspolini Filho, 1986; Carvalho et al., 2002 e 2003b). Do ciclo IV para o ciclo V foi observado pequeno acréscimo da variabilidade. Incrementos na variabilidade genética no decorrer de ciclos de seleção têm sido descritos por Segóvia (1976) e Sawazaki (1979). Para o primeiro autor, o acréscimo da variabilidade observado a

partir do ciclo IV de seleção com a variedade Centralmex pode ter ocorrido principalmente em razão do maior número de progênies selecionadas em cada ciclo, e à modalidade de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, que foi de um ciclo a cada dois anos. Para Sawazaki (1979), os incrementos registrados nos ciclos XI, XII e XIII, com progênies da variedade IAC-Maia, deveu-se à introdução de algumas linhagens. No entanto, supõe-se que o acréscimo verificado no ciclo VII com a IAC-Maia foi causado pela liberação de razoável quantidade de variabilidade potencial. No presente trabalho, supõe-se que o acréscimo ocorrido do ciclo IV para o ciclo V com a variedade CPATC-3 tenha ocorrido em consequência da liberação de parte da variabilidade genética potencial, a exemplo do constatado por Carvalho et al., (2000), com a população CMS 453, do ciclo I para o ciclo II e com a população CMS 35 (Carvalho et al., 2002), do ciclo II para o ciclo III.

As estimativas da variância genética entre progênies foram coerentes com as registradas por Carvalho et al., (1998, 2000a e 2003b) e estão dentro do limite do levantamento realizado por Ramalho (1977), envolvendo diversas populações de milho brasileiras e, expressam a variabilidade genética presente na variedade CPATC-3. Verificou-se, também, que a variação detectada na variância genética aditiva acompanhou a variação mostrada para a variância genética entre progênies. As reduções nas estimativas dessa variância nos ciclos IV e V já eram esperadas em razão da exploração da variabilidade livre no ciclo inicial, conforme ressaltam Webel & Lonquist (1967) e Paterniani (1967 e 1968). Segundo Paterniani (1968) é de interesse que a variância genética aditiva permaneça tão alta quanto possível, para

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

Parâmetros genéticos	Ciclo III	Ciclo IV	Ciclo V
$\sigma_p^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	319,95	40,57	51,49
$\sigma_A^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	1279,00	162,28	205,96
$\sigma_{pxl}^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	-	126,29	-
$h_m^2$	61,58	24,98	19,86
$h^2$	37,98	6,26	6,66
C. V <sub>g</sub> (%)	11,22	5,68	5,04
B	0,90	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

$\sigma_p^2$  : variância genética entre progênies;  $\sigma_A^2$  : variância genética aditiva;  
 $\sigma_{pxl}^2$  : 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.

permitir a obtenção de ganhos substanciais por seleção. De acordo com o referido autor, esse método de seleção reduz muito essa variância, sobretudo, no primeiro ciclo de seleção, apesar de mesmo ocorrendo redução, terem sido observados ganhos satisfatórios, a exemplo dos relatados por Pacheco, (1987), Santos & Napolini Filho (1986) e Carvalho et al., (2000b e 2003b).

Os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com média de progênies de meios-irmãos ( $h^2_m$ ) superaram as obtidas nas próprias plantas ( $h^2$ ), em todos os ciclos de seleção (Tabela 3). Esse fato indica que a variação genética existente entre indivíduos meios-irmãos é grande em relação à variância fenotípica, o que está de acordo com os relatos de Santos et al, (1998) e Carvalho et al., (2002 e 2003a), sendo os valores mais altos encontrados quando a seleção foi realizada em um só ambiente. Os valores dos coeficientes de variação genéticos mostraram que as progênies dos ciclos III, IV e V apresentaram variabilidade. Os coeficientes b retrataram condição mais favorável para a seleção no âmbito local. A finalidade principal do índice b, segundo Vencovsky (1987), é indicar se determinado material, numa dada fase de avaliação, se presta à seleção. De acordo com o autor, uma situação mais favorável para a seleção de progênies de milho é quando a estimativa de b apresenta valor próximo ou superior à unidade.

Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram de 15,46% e 10,04%, totalizando 25,50%, no ciclo III; 4,98% e 2,03%, totalizando 7,01, no ciclo IV e 3,93% e 1,79%, totalizando 5,72%, no ciclo V, com média de 12,74%, por ciclo/ano e da mesma magnitude que os ganhos registrados por Carvalho et al., (2002, 2003a e 2003b). Tais resultados confirmam o potencial genético da variedade CPATC-3 em responder à seleção para aumento da produtividade de espigas.

### Conclusão

As médias de produtividades de espigas e as magnitudes dos parâmetros genéticos das progênies evidenciam que a população CPATC-3 detém alta variabilidade genética.

### Literatura Citada

- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos. 2002. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CMS 35 no Estado de Sergipe. Pesquisa Agropecuária Brasileira 37 (10): 1399-1405.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos.; GAMA, E. E. G.; MAGNAVACA, R. 1998. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 no Nordeste brasileiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira 35 (5):713-720.
- CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M. X. dos, LEAL, M. de L. da S.; SOUZA, E. M. de. 2003b. Estimativas dos parâmetros genéticos de variedades de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira 38 (8): 929-935.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos SOUZA, E. M. de. 2003a. Estimativas dos parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. Pesquisa Agropecuária Brasileira 38 (1): 73-78.
- CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P.C.L. de. 2000b. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033-Asa Branca no Nordeste brasileiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira 35(7):1417-1425.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; PACHECO, C.A.P. 2000a. Potencial genético da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira 35 (6):1169-1176.
- COMPTON, W. A.; BAHADUR, K. 1977. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. Crop Science 17: 378-380.
- GARDNER, C.O. 1961. An evolution of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. Crop Science 1:241-245.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J. B. 1988. Quantitative genetics in maize breeding. 2. Ed. Ames: Iowa, State University Press. 468p.
- PACHECO, C.A. P. 1987. Avaliação de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS 39 em diferentes condições de ambiente- 2º de seleção. Dissertação de Mestrado. Lavras, ESAL. 109p.
- PATERNIANI, E. 1968. Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays L*). Dissertação de Mestrado. Piracicaba, ESALQ, 92p.
- PATERNIANI, E. 1967. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays L*). Crop Science 7 (3): 212-216.

- RAMALHO, M. A. P. 1977. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Dissertação Mestrado. Piracicaba, ESALQ. 122p.
- SANTOS, M. X. dos. et al. 1998. Melhoramento intrapopulacional no sintético elite NT para solo pobre em nitrogênio. Pesquisa Agropecuária Brasileira 33 (1): 55-61.
- SANTOS, M. X. dos.; NASPOLINI FILHO. W.. 1986. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L) Dentado Composto Nordeste. Revista Brasileira de Genética 9 (2): 307-3019.
- SAWAZAKI, E. 1979. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para a produção de grãos no milho IAC Maia. Dissertação Mestrado. Piracicaba, ESALQ. 99p.
- SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P. de.; CRUZ, C. D. 1995. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira 30 (5): 683-686.
- SEGOVIA, R.T. 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L) Centralmex. Tese de Doutorado. Piracicaba, ESALQ. 98p.
- SENTZ, J.C. 1971. Genetics variances in a synthetic variety of maize estimated by two mating design. Crop Science 11: 234-238.
- VENCOVSKY. R. 1987. Herança quantitativa. In: Paterniani, E; Viegas, G. P. Melhoramento e produção do milho. 2 ed. Campinas, Fundação Cargill. pp. 137-214.
- VENCOVSKY, R. 1978. Herança quantitativa . In: Paterniani, E. ed. Melhoramento e produção do milho no Brasil. Piracicaba: ESALQ. pp. 122-201.
- VENCOVSKY. R.; BARRIGA, P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética. 496p.
- WEBEL, O.D.; LONQUIST, J.H. 1967. An evaluation of modified ear - to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L). Crop Science 7: 651-655.