

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-4 NO NORDESTE BRASILEIRO

Hélio Wilson Lemos de Carvalho¹; Manoel Xavier dos Santos²; Maria de Lourdes da Silva Leal¹; Evanildes Menezes de Souza³

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos da população de milho CPATC 4, submetida a três ciclos de seleção entre e dentro de progêneres de meios-irmãos, para posterior verificação do comportamento da variabilidade genética em relação ao peso de espigas. Em cada ciclo foram avaliadas 196 progêneres de meios-irmãos, em blocos ao acaso, com duas repetições, com recombinação das progêneres superiores dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter um ciclo/ano. Os valores das estimativas da variância genética aditiva ressaltam a grande variabilidade genética presente na população CPATC-4. O ganho médio estimado com a seleção entre e dentro de progêneres de meios-irmãos foi de 16,43%. As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos associadas às altas médias de produtividade de espigas e ao ganho médio esperado, por ciclo de seleção, revelam o potencial da população CPATC-4 em responder à seleção para aumento da produtividade, o que possibilitará a obtenção de um material melhor adaptado para exploração comercial no Nordeste brasileiro.

Palavras-chave: *Zea mays*, melhoramento genético, progresso genético, variância aditiva.

GENETIC PARAMETERS IN THE MAIZE POPULATION CPATC-4 IN THE BRAZILIAN NORTHEAST REGION

ABSTRACT: The objective of this work was to obtain genetic parameters estimates in the maize population submitted to three selection cycles among and within half sib families for subsequent evaluation of the genetic variability related to ear weight. In each selection cycle were evaluated 196 half sib families and it was used the experimental randomized block design and two replications making the recombination of ten selected families in the same agricultural year. The estimated values for the additive genetic variance emphasize the great genetic variability in this population. The estimated genetic gains with this selection scheme were 16,43%. The magnitudes for these genetic parameters estimated associated to the high ear productivities and with the genetic gain for selection cycle showed the potential of this population in answering to the selection for increase the productivity. In this way it will be possible to obtain a better adapted material for commercial use in the Brazilian Northeast region.

Keywords: *Zea mays*, maize breeding, genetic gain, additive genetic variance.

¹ Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, Cx.P. 44, CEP: 49.001-970, Aracaju, SE, e-mail: helio@cpatc.embrapa.br, lurdinha@cpatc.embrapa.br.

² Embrapa Milho e Sorgo, Cx.P. 152, CEP: 35.701-970, Sete Lagoas, MG, e-mail: xavier@cnpms.embrapa.br

³ Estagiária da Embrapa Tabuleiros Costeiros/UFS, eva@cpatc.embrapa.br

INTRODUÇÃO

Distintas condições ambientais existem no Nordeste brasileiro (SILVA et al., 1993), e o milho, com algumas restrições, é cultivado em todas elas. A expansão desse cultivo nessa ampla região vem aumentando, ano após ano, registrando-se, também, acréscimos na produtividade e no consumo desse cereal. Atribui-se tal fato à incorporação de novas fronteiras agrícolas, ao uso de variedades melhoradas e ao crescente aumento de exploração de aves e suínos. O volume de produção na região ainda é insuficiente para atender à demanda, havendo necessidade de importação de grãos de milho de outras partes do país e do exterior, para suprir a necessidade regional. O uso de variedades melhoradas tem papel relevante para elevar a produtividade dos sistemas de produção desse cereal na região, além das sementes desses materiais serem insumos baratos e acessíveis e, se constituem em tecnologias de fácil adoção podendo ser reutilizadas em plantios subsequentes.

Neste contexto, e dada a vocação de mais de dois milhões de hectares, distribuídos nos diferentes biomas do Nordeste brasileiro, para a produção de milho variedade, o programa de melhoramento genético em execução nessa região desde 1982, tem procurado obter e difundir variedades, direcionadas para essas diferentes condições ambientais. Dessa forma, Carvalho et al. (2000a e 2003a) obtiveram e recomendaram as variedades precoces Asa Branca e São Francisco para as condições da zona Agreste do Nordeste brasileiro; Carvalho et al. (2000b) também obtiveram e recomendaram a variedade Sertanejo, de ciclo semitardio, preferencialmente, para a faixa dos Tabuleiros Costeiros dessa região; para o semi-árido, Carvalho et al. (2000c) obtiveram e recomendaram a variedade Assum Preto, que associa superprecocidade à uma alta qualidade protéica.

Em todos esses casos, os autores supramencionados utilizaram, com sucesso, o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. A eficiência desse método de seleção tem sido comprovada em diversos outros trabalhos (PATERNIANI, 1967 e 1968; WEBEL & LONQUIST, 1967; RAMALHO, 1977; SAWAZAKI, 1979; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988) quanto às magnitudes dos parâmetros genéticos, especialmente, a variância genética aditiva e os ganhos

esperados por seleção.

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos da população de milho CPATC-4, submetida a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no Estado de Sergipe.

MATERIAL E MÉTODOS

No ano agrícola de 2000, dois híbridos simples de milho (Cargill 333 B e Dina 1000), que expressaram boa adaptabilidade e estabilidade de produção em diversos ambientes do Nordeste brasileiro (CARVALHO et al., 1999 e 2002a), foram cruzados, resultando a geração F_1 , que recebeu a denominação de CPATC-4. Nesse mesmo ano agrícola, foi praticado um ciclo de seleção massal simples nessa população, onde foram obtidas 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agronômicas de altura de planta e de inserção da primeira espiga, resistência ao acamamento e quebramento do colmo, empalhamento, tipo e coloração de grãos e disposição das fileiras nas espigas. A seguir, foram realizados os três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos anos agrícolas de 2001 (ciclo original, em Nossa Senhora das Dores e Neópolis), 2002 (ciclo I, em Nossa Senhora das Dores e Simão Dias) e 2003 (ciclo II, em Nossa Senhora das Dores e Simão Dias).

Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0m de comprimento, espaçadas de 0,80m e 0,40m entre covas, nas fileiras. Após o desbaste, foram mantidas duas plantas/cova. A variedade testemunha Sertanejo, foi colocada sistematicamente dentro de cada repetição, somando quatorze parcelas/repetição.

Após a realização dos ensaios, foi praticada intensidade de seleção de 10% entre progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento, e foram selecionadas 196 novas progênies, correspondendo a uma intensidade de seleção de 10% dentro de progênies, no mesmo ano agrícola. Todos os ensaios e campos de recombinação receberam adubação de acordo com os resultados das análises de solo de cada área

experimental. Foram tomados os pesos de espigas, os quais foram submetidos à análise de variância, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso. A seguir, realizou-se 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 (σ_A^2), da variância fenotípica nas próprias plantas (σ_F^2) e entre médias de progênies (σ_p^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 propostas por Vencovsky & Barriga (1992).

O índice de variação b foi determinado pela relação CVg/CVe , em que CVg = coeficiente de variação genotípico, 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: $G_s = K_1 \cdot \sigma_p^2 / (\sigma_F^2) + K_2 \cdot (3/8) \sigma_A^2 / \sigma_d^2$, 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);

s_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

Foram constatadas, na análise de variância conjunta de progênies de cada ciclo, diferenças significativas ($p < 0,01$), o que expressa a presença de variabilidade genética entre elas (Tabela 1). Foram detectadas também, nesses ciclos de seleção, evidências de interação progênies x locais, o que revela comportamento diferenciado das progênies nos ambientes considerados. Os valores dos coeficientes de variação obtidos em todos os ciclos de seleção conferiram boa precisão aos ensaios, conforme os critérios adotados por Scapim et al. (1995).

TABELA 1. Quadrados médios das análises de variâncias 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
Progênies (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: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2003. **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

As progênies avaliadas produziram, em média, 6.721 kg/ha de espigas, e as selecionadas produziram 8.331 kg/ha de espigas, o que mostra a boa adaptação da população CPATC-4 na região (Tabela 2). As progênies avaliadas produziram -4,0%, +2,0% e +2,0% em relação à variedade testemunha Sertanejo, respectivamente, nos ciclos original, I e II. Nos respectivos ciclos de seleção, as progênies selecionadas superaram a variedade testemunha em 16,0%, 29,0%

e 26,0%.

Nota-se, na Tabela 2, que a amplitude de variação encontrada na população original não é muito ampla. Tal fato se deve em razão desse ciclo corresponder à geração F_2 , onde ainda não houve muita segregação dos genes quantitativos responsáveis pela produtividade. Na população de ciclo I, que corresponde a geração F_3 , nota-se uma maior amplitude

de variação, muito embora tenha havido uma seleção na geração anterior. Situação semelhante foi descrita

por Paterniani (1968), no processo de obtenção da variedade Centralmex.

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

Ciclo ⁽¹⁾	Material	Produtividade média (kg/ha)	Percentagem em relação a testemunha
Original	Sertanejo	6732	100
	Progêniess avaliadas	6435	96
	Progêniess selecionadas	7777	116
	Amplitude de variação	4318 a 9375	
I	Sertanejo	7380	100
	Progêniess avaliadas	7550	102
	Progêniess selecionadas	9591	129
	Amplitude de variação	4530 a 11268	
II	Sertanejo	6050	100
	Progêniess avaliadas	6178	102
	Progêniess 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: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2003.

As estimativas dos parâmetros genéticos nos ciclos original, I e II de seleção, provieram da média de dois locais, estando, portanto, menos influenciadas pela interação progêniess x locais (Tabela 3), o que leva

à obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

TABELA 3. Estimativas dos parâmetros genéticos do caracter 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_{pxl}^2 (g/planta) ²	120,50	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 Dais, 2002; Ciclo II: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2003.

σ^2 : variância genética entre progêniess; σ_A^2 : variância genética aditiva;

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

O valor relativo à variância genética entre progêneres, constante na Tabela 3, indica uma menor variabilidade para a população original e, uma maior variabilidade para o ciclo I, o que evidencia que a variabilidade presente numa população F_2 , para o caráter quantitativo como produtividade, é reduzida. Na geração F_3 é que as segregações se acentuam, aumentando, assim, a variabilidade genética. No processo de obtenção da variedade Centralmex, Paterniani (1968) ressalta que a hibridação foi eficiente para aumentar a variabilidade genética, acrescentando, ainda, que a seleção deve ser iniciada na geração F_3 , tendo pouco valor a seleção em F_2 . A variação observada na variância genética aditiva acompanhou a variação da variância genética entre progêneres, registrando-se valores mais elevados no ciclo II, quando a seleção foi efetuada em um local, capitalizando a interação progêneres x locais (Tabela 3). Os valores encontrados, no presente trabalho, para a variância genética aditiva estão dentro dos limites relatados por Ramalho (1977) e Vencovsky (1988), citado por Packer (1998). Ressalta-se que a maioria das estimativas relatadas nesses levantamentos foram obtidas de avaliações realizadas em um só local, onde não se pôde isolar a variância genética da interação progêneres x locais. As magnitudes das estimativas da variância genética aditiva encontradas neste trabalho foram menos expressivas do que aquelas relatadas por Carvalho et al. (2002b e 2003b).

No melhoramento de populações de polinização aberta, a variância genética aditiva contribui significativamente na resposta à seleção da população. De acordo com Paterniani (1968), é do máximo interesse que a variância genética aditiva permaneça tão alta quanto possível, para permitir progressos com o desenvolver de novos ciclos de seleção. As estimativas das variâncias das interações progêneres x locais (Tabela 3) mostraram a mesma tendência observada nos outros parâmetros genéticos. Hallauer & Miranda Filho (1988) enfatizam que a magnitude dessa variância pode ultrapassar em mais de 50% a magnitude da estimativa da variância genética entre progêneres, e as magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos em um só local são superestimados, pela existência do componente da variação resultante da interação progêneres x local, que não pode ser isolado.

Os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com médias de progêneres de meios-irmãos (h_m^2) superaram os que foram obtidos com a seleção massal (Tabela 3), o que expressa 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 Carvalho et al. (2002b, 2003a 2003b). As magnitudes dos coeficientes de variação genética mostraram maior variabilidade com progêneres dos ciclos I e II. Os coeficientes b retratam situação mais favorável para a seleção no ciclo II. Vencovsky (1987) assinala que uma situação mais favorável para a seleção de progêneres 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 progêneres de meios-irmãos foram de 11,35%, no ciclo original, 13,03%, no ciclo I e 24,93%, no ciclo II, com média de 16,43%, por ciclo/ano, o que confirma mais uma vez o potencial genético da população CPATC-4, em responder à seleção para aumento da produtividade de espigas. Trabalhos na literatura têm relatados ganhos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de progêneres de meios-irmãos e uso de sementes remanescentes, mas com um ciclo completado em dois anos (WEBEL & LONQUIST, 1967; PATERNIANI, 1968; BIGOTO, 1988). Neste trabalho, os resultados encontrados foram compatíveis com os mencionados pelos autores supracitados; no entanto, ressalta-se sua superioridade, visto que no presente caso tem-se um ciclo por ano.

Considerando a variabilidade genética detectada a partir das estimativas dos parâmetros genéticos e o fato dessa população expressar boa adaptação, acredita-se que há possibilidade de se obter respostas à seleção para aumento da produtividade de espigas, com o desenvolver de novos ciclos de seleção.

CONCLUSÃO

A população CPATC-4 detém suficiente variabilidade genética, o que permite à obtenção de ganhos com vistas ao aumento da produtividade de espigas, com a continuidade do programa de melhoramento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BIGOTO, C. A. **Estudo da população ESALQ-PB I de milho (*Zea mays L.*) em cinco ciclos de seleção recorrente.** Piracicaba: ESALQ, 1988. 122p. Dissertação de Mestrado, 1988.
- CARVALHO, H. W. L. de.; SANTOS, M. X. dos.; LEAL, M. de L. da S. PACHECO, C. A. P.; CARDOSO, M. J.; MONTEIRO A. A. T. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares de milho no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.9, p. 1581-1591, 1999.
- 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, jul. 2000a.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; PACHECO, C.A.P. Potencial genético da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.6, p.1169-1176, jun. 2000b.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; GUIMARÃES, P.E. de O.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. Três ciclos de seleção entre e dentro de progêneres de meios-irmãos na população de milho CMS-52. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1621-1628, ago. 2000c.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; CARDOSO, M.J.; SANTOS, M.X. dos; TABOSA, J.N.; CARVALHO, B.C.L. de; LIRA, M.A. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no nordeste brasileiro no triênio 1998 a 2000. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.11, p. 1581-1588, nov. 2002.
- 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, 2002b.
- 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, 2003a.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; SOUZA, E. M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC 3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.1, p. 73-78, 2003b.
- GARDNER, C.O. An evolution of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, Madison, v.1, p. 241-245, 1961.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding.** 2. Ed. Ames: Iowa, State University Press, 1988. 468p.
- PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays L.*)**. Piracicaba: ESALQ, 1998. 100p. Dissertação de Mestrado, 1998.
- PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays L.*)**. Piracicaba: ESALQ, 1968. 92p. Dissertação de Mestrado, 1968.
- 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.
- 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, 1977.
- SAWAZAKI, E. **Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para a produção de grãos no milho IAC Maia**. Piracicaba: ESALQ, 1979. 99p. Dissertação de Mestrado, 1979.

