

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

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos¹, Hélio Wilson Lemos de Carvalho¹, Ivênio Rubens de Oliveira¹, Paulo Evaristo Oliveira Guimarães², Cleso Antônio Patto Pacheco² e Kátia Estelina de Oliveira Melo³

Resumo

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética em relação à característica peso de espigas. Foram praticados nove ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no período de 1999 a 2007. Avaliaram-se, por ciclo, 196 progênies de meios-irmãos, em látice simples 14x14. As estimativas do progresso genético esperado entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos nove ciclos de seleção foram, em média, de 8,03% e 3,40%, respectivamente, sendo de 12,43% o ganho médio ciclo/ano. As médias de produtividades e as magnitudes dos parâmetros genéticos das progênies evidenciam que a população CPATC-3 possui alta variabilidade genética, o que possibilita a obtenção de ganhos genéticos com o desenvolver de novos ciclos de seleção, para o peso de espigas.

Introdução

O desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades de milho que possam proporcionar melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, predominantes no Nordeste brasileiro e de extrema importância, pois a maioria dos agricultores tem limitação de capital e não pode investir em tecnologias de produção.

Utiliza-se o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos por sua eficiência na obtenção de progressos mais rápidos e pela possibilidade de realização de um ciclo por ano. A eficiência desse método de seleção tem sido comprovada em diversos trabalhos (PATERNIANI, 1967; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; CARVALHO *et al.*, 2007), quanto às magnitudes dos parâmetros genéticos, especialmente, a variância genética aditiva e os ganhos esperados por seleção para a produtividade de grãos.

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética em relação à característica peso de espigas.

Material e Métodos

A geração F₁, proveniente do cruzamento entre as variedades Sertanejo e São Francisco, após sofrer um ciclo de seleção massal no ano agrícola de 1998, recebeu a denominação de população CPATC-3. Foram retiradas dessa população 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agronômicas, nesse mesmo ano agrícola. A seguir, foram realizados nove ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, entre os anos agrícolas de 1999 a 2007, em diferentes municípios do Estado de Sergipe.

As progênies foram avaliadas em látice 14x14. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0m de comprimento, espaçadas de 0,80m, e com 0,40m, entre covas, dentro da fileira. Foram mantidas duas plantas/cova, após o desbaste. Nos ciclos com ensaios em mais de um local, após a realização das análises de variância por local, efetuou-se a análise de variância conjunta, a partir das médias ajustadas de tratamento, tendo-se considerado aleatório, o efeito de local. Após a realização das análises de variância, por local e conjunta, os quadrados médios dessas análises foram ajustados para o nível de

1. Pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mails: srramos@cpac.embrapa.br; helio@cpac.embrapa.br; Ivenio@cpac.embrapa.br

2. Pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, Km 45, Sete Lagoas, MG, CEP: 35701-970. E-mails: evaristo@cpms.embrapa.br; cleso@cpms.embrapa.br

3. Graduada em Ciências Biológicas. E-mail: katia@cpac.embrapa.br

indivíduos obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível e expressas em $(g/planta)^2$, conforme Vencovsky (1978). Na estimação dos componentes da variância, utilizaram-se os métodos descritos por Vianna e Silva (1978). 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 a uma intensidade de seleção de 10% dentro de progênies, dentro do mesmo ano agrícola.

Resultados e Discussão

As análises de variância revelaram diferenças significativas entre as progênies, em todos os ciclos de seleção, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre elas, quanto ao peso de espigas. Nos ciclos com avaliações em mais de um local, obteve-se efeito estatisticamente significativo de interação progênies x locais, o que mostra comportamento inconsistente das progênies em relação aos ambientes. Os valores dos coeficientes de variação oscilaram de 10, 07 a 16, 94, o que indica boa precisão dos ensaios (LÚCIO *et al.*, 1999).

A produtividade média de espigas obtidas nas progênies avaliadas variou de 6.314kg/ha a 9.586kg/ha, o que atesta o alto potencial genético para a produtividade dessa população. As progênies selecionadas superaram a testemunha BR 106 em todos os ciclos de seleção, o que evidencia um melhoramento considerável na população CPATC-3.

Obtiveram-se estimativas das variâncias entre progênies e aditiva mais altas em todos os ciclos de seleção, à exceção das magnitudes encontradas nos ciclos IV e V (Tab.1). Nos ciclos 0, I, II, III, IV e V essas estimativas foram obtidas na média de dois locais, estando, portanto, pouco influenciadas pela interação progênies x locais (Tab.1). Hallauer e Miranda Filho (1988) ressaltaram que a avaliação de progênies em mais de um local melhora a eficiência do processo seletivo e permite a obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância. Houve acréscimo da variabilidade genética no ciclo I em relação ao ciclo 0. Isto não é esperado, pois resultados relatados por diversos autores têm mostrado redução do ciclo inicial para o ciclo I, utilizando esse tipo de progênie (CARVALHO *et al.*, 2000 e 2003).

As estimativas da variância genética entre progênies foram coerentes com as registradas por Carvalho *et al.*, (2000, 2003 e 2007) e estão dentro do limite do levantamento realizado por Ramalho (1977). Verificou-se, também, que a variação detectada na variância genética aditiva acompanhou a variação mostrada para a variância genética entre progênies. Segundo Paterniani (1967) é de interesse que a variância genética aditiva permaneça tão alta quanto possível, para garantir a obtenção de ganhos substanciais por seleção.

Os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com média de progênies (h^2_m) superaram os valores obtidos nas próprias plantas (h^2), em todos os ciclos de seleção (Tab.1). Isto indica que a variação genética existente entre indivíduos meios-irmãos é grande em relação à variância fenotípica. Os coeficientes b retratam uma situação mais favorável para a seleção nos ciclos I e III.

As estimativas do progresso genético esperado entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos nove ciclos de seleção, foram, em média de 8,03% e 3,40%, respectivamente, sendo de 12,43% o ganho médio ciclo/ano.

Conclusão

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

Referências

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M.X.; 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, junho, 2000c.

eficientes e responsivos (ER), respectivamente. Contudo, podem ser classificados como eficientes e não-responsivos (ENR) e ineficientes e responsivos (IR) os híbridos que tiverem médias superiores, sob apenas um nível de disponibilidade de N. Ressalta-se que diferentes respostas de genótipos de milho têm sido encontradas em função da adubação nitrogenada (LAFITE e EDMEADES, 1995).

Para AF, destacaram-se os híbridos derivados dos cruzamentos entre as linhagens eficientes $L_1 \times L_2$, $L_1 \times L_3$, os quais estão representados no quadrante superior direito. Sendo assim, esses híbridos foram classificados como eficientes e responsivos, ou seja, em resposta à baixa e alta disponibilidade de N, apresentaram incremento de AF. Entretanto, o híbrido $L_2 \times L_3$ foi classificado como apenas responsivo, por ter valor médio idêntico à média geral dos híbridos cultivados em ambiente de baixo N. No entanto, observou-se no quadrante inferior esquerdo destaque dos híbridos $L_4 \times L_5$, $L_4 \times L_6$ e $L_5 \times L_6$ derivados dos cruzamentos entre as linhagens ineficientes, os quais são classificados como ineficientes e não-responsivos. Ou seja, em ambos os níveis de disponibilidade de N, apresentaram decréscimo de AF (Fig. 1A).

Para NG, destacaram-se os cruzamentos $L_1 \times L_5$, $L_2 \times L_4$ e $L_3 \times L_6$, representados no quadrante superior direito. Ou seja, em ambos os níveis de disponibilidade de N, baixo e alto, essas combinações híbridas apresentaram incremento no teor de NG nos grãos. Em contrapartida, os híbridos $L_1 \times L_2$, $L_3 \times L_5$ e $L_4 \times L_5$ apresentaram resposta contrária, quando representados no quadrante inferior esquerdo. Pode-se observar, ainda, que o híbrido $L_2 \times L_3$ foi considerado ineficiente, por ter valor médio idêntico à média geral dos híbridos cultivados em ambiente de alto N (Fig. 1B). Com relação a variável AP, (Fig. 1C) observa-se que os híbridos $L_1 \times L_2$, $L_1 \times L_5$ e $L_2 \times L_5$ estão representados no quadrante superior direito. Sendo assim, podem ser considerados eficientes e responsivos à adubação nitrogenada. Contudo, em programas de melhoramento que visam à redução de porte de plantas de milho, esses híbridos não são indicados. Os híbridos $L_3 \times L_6$, $L_4 \times L_6$ e $L_5 \times L_6$, representados no quadrante inferior esquerdo, podem ser considerados ineficientes e não-responsivos à adubação nitrogenada. O cruzamento $L_1 \times L_3$ está representado no quadrante inferior esquerdo, o que sugere que a linhagem L_1 possa não estar favorecendo a combinação híbrida.

Na Fig. 1D, os híbridos $L_1 \times L_3$, $L_1 \times L_5$ e $L_2 \times L_3$ estão dispersos no quadrante superior direito, sendo, classificados como eficientes no uso de N e responsivos à adubação nitrogenada. Essa mesma resposta foi observada na Fig. 1A, genótipos com maior PG apresentaram maior AF. Provavelmente, a maior AF pode ter proporcionado maior interceptação da energia solar e, por conseguinte, maior assimilação de carbono no processo fotossintético, o que evidencia um maior equilíbrio entre a produção de assimilados e as demandas para o desenvolvimento dos órgãos reprodutivos. Este fato contribuiu para o incremento da PG. Os híbridos $L_4 \times L_6$ e $L_5 \times L_6$ estão dispersos no quadrante inferior esquerdo, sendo, classificados como ineficientes no uso de N e não-responsivos à adubação nitrogenada. Apenas o híbrido $L_4 \times L_5$ foi considerado eficiente, mas ainda não-responsivo. Esses resultados concordam com os encontrados por GUIMARÃES (2006). Este autor, trabalhando com as mesmas seis linhagens contrastantes ao uso de N da população CMS 28, observou a mesma resposta, mostrando que, para a PG, houve superioridade dos genótipos selecionados como eficientes em relação aos ineficientes, tanto em ambientes com baixo e alto teor de N.

Conclusões

Em programas de melhoramento visando à alta eficiência na utilização do nitrogênio, o híbrido $L_1 \times L_5$ pode ser considerado promissor.

Referências

- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2004. 480p.
- FANCELI, A.L., DOURADO NETO, D. *Produção de milho*. 2.ed. Guaíba: Agropecuária, 2004. 360p.
- FOX, R.H. Selection for phosphorus efficiency in corn. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, n.9, p.13-37, 1978.
- GALLAIS, A.; HIREL, B. An approach to the genetics of nitrogen use efficiency in maize. *Journal of Experimental Botany*, vol.55, n.396, 2004, p.295-306.
- GUIMARÃES, L.J.M. *Caracterização de genótipos de milho desenvolvidos sob estresse de nitrogênio e herança da eficiência de uso deste nutriente*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006. 122p.

LAFITE, H.R.; EDMEADES, G.O. Association between traits in tropical maize inbred lines and their hybrids under high and low soil nitrogen. *Maydica*, vol.40, 1995, p.259-267.

PIMENTEL-GOMES, F. *Curso de estatística experimental*. São Paulo: Esalq, 1985. 467p.

SILVA, F.C. da *Manual de análises químicas de solo, plantas e fertilizantes*. 1.ed. Brasília: Embrapa Solos, Embrapa Informática Agropecuária, 1999. 370p

SMIL, V. Nitrogen and food production: proteins for human diets. *Ambio*, vol.31, n.2, 2002, p.126-131.

Tabela 1. Análise de variância para as variáveis, área foliar (AF), nitrogênio nos grãos (NG), altura de planta (AP) e produtividade de grãos (PG).

Variável	Quadrados Médios				CV%
	Nitrogênio (N)	Genótipos (G)	NxG	Resíduo	
AF	0,1315**	0,0078**	0,0020 ^{ns}	0,0030	19,17
NG	0,8429**	0,0476*	0,0152 ^{ns}	0,0200	8,69
AP	621,4694**	956,8057**	53,1747 ^{ns}	60,9855	6,11
PG	5228,8444**	542,3857**	335,1540*	181,3389	17,53
GL	1	14	14	56	

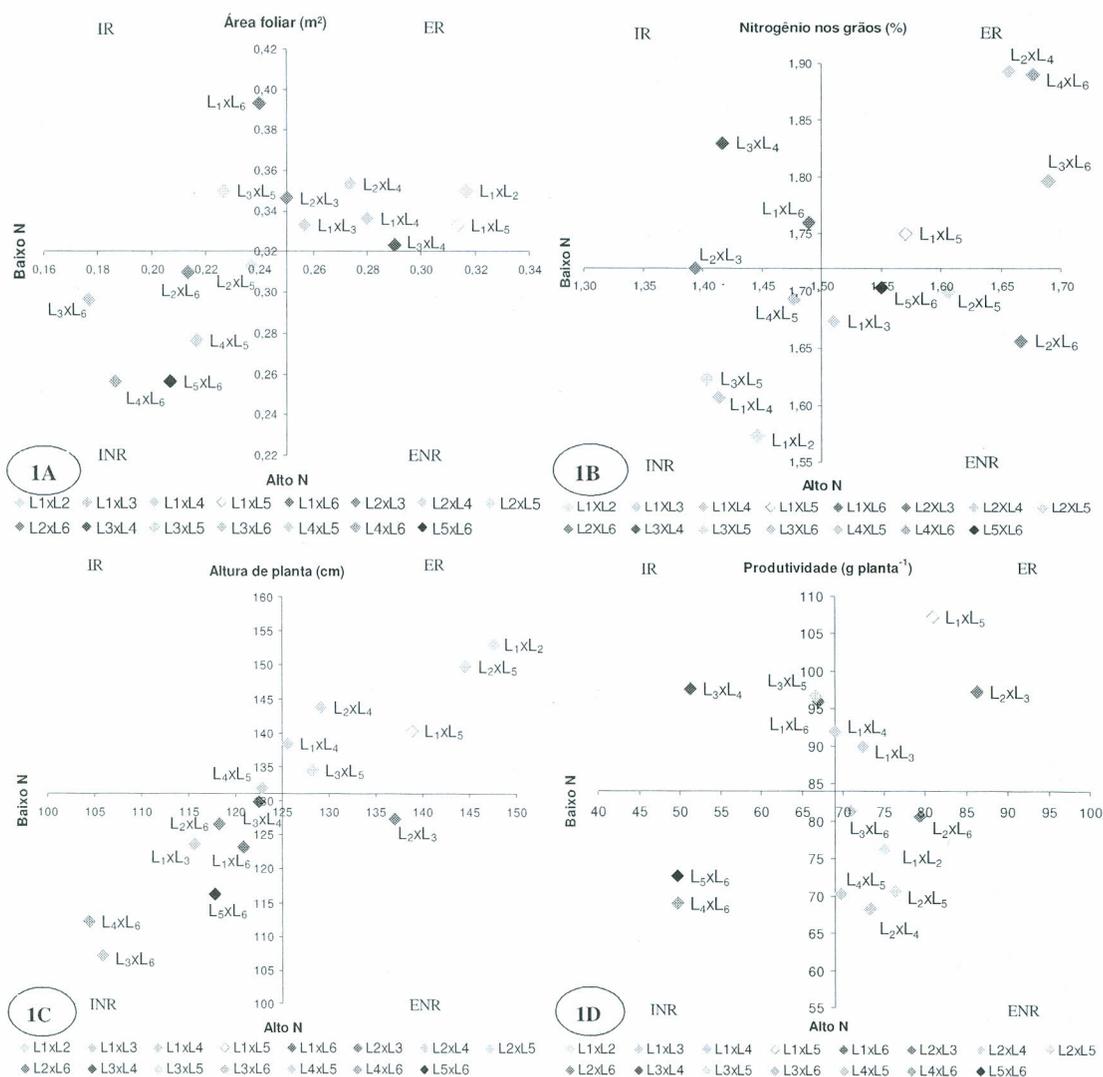


Figura 1. Respostas de 15 híbridos F₁, derivados dos cruzamentos entre seis linhagens contrastantes da população de milho CMS 28, para área foliar (IA), nitrogênio nos grãos (IB), altura de planta (IC) e produtividade de grãos (ID), em função da adubação nitrogenada.