

MELHORAMENTO GENÉTICO DA VARIEDADE DE MILHO BRS CAATINGUEIRO NO NORDESTE BRASILEIRO

Kátia Estelina de Oliveira Melo¹, Hélio Wilson Lemos de Carvalho², Paulo Evaristo Oliveira Guimarães³, Cleso Antônio Patto Pacheco³, Ivênio Rubens de Oliveira² e Alba Freitas Menezes⁴

Resumo

Desenvolveu-se este trabalho visando obter uma variedade de milho de melhor adaptação às condições de solo e clima do sertão nordestino, em comparação com as variedades já em uso. Foram praticados nove ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos da variedade Caatingueiro, de ciclo superprecoce, no período de 1997 a 2007. Utilizaram-se, por ciclo, 196 progênies de meios-irmãos, as quais, foram avaliadas em blocos ao acaso, com duas repetições. As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos das progênies evidenciam que a variedade BRS Caatingueiro possui variabilidade genética suficiente para permitir ganhos com vistas ao aumento da produtividade de espigas, com o prosseguimento de novos ciclos de seleção.

Introdução

No sertão nordestino concentra-se a maior área plantada com milho no Nordeste brasileiro, e é nela que esse produto tem grande importância econômica e social, apesar da ocorrência de frustração de safras, em razão do regime pluviométrico inconstante. A utilização de cultivares precoces tem sido destacada nessa ampla região (Carvalho et al., 2005 e 2007), evidenciando-se sua importância nas áreas onde são constantes as frustrações de safras, provocadas, basicamente, por irregularidades pluviométricas. A variedade de milho BRS Caatingueiro, de ciclo superprecoce, após demonstrar adaptabilidade e estabilidade de produção em vários ambientes do Nordeste brasileiro, foi escolhida para ser incorporada ao programa de melhoramento intrapopulacional em desenvolvimento no Nordeste brasileiro, visando dotar os pequenos e médios agricultores de uma cultivar adaptada às condições de solo e clima dessa região.

Desenvolveu-se este trabalho visando obter uma variedade de milho de melhor adaptação às condições de solo e clima do sertão nordestino, em comparação com as variedades já em uso.

Material e Métodos

A variedade de milho BRS Caatingueiro apresenta como principal característica a superprecocidade. No ano agrícola de 1998 foi cultivada uma área de 1.000 m² com esse material, onde foram retiradas 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agrônômicas. A seguir, foram realizados nove ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, em diferentes ambientes do Estado de Sergipe, no período de 1999 a 2007.

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, com 0,20m entre covas, dentro das fileiras. Após a realização dos ensaios, foi praticada uma intensidade de seleção de 10% entre progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento, onde foram selecionadas 196 novas progênies, correspondendo a uma intensidade de seleção de 10% dentro de progênies, dentro do mesmo ano agrícola.

1. Estagiária Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, Jardins, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mail: katia@cpate.embrapaba.br

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

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

4. Estagiária Embrapa Tabuleiros Costeiros/UFS, Av. Beira Mar, 3250, Jardins, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mail: albitafm@hotmail.com

Foram tomados os dados de peso de espigas, os quais foram submetidos à análise de variância, por local e conjunta. As estimativas dos parâmetros genéticos foram feitas utilizando-se as fórmulas apresentadas por Vencovsky e BARRIGA (1992).

Resultados e Discussão

As estimativas dos parâmetros genéticos são apresentadas na Tabela 1, onde se constata uma queda da variabilidade do ciclo I para o ciclo II. Fato semelhante tem sido observado em diversos trabalhos similares de melhoramento, utilizando-se esse tipo de progênie (CARVALHO et al., 2005 e 2007). RAMALHO (1977) ressalta que isso ocorre em virtude da utilização máxima da variabilidade livre existente no ciclo inicial, e que corresponde à segregação entre blocos poligênicos. Do ciclo II para o ciclo III, foi observado acréscimo da variabilidade, permanecendo constante até o ciclo IV. Nova queda da variabilidade foi constatada do ciclo IV para o ciclo V, permanecendo constante até o ciclo VII. Incrementos na variabilidade genética no decorrer de ciclos de seleção têm sido descritos por SAWAZAKI (1979) e CARVALHO et al (2005 e 2007). Obeve-se acréscimo da variabilidade no ciclo VIII, ressaltando-se que esse ciclo foi realizado em um só local, estando, portanto, influenciado pela interação progênies x local. Nova queda da variabilidade foi verificada no ciclo IX, sendo as avaliações das progênies desse ciclo realizadas em dois locais, estando pouco influenciadas pela interação progênies x locais.

Verificou-se que a variação detectada na variância genética aditiva acompanhou aquela observada na variância genética entre progênies, registrando-se valores mais altos nos ciclos I, II, III, VI, VII e VIII, estando coerentes com aqueles apresentados por CARVALHO et al (2003, 2005 e 2007) e evidenciam a grande variabilidade genética presente na variedade de milho Caatingueiro.

As estimativas da variância da interação progênies x locais evidenciam divergências entre os locais, e comportamento diferenciado das progênies nesses locais. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) comentaram que esses componentes da variância podem atingir mais de 50% do valor da estimativa da variância genética entre progênies, e que as estimativas de parâmetros genéticos obtidos em apenas um local são superestimados, em razão da existência do componente de variação resultante da interação progênies x locais, que não pode ser isolado.

Os coeficientes de herdabilidade registrados com a seleção massal (h^2) foram inferiores em relação aos obtidos com as médias é mais eficiente que a seleção massal, o que está de acordo com CARVALHO et al (2003, 2005 e 2007). As magnitudes dos coeficientes de variação genética mostraram que os ciclos I, III, IV, VI e VIII apresentaram melhor variabilidade. Os coeficientes b retratam uma situação mais favorável para a seleção nos ciclos I e III (próximo de 1).

As estimativas do progresso genético esperado no decorrer dos nove ciclos de seleção, foram, em média, 8,13% e 4,52%, o que confirma o potencial genético da variedade BRS Caatingueiro em responder à seleção para aumento da produtividade de espigas.

Conclusão

As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos das progênies evidenciam que a variedade BRS Caatingueiro possui variabilidade genética suficiente para permitir ganhos com vistas ao aumento da produtividade de espigas.

Referências

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. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 no nordeste brasileiro. *Revista Agrotrópica*, Ilhéus, Bahia, v. 17, p. 47 - 52, 2005.

CARVALHO, Hélio Wilson Lemos de; SOUZA, Evanildes Menezes de. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 42, n. 6, 2007.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J. B. *Quantitative genetics in maize breeding*. 2. Ed. Ames: Iowa, State University Press, 1988. 468p.

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.

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.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos do caráter peso de espigas (g/planta)² da variedade BRS Caatingueiro. Região Nordeste do Brasil, 1998 a 2007.

Parâmetros genéticos	Ciclo I	Ciclo II	Ciclo III	Ciclo IV	Ciclo V	Ciclo VI	Ciclo VII	Ciclo VIII	Ciclo IX
σ_p^2 (g/planta) ²	61,30	23,80	79,30	71,32	19,15	83,55	50,59	272,26	24,12
σ_A^2 (g/planta) ²	245,20	95,20	317,20	285,29	76,60	334,20	202,37	1089,04	96,48
σ_{pxl}^2 (g/planta) ²	115,10	9,40	156,80	58,84	40,72	49,50	28,78	-	-
h_m^2	45,10	37,60	43,30	52,97	18,63	52,56	38,51	50,72	16,41
h^2	35,70	8,60	31,50	24,32	3,83	19,93	9,53	25,74	5,24
C. V _g (%)	8,50	4,60	10,40	8,21	3,94	8,14	5,81	10,73	3,13
B	0,9	0,4	0,9	0,73	0,27	0,63	0,44	0,72	0,31
Gs entre (g/planta)	9,30	5,20	10,20	10,79	3,32	11,60	7,72	20,56	3,48
Gs entre (%)	10,10	4,90	12,00	10,48	2,99	10,23	6,31	13,98	2,22
Gs dentro (g/planta)	6,00	1,60	7,90	6,10	1,20	5,86	3,08	11,91	1,56
Gs dentro (%)	6,50	1,50	9,20	5,92	1,08	5,22	2,51	7,75	1,00
Gs total (%)	16,60	6,40	21,20	16,40	4,07	15,55	8,82	21,13	3,22

¹⁾Ciclo I: Neópolis e Umbaúba, 1999; ciclo II: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 2000; ciclo III: Nossa Senhora das Dores e Neópolis, 2001; ciclo IV: Nossa senhora das Dores e Neópolis, 2002; ciclo V: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2003; ciclo VI: Nossa senhora das Dores e Simão Dias, 2004; ciclo VII: Frei Paulo e Simão Dias, 2005; ciclo VIII: Frei Paulo, 2006 e ciclo IX: Frei Paulo, 2007.

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

σ_{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.