

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-5 NO NORDESTE BRASILEIRO

Lívia Freire Feitosa¹, Hélio Wilson Lemos de Carvalho², Paulo Evaristo Oliveira Guimarães³, Cleso Antônio Patto Pacheco³, Ivênio Rubens de Oliveira² e Cinthia Souza Rodrigues⁴

Resumo

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-5, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética no decorrer de três sucessivos ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. Utilizaram-se 196 progênies de meios-irmãos por ciclo, as quais foram avaliadas em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada ciclo foi completado pela seleção das 20 progênies superiores, considerando o peso de espigas, que foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento. A população CPATC-5 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.

Introdução

O mercado para variedades de milho no Nordeste brasileiro é amplo, ocupando cerca de dois milhões de hectares, distribuídos nos ecossistemas do sertão, cerrados, agreste e tabuleiros costeiros. Diante desse fato, e considerando-se que variedades adaptadas representam fator preponderante para promover melhoria de produtividade nos sistemas de produção, e que sementes melhoradas constituem um dos insumos mais baratos, desenvolveu-se um programa de melhoramento voltado para obtenção de variedades direcionadas para os referidos ecossistemas.

Entre os vários métodos de seleção intrapopulacional para aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações, o de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos tem-se mostrado eficiente, pois permite a obtenção de progressos genéticos de forma mais rápida, pela possibilidade de realização de um ciclo por ano (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). A análise dos dados do teste de progênies permite estimar a variância genética aditiva na população base e, em consequência, verificar quais as chances de êxito na seleção.

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-5, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética no decorrer dos sucessivos ciclos de seleção.

Material e Métodos

A geração F₁ resultante do cruzamento entre os híbridos simples Cargill 333 B e AG 1051, no ano agrícola de 2003, 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. A seguir, foram praticados os três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos anos agrícolas de 2004 (ciclo I, Teresina/PI e Simão Dias/SE), 2005 (ciclo II, Nossa Senhora das Dores/SE e Simão Dias/SE) e 2006 (ciclo III, Frei Paulo/SE e Simão Dias/SE).

¹ Bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa Tabuleiros Costeiros/UFS, Av. Beira Mar, 3250, Jardins, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mail: livia@cpatc.embrapaba.br.

² Pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mails: helio@cpatc.embrapa.br; Ivenio@cpatc.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 Bolsista PIBIC / CNPq/Embrapa Tabuleiros Costeiros/UFS, Av. Beira Mar, 3250, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mail: cinthia-sr@hotmail.com

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 0,40m entre covas, dentro das fileiras.

Cada ciclo foi completado pela seleção das 20 progênies superiores, considerando o peso de espigas, que foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento, com as fileiras femininas (despendoadas) representadas pelas progênies selecionadas, e as masculinas representadas pela mistura das mesmas. Foram selecionadas 196 novas progênies, correspondentes à intensidade de seleção de 10% entre e 10% dentro do mesmo ano agrícola.

Foram tomados os pesos de espigas, os quais foram submetidos à análise de variância, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso, realizando-se, a seguir, e a análise de variância conjunta. Os quadrados médios dessas análises foram ajustadas para o nível de indivíduos, obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível expressas em (g/planta)², conforme Vencovsky (1978). As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelas expressões apresentadas por Vencovsky e Barriga (1992).

Resultados e discussão

Foram constatadas nas análises de variância conjuntas de progênies dos ciclos I, II e III, diferenças significativas ($p < 0,01$), o que expressa presença de variabilidade genética entre elas. Os valores dos coeficientes de variação obtidos em todos os ciclos foram baixos, conferindo boa precisão aos ensaios (LÚCIO *et al*, 1999).

As progênies avaliadas produziram, em média, 7.123kg/ha de espigas, e as selecionadas, 8.307kg/ha de espigas, o que mostra a boa adaptação da população CPATC-5 na região.

As estimativas dos parâmetros genéticos nos ciclos de seleção I, II e III provieram da média de dois locais, estando, portanto, menos influenciadas pela interação progênies x locais (Tab.1), o que leva à obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

O valor relativo à variância genética entre progênies mostra uma pequena variabilidade nos ciclos I e II de seleção, em razão, não só, de esses ciclos serem realizados em dois ambientes, estando, portanto, pouco influenciados pela interação progênies x locais, como, também, por corresponderem as gerações F₂ (ciclo I) e F₃ (ciclo II), onde ainda não houve muita segregação dos genes quantitativos responsáveis pela produtividade. Na 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 em F₃, tendo pouco valor a seleção iniciada em F₂. No ciclo III as segregações se acentuaram, aumentando a variabilidade genética. A variação observada na variância genética aditiva acompanhou a variação da variância genética entre progênies. Os valores registrados no presente trabalho, para a variância genética aditiva estão dentro dos limites relatados por Ramalho (1977) e Packer (1988). As estimativas das variâncias das interações progênies x locais mostraram a mesma tendência observada nos outros parâmetros genéticos.

Em todos os ciclos de seleção, os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com médias de progênies (h^2_m) superaram os que foram obtidos com a seleção massal (h^2), o que expressa que a seleção com progênies de meios-irmãos deve ser mais eficiente que a seleção massal; esta tendência está de acordo com Carvalho *et al* (2005 e 2007).

Os valores dos coeficientes de variação genética refletem pouca variação entre as progênies. Também, os coeficientes não retratam situação favorável para a seleção. Para Vencovsky e Barriga (1992), quando o coeficiente b atinge valor igual ou superior ao da unidade, tem-se uma situação muito favorável para a seleção.

Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro e progênies de meios-irmãos foram, de 5,65%, no ciclo I, 6,51 %, no ciclo II e 10,12%, no ciclo III, com média de 7,43 %, por ciclo/ano, o que confirma o potencial genético da população CPATC-5 em responder a seleção para aumento da produtividade de espigas.

Conclusão

A população CPATC-5 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

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. *Pesq. agropec. bras.*, 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.

LÚCIO, A.D.; STORCK, L.; BANZATTO, D. A. Classificação dos experimentos de competição de cultivares quanto à sua precisão. *Pesquisa Agropécuária Gaúcha*, v. 5, p.99-103, 1999.

PACKER, D. *Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (Zea mays L)*. Piracicaba: ESALQ, 1998. 100p. Dissertação de Mestrado.

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, 1968.

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. Herança quantitativa . In: PATERNIANI, E. (Ed.). *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Piracicaba: ESALQ, 1978. P.122-201.

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 população CPATC-45 Região Nordeste do Brasil, 2003 a 2007.

Parâmetros genéticos	Ciclo I	Ciclo II	Ciclo III
σ_p^2 (g/planta) ²	33,28	35,42	83,39
σ_A^2 (g/planta) ²	133,13	141,67	333,56
σ_{pxl}^2 (g/planta) ²	57,98	119,51	7,70
h_m^2	26,39	20,61	47,37
h^2	6,71	5,71	11,78
C. V _g (%)	4,47	5,74	6,01
B	0,36	0,34	0,48
Gs entre (g/planta)	5,19	4,73	11,00
Gs entre (%)	4,02	4,56	7,23
Gs dentro (g/planta)	2,11	2,02	4,39
Gs dentro (%)	1,63	1,95	2,88
Gs total (%)	5,65	6,51	10,12

⁽¹⁾Ciclo I: Teresina e Simão Dias, 2004; Ciclo II: Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, 2005; Ciclo III: Frei Paulo e Simão Dias, 2006; ciclo IV: Frei Paulo, 2007. **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

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.