

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-6 NO NORDESTE BRASILEIRO

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos<sup>1</sup>, Hélio Wilson Lemos de Carvalho<sup>1</sup>, Paulo Evaristo Oliveira Guimarães<sup>2</sup>, Cleso Antônio Patto Pacheco<sup>2</sup>, Ivênio Rubens de Oliveira<sup>1</sup> e Livia Freire Feitosa<sup>3</sup>

## Resumo

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-6, a fim de se verificar o comportamento da variabilidade genética no decorrer dos ciclos de seleção. Foram praticados quatro ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no período de 2004 a 2007, avaliando-se 196 progênies por ciclo, em blocos ao acaso, com duas repetições. As médias de produtividade e a magnitude das estimativas dos parâmetros genéticos mostram que a população CPATC-6 possui variabilidade genética, tanto livre quanto potencial, o que possibilita a obtenção de ganhos genéticos com o desenvolver de novos ciclos de seleção, quanto ao peso de espigas.

## Introdução

Muitos trabalhos na literatura relatam uma quantidade suficientemente grande de variância genética aditiva em populações de polinização aberta de milho, para o caráter produção de grãos (PACKER, 1998). As estimativas dessa variância são realizadas, em grande parte, utilizando-se progênies de meios-irmãos, de onde se estimam também a herdabilidade e o ganho por seleção. Resultados satisfatórios quanto aos ganhos esperados em produtividades de espigas vêm sendo obtidos no Nordeste brasileiro com as variedades São Francisco (CARVALHO *et al.*, 2003), Asa Branca (CARVALHO *et al.*, 2005) e Sertanejo (CARVALHO *et al.*, 2007), cuja seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos vem sendo realizada sem sementes remanescentes (um ciclo por ano), o que, segundo Ramalho (1977), proporciona ganhos anuais maiores do que com o uso de sementes remanescentes (um ciclo a cada dois anos).

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-6, a fim de se verificar o comportamento da variabilidade genética no decorrer dos ciclos de seleção.

## Material e Métodos

No ano agrícola de 2003 realizou-se o cruzamento entre os híbridos simples Pioneer 30 F 33 e AG 8080, resultando em uma geração  $F_1$  que recebeu a denominação de CPATC-6. No decorrer desse ano agrícola, realizou-se um ciclo de seleção massal simples, de onde foram obtidas 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agrônomicas. A seguir, foram praticados quatro ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, nos anos agrícolas de 2004 (Teresina/PI e Simão Dias/SE), 2005 (Frei Paulo/SE), 2006 (Frei Paulo e Simão Dias/SE) e 2007 (Frei Paulo/SE).

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, 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

<sup>1</sup>. 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

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

<sup>3</sup>. Bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa Tabuleiros Costeiros/UFS, Av. Beira Mar, 3250, Jardins, C.P. 44, Aracaju, SE, CEP: 49025-040. E-mail: livia@cpatc.embrapa.br

das mesmas. Foram selecionadas 196 novas progênies, correspondentes à intensidade de seleção de 10% entre e 10% dentro do mesmo ano agrícola.

Foram obtidos os pesos de espigas, os quais foram submetidos à análise de variância, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso, realizando-se, a seguir, 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)<sup>2</sup>, conforme Vencovsky (1978). As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelas expressões apresentadas por Vencovsky e BARRIGA (1992).

## Resultados e Discussão

As evidências amostrais dos quatro ciclos de seleção indicaram diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) pelo teste F, entre progênies obtidas da população base, quanto à característica peso de espigas. Nos ciclos com avaliações em mais de um local (ciclos I e III), obteve-se efeito estatisticamente significativo de interação progênies x locais, o que mostra comportamento inconsistente das progênies em relação aos ambientes. Os coeficientes de variação encontrados nessas análises conferiram boa precisão aos experimentos (LÚCIO *et al.*, 1999).

As produtividades médias de espigas obtidas nas progênies avaliadas e selecionadas nos quatro ciclos de seleção foram de 8.226kg/ha e 9.755kg/ha, respectivamente, o que atesta o alto potencial para a produtividade de espigas da população CPATC-6.

O valor relativo da variância genética entre progênies indicou uma menor variabilidade para o ciclo I, e uma maior variabilidade para o ciclo II, o que evidencia que a variabilidade presente numa população F<sub>2</sub>, para o caráter quantitativo como produtividade, é reduzida. Ressalta-se que o ciclo I de seleção corresponde à geração F<sub>2</sub>, onde ainda não houve muita segregação dos genes quantitativos responsáveis pela produtividade. Na geração F<sub>3</sub> 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<sub>3</sub>, tendo pouco valor a seleção feita em F<sub>2</sub>. A variação observada na variância genética aditiva acompanhou a estimada na variância genética entre progênies, em todos os ciclos de seleção. Os valores encontrados no presente trabalho para a variância genética aditiva estão dentro dos limites relatados por Ramalho (1977) e coerentes com aquelas registradas por Carvalho *et al.*, (2005 e 2007).

Os ganhos estimados com a seleção, entre e dentro de progênies no ciclo I, foram de 0,90 %, o que mostra a variabilidade genética presente na geração F<sub>2</sub>, para um caráter quantitativo. O ganho total estimado com a seleção no ciclo foi de 28,0%, em razão de esse ciclo ter sido realizado em um só local, capitalizando a interação progênies x locais e pelo aumento da segregação ocorrida em F<sub>3</sub>, aumentando a variabilidade genética. No ciclo III, o ganho total estimado foi de 7,87 %. Esse decréscimo em relação ao ciclo deve-se, principalmente, ao fato de esse ciclo ter sido realizado em dois locais, estando menos influenciado pela interação progênies x locais. Houve uma forte queda da variabilidade no ciclo IV, apesar de esse ciclo ter capitalizado a interação progênies x locais, por ter sido realizado em um só local. No ciclo IV, o ganho total estimado foi de 2,95%. As estimativas do progresso genético esperado, nos últimos três ciclos de seleção, foram, em média, 8,07% e 4,87 %, entre e dentro de progênies, respectivamente, o que totaliza 12,94%.

## Conclusão

As médias de produtividade e a magnitude das estimativas dos parâmetros genéticos mostram que a população CPATC-6 possui variabilidade genética, tanto livre quanto potencial.

## Referências

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M. X. dos, LEAL, M. L. 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.; SANTOS, M. X.; LEAL, M. de L. S.; SOUZA, E. M. de. Estimativas de parâmetros genéticos após três ciclos de seleção na variedade de milho BRS 5033-Asa Branca no estado de Sergipe. *Revista Científica Rural*, Bagé, RS v.10, n.1, p.95-101, 2005.

CARVALHO, H. W. L.; SOUZA, E. M. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 42, n. 6, 2007.

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

PACKER, D. *Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (Zea mays L.)*. 1998. 100p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

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)<sup>2</sup> da população CPATC-6. Região Nordeste do Brasil, 2004 a 2007.

Parâmetros genéticos	Ciclo I	Ciclo II	Ciclo III	Ciclo IV
$\sigma_p^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	4,23	355,33	69,48	25,00
$\sigma_A^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	16,93	1421,34	277,91	99,98
$\sigma_{pxl}^2$ (g/planta) <sup>2</sup>	42,39	-	70,87	-
$h_m^2$	5,54	65,40	34,60	14,22
$h^2$	1,08	44,44	9,04	4,38
C. Vg (%)	1,61	11,72	5,42	3,11
b	0,14	0,97	0,43	0,29
Gs entre (g/planta)	0,85	26,68	8,58	3,30
Gs entre (%)	0,66	16,59	5,58	2,05
Gs dentro (g/planta)	0,30	18,35	3,53	1,45
Gs dentro (%)	0,23	11,41	2,30	0,90
Gs total (%)	0,90	28,00	7,87	2,95

<sup>(1)</sup>Ciclo I: Teresina e Simão Dias, 2004; Ciclo II: Frei Paulo, 2005; Ciclo III: Frei Paulo e Simão Dias, 2006; ciclo IV: Frei Paulo, 2007. \*\*Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

$\sigma_p^2$ : 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.Vg: coeficiente de variação genético; b: índice de variação; Gs: ganhos entre e dentro de progênies de meios-irmãos; Gs: ganho total por ciclo /ano.