

Estimativas de Parâmetros Genéticos na População de Milho CPATC-3 no Nordeste Brasileiro

[Previous](#) [Top](#)
[Next](#)



XXV Congresso Nacional de Milho e Sorgo - 29/08 a 02/09 de 2004 - Cuiabá - Mato Gr

HÉLIO W.L. de CARVALHO¹, MANOEL X. dos SANTOS² e EVANILDES M. de SOUZA¹

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros, Cx.P.44, e-mail: helio@cpatc.embrapa.br, eva@cpatc.embrapa.br; ²Embrapa Milho e Sorgo, Cx.P. 152, e-mail: xavier@cnpms.embrapa.br

INTRODUÇÃO

O cultivo de variedades de milho no Nordeste brasileiro abrange grandes extensões nos diferentes ecossistemas dessa ampla região, justificando a implantação de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades melhoradas, as quais, em substituição as variedades tradicionais, poderão proporcionar melhorias substanciais nos diferentes sistemas de produção prevalentes na região. Vem se utilizando, com sucesso no Nordeste brasileiro, o esquema de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, pela sua facilidade de execução e sua eficiência em incrementar a frequência de alelos favoráveis nas populações, possibilitando a obtenção de progressos de forma rápida, em virtude de se fazerem duas gerações/ano. Dessa forma, o presente trabalho teve por objetivo obter uma variedade de milho melhor adaptada às condições edafoclimáticas do Nordeste brasileiro.

MATERIAL E MÉTODOS

De um campo de recombinação, obtiveram-se 196 progênies de meios-irmãos, em fevereiro/2002, com base em boas características agronômicas. A seguir, realizaram-se dois ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer do ano agrícola de 2002 (ciclo III, em Nossa Senhora das Dores) e, 2003 (ciclo IV, 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 dentro das fileiras. Após o desbaste foram deixadas duas plantas por cova. Após a realização dos ensaios, foi praticada uma intensidade de seleção de 10% entre progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lote isolados por despendoamento, onde foram novamente selecionados 196 novas progênies, correspondendo a uma intensidade de seleção de 10% dentro de progênies, no mesmo ano agrícola. Os pesos de espigas de cada ensaio foram submetidos a análise de variância, obtido com o modelo em blocos ao acaso. A seguir, no ciclo IV, efetuou-se a análise conjunta de variância. Os quadrados médios das análises de variância, por local (ciclo III) e conjunta (ciclo IV) 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 dos parâmetros genéticos foram obtidas utilizando-se as expressões apresentadas por Vencovsky & Barriga (1992).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância por local (ciclo III) e conjunta (ciclo IV) revelaram diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as progênies desses ciclos de seleção, o que revela a presença de variabilidade genética entre elas, quanto ao peso de espigas (Tabela 1). Obteve-se também evidência de interação significativa progênies x ambientes, no ciclo IV de seleção, o que expressa comportamento diferenciado das progênies nos ambientes considerados. As progênies avaliadas produziram 9.120kg/ha, no ciclo III e 6.448kg/ha, no ciclo IV, o que mostra o bom potencial desse material para a produtividade e a boa adaptação da população CPATC-3 (Tabela 2). As estimativas dos parâmetros genéticos, em todos os ciclos de seleção são apresentados na Tabela 3, verificando-se uma queda da variabilidade do ciclo III para o ciclo IV. Fato semelhante tem sido observado em trabalhos similares de melhoramento, utilizando-se esse tipo de progênie (Paterniani, 1968; Santos & Naspolini Filho, 1986; Carvalho et al., 2000). Ressaltou-se, também, que em razão de as avaliações das progênies terem sido realizadas em dois locais, no ciclo IV, as magnitudes das estimativas obtidas foram menos influenciadas pela interação progênies x locais. As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos evidenciam alta variabilidade genética à população. Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram de 25,50%, no ciclo III e, 7,01%, no ciclo IV, com média de 16,28% por ciclo/ano. Associando-se a alta produtividade média de espigas às magnitudes dos parâmetros genéticos obtidos, infere-se que há grandes possibilidades de se obter respostas à seleção para aumento da produtividade de espigas, com o decorrer de novos ciclos de seleção.

LITERATURA CITADA

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, julho, 2000.

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.

SANTOS, M. X dos.; NASPOLINI FILHO. W. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no milho (*Zea mays L.*) Dentado Composto Nordeste. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.9, n.2, p.307-3019, 1986.

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. Quadrados médios das análises de variância por local (ciclo III) e conjunta (ciclo IV) e de pesos de espigas, em (g/planta)², médias de produtividades (g/planta) e coeficientes de variação (%), nos ciclos III (2002) e IV (2003), da população de milho CPATC-3, nos municípios de Nossa Senhora das Dores e Simão Dias, no Estado de Sergipe.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios	
		Ciclo III	Ciclo IV
Progênies (P)	195	1039,14**	649,56**
Progênies x locais	195	-	568,41**
Erro médio	390	-	315,82
Erro	195	399,24	-
Médias		159,30	112,04
C.V.(%)		12,54	15,86

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 2. Produtividade média da testemunha BR 106 e das progênes avaliadas e selecionadas da população de milho CPATC-3 nos ciclos de seleção III e IV e porcentagens médias das progênes avaliadas e selecionadas em relação à testemunha nos municípios de Nossa Senhora das Dores (ciclo III) e Nossa Senhora das Dores e Simão Dias (ciclo IV), no Estado de Sergipe, no período de 2002 a 2003.

Ciclo	Material	Produtividade média (kg/ha)	Porcentagem em relação a testemunha
III	BR 106	8120	100
	Progênes avaliadas	9120	112
	Progênes selecionadas	11168	137
	Amplitude de variação	4793 a 12677	
IV	BR 106	5857	100
	Progênes avaliadas	6448	110
	Progênes selecionadas	7657	131
	Amplitude de variação	4432 a 8179	

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros genéticos do caracter peso de espigas (g/planta)² da variedade CPATC-3. Região Nordeste do Brasil, 2003.

Parâmetros genéticos	Ciclo III	Ciclo IV
σ_p^2 (g/planta) ²	319,95	40,57
σ_A^2 (g/planta) ²	1279,80	162,28
σ_{ind}^2 (g/planta) ²	-	126,29
h_m^2	61,58	24,98
h^2	37,98	6,26
C. V _g (%)	11,22	5,68
b	0,9	0,35
Gs entre (g/planta)	24,64	5,58
Gs entre (%)	15,46	4,98
Gs dentro (g/planta)	16,02	2,28
Gs dentro (%)	10,04	2,03
Gs total (%)	25,50	7,01

σ_p^2 : variância genética entre progênes; σ_A^2 : variância genética aditiva; σ_{ind}^2 : variância da interação progênes x locais; h_m^2 : coeficiente de herdabilidade no sentido restrito considerando as médias de progênes; 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 progênes de meios-irmãos; Gs: ganho total por ciclo /ano.

