

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CPATC-4 NO NORDESTE BRASILEIRO

Alba Freitas Menezes¹, Hélio Wilson Lemos de Carvalho², Paulo Evaristo Oliveira Guimarães³, Cleso Antônio Patto Pacheco³, Ivênio Rubens de Oliveira² e Kátia Estelina de Oliveira Melo⁴

Resumo

O objetivo desse trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos da população de milho CPATC-4, submetida a sete ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no Nordeste brasileiro. Foram avaliadas 196 progênies por ciclo, no período de 2001 a 2006, em látice simples 14x14. As estimativas do progresso genético esperado entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram, em média, de 9,46% e 5,44%, respectivamente, sendo de 14,90 %, o ganho médio ciclo/ano, o que confirma o potencial genético da população CPATC-4 em responder à seleção para aumento da produtividade de espigas.

Introdução

O uso de variedades melhoradas de milho tem papel de destaque para elevar a produtividade dos sistemas de produção desse cereal no Nordeste brasileiro, além de as sementes desses materiais serem insumos baratos e acessíveis e, se constituem em tecnologias de fácil adoção, podendo ainda ser reutilizadas em plantios subsequentes.

No Nordeste brasileiro diversas variedades têm sido melhoradas utilizando-se o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (CARVALHO *et al.* 2003 e 2007). A eficiência desse método de seleção tem sido comprovada em diversos outros trabalhos (Paterniani, 1967) e (Halauer e Miranda Filho, 1988) quanto às magnitudes dos parâmetros genéticos, especialmente, a variância genética aditiva e os ganhos esperados com a seleção.

O objetivo desse trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos da população de milho CPATC-4, submetida a sete ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no Nordeste brasileiro.

Material e Métodos

No ano agrícola de 2000, realizou-se o cruzamento entre dois híbridos simples de milho (Cargill 333 B e Dina 1000), resultando a geração F₁, que recebeu a denominação de CPATC-4. Nesse mesmo ano agrícola foi praticado um ciclo de seleção massal simples nesse material, onde foram retiradas 196 progênies de meios-irmãos, com base em boas características agrônômicas. A seguir, foram realizados seis ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no decorrer dos anos agrícolas de 2001 a 2006, em alguns municípios do Estado de Sergipe.

As progênies foram avaliadas em látice simples 14x14. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0m de comprimento, espaçadas de 0,80m e, com 0,40m entre covas, nas fileiras. Após o desbaste, foram mantidas duas plantas/cova. A variedade testemunha Sertanejo foi colocada sistematicamente dentro de cada repetição, somando catorze parcelas/repetição.

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

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

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

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

Cada ciclo foi completado pela seleção das 20 progênies superiores, tendo-se considerado o peso de espigas, que foram recombinadas em lotes isolados por despendoamento, com as fileiras femininas representadas pelas progênies selecionadas, e as masculinas representadas pela mistura das mesmas. Foram selecionadas 196 progênies correspondentes à intensidade de seleção de 10% entre e 10% dentro do mesmo ano agrícola. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas das análises de variância, por local e conjunta, as quais tiveram os seus quadrados médios ajustados para indivíduos, obtendo-se, assim, as variâncias expressas em $(g/planta)^2$ (VENCOVSKY, 1978). Embora as análises tenham sido feitas em látice, as estimativas dos componentes da variância foram baseadas nas esperanças dos quadrados médios para blocos ao acaso, tendo-se usado os quadrados médios de tratamentos ajustados e o erro efetivo do látice (VIANNA; SILVA, 1978).

Resultados e Discussão

A amplitude de variação para a produtividade de espigas não foi ampla, no ciclo original, em razão desse ciclo corresponder à geração F_2 , onde ainda não houve muita segregação dos genes quantitativos responsáveis pela produtividade. Na população de ciclo I, que corresponde a geração F_3 , notou-se uma maior amplitude de variação, muito embora tenha havido uma seleção na geração anterior. Situação semelhante foi descrita por Paterniani (1967), no processo de obtenção da variedade Centralmex. Nos ciclos subsequentes, a seleção proporcionou o aparecimento de progênies mais produtivas.

O valor relativo à variância genética entre progênies indica uma menor variabilidade para a população original e, uma maior variabilidade para o ciclo I, o que evidencia que a variabilidade presente numa população F_2 , para o caráter quantitativo como produtividade, é reduzida. Na geração F_3 é que as segregações se acentuam, aumentando, assim, a variabilidade genética (Tabela 1). No processo de obtenção da variedade Centralmex, Paterniani (1967) ressalta que a hibridação foi eficiente para aumentar a variabilidade genética, acrescentando, ainda, que a seleção deve ser iniciada em F_3 , tendo pouco valor a seleção em F_2 . As estimativas dessa variância permaneceram constantes nos ciclos II, III e IV, mostrando queda da variabilidade no ciclo V. Com quaisquer das outras estimativas, constata-se o mesmo comportamento da variabilidade genética (Tabela 1). Os valores encontrados no presente trabalho para a variância genética aditiva estão dentro dos limites relatados por RAMALHO (1977) e VENCOVSKY (1978).

Os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com médias de progênies (h_m^2) superaram os obtidos nas próprias plantas (h^2), em todos os ciclos de seleção, evidenciando que a variação genética entre indivíduos meios-irmãos é grande em relação à variância fenotípica. As magnitudes dos coeficientes de variação genética mostraram que as progênies dos ciclos I, II, III e IV apresentaram variabilidade. Os índices b retratam seleção mais favorável no ciclo II.

As estimativas do progresso genético esperado entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram, em média, de 9,46% e 5,44%, respectivamente, sendo de 14,90 %, o ganho médio ciclo/ano, o que confirma o potencial genético da população CPATC-4 em responder à seleção para aumento da produtividade de espigas.

Conclusão

As médias de produtividades e as magnitudes dos parâmetros genéticos das progênies evidenciam que a população CPATC-4 possui alta variabilidade genética.

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.; SANTOS, M. X.; LEAL, M.L.;S.; SOUZA, E. M.; 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; SOUZA, Evanildes M. 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.

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.

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, 1967.

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.

VIANNA, R. T.; SILVA, J. C. Comparação de três métodos estatísticos de análise de variância em experimentos em látice em milho (*Zea mays L.*). *Experientiae*, Viçosa, v. 24, p. 21-41, 1978.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos do caráter peso de espigas (g/planta)² da variedade CPATC-3. Região Nordeste do Brasil, 1999 a 2007.

Parâmetros genéticos	Ciclo 0	Ciclo I	Ciclo II	Ciclo III	Ciclo IV	Ciclo V	Ciclo VI	Ciclo VII	Ciclo VIII
σ_p^2 (g/planta) ²	75,76	120,25	83,39	319,95	40,57	51,49	122,27	80,17	86,83
σ_A^2 (g/planta) ²	303,04	481,02	333,56	1279,00	162,28	205,96	489,08	320,68	347,33
σ_{pxl}^2 (g/planta) ²	97,05	185,29	78,96	-	126,29	-	58,12	-	-
h_m^2	40,02	48,59	40,20	61,58	24,98	19,86	49,49	24,54	34,97
h^2	14,03	34,94	12,12	37,98	6,26	6,66	15,73	8,37	13,78
C. V _g (%)	6,56	10,96	6,13	11,22	5,68	5,04	9,57	5,23	5,81
b	0,53	1,09	0,50	0,90	0,35	0,35	0,57	0,40	0,52
Gs entre (g/planta)	9,67	13,40	10,16	24,64	5,58	5,60	13,61	7,76	9,64
Gs entre (%)	7,30	11,48	6,82	15,46	4,98	3,93	11,78	4,53	6,02
Gs dentro (g/planta)	4,70	10,14	4,53	16,02	2,28	2,55	6,22	3,60	4,85
Gs dentro (%)	3,55	8,68	3,04	1,04	2,03	1,79	5,38	2,11	3,02
Gs total (%)	10,85	20,16	9,86	25,50	7,01	5,72	17,17	6,64	9,04

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