



MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, DO ABASTECIMENTO E
INDÚSTRIA AGRÁRIA - MAARA
Comissão Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros
Costeiros - CPATC
Av. Bolra Mar, 3250 - Cx. Postal 44 - Tel.: (079)217-1300
CEP 49001-970 - Aracaju-Sergipe

PESQUISA EM ANDAMENTO

Nº 08, CPATC, agosto/96, p.1-8

CICLO INICIAL DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 52 NOS TABULEIROS DE SERGIPE

Hélio Wilson Lemos de Carvalho¹
Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães²
Manoel Xavier dos Santos³

Na faixa dos tabuleiros costeiros, a população de baixa renda apresenta sério problema de desnutrição provocada, basicamente, por déficit protéico. Buscar alternativas alimentares, através da pesquisa agrícola, capazes de fornecer proteínas de alta qualidade associadas a um baixo custo de produção, é sumamente importante para a região.

É sabido que o milho é um alimento tradicional, explorado em toda a faixa dos tabuleiros, rico em energia, porém detentor de proteína de baixa qualidade biológica, a qual corresponde, nutricionalmente, a cerca de 40% da proteína do leite, por apresentar baixos teores de dois aminoácidos essenciais: lisina e triptofano.

Procurando melhorar a qualidade biológica da proteína do milho, pesquisadores do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) desenvolveram populações com o gene *opaque-2* em endospermas mais densos e vítreos, com o mesmo valor energético do milho normal e com proteína de maior valor biológico (80 a 90% de caseína). Portanto, a substituição de variedades de milho normal por cultivares de alta qualidade protéica trará substanciais vantagens para a sociedade, no tocante à produção de alimentos balanceados de grande utilização em programas de combate à fome e à subnutrição como também na formulação de rações mais baratas, com menores quantidades de concentrados protéicos, que permitirão a redução de custos em criações de suínos, aves, peixes e equinos.

¹ Eng.-Agr., M.Sc., EMBRAPA/Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros (CPATC), Caixa Postal 44, CEP 49001-970, Aracaju, SE.

² Eng.-Agr., M.Sc., EMBRAPA/Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 152, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG.

³ Eng.-Agr., Ph.D., EMBRAPA/Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 152, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG.



Considerando estes aspectos, o trabalho objetiva adaptar e melhorar a população CMS 52, de porte baixo e ciclo superprecóce, de alta qualidade protéica, procurando torná-la mais produtiva e adaptada às condições edafoclimáticas dos tabuleiros costeiros do Nordeste para posterior difusão junto aos agricultores.

No ano agrícola de 1994 foi plantada uma área de 700m² na sede do CPATC/Aracaju, com esta população, obtendo-se 196 progênies de meios-irmãos, as quais foram selecionadas observando-se os aspectos de competitividade, uniformidade para altura de planta e de espiga, prolificidade, empalhamento, tipo de grão (vítreo), coloração de grãos (amarelo-laranja) e produtividade. Estas progênies foram avaliadas no ano agrícola de 1995 nos municípios de Neópolis e Lagarto, em látice 14 x 14. Cada parcela constou de uma fileira de 5m de comprimento. A distância entre fileiras foi de 1,0m, com 0,50m entre covas dentro das fileiras. Foram colocadas três sementes/cova, deixando-se duas plantas/cova, após o desbaste, feito aos 30 dias após o plantio.

Após a realização dos ensaios, foi praticada uma intensidade da seleção de 5% entre as progênies, selecionando-se aquelas que associaram altas produtividades médias aos melhores teores dos aminoácidos triptofano e lisina. Essas progênies foram recombinadas em lote isolado por despendoamento, onde se praticou nova seleção dentro de cada linha-fêmea, obedecendo-se aos critérios já citados, a fim de reconstituir, desta maneira, as 196 progênies para avaliação no ciclo seguinte. Dentro dessas progênies foi praticada uma intensidade de seleção de 20%.

Todos os ensaios e o campo de recombinação receberam uma adubação de N, P e K, usando-se 80kg/ha de N, 80kg/ha de P₂O₅ e 30kg/ha de K₂O, nas formas de uréia, superfosfato simples e cloreto de potássio, respectivamente. Todo o P foi aplicado na época do plantio, no fundo dos sulcos, e o N e o K, em cobertura, aos 30 dias após o plantio.

Em todos os ensaios foram tomados os pesos das espigas, os quais foram ajustados para o nível de 15% da umidade. Realizou-se, inicialmente, a análise de variância, por local, e, em seguida, efetuou-se a análise da variância conjunta. A partir do resultado da análise de variância conjunta e considerando todos os efeitos como aleatórios, foram obtidas as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, segundo o modelo apresentado por Vencovsky (1978).

Os resultados das análises de variância a nível de local e conjunta constam na Tabela 1. A nível de local, as progênies comportaram-se de forma diferenciada, obtendo-se variações de 4.496 a 10.074kg/ha e 1.217 a 5.030kg/ha de espigas entre as progênies menos e mais produtivas, em Lagarto e Neópolis, respectivamente. As médias obtidas foram de 2.718kg/ha e 6.304kg/ha, correspondendo a 56,2 e 117,2g/planta, em Neópolis e Lagarto, respectivamente, evidenciando o bom comportamento produtivo dessas progênies nesse último município. A análise da variância conjunta revelou efeitos significativos ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F, para locais, progênies e interação progênies x locais, evidenciando diferenças entre os locais, as progênies e respostas das progênies frente às variações ambientais. Considerando as produtividades médias dos dois locais, obteve-se uma variação de 3.075 a 7.420kg/ha, com média de 4.511kg/ha, equivalente a 86,7g/planta.

As estimativas dos parâmetros genéticos da Tabela 2 foram obtidas da análise da variância conjunta, envolvendo-se os dois locais, tornando-as assim menos influenciadas pela interação progênies x locais. A estimativa da variância genética entre as progênies foi de 67,6 (g/planta)², sendo semelhante àquela detectada por Aguiar (1986) com progênies do ciclo original da população CMS 39, na média de três locais, e ligeiramente superior àquela encontrada por Pacheco (1987) com progênies do ciclo I, dessa mesma população, na média de dois locais. Valores mais altos foram obtidos por Carvalho et al. (1994) com progênies do ciclo original da população BR 5028, e por Carvalho et al. (1995) também com progênies do ciclo original da população CMS 33. Vale ressaltar que as estimativas citadas para as populações BR 5028 e CMS 33 foram obtidas em um só local, estando, portanto, superestimada pela interação progênies x locais, que não puderam ser isoladas naqueles casos.

É de grande importância a obtenção da variância genética aditiva, que é a parte da variância genética utilizável pela seleção, a qual corresponde a 1/4 da variância genética total existente entre as progênies, quando estas são de meios-irmãos. A estimativa dessa variância foi de 270,5 (g/planta)², estando dentro do limite normalmente relatado na literatura, na média de 2 a 3 locais, a qual, associada à produtividade média das progênies, evidencia o potencial da população CMS 52 para a continuidade do programa de melhoramento. Valores bastante altos para essa estimativa foram encontrados por Carvalho et al. (1994) e Carvalho et al. (1995), em um só local. O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito para progênies de meios-irmãos foi de 41,0%, sendo superior em relação àquela encontrado para a seleção massal, o qual foi de 23,6%, sugerindo que a seleção entre progênies de meios-irmãos deve ser mais eficiente que a seleção massal, para o presente caso, concordando com Pacheco (1987), Carvalho et al. (1994) e Carvalho et al. (1995). Os valores encontrados para esses coeficientes estão acima daqueles relatados por Ramalho (1977). O coeficiente de variação genética, 9,3%, está também acima daqueles relatados por Aguiar (1986) e Pacheco (1987) e expressa a variabilidade presente na população CMS 52 (Tabela 2).

As estimativas dos ganhos genéticos esperados com a seleção entre (6,3%) e dentro (5,4%), totalizando 11,7% por ciclo/ano, reflete o potencial genético dessa população em responder à seleção para aumento da produção de grãos (Tabela 2). Considerando a variabilidade detectada através das estimativas dos parâmetros genéticos e o fato de essa população ter bom potencial produtivo e excelente precocidade, acredita-se que substanciais progressos poderão advir com a continuidade do programa de melhoramento.

Em se tratando de uma população para alta qualidade protéica, tornou-se necessário efetuar uma análise para qualidade biológica dos grãos, a fim de utilizar para recominação aquelas progênies que associaram altas produtividades médias de espigas, na média dos dois locais, aos teores mais altos de triptofano e lisina. Desta forma, 32 progênies, selecionadas por apresentarem as melhores produtividades de espigas, foram submetidas à análise para qualidade biológica, escolhendo-se as 10 que mostraram os melhores níveis de triptofano e lisina, correspondendo a uma intensidade de 5%, entre progênies (Tabela 3), conforme já apresentado. Observa-se na Tabela 3 que as 10 progênies selecionadas apresentaram uma produtividade média de 5.920kg/ha de espigas, com variação de 5.440 a 7.420kg/ha. O teor médio de proteína foi de 10,9%, com variação de 9,9 a 11,8%. Os teores de triptofano na proteína variaram de 0,070% a 0,102%, com média de 0,087%. Os teores de lisina no grão variaram de 0,340% a 0,459%, com média de 0,401%.

Pelos resultados apresentados, pode-se inferir que a população CMS 52, de porte baixo e superprecoce, mostra-se bastante promissora para a continuidade do programa de melhoramento, visando à obtenção de uma variedade com alta produtividade e alta qualidade biológica para utilização nos tabuleiros costeiros da região Nordeste do Brasil, onde poderá exercer grande importância em programas de combate à fome e à desnutrição.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

- AGUIAR, P.A. de. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente. Lavras: ESAL, 1986. 68p. Tese de Mestrado.**
- CARVALHO, H.W.L. de.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro progênies de meios-irmãos na população de milho BR 5028, no Nordeste brasileiro. *Pesq. Agrop. Bras.*, Brasília. v.29. nº 11. p. 1721-1733. 1994.**
- CARVALHO, H.W.L. de.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Potencial genético da população de milho (*Zea mays* L. "CMS 33") para fins de melhoramento no Nordeste brasileiro. *Cienc. e Prat. Lavras*, v.19. nº1. p.37-42. 1995.**
- PACHECO, C.A.P. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente - 2º ciclo de seleção. Lavras: ESAL, 1987. Tese de Mestrado.**
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intra-populacional no milho baseados em famílias não-endógamas. Piracicaba: ESALQ, 1977. Tese de Doutorado.**
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: Paterniani, E., (Ed.). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba: ESALQ, 1978. Cap.5. p.122-201.**

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao assistente de pesquisa **JOSÉ RAIMUNDO FONSECA FREITAS** pela participação efetiva durante a fase de execução dos trabalhos.

Tiragem: 100 exemplares
Composição/Diagramação: Aparecida de Oliveira Santana
Revisão Gramatical: David Soares Pinto

TABELA 1. Quadrados médios das análises de variância (g/planta)², coeficientes de variação e médias de produtividades (kg/ha e g/planta) obtidos nos ensaios de Neópolis e Lagarto e na análise conjunta. Sergipe, 1995.

F.V.	G.L.	Neópolis	Lagarto	Análise conjunta
Locais (L)	1	-	-	958755,69**
Progênes (P)	195	1.892,16**	693,60**	659,79**
Interação (L X P)	195	-	-	389,30**
Erro efetivo	390	55,28	174,85	-
Erro efetivo médio	585	-	-	119,41
C.V. (%)		13,2	11,2	12,4
Média (kg/ha)		2.718	6.304	4.511
Média (g/planta)		56,2	117,2	86,7

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

TABELA 2. Estimativas obtidas na análise da variância conjunta referentes à variância genética entre progênes (σ^2_p), variância genética aditiva (σ^2_A), variância da interação progênie x local (σ^2_{pl}), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênes (h^2_m), coeficiente de herdabilidade para seleção massal (h^2), coeficiente de variação genética (CVg), índice de variação (b), ganhos genéticos entre e dentro de progênes de meios-irmãos (Gs), considerando o caráter peso de espiga na população de milho CMS 52. Sergipe, 1995.

População	σ^2_p	σ^2_A	σ^2_{pl}	h^2_m	h^2	CVg	b	Gs entre		Gs dentro	
	(g/planta) ²				(%)			g/planta	(%)	g/planta	(%)
CMS 52	67,6	270,5	134,9	41,0	23,6	9,3	0,8	5,58	6,31	4,84	5,47

TABELA 3. Produtividades médias de espigas, teores de proteína, triptofano/proteína e lisina no grão em 10 progênes da população CMS 52. Neópolis e Lagarto, 1995.

Família	espigas (kg/ha)			Proteína	Triptofano/ proteína (%)	Lisina no grão
	Neópolis	Lagarto	Média			
14	4.840	10.000	7.420	11,882	0,070	0,362
179	4.380	8.580	6.480	11,630	0,070	0,340
151	3.870	7.880	5.875	9,940	0,085	0,384
39	3.160	8.460	5.810	10,380	0,099	0,439
60	3.500	8.110	5.805	10,810	0,078	0,386
170	3.410	3.970	5.690	11,630	0,098	0,440
35	3.810	7.340	5.575	11,500	0,102	0,459
167	4.900	6.230	5.565	10,310	0,092	0,411
86	4.170	6.910	5.540	10,060	0,080	0,364
161	3.010	7.870	5.440	11,060	0,095	0,427
Média	3.906	7.935	5.920	10,920	0,087	0,401
Média das 196 progênes	2.718	6.304	4.511	-	-	-
Média Asa Branca	4.200	6.780	5.490	-	-	-
Média São Francisco	4.630	6.820	5.720	-	-	-