

MEMÓRIA  
CPATC  
Pesq. And. 48/98

pa

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros  
Ministério da Agricultura e do Abastecimento  
Av. Beira-Mar 3.250, CP 44, CEP 49001-970 Aracaju SE  
Fone (079) 217 1300 Fax (079) 231 9145 Telex 792318 EBPA  
E-mail postmaster@cpatc.embrapa.br

# PESQUISA EM ANDAMENTO

N.º 48, CPATC, julho/98, p.1 - 5

## CICLO II DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 453

Hélio Wilson Lemos de Carvalho<sup>1</sup>  
Maria de Lourdes da Silva Leal<sup>1</sup>  
Manoel Xavier dos Santos<sup>2</sup>  
Paulo Evaristo Oliveira Guimarães

Após a descoberta do gene opaco-2 e, constatado o maior teor de lisina e triptofano em genótipos contendo o referido gene, as cultivares de milho opaco-2 não foram bem aceitas em face da sua aparência opaca e textura farinácea, que resulta em menor densidade dos grãos, menor produtividade e maior susceptibilidade a pragas, doenças e danos mecânicos (Magnavaca, et al. 1988). Essas desvantagens do milho opaco-2 foram superadas, pela seleção de variedades estáveis, contendo endosperma vítreo em compostos opaco-2, após 6 a 7 ciclos de seleção, a partir de compostos de base genética ampla, os quais foram submetidos à seleção recorrente para produção, endosperma vítreo e altos teores de lisina e triptofano na proteína do endosperma (Magnavaca, et al. 1988).

A utilização de cultivares de milho de alta qualidade protéica em regiões onde a população de baixa renda apresenta graves problemas de desnutrição provocada, basicamente, por déficit protéico, é de fundamental importância, pela sua utilização na suplementação da dieta alimentar.

Interessado em desenvolver um programa nessa área, a Embrapa/Tabuleiros Costeiros introduziu da Embrapa/Milho e Sorgo, uma amostra representativa da população do milho CMS 453, de alta qualidade protéica, visando obter dessa população, através de seleção recorrente, uma variedade de alta qualidade protéica, que seja aceita pelos agricultores no Nordeste brasileiro.

Após a realização dos ciclos original (Carvalho et al. 1996) e do ciclo I (Carvalho et al. 1998), os autores concluíam que a população CMS 453 aliou bom potencial para a produtividade a suficiente variabilidade genética, que pode ser explorada em ciclos subsequentes de seleção, visando à obtenção de um material melhor adaptado às condições de regiões do Nordeste brasileiro.

<sup>1</sup> Eng. -Agr., M. Sc., Embrapa-Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros (CPATC), Caixa Postal 44, CEP 49.001-970, Aracaju-SE.

<sup>2</sup> Eng. Agr. Ph. D. Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 152, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG.



Por essa razão, após a conclusão do ciclo I de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, recuperaram-se as 196 progênies de meios-irmãos necessárias para iniciar o ciclo II de seleção, usando o mesmo esquema de melhoramento. Essas progênies foram avaliadas no ano agrícola de 1997, nos municípios de Umbaúba e Nossa Senhora das Dores (SE), em látice 14 x 14, com duas repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,87 m, com 0,20 m entre covas, dentro das fileiras. Foram colocadas duas sementes por cova, deixando-se uma planta/cova, após o desbaste. Após a realização dos ensaios, onde foi praticada uma intensidade de seleção de 8% entre as progênies, plantou-se o campo de recombinação com as progênies selecionadas, em lote isolado, por despendoamento, dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter uma geração/ano. Essas progênies, antes de serem recombinadas, tiveram determinados os seus teores de triptofano e lisina. Todos os ensaios e campo de recombinação receberam uma adubação de N, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e K<sub>2</sub>O, de acordo com os resultados da análise de solo, de cada local.

Os pesos de espiga foram ajustados para 15% de umidade. Após ser realizada a análise de variância a nível de experimento, obedecendo-se ao esquema em látice, procedeu-se a análise de variância conjunta, a partir das médias ajustadas de tratamentos. Os quadrados médios da análise de variância conjunta foram ajustados para indivíduos, obtendo-se todas as variâncias nesse nível e expressas em (g/planta)<sup>2</sup>, conforme Vencovsky (1978).

As estimativas dos componentes da variância foram baseadas nas esperanças dos quadrados médios para blocos caracterizados, usando os quadrados médios de tratamento ajustados e do erro efetivo do látice, conforme metodologia descrita por Vianna & Silva (1978).

Foram observadas diferenças significativas entre as progênies, indicando a presença de variabilidade genética entre elas, bem como, ficou evidenciado que essas progênies mostraram um comportamento inconsistente frente às variações ambientais. As 196 progênies avaliadas produziram 4.902 kg/ha, na média dos locais, correspondendo a uma superioridade de 8,4% em relação à variedade testemunha, BR 106. As progênies selecionadas, com média de 6.096 kg/ha, superaram a referida testemunha em 34,8%, denotando o alto potencial dessa população e o efeito positivo da seleção no decorrer desses ciclos de seleção.

As estimativas dos parâmetros genéticos constam na Tabela 1. Notou-se um acréscimo nas magnitudes dessas estimativas do ciclo I para o ciclo II, ao invés de ocorrer uma estabilização, ou uma possível redução, em razão, provavelmente, de o ciclo II ter sido realizado em dois locais, ficando as magnitudes dessas estimativas mais influenciadas pela interação progênies x locais, quando comparadas com os valores registrados com o ciclo I (Carvalho et al. 1998), que foi realizado em três locais, ficando menos influenciados por essa interação.

Reportando-se ao ciclo original (Carvalho et al. 1996), detectou-se uma redução acentuada nas estimativas desses parâmetros, até o ciclo II. Essa tendência foi também observada por Paterniani (1968), Cunha (1976), Pacheco (1987), Carvalho et al. (1994 e 1995), e ressaltada por Ramalho (1977) como sendo devido à utilização máxima da variabilidade livre existente no ciclo original e que corresponde a segregação entre blocos poligênicos. A partir do primeiro ciclo é utilizada a variabilidade genética latente, presente dentro de blocos poligênicos e que vai sendo liberada gradativamente através de permuta genética. Apesar de ocorrer uma redução na magnitude da variância genética aditiva, quando comparada com o ciclo original, obteve-se um ganho satisfatório, a exemplo daqueles obtidos por Carvalho et al.

(1994 e 1995), os quais foram de 10,60% e 16,76%, respectivamente, em três ciclos de seleção.

O valor do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito com médias de progênies ( $h^2_m$ ) superou aquele obtido para a seleção individual ( $h^2$ ), evidenciando, no presente caso, uma maior eficiência da seleção entre progênies. O valor do coeficiente de variância genética expressa uma boa variação entre as progênies e, o índice  $b$ , retrata uma situação favorável à seleção neste ciclo de seleção.

Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro das progênies foram de 8,61% e 3,56%, totalizando 12,71%, expressando o alto potencial genético da população CMS 453 (Tabela 1).

Em se tratando de uma população de alta qualidade protéica foram selecionadas, no decorrer do processo seletivo, as progênies que associaram boas produtividades médias de espigas a altos teores de triptofano e lisina, além de se dirigir também o melhoramento para outras características desejáveis. Os teores de triptofano e lisina na proteína, na média dos três ciclos de seleção, já realizados, foram de 0,88% e 3,91%, respectivamente, evidenciando a alta qualidade protéica da população CMS 453.

Considerando, então, o bom potencial produtivo da população CMS 453 e as magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos, pode-se inferir, que respostas favoráveis à melhoria da produtividade, mantendo altos os teores de triptofano e lisina na proteína, poderão advir com a realização de novos ciclos de seleção.

#### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARVALHO, H.W.L.de.; GUIMARÃES, P.E. de O.; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. **Ciclo I de seleção na população de milho CMS 453 nos tabuleiros costeiros do Nordeste brasileiro**. Aracaju: Embrapa/CPATC. 1998. 7p. (EMBRAPA/CPATC. Pesquisa em Andamento, 39).
- CARVALHO, H.W.L.de.; GUIMARÃES, P.E. de O.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. **Potencial genético da população de milho (Zea mays L.) CMS 453 para fins de melhoramento nos tabuleiros costeiros do Nordeste brasileiro**. Aracaju: Embrapa/CPATC, 1996. 8p. (EMBRAPA/CPATC. Pesquisa em Andamento, 7).
- 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 de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5028, no Nordeste brasileiro**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 29, n.11, p. 1727-1733. 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**. *Ciência e Prática*, Lavras, v. 19, n. 1, p. 37-42, 1995.
- CUNHA, M.A.P. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos de milho (Zea mays L.) ESALQ HV-1**. Piracicaba: ESALQ, 1976. 84p. Tese de Doutorado.

N.º 48, CPATC, julho/98, p.4 - 5

MAGNAVACA, R.; PAIVA, E.; WINKLER, E.I.; CARVALHO, H.W.L. de; SILVA FILHO, M. de C.; PEIXOTO, M.I.V.V.D. Avaliação de populações de milho e alta qualidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.23, n.14, p. 1263-1268, 1988.

PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos no melhoramento de milho (Zec mays L.)** Piracicaba: ESALQ, 1968. 92 p. Tese de Mestrado.

PACHECO, C.A.P. **Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes-2º ciclo de seleção.** Lavras: ESAL, 1987, 100p. Tese de Mestrado.

RAMALHO, M.A.P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção nitropopulacional no milho baseados em famílias não-endógamas.** Piracicaba: ESALQ, 1977. 122p. Tese de Mestrado.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E: (Ed). **Melhoramento e produção do milho no Brasil.** Piracicaba: ESALQ, 1978, cap. 5, p. 122-201.

VIANNA, R.T.SILVA, J.C. Comparação de três métodos estatísticos de análise de variância em experimento em "látice" em milho (Zec mays L.) **Experiantiae**, Viçosa, v.24, p.21-41, 1978.

#### AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Assistente de Operação José Raimundo Fonseca Freitas pela participação efetiva durante todas as fases de execução dos trabalhos.

Tiragem: 100 exemplares

Revisão Gramatical:

Diagramação: Maria Amélia Costa Araújo

TABELA 1. Parâmetros genéticos obtidos no ciclo II de seleção entre e dentro de progênie de meios-irmãos na população de milho CMS 453. Nossa Senhora das Dores e Umbaúba (SE), 1997.

Ciclo	$\sigma^2_P$	$\sigma^2_A$	$\sigma^2_{PxL}$	$h^2m$	$h^2$	CVg	b	Gs* entre (g/planta) %	Gs dentro (g/planta) %
II	37,03	149,21	21,8	48,69	16,14	6,67	0,60	7,86 8,61	3,25 3,56

\* Para o cálculo do ganho, considerou-se  $\sigma^2_a = 10\sigma^2_e$ .