

tá incluído o peso do sabugo, todos os dados puderam ser computados sem perda de parcelas.

Acredita-se que a não produção de grãos se deva a uma acentuada dessincronia entre o florescimento masculino e feminino, comum a diversos tipos de estresse.

A amplitude de variação das progênies avaliadas foi de 161 a 2.733 kg/ha, com uma média de 1.326 kg/ha.

Foi feita uma seleção divergente de 10% das progênies superiores e inferiores, que apresentaram uma média de 2.082 e 866 kg/ha, respectivamente, contra 3.493 kg/ha da população CMS 22, utilizada como testemunha.

Como o coeficiente de variação foi muito elevado, da ordem de 36,96%, as 24 progênies (12 eficientes e 12 ineficientes) foram multiplicadas através de sib, no ano agrícola de 1988/89, para serem novamente avaliadas. No campo de multiplicação, não foram observadas diferenças fenotípicas entre os dois grupos, exceto na sanidade de espigas, que fizeram com que as eficientes produzissem o dobro das ineficientes. Desse modo, as 24 progênies, mais uma testemunha, foram reavaliadas, na mesma área, num látice 5 x 5 com 4 repetições, em parcelas de uma linha de 5,0m, no ano agrícola de 1989/90.

Os resultados confirmaram a eficiência da seleção feita inicialmente, mostrando a existência de dois grupos distintos quanto à eficiência na utilização do nitrogênio, apesar do alto coeficiente de variação (CV).

Das 12 progênies eficientes, foram selecionadas as 8 melhores, que serão recombinadas para obtenção do primeiro ciclo de seleção para estresse de N.

As 24 progênies serão submetidas ao avanço de endogamia, visando a obtenção de pais homozigotos contrastantes, para o estudo da herança e do potencial de fixação de N, bem como dos mecanismos envolvidos na eficiência do uso de N. - *Cleso Antônio Patto Pacheco, Ivanildo Evódio Marriel, Manoel Xavier dos Santos, Elto Eugenio Gomes e Gama.*

### POPULAÇÃO CMS 39

A população CMS 39 ou Composto Nacional foi sintetizada a partir do cruzamento, seguido de 4 ciclos de recombinação, de 55 materiais promissores participantes dos Ensaios Nacionais de Cultivares de Milho Normal, no ano agrícola de 1978/79.

Até o momento, já foram concluídos 3 ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, nos quais foram avaliadas pelo menos 200 progênies em, no mínimo, 2 locais diferentes, para se verificar a interação progênies x locais. Cada um dos ciclos iniciais originou uma tese de mes-

trado na ESAL-Lavras, MG.

Como se pode observar pela Tabela 214, a variância da interação nos três ciclos foi de, no mínimo, 3/4 da variância genética para a população CMS 39, chegando a ser de igual magnitude no ciclo I.

Para exemplificar o sentido prático da interação progênies x locais, podem-se citar as estimativas feitas no ciclo I, onde, comparando-se o ganho esperado com a seleção feita para cada local, o ganho com a adaptação ampla seria, em média, 52,85% menor que com a adaptação específica. No entanto, seria 24,14% superior, em média, à resposta correlacionada num local, quando a seleção fosse efetuada no outro local.

TABELA 214. Relações entre as variâncias genéticas entre progênies de meios-irmãos ( $\sigma^2_p$ ) e da interação progênies x locais ( $\sigma^2_{p \times l}$ ) em 3 ciclos de seleção (em g/planta<sup>2</sup>), em Sete Lagoas, Ijaci e Lavras, MG. CNPMS. Sete Lagoas, MG, 1992.

Parâmetros	Ciclo 0	Ciclo I	Ciclo II
$\sigma^2_p$	74,16	53,15	109,84
$\sigma^2_{p \times l}$	55,76	55,00	82,32
$\sigma^2_{p \times l} \times 100(\%)$	75,00	103,00	75,00
$\sigma^2_p$			

As progênies do ciclo II foram avaliadas em duas densidades de plantio, 50.000 e 26.000 plantas/ha, com o objetivo de estudar a variabilidade da característica prolificidade, bem como de sua interação com o ambiente.

Além das características comuns avaliadas nas duas densidades, foram tomados dados de peso das segundas espigas, separadas das primeiras, para estudo da contribuição das segundas espigas na produção total (CSEPT).

A interação progênies x densidades foi significativa somente para a característica contribuição das segundas espigas para a produção total (CSEPT). A interação progênies x locais foi de mesma magnitude quando estimada nas duas densidades de plantio.

Os resultados obtidos, principalmente na densidade de 26.000 pl/ha, permitem dizer que o fracionamento da produção total em produção de primeiras e segundas espigas contribuiu para um melhor entendimento da prolificidade, que é muito mais complexa do que o índice de espigas pode explicar sozinho e que o incremento experimentado na produção por planta não se deveu somente ao maior peso das segundas espigas, mas também a um aumento de igual magnitude no peso das primeiras espigas.

No ano agrícola de 1991/92, estão sendo avaliadas

196 novas progênies de meios-irmãos, selecionadas no campo de recombinação do ciclo II de seleção. - *Cleso Antônio Patto Pacheco, Éder Ferreira Arriel, Magno Antônio Patto Ramalho.*

### SELEÇÃO MASSAL PARA PROLIFICIDADE NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 39

Visando verificar a eficiência da seleção massal para os caracteres prolificidade e peso de espigas, quando esta é realizada em diferentes densidades populacionais, efetuouse, em 1990, na área experimental do CNPMS, EMBRAPA, o primeiro ciclo de seleção massal com controle biparental, conforme metodologia proposta por Paterniani (1978). A população de milho CMS 39 foi plantada em três lotes contíguos, nas densidades populacionais de 25.000 pl/ha, 37.500 pl/ha e 50.000 pl/ha. No ano agrícola 1990/91, fez-se a avaliação desse ciclo de seleção em experimentos conduzidos nas localidades de Lavras, MG, Sete Lagoas, MG, e Goiânia, GO, utilizando-se o delineamento em blocos casualizados, esquema fatorial 3<sup>2</sup>, sendo três níveis de densidades de plantio utilizadas nos lotes de seleção (DPS) e três níveis de densidades de plantio utilizadas nos experimentos de avaliação (DPA). As densidades de plantio utilizadas na seleção foram estatisticamente diferentes para o caráter prolificidade, sendo que o peso de espigas não sofreu efeito diferenciado das respectivas densidades, conforme pode ser visto na Tabela 215.

Através dos índices de prolificidade (espigas/planta) e da resposta direta com a seleção em relação ao ciclo original (Tabela 215), constatou-se que a seleção massal foi mais efetiva em melhorar a prolificidade quando realizada no intervalo entre 37.500 pl/ha e 50.000 pl/ha. Na média das três densidades de plantio em que foram realizadas as respectivas seleções, constatou-se um aumento de 4,85% no índice de prolificidade, sendo este aumento condizente com a literatura. Com relação ao peso de espigas, obteve-se um incremento de apenas 0,92%, ficando abaixo das expectativas e dos relatos em literatura. - *Camilo de Lélis Morello, Manoel Xavier dos Santos, Antônio Carlos de Oliveira, Magno Antônio Patto Ramalho.*

**TABELA 215.** Valores médios obtidos nos ensaios de avaliação para o índice de prolificidade e peso de espigas, considerando os três níveis de densidades de plantio utilizados na seleção com os respectivos percentuais em relação ao ciclo original (CO) da população CMS 39. Ano agrícola 1990/91. CNPMS, Sete Lagoas, MG, 1992.

DPS (plantas/ha)	Índice de prolificidade		Peso de espigas	
	(esp./planta)	(% CO)	(Kg/ha)	(% CO)
25.000	1,096 b <sup>1</sup>	101,01	6.617,5 a	100,57
37.500	1,162 a	107,09	6.665,7 a	101,31
50.000	1,155 a	106,45	6.637,0 a	100,87
CO	1,085	100,00	6579,5	100,00

<sup>1</sup>Médias seguidas de mesma letra (coluna) não diferem significativamente entre si, pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade.

### ESTIMATIVAS DE VARIÂNCIAS AMBIENTAIS E GENÉTICAS PARA CARACTERES DE PRODUÇÃO NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 39

O melhoramento de populações é um processo lento e contínuo, onde o melhorista tem a responsabilidade de selecionar os genótipos superiores, efetuar a recombinação e reiniciar o processo seletivo. Em todas as etapas, o ambiente é um fator que exerce grande influência, pois atua dificultando o reconhecimento dos melhores genótipos; entretanto, durante a recombinação, esse fenômeno é mais acentuado, uma vez que esta é efetuada em um local e a identificação dos genótipos considerados superiores é baseada nos fenótipos de plantas individuais. Quanto maior a influência ambiental, maior o risco de escolher famílias que não são geneticamente superiores, comprometendo, dessa maneira, o programa de melhoramento. Uma das alternativas de se averiguar a interferência de variações ambientais é a utilização de estimativas das variâncias ambiental e genética, as quais, pelas suas magnitudes, podem evidenciar as possibilidades de sucesso com a seleção.

Objetivando prever o sucesso com a seleção para os caracteres peso de grãos e peso de espigas, em diferentes densidades populacionais, procurou-se obter as estimativas de variâncias fenotípicas, ambientais e genéticas, relacionadas com tais caracteres, na população de milho CMS 39. No ano agrícola 1990/91, na área experimental do CNPMS, Sete Lagoas, MG, efetuou-se o plantio da população CMS 39 em três lotes de plantas, correspondentes às densidades populacionais de 25.000 pl/ha, 37.500 pl/ha e 50.000 pl/ha. Para os respectivos lotes, a cada três linhas de plantio com a população CMS 39 intercalouse uma linha com o híbrido simples fêmea do BR 201 (HS). Na colheita, foram tomados os dados de plantas individuais para os caracteres peso de grãos e peso de espigas em gramas/planta. Em cada densidade populacional, foram colhidas plantas competitivas, sendo 70 plantas para o híbrido simples fêmea do BR 201 e 100 plantas para a população CMS 39. Com os dados referentes às plantas do HS, estimaram-se as variâncias ambientais ( $\sigma^2 E$ ), e com os dados referentes às plantas da população CMS 39, estimaram-se as variâncias fenotípicas ( $\sigma^2 F$ ), para os dois caracteres, nas três densidades populacionais. Pela diferença entre as estimativas de variâncias fenotípicas e variâncias ambientais, obtiveram-se as estimativas de variâncias genéticas ( $\sigma^2 G$ ) entre as plantas da população CMS 39.

Pode-se observar, na Tabela 216, que as estimativas das variâncias genéticas constituíram, aproximadamente, a metade das estimativas de variâncias fenotípicas, proporcionando evidências satisfatórias quanto às possibilidades de selecionar genótipos superiores, para os dois caracteres, a partir dos fenótipos expressados. Tanto para o peso de grãos/planta quanto para o peso de espigas/planta, o lote de plantas correspondente à densidade populacional de 37.500 pl/ha foi o que apresentou a maior contribuição da variância genética em relação à variância fenotípica, devido ao melhor controle sobre a variação ambiental.

Através desses resultados, pode-se concluir que o ambiente, principalmente a área de plantio, mostrou homogeneidade suficiente para que a seleção fenotípica de plantas