



VARIAÇÃO GENOTÍPICA ENTRE PROGÊNIES S₁ DE MILHO AVALIADAS EM CRUZAMENTOS COM DOIS TESTADORES

¹ Universidade Federal de Viçosa; Centro de Ciências Agrárias; Departamento de Fitotecnia; Viçosa, Minas Gerais; Brasil. *Autor para correspondência: rodrigodelima@ufv.br

Emily Lira Simões¹; Rodrigo Oliveira DeLima¹; Flaviane de Oliveira Ribeiro¹; Noé Mitterhofer Eiterer Ponce de Leon da Costa¹; Luiz Silva Luz¹; Matheus de Paula Moreira¹

Palavras-chave: *Zea mays* L., híbridos, variabilidade genética

Área temática: Agronomia. Grande Área : Ciências Agrárias. Categoria do Trabalho: Pesquisa

Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é uma das culturas de maior importância no cenário mundial. Na atualidade, grande parte da área plantada no Brasil são cultivadas com híbridos. Em um programa de melhoramento, a avaliação de linhagens é a etapa mais onerosa e demorada.

Objetivo

Avaliar progênies endogâmicas (S₁) de milho em cruzamento com dois testadores de base genética estreita.

Material e Métodos

Material Genético: 784 híbridos *testcrosses* (TC) provenientes do cruzamento com o testador VML090 e 663 híbridos TC provenientes do testador VML024;

Ambientes: Estação Experimental de Coimbra (Coimbra/MG) e Horta Nova (Viçosa/MG);

Safra: 2019/20;

Delineamento experimental: Blocos aumentados, com 4 testemunhas;

Caracteres: Florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e produtividade de grãos (PG);

Análises estatísticas: Para estimativa dos componentes de variância e das médias BLUP foi adotada a metodologia de modelos mistos via REML/BLUP;

Software estatístico: RStudio.

Resultados e Discussão

Tabela 1: Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres avaliados em híbridos *testcrosses* experimentais de milho tropical na safra 2019/20.

Caracteres ^{1/}	FM (dias)	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG (kg ha ⁻¹)
VML090					
$\hat{\sigma}_g^2$	0,46***	0,43***	119,72***	109,62***	1.424.194,00***
$\hat{\sigma}_{gxa}^2$	1,44***	0,34	16,28	23,69*	1,09e ⁻⁷
$\hat{\sigma}^2$	0,83	1,35	100,02	70,28	2.252.052,00
$\hat{\sigma}_b^2$	0,17	0,13	12,59	4,55	87.603,38
\hat{h}_x^2	0,29	0,34	0,67	0,70	0,56
CV	1,49	1,88	3,97	6,09	16,63
Mínimo	60,15	60,17	207,22	104,05	5.414,45
Média	61,25	61,68	251,64	137,57	9.025,36
Máximo	64,93	63,62	281,71	164,35	11.766,24
VML024					
$\hat{\sigma}_g^2$	1,60***	1,35***	133,97***	124,41***	1.819.981,00***
$\hat{\sigma}_{gxa}^2$	0,73***	0,09	22,74	94,14***	1,34e ⁻⁸
$\hat{\sigma}^2$	0,88	1,41	73,01	80,14	1.763.408,00
$\hat{\sigma}_b^2$	0,20	0,11	3,20	3,49	5.267,62
\hat{h}_x^2	0,67	0,64	0,74	0,59	0,67
CV	1,52	1,94	3,35	6,04	14,12
Mínimo	58,50	58,64	208,98	119,30	3.988,29
Média	61,62	61,26	255,33	148,19	9.403,85
Máximo	67,77	66,41	281,06	239,01	13.272,09

^{1/}FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga e PG, produtividade de grãos. 2/*** e ** significativo a 0,1% e 1% de probabilidade, respectivamente, e sem asterisco não significativos (p<0,05).

Conclusão

Há variação genotípica entre as progênies S₁ quando em cruzamento com testadores de tipos de grão diferentes

Apoio Financeiro



Agradecimentos

