



Simpósio de Integração Acadêmica

"Bicentenário da Independência: 200 anos de ciência, tecnologia e inovação no Brasil e 96 anos de contribuição da UFV"

SIA UFV 2022

Estimativa de parâmetros genéticos nas populações de milho BS17 e BS26

Túlio Botelho Carvalho¹; Rodrigo Oliveira de Lima¹; Beatriz Correia de Albuquerque¹; Oriáton de Oliveira Antonucci¹; Nathália Campos Vilela Resende¹; Letícia Prada de Miranda¹

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

Área temática: Melhoramento de plantas, Recursos genéticos e Biotecnologia

Grande Área: Centro de Ciências agrárias

Categoria do trabalho: Pesquisa

Palavras-chave: *Zea mays* L.; seleção recorrente; introdução de germoplasma.

Introdução

As populações de milho BS17 e BS26 são de germoplasma temperado e foram desenvolvidas pela Iowa State University. A BS17 é originada de um composto da população Iowa Stiff Stalk Sintetic, e a BS26 foi obtida através de compostos do germoplasma Lancaster Sure Crop. Ambas foram introduzidas às condições tropicais de cultivo pelo Programa Milho- UFV e vêm sendo melhoradas pelo método de seleção recorrente genotípica.

Objetivos

Estimar os parâmetros genéticos nas populações de milho BS17 e BS26 para caracteres de arquitetura de plantas, sincronismo de florescimento e produtividade de grãos (PG).

Material e Métodos

Na avaliação foi utilizado o delineamento de blocos incompletos, com duas repetições cada. Os caracteres avaliados foram: florescimento feminino (FF, dias) e masculino (FM, dias), intervalo entre florescimento masculino e feminino (IFMF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e PG (kg ha⁻¹). As análises estatísticas foram realizadas no software R via modelos mistos REML/BLUP.

Apoio Financeiro

Resultados e Discussão

Tabela 1 - Estimativas de parâmetros genéticos dos caracteres FM (dias), FF (dias), AE (cm), AP (cm), IFMP (dias) e PG (kg ha⁻¹) avaliados nas progêneres das populações BS17 e BS26, na safra 2020/2021 por local

Parâmetros	BS17 - Coimbra						BS17 - Horta Nova					
	FM	FF	IFMF	AE	AP	PG	FM	FF	IFMF	AE	AP	PG
$\hat{\sigma}^2_g$	0,78**	1,07**	0,19	83,19**	86,17**	1.680,398**	1,05**	0,96	0	77,32**	66,33	1.254,156**
$\hat{\sigma}^2$	2,17	2,80	1,98	87,22	82,19	543,255	1,67	4,27	2,97	205,99	295,99	839,099
h^2	0,42	0,43	0,16	0,66	0,68	0,86	0,56	0,31	0,00	0,43	0,31	0,75
Cve (%)	2,21	2,45	-	7,87	3,95	18,32	1,80	2,80	-	13,49	8,23	34,63
CVg (%)	1,33	1,51	-	7,69	4,04	32,22	1,43	1,33	-	8,26	3,89	42,34
CVg/Cve	0,60	0,62	-	0,98	1,02	1,76	0,79	0,47	-	0,61	0,47	1,22
Máximo	68,05	70,13	2,22	137,57	248,62	7.330	73,79	74,93	1,92	117,92	219,10	5.750
Mínimo	65,10	66,87	1,46	100,06	208,79	1.339	69,70	72,60	1,92	90,27	197,41	1.027
Média	66,54	68,37	1,74	118,68	229,71	4.023	71,84	73,72	1,92	106,42	209,14	2.645
Parâmetros	BS26 - Coimbra						BS26 - Horta Nova					
	FM	FF	IFMF	AE	AP	PG	FM	FF	IFMF	AE	AP	PG
$\hat{\sigma}^2_g$	2,55**	3,87**	1,41**	86,62**	187,47**	706,306**	2,37**	3,50**	0,47	107,75**	215,96**	507,892**
$\hat{\sigma}^2$	0,69	1,45	1,13	68,17	83,28	311,667	1,98	3,06	2,73	75,48	127,82	477,905
h^2	0,88	0,84	0,71	0,72	0,82	0,82	0,71	0,70	0,26	0,74	0,77	0,68
Cve (%)	1,33	1,88	-	10,05	5,01	21,76	2,12	2,58	-	10,05	6,13	34,09
CVg (%)	2,56	3,08	-	11,33	7,52	32,75	2,32	2,76	-	12,01	7,97	35,14
CVg/Cve	1,93	1,63	-	1,13	1,50	1,51	1,10	1,07	-	1,19	1,30	1,03
Máximo	66,02	68,96	4,64	103,50	212,50	5.032	69,98	71,72	2,21	107,32	213,09	3.475
Mínimo	58,09	59,28	-0,37	62,00	149,77	751	63,11	63,02	0,47	62,64	155,35	825
Média	62,46	63,92	1,46	82,18	182,04	2.566	66,35	67,80	1,38	86,43	184,50	2.027

** e * significativo a 1% e 5% de significância, respectivamente.

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos dos caracteres FM (dias), FF (dias), AE (cm), AP (cm), IFMP (dias) e PG (kg ha⁻¹) avaliados nas progêneres das populações BS17 e BS26, na safra 2020/2021 na análise conjunta

Parâmetros	BS17 - Conjunta						BS26 - Conjunta					
	FM	FF	IFMF	AE	AP	PG	FM	FF	IFMF	AE	AP	PG
$\hat{\sigma}^2_g$	0,81**	1,02**	0,28*	75,62**	78,05**	1.399,942**	2,35**	3,41**	0,91**	80,32**	189,75**	481,010**
$\hat{\sigma}^2_{GXa}$	0,14	0,00	0,00	4,03	0,00	105,442	0,1	0,25	0,06	15,87*	12,43	130,940**
$\hat{\sigma}^2_A$	375,86**	1986,36**	3,46	4297,06**	13174,91**	47,197,216**	987,00**	953,88**	0,01	735,44**	239,15	19,096,415**
h^2	2,42	3,08	2,26	149,38	193,04	686,032	1,31	2,22	1,89	72,13	104,18	390,872
Cve (%)	0,55	0,57	0,34	0,66	0,62	0,86	0,86	0,83	0,64	0,76	0,85	0,75
CVg (%)	2,18	2,40	-	11,31	6,57	28,87	1,72	2,20	-	9,83	5,53	31,39
CVg/Cve	1,27	1,38	-	8,05	4,18	41,25	2,31	2,73	-	10,37	7,46	34,82
Máximo	73,04	74,93	2,76	125,17	230,20	5.722	69,49	72,42	3,76	106,98	214,07	3.915
Mínimo	69,97	71,61	1,35	92,23	193,64	721	62,45	63,46	-0,35	65,10	152,81	700
Média	71,42	73,24	1,98	108,06	211,54	2868	66,34	67,79	1,45	86,39	184,68	1.991

** e * significativo a 1% e 5% de significância, respectivamente.

Conclusões

Há variabilidade nas populações de milho BS17 e BS26 e, por conseguinte, pode-se realizar seleção de progêneres superiores para os caracteres avaliados e, assim, obter a versão melhorada das populações BS17 e BS26.

Agradecimentos

