

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO DE MILHO BR SOL DA MANHÃ

Rafael Antunes Araujo¹; Rodrigo Oliveira DeLima^{1*}; Isabela Durães Azevedo¹; Júlia Rafaela Zimmermann¹; Willian Martins Silva¹; Letícia Prada de Miranda¹

¹Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

Palavras-chave: *Zea mays L.*, seleção recorrente, associação entre caracteres.

Área de conhecimento: Ciências Agrárias; **Área temática:** Melhoramento de Plantas; **Modalidade:** Pesquisa

Introdução

A população de milho BR Sol da Manhã (BRSM) foi desenvolvida pela parceria da Embrapa com a comunidade Sol da Manhã que fica localizada em Seropédica-RJ. O Programa milho – UFV tem melhorado essa população através do método de seleção recorrente com avaliação de famílias endogâmicas.

Objetivos

Estimar os parâmetros genéticos e correlações entre caracteres na população de milho BRSM.

Material e Métodos

- Foram avaliadas 200 progênies endogâmicas S1 da população BRSM em dois locais: Viçosa e Coimbra-MG, na safra 2021/2022.
- O delineamento experimental utilizado foi de blocos incompletos (alfalátice 20x10), com duas repetições. Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros de comprimento, com espaçamento de 0,8m.
- Os caracteres avaliados foram: florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹).
- Foram utilizados modelos mistos nas análises estatísticas com auxílio do software R. Foi calculada a correlação genotípica entre os caracteres avaliados.

Resultados e Discussão

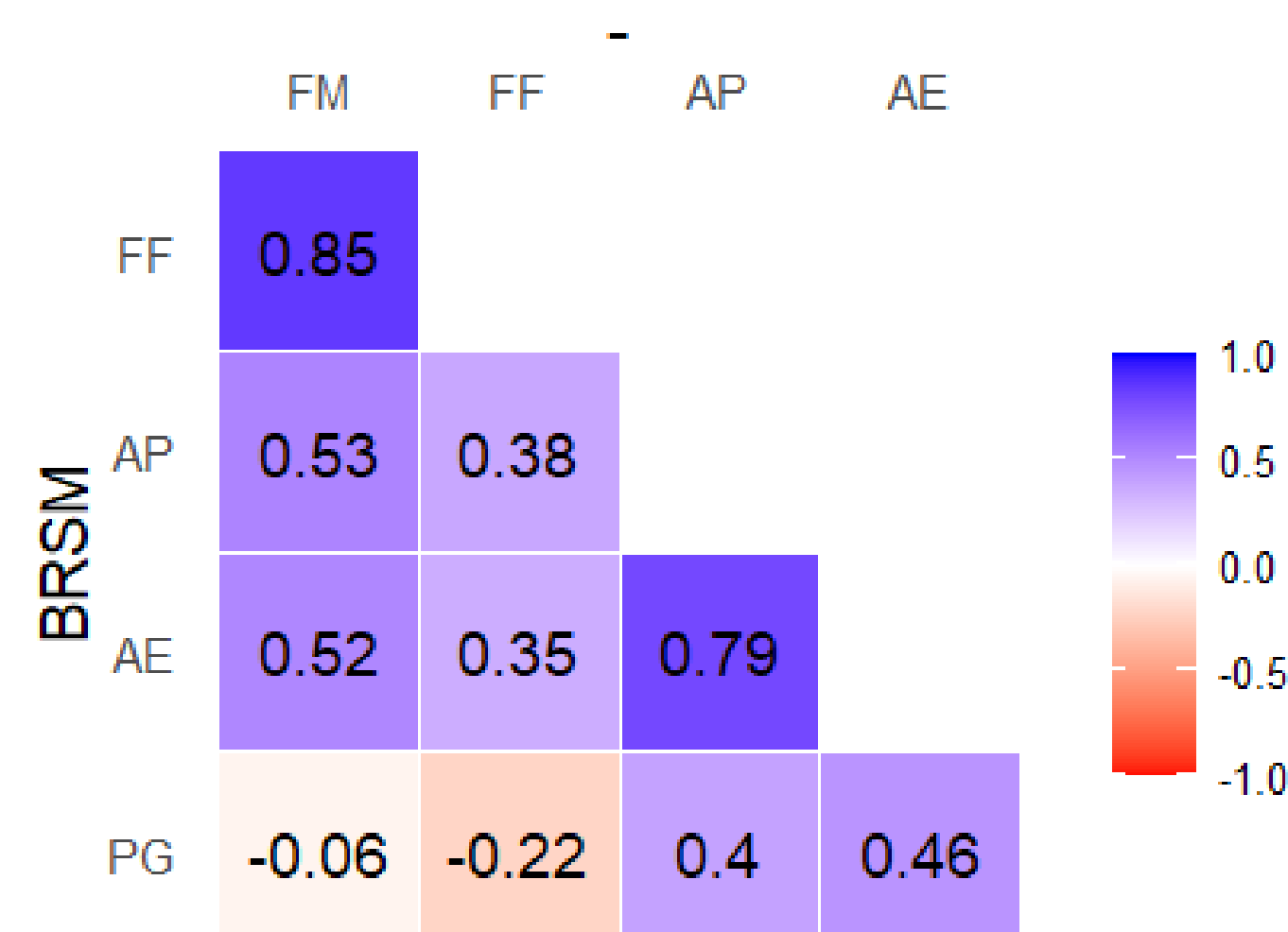


Figura 1 - Estimativas de correlações genéticas entre os caracteres FM (dias), FF (dias), AE (cm), AP (cm), e PG (kg ha⁻¹) avaliados nas progênies da população BRSM

Tabela 1 – Estimativas de parâmetros genéticos dos caracteres FM (dias), FF (dias), AE (cm), AP (cm), e PG (kg ha⁻¹) avaliados nas progênies da população BRSM, na safra 2021/2022 em Viçosa e Coimbra

Parâm.	Viçosa					Coimbra				
	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
σ_G^2	5,41**	6**	194,74**	104,22**	1.032.136**	4,52**	7,02**	193,06**	123,26**	1.045.135*
σ^2	2,26	2,57	122,89	101,03	735.022	1,64	2,66	74,16	60,06	458.863
h_x^2	0,83	0,82	0,76	0,67	0,74	0,85	0,84	0,84	0,80	0,82
Cve	2,07	2,18	5,40	9,28	19,47	1,80	2,28	4,18	7,05	14,22
CVg	0,03	0,03	0,07	0,09	0,23	2,99	3,71	6,74	10,10	21,46
CVg/CVe	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01	1,66	1,62	1,61	1,43	1,51
Máximo	76,69	78,56	246,81	136,64	6.615	77,57	77,76	241,47	134,70	7.457
Mínimo	67,18	67,44	174,34	85,01	2.345	66,02	65,16	170,17	78,41	2.377
Média	72,76	73,56	205,27	108,27	4.402	71,03	71,42	206,10	109,94	4.763

** , * : significativo a 1 e a 5% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos dos caracteres FM (dias), FF (dias), AE (cm), AP (cm), e PG (kg ha⁻¹) avaliados nas progênies da população BRSM, na safra 2021/2022 na análise conjunta

Parâm.	FM	FF	AE	AP	PG
σ_G^2	4,74**	6,22**	189,42**	113,83**	937.252**
σ_{GA}^2	0,24	0,31	3,95	0	111.550*
σ_A^2	318,54**	388,45**	578,99*	3,84	9.813.039**
σ^2	1,97	2,63	99,51	79,33	596.611
h_x^2	0,89	0,88	0,88	0,85	0,82
Cve	1,93	2,20	4,84	8,21	17,55
CVg	2,57	2,94	5,30	8,34	16,32
CVg/CVe	1,33	1,34	1,10	1,02	0,93
Máximo	77,84	79,60	248,29	134,63	6.705
Mínimo	67,36	66,99	172,02	77,15	2.149
Média	72,76	73,58	205,99	108,53	4.400

** , * : significativo a 1 e a 5% de probabilidade, respectivamente.

Conclusões

Há variabilidade genética na população de milho BRSM, com isso é possível a seleção de progênies endogâmicas superiores para os caracteres avaliados. Além disso, observou-se correlações favoráveis entre PG e os caracteres de ciclo e desfavoráveis entre PG e arquitetura de planta.

Agradecimentos

