

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



VARIAÇÃO GENOTÍPICA E ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES EM UMA COLEÇÃO NÚCLEO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO DO PROGRAMA MILHO - UFV. COIMBRA, MG, SAFRA 2022/23

Maria Eduarda Santa Rita Mourão¹; Rodrigo Oliveira de Lima^{1*}; Yuri Mike Pontes Belo Lança¹; Jean Márcio de Barros¹; Igor Sousa Andrade¹; Pedro Henrique Sousa Almeida¹

Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Agronomia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br
Palavras-chave: Zea mays L., correlação genética, BLUP

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

Introdução

Híbridos simples (HS) têm sido o principal objetivo do mercado de sementes de milho, principalmente, por associarem alto potencial genético e uniformidade. Assim, ele é o tipo de cultivar de milho mais plantado no Brasil.

Objetivos

Quantificar a variação genotípica e estimar a correlação entre caracteres em uma coleção núcleo de HS do Programa Milho - UFV, em Coimbra, MG, na safra 2022/23. Para isso, foi avaliada uma coleção de 845 HS, derivados do cruzamento entre linhagens endogâmicas, e seis testemunhas comerciais.

Material e Métodos

- 845 híbridos simples (HS) de milho derivados do painel de linhagens endogâmicas do Programa Milho - UFV;
- Safra 2022/2023 - Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra;
- Caracteres: FM, AP, AE, NAC, NAB, AF, DC, CE, DE, NF, NG, DS, (PF), P1000 e, PG;
- Blocos aumentados (comuns = HS; regulares = testemunhas);

$$y = 1\mu + X_t \tau_t + X_b u_b + X_g u_g + e$$

$$u_b \sim MVN(0, G)$$

- Correlação de Pearson entre os caracteres.

Agradecimentos



Resultados e Discussão

Tabela 1. Estimativas de variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), variância do erro ($\hat{\sigma}^2$), variância do bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), herdabilidade (\hat{h}_x^2) e coeficiente de variação (CV) para os caracteres avaliados na coleção núcleo de híbridos simples do Programa Milho - UFV na safra 2022/23

Caracteres ^{1/}	FM	FF	AP	AE	NAC	NAB	DC	AF
$\hat{\sigma}_b^2$	0,00	0,05	3,10	3,72	0,01	0,03	0,50	469,79
$\hat{\sigma}_g^2$	2,93*	3,93*	167,22*	134,43*	0,17*	0,33*	1,92*	3.546,11*
$\hat{\sigma}^2$	1,84	1,43	74,38	67,66	0,16	0,24	3,77	3.106,56
\hat{h}_x^2	0,61	0,73	0,68	0,65	0,51	0,56	0,31	0,50
CV (%)	2,51	2,88	5,37	9,02	6,70	7,63	5,72	7,46
Média	68,12	68,86	241,03	128,56	6,09	7,52	24,24	798,30
Mínimo	60,97	61,41	193,02	81,01	5,04	5,85	21,20	641,95
Máximo	73,69	77,18	288,67	167,88	7,28	9,23	27,03	983,13
Caracteres	CE	DE	NF	NG	PF	P1000	PG	
$\hat{\sigma}_b^2$	0,02	0,05*	0,01	50,92	0	28,82	24.152,64	
$\hat{\sigma}_g^2$	1,46*	4,01*	1,72*	3.189,21*	7,59*	853,78*	2.282.378,05*	
$\hat{\sigma}^2$	0,73	1,35	0,57	1.837,68	6,75	388,99	1.397.423,00	
\hat{h}_x^2	0,66	0,74	0,75	0,63	0,52	0,67	0,62	
CV (%)	7,57	2,49	8,49	7,78	6,00	8,45	13,56	
Média	15,97	48,45	15,43	550,84	43,28	345,78	11.141,75	
Mínimo	12,47	41,94	12,40	405,16	35,18	255,01	5.182,68	
Máximo	19,65	55,96	22,55	778,92	51,44	446,49	15.331,66	

*significativo a 1% de probabilidade pelo teste X² com 1 grau de liberdade.

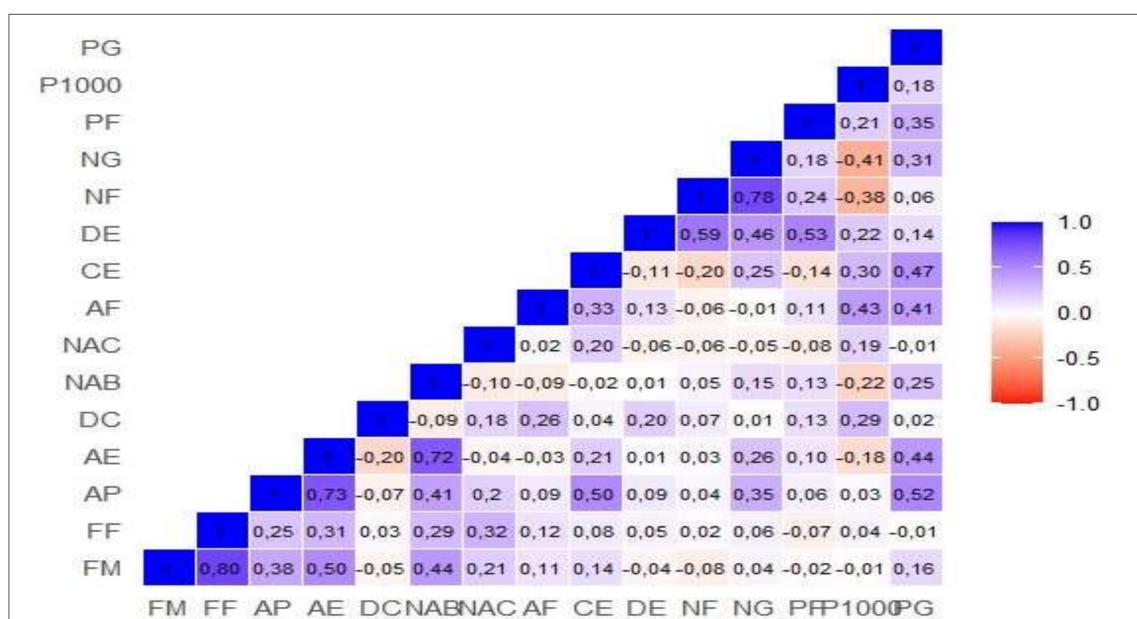


Figura 1. Heat map das estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson entre os pares de vetores de valores genéticos dos caracteres agrônomicos mensurados na coleção núcleo de híbridos simples.

Conclusões

Há variação genotípica na coleção núcleo de HS e a magnitude das correlações entre caracteres deve ser considerada para o caso de seleção simultânea.