

VARIAÇÃO GENOTÍPICA ENTRE HÍBRIDOS TESTCROSSES DE MILHO COM BACKGROUND GENÉTICO TROPICAL E TEMPERADO

RADDATZ, I. C.; DELIMA, R. O.; SILVA, W. M.; FERREIRA, E. J.; ALMEIDA, P. H. S.; PEREIRA, G. S.;
ODS2

Categoria: pesquisa

Introdução

A variabilidade genética é necessária e essencial para o sucesso de um programa de melhoramento. Sua existência permite realizar o intercruzamento entre genótipos geneticamente diferentes, buscando explorar a heterose para obter ganhos genéticos.

Objetivo

Avaliar a variabilidade genética de híbridos testcrosses de milho do Programa Milho-UFV para caracteres agrônômicos em vários ambientes.

Material e Métodos

- Duzentos e vinte nove híbridos testcrosses foram avaliados nas safras 2023/24 e 2024/25, em Coimbra-MG e Viçosa-MG.
- O delineamento experimental utilizado foi de blocos incompletos com duas repetições.
- Avaliaram-se 19 caracteres agrônômicos: altura de plantas (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), área foliar (AF, cm²), comprimento de espiga (CE, mm), comprimento da folha (CF, cm), comprimento de grão (CG, mm), diâmetro do colmo (DC, mm), diâmetro de espiga (DE, mm), dias até florescimento feminino (FF, dias), dias até florescimento masculino (FM, dias), largura de folha (LF, cm), número de nós abaixo da espiga (NNAB), número de nós acima da espiga (NNAC), número de fileiras (NF), número de grãos por fileiras (NGF), número de grãos (NG), peso de 1000 grãos (P1000, g), prolificidade (PRL) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹).
- Os dados mensurados foram submetidos a análise de modelos mistos pela metodologia REML/BLUP e os componentes da variância foram testados pelo *likelihood-ratio test* (LRT).
- A estimativa das correlações entre as médias ajustadas de todos os caracteres foi estimada pela correlação de Pearson.

Agradecimentos



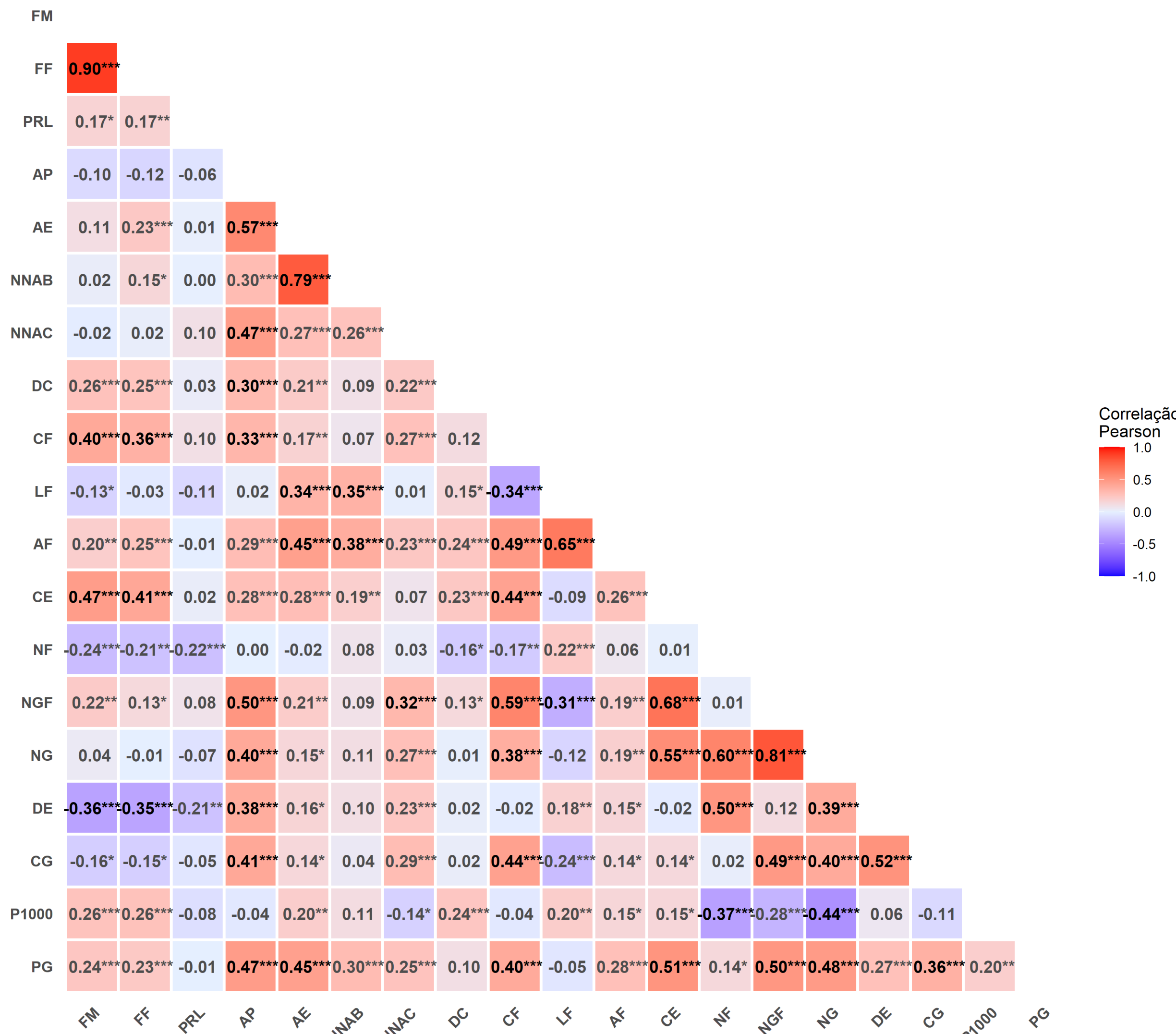
Resultados

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para todos os caracteres avaliados nos ambientes de Coimbra-MG e Viçosa-MG nas safras 2023/24 e 2024/25.

Caractere	σ^2_G	$\sigma^2_{G \times E}$	σ^2	H ²	CV%	Mínimo	Média	Máximo
FM	3,66**	0,41**	1,65	0,92	2,01	59,40	63,94	68,61
FF	4,57**	0,66**	2,18	0,91	2,30	59,48	64,29	70,78
PRL	0,00	0,00**	0,02	0,00	13,12	0,97	1,02	1,07
AP	134,58**	26,9**	72,88	0,89	3,56	211,76	239,80	268,10
AE	92,88**	16,66**	42,94	0,91	5,01	102,72	130,93	164,13
NNAB	0,15**	0,05**	0,29	0,75	7,11	6,53	7,62	8,67
NNAC	0,04**	0,03**	0,25	0,52	6,83	6,74	7,26	7,73
DC	1,19**	0,15	2,92	0,75	7,65	19,89	22,35	25,43
CF	33,9**	3,04**	18,50	0,92	4,39	84,86	98,07	114,39
LF	0,37**	0,05**	0,33	0,87	6,37	7,84	9,09	11,08
AF	2.020**	394,36**	3155,09	0,80	8,36	546,22	672,09	793,91
CE	1,46**	0,17	1,77	0,85	8,27	13,25	16,07	19,22
NF	0,98**	0,12**	0,85	0,88	5,97	13,40	15,42	18,87
NGF	7,23**	2,1**	11,81	0,78	10,35	26,62	33,20	40,56
NG	2754,71**	669,69**	4050,13	0,80	12,42	370,35	512,23	670,71
DE	2,93**	0,23	2,90	0,87	3,67	41,85	46,42	50,31
CG	0,35**	0,02	0,59	0,81	7,49	8,68	10,24	11,76
P1000	672,68**	121,04**	754,21	0,84	8,65	256,83	317,33	387,02
PG	1167.390**	417.050**	1.407.130	0,81	14,66	5.440	8.093	1.1078

**Significativo a 1% de significância; σ^2_G = componente da variância genotípica; $\sigma^2_{G \times E}$ = componente da variância da interação genótipo x ambiente; σ^2 = variância residual; H² = herdabilidade no sentido amplo; CV(%) = coeficiente de variação

Figura 1. Estimativas de correlação de Pearson entre todos caracteres avaliados. Os valores representam os coeficientes de correlação de Pearson, com destaque em cores conforme a magnitude e direção da correlação.



*** significativo a 0,1% de significância; ** significativo a 1% de significância; * significativo a 5% de significância

Conclusões

- O conjunto de híbridos do Programa Milho apresenta variabilidade genética para caracteres agrônômicos e potencial para seleção.
- A interação híbridos por ambientes observada para maioria dos caracteres reforça a necessidade de avaliar os materiais em mais ambientes.