Agronomia

Avaliação precoce de híbridos para extração de linhagens

Leonardo de Freitas Viana - 4º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista PIBIC/CNPq

Paula Mikaely Henrique Vieira - Coorientadora, DBI, UFLA

Lorena Gabriela Coelho de Queiroz - Pós-graduanda em genética e melhoramento de plantas, DBI, UFLA

Diego Ávila Pospiesz - Pós-graduando em genética e melhoramento de plantas, DBI, UFLA

Erik Micael da Silva Souza - Pós-graduando em genética e melhoramento de plantas, DBI, UFLA

João Cândido de Souza - Orientador, DBI, UFLA - Orientador(a)

Resumo

Neste trabalho objetivou-se estimar a contribuição dos loci em heterozigose (d) e a contribuição dos loci em homozigose (m+a') de caracteres morfofisiológicos de genótipos de milho, visando verificar o potencial de híbridos comerciais para utilização em programas de melhoramento genético, e, estimar as correlações fenotípicas entre os componentes de produção avaliados. Quatorze híbridos simples comerciais (2B810PW, 2B688PW, 2A620PW, MG580PW, CD3612PW, 30A37PW, 2B640PW, 2A401PW, CD3770PW, 30F53VYHR, BM3061, BM3066 PRO2, 30A37, DKB390) foram obtidos de empresas privadas. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária pertencente à Universidade Federal de Lavras (UFLA). Na segunda safra de 2019, os híbridos simples comerciais foram semeados e autofecundados para a obtenção da geração F2. No ano agrícola de 2019/2020 os genótipos F1 e F2 foram semeados em delineamento em blocos casualizados, com duas repetições. Os caracteres avaliados foram: altura de plantas (HP), altura de inserção de espiga (HIE), estande de plantas, peso de espiga (PE), peso de sabugo (PS), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), número de fileiras por espiga (NF), número de grãos por fileira de espiga (NG) e o peso de cem grãos (P100). A análise de variância mostrou que existem diferenças significativas a nível de 95% entre os genótipos, para peso de sabugo e diâmetro de sabugo, indicando que existe variabilidade genética entre os genótipos para estes caracteres. A correlação significativa e positiva entre PS e componentes primários de produtividade, indica que a identificação dos genótipos com base em PS pode ser uma estratégia interessante para a identificação de genótipos superiores nos programas de melhoramento genético.

Palavras-Chave: Híbridos, Linhagens, Genótipos.
Instituição de Fomento: UFLA, FAPEMIG, CNPq e CAPES

Link do pitch:

https://www.youtube.com/watch?v=SXiCHWaxYD0&t=17s&ab_channel=LEONARDODEFREITASVIANA