

Agronomia

## **SELEÇÃO GENÔMICA NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM MILHO**

João Lucas Dias Souza - 8º módulo de Agronomia, UFLA, Iniciação científica PIBIC/CNPq.

Renzo Garcia Von Pinho - Professor Orientador, DAG, UFLA. - Orientador(a)

Francielly de Cássia Pereira - Pós-graduando em Genética e Melhoramento de Plantas, DBI, UFLA

Eric Vinicius Vieira Silva - Pós-graduando em Genética e Melhoramento de Plantas, DBI, UFLA

Gabrielle Carvalho Pereira - Pós-graduando em Genética e Melhoramento de Plantas, DBI, UFLA

João Vitor Buso de Deus - 8º módulo de Agronomia, UFLA, Iniciação científica PIBIC/CNPq.

### **Resumo**

No Brasil, o milho (*Zea mays* L.) vem sendo cultivado em duas safras distintas ao longo do ano agrícola. Esse sistema de produção proporciona diversas vantagens ao agricultor brasileiro, entretanto, devido as condições tropicais do território brasileiro, grandes desafios também se encontram associados a essas práticas agrícolas. No contexto do melhoramento de plantas, a interação genótipos por ambientes (G x A) figura-se como um dos principais complicadores do processo de obtenção de cultivares, uma vez que dificulta os processos de seleção, recomendação e alocação dos materiais. Com a redução dos custos de genotipagem e o desenvolvimentos de ferramentas estatísticas que permitem a inclusão da informação G x A nos modelos de predição, surgiram novas possibilidades para o estudo da interação. Assim, objetivou-se avaliar a capacidade preditiva do modelo de seleção genômica GBLUP com a inclusão da interação G x A. Para tal, 2770 híbridos simples de milho foram avaliados, quanto a produtividade, sob delineamento de blocos incompletos, ao longo de 24 locais distintos, em primeira e segunda safra, entre os anos de 2012 e 2014, totalizando 50 ambientes. As 447 linhagens, das quais os híbridos foram obtidos, foram genotipadas, e o painel de marcas dos híbridos foi obtido a partir da combinação das marcas das linhagens. Primeiramente, foram realizadas as análises individuais, por safra. Os componentes de variância genética foram significativos para todas as safras, variando de 0,17 a 1,44, Safrinha Centro 2012 e Safra Centro 2013, respectivamente. Os componentes de variância da interação G x A também foram significativos para todas as safras avaliadas, atingindo magnitudes mínimas e máximas de 0,18 (Safra Centro 2013) e 0,83 (Safra Centro 2011), respectivamente. Os resultados da análise genômica, indicam que de maneira geral a capacidade preditiva do modelo, foi de media a baixa magnitude ao longo de todas as safras avaliadas, com correlações variando de 0,175 para Safrinha Centro 2012 a 0,421 para Safrinha Centro 2013, sendo a correlação média considerando todas as safras de 0.267. Esses resultados evidenciam a dificuldade de se lidar com a interação G x A mesmos utilizando-se de modelos de predição robustos. Embora as correlações não sejam elevadas, elas podem ser suficientes para o descarte de materiais não promissores, reduzindo os custos do programa, entretanto, são necessários mais estudos para comprovar a eficácia dessa estratégia.

Palavras-Chave: *Zea mays*, Predição genômica, Interação genótipos por ambientes.

Instituição de Fomento: Universidade Federal de Lavras

Link do pitch: <https://www.youtube.com/watch?v=2zUacfEodAw>