

22^o Encontro de Iniciação Científica da UENF14^o Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense10^a Jornada de Iniciação Científica da UFF

IX

Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

II

Congresso Fluminense de Pós-Graduação

17^a Mostra de Pós-Graduação da UENF2^a Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense2^a Mostra de Pós-Graduação da UFF

Ciência, tecnologia e inovação no Brasil: desafios e transformações

Estimativas de parâmetros genéticos em famílias de irmãos completos em milho

José Arantes Ferreira Júnior, Vivane Mirian Lanhelas Gonçalves, Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi, Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves, Nayara Norrene Lacerda Durães, Jocarla Ambrosim Crevelari, Messias Gonzaga Pereira

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) mantém nos últimos vinte anos, um programa de Seleção Recorrente Recíproca de Famílias de Irmãos Completos (SRRFIC) em milho. O presente trabalho objetivou estimar parâmetros genéticos em progênies de irmãos completos com o propósito de se obter o 16^o ciclo de seleção recorrente. Para avaliação das progênies, o ensaio foi instalado no Colégio Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes-RJ, no ano agrícola 2016/17. Utilizou-se 196 famílias de irmãos completos, por meio dos cruzamentos entre indivíduos das populações CIMMYT 15 e Piranão 15. Adotou-se o delineamento látice quadrado 14 x 14 com três repetições. As características avaliadas foram: Número de Espigas (NESP), Número de Espigas Doentes (NED), Número de Espigas Atacadas por Praga (NEP), Peso de Espigas (PES), Peso de cem sementes (P100) e Rendimento de Grãos (REND). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e foram estimados os seguintes parâmetros genéticos: herdabilidade, coeficiente de variação genético e razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e). As análises estatísticas e genéticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes. Constatou-se diferenças significativas pelo teste F a 1% de probabilidade para todas as características analisadas, demonstrando a existência de variabilidade entre as progênies. Esta informação é de grande importância, pois, ganhos genéticos futuros poderão ser obtidos. Os coeficientes de variação (%) foram de 13,35 (NESP), 53,03 (NED), 42,37 (NEP), 16,44 (PES), 7,34 (P100) e 17,24 (REND). A média de rendimento de grãos do ensaio foi de 6970 kg.ha⁻¹, resultado superior à média nacional e significativamente superior às médias das regiões Norte e Noroeste Fluminense. A herdabilidade variou de 40,45 a 71,71% para número de espigas doentes e peso de cem sementes, respectivamente. O coeficiente de variação genético variou de 6,74 (P100) a 25,23 (NED). As razões CV_g/CV_e foram medianas para a maioria das características, sendo que a característica peso de 100 sementes apresentou o maior valor (0,92). As estimativas dos parâmetros genéticos obtidas neste estudo nortearão os procedimentos a serem adotados nos próximos ciclos de seleção recorrente.

Palavras-chave: *Zea mays*, seleção, rendimento

Instituição de fomento: CNPq, FAPERJ, CAPES