



# V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

## DIFERENTES METÓDOS DE ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA EM VARIEDADES CRIOULA DE MILHO

Yrle da Rocha Fontinele<sup>1\*</sup>; Vanderley Santos Borges<sup>1</sup>; Marilene Santos de Lima<sup>1</sup>; Moacir Haverroth<sup>2</sup>; Almecina Balbino Ferreira<sup>1</sup>; Suzy Anne de Araújo Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Acre. <sup>2</sup>Embrapa Acre. \*yrlerocha@gmail.com

O melhoramento vegetal está em função da genética, do ambiente e da interação genética x ambiente, logo é importante ressaltar que o melhoramento de plantas é uma estratégia para aumentar a produção de alimentos, em relação à adaptação da planta ao ambiente e não do ambiente à planta e, com isso aumentar o potencial produtivo de espécies cultivadas. Portanto, é necessário estudo para que se conheça a variabilidade genética de milho crioulo, para viabilizar o seu uso futuro e originar populações com ganhos genéticos significativos, utilizados em programas de melhoramentos. Este trabalho objetivou-se estimar diferentes métodos de componentes de variância em variedades de milho crioulo. Foram utilizadas três variedades de milho do tipo duro “Nawa Sheki” e uma do tipo massa “Sheki Kui”, para obter informações dos genes e estabelecer embasamentos para a escolha dos métodos de melhoramento mais adequados. A seleção foi aplicada em altura de plantas (AP), altura da inserção de espigas (AIE) e diâmetro da espiga (DE). O experimento foi instalado na área da Universidade Federal do Acre. A semeadura foi realizada no dia 09 de novembro de 2017 e a colheita no dia 03 de março de 2018. O delineamento experimental foi o em blocos casualizados com cinco repetições. Os tratamentos foram constituídos por quatro genótipos de milho oriundos da aldeia indígena Kaxinawa do Vale do Juruá - Acre. A parcela experimental foi constituída por duas fileiras de 5 m de comprimento, com espaçamento de 1 m entre linhas e 0,50 m entre plantas. Utilizou-se o programa GENES para estimar os parâmetros genéticos, procedimento aplicado ao estudo da diversidade genética com base em informações fenotípicas. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas empregando os métodos da Análise de Variância (ANAVA), *Máxima Verossimilhança (ML)*, *Máxima Verossimilhança Restrita (REML)* e o *Estimador Quadrático Não Viesado de variância mínima (MIVQUE)*. Dos quatro métodos aplicados, os que apresentaram valores similares ( $p > 0,05$ ) foram: ANAVA, REML e o MIVQUE, cujos resultados ficaram entre 0,081 a 3,862. Por outro lado, O ML apresentou diferença significativa ( $p < 0,05$ ) nas variáveis avaliadas, ficando entre 0,065 a 3,09. Para as características estudadas, o método ML não é confiável para estimar os componentes de variâncias para a cultura do milho.

**Palavras-chave:** milho tradicional; melhoramento genético; parâmetros genéticos.

**Agradecimentos:** CAPES pelo apoio financeiro.