SELEÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO PIPOCA COM BASE EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E DE RESISTÊNCIA À DOENÇAS

Fernanda Vargas Valadares, Juliana Santa Barbara Costa, Lavínia Santana Ladeira Gomes, Luana Cruz Vasconcelos, Rafael Nunes de Almeida, Julio Cesar Gradice Saluci, Marcelo Vivas.

Para o sucesso no desenvolvimento de cultivares que apresentem alta produtividade e alta capacidade de expansão, há a necessidade do conhecimento da divergência genética existente nos genótipos disponíveis. O objetivo do estudo foi avaliar o potencial genético entre linhagens de milho-pipoca com base em caracteres morfoagronômicos e de resistência, visando a seleção de genótipos promissores para o desenvolvimento de híbridos com maior capacidade de expansão e resistência a doenças. Para avaliação, o ensaio de competição foi implantado seguindo o delineamento de blocos casualizados dentro de sets com utilização de testemunhas comuns. Foram adotados cinco sets, cada um constituído por um número variável de linhagens regulares e três linhagens comuns. Avaliou-se a incidência e severidade de *Exserohilum turcicum*, *Bipolaris maydis*, *Puccinia polysora* e *Fusarium verticillioides*. Avaliou-se ainda 15 caracteres agronômicos. Os dados de intensidade de doenças foram plotados em gráfico boxplots permitindo mensurar a amplitude de variação no nível de incidência e severidade entre as épocas de plantio. As médias das duas safras para capacidade de expansão foram plotadas em gráfico de barras. As demais variáveis foram utilizadas para averiguar a divergência genética existente entre os genótipos. Foram estimadas a matrizes de distância para os demais caracteres avaliados pelo método de Gower. A partir da matriz de distâncias, os genótipos foram agrupados do método Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages (UPGMA). As análises e construção de gráficos foram realizadas com auxílio do programa R. Foi possível observar que há no conjunto de linhagens em estudo, genótipos com possíveis alelos favoráveis à resistência às doenças avaliadas, e assim sendo passíveis de utilização na obtenção de híbridos. Foram selecionadas as linhagens que apresentaram a capacidade de expansão acima de 25mL g^{-1}, este ponto de truncamento foi escolhido para que não ocorra a perda de um grande número de genótipos. Foram selecionadas 84 linhagens com potencial de resistência às doenças avaliadas e 70 linhagens com valor de capacidade de expansão igual ou superior a 25mL g–1, dentre as quais algumas se sobrepõem quanto a critério de seleção. O agrupamento realizado com base na distância de Gower, evidenciou que há divergência genética que possibilita explorar técnicas de melhoramento com o intuito de gerar híbridos com resistência à doenças e satisfatória capacidade de expansão.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
Fomento da bolsa (quando aplicável): CAPES, CNPq e FAPERJ.