



Ciências Agrárias

OBTENÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MILHO COMUM (ZEA MAYS L.) ASSISTIDA POR MARCADORES SSR

Julio Cesar Fiorio Vettorazzi, Messias Gonzaga Pereira, Keila Silva da Cunha, Geovana Cremonini Entringer, Renato Santa Catarina

O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho, sendo este o principal cereal cultivado no Brasil. Rico em proteínas e carboidratos, este cereal é utilizado em todo o país para a alimentação humana e animal e na indústria. A despeito da região Norte/Noroeste Fluminense não apresentar tradição na produção de milho, com apenas 7.000 ha plantados e produtividade de 2500 Kg.ha⁻¹, as características edafoclimáticas da região, com relevo de plano a pouco ondulado, permitindo plena mecanização, e seu clima caracterizado por um verão chuvoso e inverno seco, possibilitam um bom desenvolvimento da cultura. Desde 1996, a UENF conduz um programa de melhoramento genético de milho via seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos assistido por marcadores moleculares (SRRFIC). O referido programa encontra-se em seu 14º ciclo, com o objetivo de obter novos híbridos e variedades com alto desempenho agrônomico. Neste programa são utilizadas duas populações, pertencentes a grupos heteróticos distintos: CIMMYT e Piranão. Na SRRFIC cada ciclo envolve três etapas básicas: geração de progênies de irmãos completos; avaliação das famílias para a identificação das superiores, utilizando as seguintes características: stand, plantas quebradas, plantas acamadas, número de espigas, número de espigas doentes, número de espigas atacadas por pragas, peso de espigas, peso de grãos, peso de 100 grãos; recombinação das sementes remanescentes correspondentes às famílias superiores para a obtenção das populações do próximo ciclo. São selecionadas 40 famílias superiores em cada população, para formação de lotes independentes de recombinação. Após estas etapas, para a análise da diversidade via marcadores de DNA, parte das sementes S1 dos 40 genótipos armazenadas da primeira etapa da seleção recorrente, para cada população foi semeada em vasos na casa de vegetação pertencente à Unidade de Apoio à Pesquisa da UENF. Aproximadamente quinze dias após a emergência das plântulas, em cada vaso, a parte aérea de 10 plântulas foi coletada, em "Bulk", para a extração do DNA. Esta amostra foi utilizada para extração de DNA. Os resultados obtidos ao longo dos ciclos de seleção, nos permitem inferir que ambas as populações dispõem de variabilidade genética para as características em estudo, sendo promissoras para os próximos ciclos.

Palavras-chave: Seleção Recorrente Recíproca, Zea Mays L., Marcadores Moleculares

UENF