

SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MILHO ASSISTIDOS POR MARCADORES MOLECULARES

Vivane Mirian Lanhellas Gonçalves, José Arantes Ferreira Júnior, Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi, Renato Santa Catarina, Messias Gonzaga Pereira

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal de grande importância econômica e social, cultivado em praticamente todas as regiões agrícolas do mundo. O milho é empregado na alimentação humana, animal e como matéria-prima na produção de biocombustíveis. Atualmente, o Brasil é o terceiro maior produtor mundial, sendo superado apenas pelos Estados Unidos e pela China. A Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) possui um programa de Seleção Recorrente Recíproca de Famílias de Irmãos Completos (SRRFIC) de milho, iniciado em 1996. O programa tem gerado bons resultados, com destaque para o lançamento e recomendação de cultivares híbridas para as regiões Norte/Noroeste Fluminense. A seleção recorrente compreende três etapas: obtenção, avaliação e seleção de progênies. O referido programa introduziu uma etapa adicional pelo programa, baseada em marcadores moleculares que auxilia a seleção de progênies antes da recombinação. Atualmente foram concluídos 15 ciclos de seleção com resultados significativos para rendimento de grãos, com ganhos de 300 a 400 kg/ha/ciclo. O objetivo deste trabalho é obter o 16^o Ciclo de SRRFIC, dando sequência ao programa de melhoramento. Assim, serão utilizadas duas populações Cimmyt15 e Piranão15, pertencentes aos grupos heteróticos "FLINT" e "DENT", respectivamente. Esta proposta será desenvolvida em quatro etapas: geração de progênies de irmãos completos (IC) e sementes S_1 ; ensaios de avaliação agrônômica; genotipagem molecular; seleção de progênies superiores e recombinação. Na primeira etapa serão obtidas 200 progênies de IC e as respectivas 400 progênies S_1 . Na segunda etapa as progênies de IC serão avaliadas nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara. As características avaliadas serão: número de dias para o florescimento, altura de plantas, altura de espigas, 'Stand', número de plantas quebradas, plantas acamadas, empalhamento, número de espigas, número de espigas doentes, número de espigas atacadas por pragas, peso de espigas, peso de 100 grãos e rendimento de grãos. Os dados fenotípicos serão submetidos a análise de variância individual e conjunta. Na terceira etapa as 400 progênies S_1 , serão genotipadas via RAD-Seq. Na última etapa, serão selecionadas 30 progênies para serem recombinadas com base nas análises fenotípicas e moleculares. Os resultados esperados são: obtenção do 16^o Ciclo de SRRFIC e seleção de progênies agronomicamente superiores de IC com base no valor genético, dando origem as populações Cimmyt16 e Piranão16.

Palavras-chave: *Zea mays* L., Ganho genético, Rendimento de grãos.

Instituição de fomento: CNPq, UENF