

AValiação DAS FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MILHO PIPOCA SUBMETIDOS À SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOCULACIONAL

Jakson dos Santos Nascimento¹; Bruno Romão Guedes¹; Pedro Bruno Xavier Alcântara¹; Yuri Pequeno de Souza²; Silvério de Paiva Freitas Junior³

¹Graduando do curso de Agronomia da Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE/Brasil – e-mail: Jaksonsantos10@bol.com.br; brunoromaoguedes@yahoo.com.br; pedrobrunoxa@gmail.com. ²Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. Bolsista CAPES – e-mail: yure_p-souza@hotmail.com. ³ Professor adjunto do curso de Agronomia da Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE/Brasil – e-mail: silveriojr@ufca.edu.br.

Os programas de melhoramento de milho pipoca são necessários para o desenvolvimento dessa cultura, visando disponibilizar variedades ou híbridos com elevado potencial agrônomico e adaptados às condições brasileiras. No presente trabalho, objetivou-se avaliar o primeiro ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos de milho pipoca por meio das estimativas de parâmetros genéticos e dos ganhos genéticos preditos computados a partir de índices de seleção e selecionar as 40 melhores progênies para a recombinação e formação da população de segundo ciclo. A obtenção das progênies foi realizada em 2013, no Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri, CRATO-CE. Foram semeadas 102 fileiras constituídas do milho pipoca crioulo Dona Iva. O material foi semeado em novembro de 2013 com comprimento de fileiras de 6,0 m, espaçadas em 1,0 m, com 15 plantas distanciadas em 0,4 m uma da outra, à uma profundidade de 0,05 m, onde foram obtidas 210 famílias de irmãos completos. O ensaio de competição foi conduzido na fazenda Patos, localizado no município de Granjeiro. A semeadura foi realizada em abril de 2014, no delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de ‘sets’. Utilizaram-se sete ‘sets’, com duas repetições, sendo que cada ‘set’ conteve 30 tratamentos. Avaliando-se as 210 famílias de irmãos completos, as seguintes características foram avaliadas: a) proporção de espigas atacadas por pragas (EP); b) peso médio de espigas com grãos (PESP); c) rendimento de grãos (RG); d) capacidade de expansão dos grãos (CE); e) peso de 100 grãos (P100). Os dados das características foram submetidos à análise de variância de acordo com o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + S_j + R/S_j + F/S_j + \xi_{ijk}$. No que diz respeito à EP, constatou-se que 14% das espigas das famílias 170 e 169 foram acometidas por pragas, por outro lado no tratamento 75 não foi encontrado nenhuma injúria causada por pragas. As características peso de espiga (PESP) e rendimento de grãos (RG), formaram os maiores agrupamentos de médias, 9 grupos cada, denotando variabilidade entre os materiais. Quanto à característica capacidade de expansão (CE), houve também a formação de 9 grupos de médias, evidenciando uma alta variabilidade dos tratamentos. Em relação às estimativas dos valores e às significâncias dos quadrados médios, bem como, as médias e os coeficientes percentuais de variação experimental, os caracteres EP, PESP, RG, P100 e CE apresentaram significância a nível de 1% pelo teste F, existindo assim distinção de comportamento dos genótipos, ou seja, revelando a presença de diferenças genéticas entre os tratamentos sinalizando o potencial dos mesmos para futuros trabalhos de melhoramento genético. Com base nos resultados obtidos, concluiu-se que a maioria das características avaliadas apresentou fonte de variação significativa.

Palavras-chave: Melhoramento Genético; Crioulo; Ganhos.

Apoio financeiro: CNPq, FUNCAP, NEFIMP e UFCA.