

# Análise da Variabilidade Genética da Coleção Nuclear de Milho Tipo Duro

---

XXIV Congresso Nacional de Milho e Sorgo - 01 a 05 de setembro de 2002 - Florianópolis - SC

---

Déa Alécia M. Netto, Antônio Carlos Oliveira e Ramiro V. Andrade

Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424 km 65, CP 151, Sete Lagoas, MG, 35701-970  
[dea@cnpms.embrapa.br](mailto:dea@cnpms.embrapa.br), [oliveira@cnpms.embrapa.br](mailto:oliveira@cnpms.embrapa.br), [ramiro@cnpms.embrapa.br](mailto:ramiro@cnpms.embrapa.br)

Palavras-chave: recursos genéticos, caracterização morfológica, análise de agrupamento

## Introdução

As informações sobre os recursos genéticos no Brasil e em todo o mundo, são organizadas e disponibilizadas em coleções ou banco de germoplasma. Especificamente no caso do Brasil, a coleção de germoplasma milho (*Zea mays* L.) está armazenada em Sete Lagoas, MG, e em Brasília, DF. Com o objetivo de se tornar acessível a variabilidade genética disponível, bem como estimular a utilização de germoplasma, estabeleceu-se a partir de 2.280 acessos da coleção base, uma coleção nuclear de milho com 300 acessos. O termo coleção nuclear foi proposto em 1984 para representar, com um mínimo de repetitividade, a diversidade genética de uma espécie e seus parentes. Essa coleção núcleo seria o conjunto mais importante de acessos de toda a coleção de base (Brown, 1989). A coleção nuclear vem facilitar e incrementar a acessibilidade de usuários desde melhoristas de plantas até geneticistas fundamentais (Brown, 1989). A caracterização dos acessos em bancos de germoplasma através da avaliação das variáveis morfológicas, fisiológicas e bioquímicas e moleculares é de grande importância para o melhorista no estabelecimento de estratégias de cruzamentos e seleção em programas de melhoramento de plantas. Uma forma mais adequada para a caracterização dos acessos é a utilização de técnicas de análise multivariada, que se apresenta como uma solução para agrupar e/ou descrever um grupo de indivíduos considerando o conjunto todo de descritores. Dentre essas técnicas a análise de componentes principais, análise de agrupamento, distância de similaridade, e outras, são técnicas multivariadas de maior utilização no melhoramento de plantas (Pereira, 1989; Van Hintum, 1995). Estes autores citam ainda, que a proposta de análise da divergência genética considerando a divisão dos acessos em sub-grupos, constitui-se em uma estratégia eficiente, com manipulação mais racional e objetiva da variabilidade genética. Pereira (1989) encontrou ampla variabilidade genética no Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca utilizando as técnicas de análises multivariadas. Cordeiro et al. (1995) e Crossa et al. (1995 a, b) recomendam ainda que, marcadores genéticos devam ser usados como ferramenta de validação da coleção núcleo.

A presente pesquisa tem por objetivo verificar na coleção núcleo do Banco Ativo de Germoplasma de Milho da Embrapa, o grau de diversidade genética dos acessos de milho, tipo de grão duro através do emprego da caracterização morfológica.

## Material e Métodos

A pesquisa foi conduzida na Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, no ano de 2001/2002. A altitude, em sua estação meteorológica, é de 732 m, e ocupa uma área de solos predominantemente de latossolos vermelho-escuro e vermelho-amarelo. O clima da região, segundo Koopen, é do tipo AW (clima de savana com inverno seco) (<http://www.cnpms.embrapa.br>). Os materiais genéticos são todos os acessos de milho da coleção núcleo do tipo de grão duro. Esse grupo foi selecionado por se constituir em um dos grupos de maior importância para o melhoramento genético do milho. Foram caracterizados e avaliados 58 acessos do tipo duro, utilizando-se 10 plantas por acesso e 21 descritores morfológicos: altura da planta, florescimento masculino e feminino, altura da espiga na planta, comprimento e diâmetro da espiga, número de ramificações do pendão e comprimento de haste, número de espigas por planta, diâmetro do colmo, número total de folhas acima da espiga superior, número total de folhas e comprimento de folhas, número de fileiras de grãos e número de grãos por fileira, peso de espiga e de grãos por espiga, diâmetro do sabugo, ângulo da folha em relação ao colmo e peso de mil sementes. As medidas de dissimilaridades entre os acessos foram determinadas pela distância Euclidiana média e o método de agrupamento foi o do vizinho mais próximo, conforme descritos em Cruz e Regazzi (1997) e utilizado o programa GENES.

## Resultados e Discussão

As análises descritivas dos caracteres morfológicos avaliados mostram a variabilidade genética encontrada no grupo de 58 germoplasma de milho. Verifica-se que as maiores variações foram em peso de grãos, peso de espiga, ramificação do pendão, altura da espiga e peso de mil sementes. As menores variações foram em número de folhas acima da espiga superior, diâmetro do colmo, altura da planta, comprimento da folha e diâmetro da espiga (Tabela 1). Pode-se observar que as contribuições mais importantes dos descritores foram peso de mil sementes, altura da espiga, altura da planta, peso de espiga e peso de grãos na variabilidade genética dos acessos.

A análise de componentes principais para os 58 acessos também mostrou que os materiais tem distintos caracteres morfo-agronômicos como mostra a dispersão dos pontos na Figura 1. Os dois primeiros componentes principais explicaram 51,31% do total da variação.

A coleção núcleo deve representar pelo menos 80% da variabilidade genética apresentada na coleção base, e deve ser composta de acessos divergentes. Para comprovar isto as análises estatísticas envolveram dois estágios: uma classificação para determinar se os acessos poderiam ser considerados como grupos dissociados (análise de agrupamento) e um estudo da ordenação desses acessos para examinar sua relação espacial (análise de componentes principais). Excluindo os quatro indivíduos mais divergentes, no dendrograma dado pelo método do vizinho mais próximo dos 54 acessos verifica-se que em todo o conjunto a formação de grupos homogêneos, somente se inicia aproximadamente a 50% da maior distância, ou seja, do indivíduo mais divergente (Figura 2). Observa-se assim que os acessos apresentam-se distintos entre si.

Em geral, os resultados da análise de componentes principais confirmaram os obtidos pela análise de agrupamento.

Tabela 1: Análises descritivas dos 21 caracteres morfológicos aplicados em 58 acessos de germoplasma da coleção núcleo. Sete Lagoas,2001/2002.

Descritores	Flor Masculina	Flor Feminina	Ramificação Pendão	Altura Planta	Altura Espiga	Folhas acima da espiga	Total de folhas
Média	64,08	68,24	24,22	323,60	193,09	5,78	15,49
Mínimo	54,00	58,00	16,60	263,50	132,00	5,10	12,90
Máximo	79,00	82,00	34,70	362,50	237,50	6,50	24,70
Desvio Padrão	5,80	6,33	3,91	24,02	29,43	0,35	1,66
Coef, variação	9,05	9,28	16,15	7,42	15,24	6,09	10,76
Descritores	Diâmetro do colmo	Comprimento da folha	Comprimento da haste	Número de espigas/planta	Comprimento da espiga	Diâmetro da espiga	Número de fileiras de grãos
Média	22,95	103,21	40,00	1,05	13,49	38,77	12,998
Mínimo	18,80	88,30	31,50	1,00	9,9	29,5	10,6
Máximo	27,30	132,00	77,90	1,60	17,1	46,8	16,6
Desvio Padrão	1,58	7,93	5,60	0,12	1,38	3,03	1,274
Coef, variação	6,88	7,69	14,02	11,52	10,29	7,82	9,808
Descritores	Número de grãos/fileira	Peso de Espiga	Peso de grãos	Diâmetro do sabugo	Número de colmos	Ângulo da folha/colmo	Peso de Mil Sementes
Média	32,53	109,62	91,13	23,76	15,75	46,16	242,34
Mínimo	21,3	51,3	38,8	18,6	12,6	30,1	168,8
Máximo	41,1	175,5	150,5	31,7	19,5	60,6	319,3
Desvio Padrão	4,23	25,6	22,91	2,61	1,31	6,58	35,15
Coef, variação	13,03	23,35	25,14	11	8,33	14,25	14,5

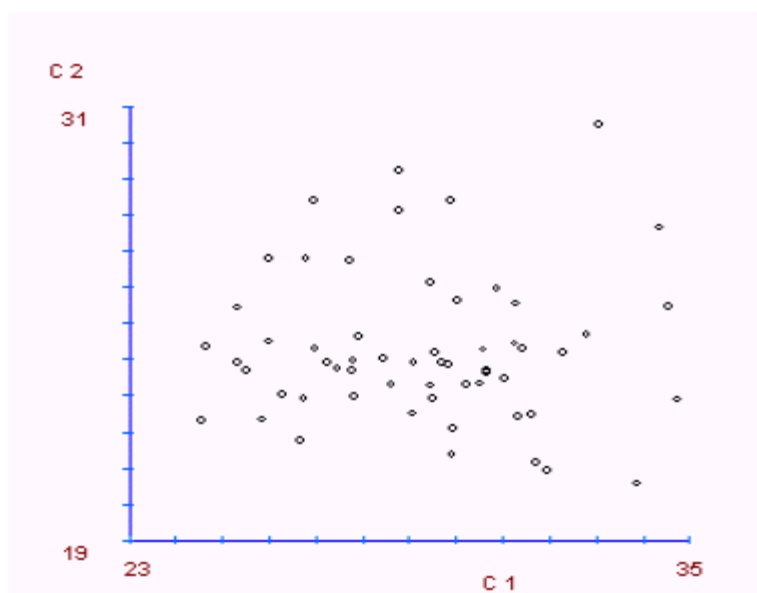


Figura 1. Dispersão dos 58 acessos da coleção núcleo de milho, tipo de grão duro considerando os dois componentes principais, Sete Lagoas, 2002.

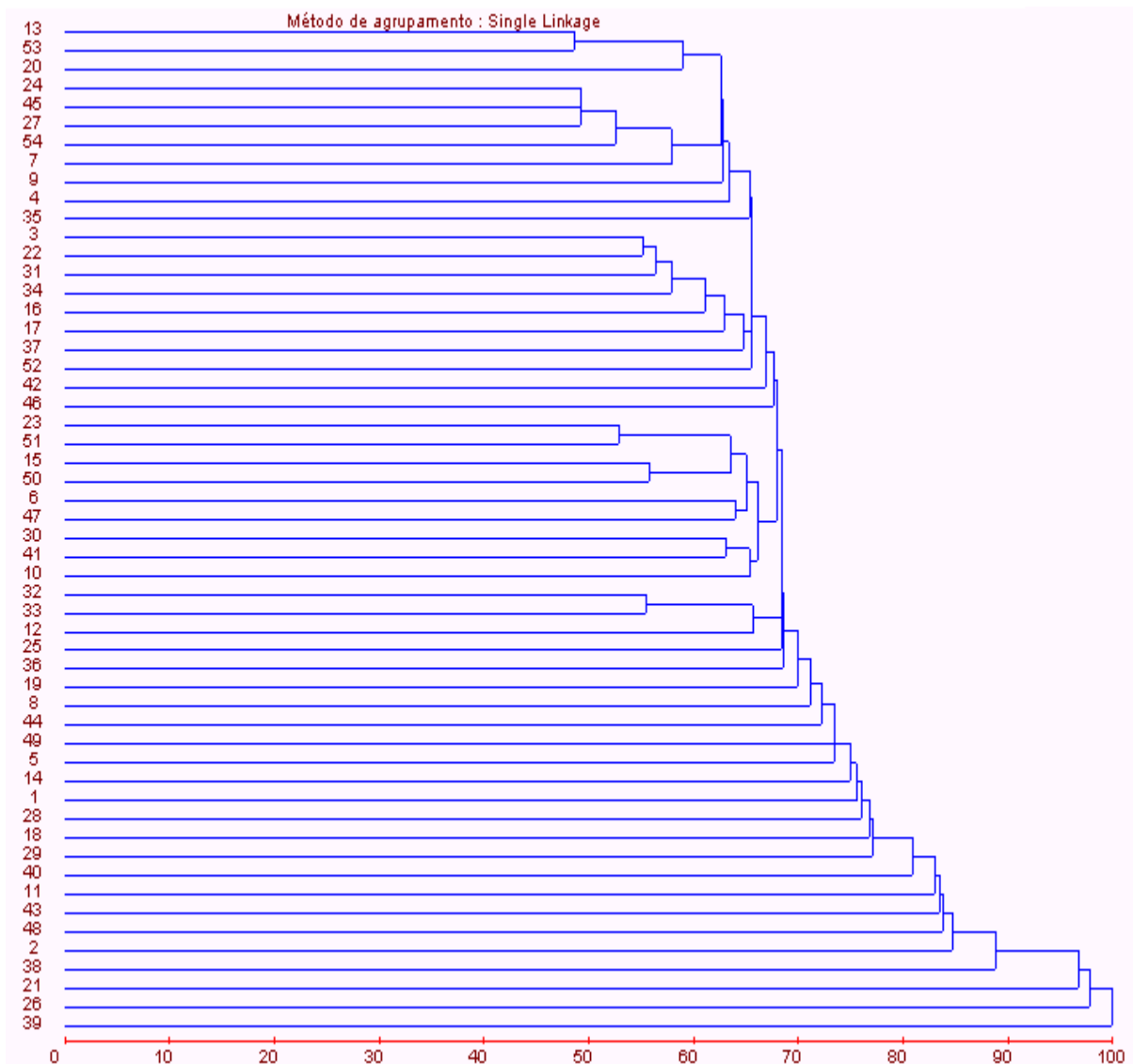


Figura 2. Agrupamento de 54 acessos da coleção núcleo de milho tipo duro pelo método do vizinho mais próximo. Sete Lagoas, 2002.

#### Literatura citada

BROWN, A.H.D. The case for core collections. In: BROWN, A.H.D.; FRANKEL, O. H.; MARSHALL, R.D.; WILLIAMS, J.T. (Eds.) **The Use of Plant Genetic Resources**. Cambridge, UK: Cambridge University, 1989. p.136- 156.

CORDEIRO, C.M.T.; MORALES, E.A.V.; FERREIRA, P.; ROCHA, D.M.S.; COSTA, I.R.S.; VALOIS, A.C.C.; SILVA, S. Towards a Brazilian core collection of cassava. In: HODGKIN, T.; BROWN, A.H.D.; VAN HINTUM, TH. J. L. ; MORALES, E.A.V. (eds.) **Core Collections of Plant Genetic Resources**. Chichester: J. Wiley, 1995. p. 155-168.

CROSSA, J.; BASFORD, K. TABA, S.; DELACY, I.; SILVA, E. Three- mode analyses of maize using morphological and agronomic attributes measures in multilocal trials. **Crop Science**, Madison, v.35, n.5, p.1483-1491, 1995

CROSSA, J.; DELACY, I.H.; TABA, T. The use of multivariate methods in developing a core collection. In: Hodgkin, T.; Brown, A.H.T.; van Hintum, Th.J.L.; Morales, E.A.V. Core collections of plant genetic resources. IPGRI, 1995.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994. 390p.

PEREIRA, A.V. **Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. 180 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1989.

VAN HINTUM, T.J.L. Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants. In: HODGKIN, T.; BROWN, A.H.D.; VAN HINTUM, T. J. L. ; MORALES, E.A.V. (Eds.) **Core Collections of Plant Genetic Resources**. Chichester: J. Wiley, 1995. p. 23-34.