



VALIDAÇÃO DA COLEÇÃO NÚCLEO DE MILHO, SUBGRUPO ENDOSPERMA DURO

Netto, DAM¹; Souza, IRP¹; Oliveira, AC¹; Pinto, CABP²; Andrade, RV¹

¹Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, ²Departamento de Biologia, UFLA, Lavras, MG

dea@cnpms.embrapa.br

Palavras-chave: *Zea mays* L., AFLP, diversidade genética

A representatividade da coleção núcleo (CN) ou seja, a sua validação, pode ser avaliada por comparação de sua diversidade com a coleção base (CB). Assim, pode-se verificar se os padrões de variação da CN, determinados por índices de diversidade genética, assemelham-se aos da CB. Para verificar se a coleção núcleo contempla a variabilidade genética de todo germoplasma presente na coleção base, ou seja, para validar a coleção núcleo de milho é importante avaliar a sua representatividade comparando-se as características morfológicas e moleculares dos acessos de ambas coleções. Este trabalho teve por objetivo validar a coleção núcleo de milho, subgrupo endosperma duro da Embrapa Milho e Sorgo, através do emprego de marcadores moleculares AFLP. Utilizando-se seis combinações de *primers* em 58 acessos da coleção núcleo e uma amostra de 21 acessos da coleção base foram geradas 207 bandas, com média de 32,8 bandas polimórficas por combinação de *primer*. Vários procedimentos estatísticos foram utilizados para a comparação entre coleções como o agrupamento UPGMA e análises de similaridades genéticas realizadas pelo coeficiente de Jaccard, e para estudo da diversidade genética empregou-se os índices de Shannon, diversidade total (H_T), diversidade dentro de coleções (H_S) e diversidade entre coleções (D_{ST}). Os dendrogramas resultantes das similaridades genéticas foram semelhantes por não apresentarem a formação de grupos homogêneos até a distância genética de 0,75. O número médio de alelos observado foi 1,95, o número médio efetivo de alelos foi 1,47 e a heterozigosidade (h), (índice de diversidade genética de Nei) usada para avaliar o conteúdo polimórfico de cada loco foi 0,28 para a coleção núcleo, e 0,20 para a amostra da coleção base. A proporção da diversidade genética total devida a diferença entre coleções foi de 5,55%, enquanto que 94,45% ocorreu em virtude da diversidade presente dentro de coleções. A AMOVA, usada como outro critério para determinar o grau de diferenciação genética entre as duas coleções, demonstrou que a maior porcentagem de variação ocorreu dentro de coleções, 88,37%, evidenciando a alta variabilidade genética entre os acessos. A caracterização molecular permitiu verificar que os acessos que compõem a coleção núcleo são representativos da coleção base. Além disso, proporcionou uma nova informação acerca da estrutura genética da coleção núcleo, obtendo-se estimativas de freqüências alélicas e índices de diversidade genética. Dessa maneira, a validação dos acessos da coleção núcleo de milho, subgrupo endosperma duro, poderá incrementar o uso dos recursos genéticos, mantidos em banco de germoplasma, pelos melhoristas e usuários em geral.

Suporte Financeiro: Prodetab 040-02/99