

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA

Camila Rodrigues Castro¹; Viviane Yumi Baba²; Robson Akira Matsuzaki³; Amanda Tami Kuroda³; Leandro Simões Azeredo Gonçalves⁴; Claudete de Fátima Ruas⁵; Paulo Maurício Ruas⁵

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UEM/Maringá-PR/Brasil. Bolsista CNPq – email: camila.rcastro@hotmail.com; ²Doutoranda em Agronomia – UEL/Londrina-PR/Brasil. ³Bolsistas PIBIC/CNPq/UEM – UEM/Maringá-PR/Brasil. ⁴Professor do Departamento de Agronomia/ CCA – UEL/Londrina- PR/Brasil. ⁵Professores do Departamento de Biologia Geral/ CCB – UEL/Londrina- PR/Brasil.

No Brasil, as linhagens de milho-pipoca não são distribuídas em grupos heteróticos complementares para a obtenção de híbridos, como ocorre com o milho comum. Portanto, há uma necessidade de maiores informações sobre a diversidade genética dessa cultura, que permita auxiliar o melhorista e minimizar seus esforços na produção de cultivares superiores de milho-pipoca. Este trabalho teve como objetivo avaliar a distância genética entre 45 linhagens de milho-pipoca de diversas origens, utilizando marcadores moleculares *AFLP* (*Amplified Fragment Length Polymorphism*). A técnica de *AFLP* foi empregada para acessar a divergência genética das linhagens, usando-se DNA genômico de sete plantas de cada linhagem. Três combinações de *primers* seletivos de *AFLP* (EcoRI-ACG/MseI-CAG, EcoRI-AGC/MseI-CAG e EcoRI-AGG/MseI-CTG) geraram 906 bandas, sendo 684 bandas polimórficas. A matriz de dissimilaridade foi obtida pelo complemento aritmético do coeficiente de Roger e Tanimoto e agrupadas pelos métodos hierárquicos do vizinho mais próximo (VMP), do vizinho mais distante (VMD), das médias aritméticas não ponderadas (UPGMA), e do método de otimização de Tocher. Os coeficientes de correlação cofenética de cada método hierárquico (VMP- 0,88, VMD- 0,62 e UPGMA- 0,90) indicaram que o dendrograma produzido pelo método UPGMA foi o mais adequado entre os modelos hierárquicos aglomerativos utilizados para discriminar as linhagens. Os resultados obtidos pelo método UPGMA apontaram a presença de dez grupos de linhagens empregando o ponto de corte ($\theta_k = 0,41$) estabelecido pelo método de Mojena com $k=1,25$. No método de Tocher verificou-se a formação de oito grupos, onde um grupo era composto por 38 linhagens. Este fato pode ser explicado em função do agrupamento de Tocher preconizar sempre as maiores distâncias entre grupos em relação à distância dentro dos grupos, sendo considerado um método exclusivo na formação dos grupos de genótipos. As linhagens GP₄ e P_{8.1.5.10} manifestaram grande dissimilaridade genética ($d_{ii'}=0,55$) em relação às demais, sendo a linhagem GP₄ originada de CMS-43, um composto de grãos brancos, redondos, desenvolvidos pela Embrapa, e a linhagem P_{8.1.5.10} oriunda de Zaeli, um híbrido americano comercializado no Brasil pela empresa Zaeli. Considerando os locos estudados, a grande distância genética entre as linhagens P₁₋₂ e P_{8.1.5.10} ($d_{ii'}=0,54$) e entre GP₁ e P_{8.1.5.10} ($d_{ii'}=0,52$), permitiu indicá-las como genitoras de cruzamentos destinados à exploração prática da heterose, sendo as linhagens GP₁ e P₁₋₂, derivadas de Zélia, um híbrido triplo desenvolvido pela empresa DuPont do Brasil S.A. Em estudos relatados na literatura, as linhagens provenientes de Zélia e Zaeli, apresentaram índices de capacidade de expansão, respectivamente, de 31 mL g⁻¹ e 26 mL g⁻¹, indicando que estes cruzamentos (GP₁ x P_{8.1.5.10} e P₁₋₂ x P_{8.1.5.10}) podem ser uma alternativa promissora na obtenção de híbridos produtivos e com alta capacidade de expansão, porém um fator limitante é que as linhagens procedentes de Zélia são altamente suscetíveis à helmintosporiose.

Palavras-chave: variabilidade; linhagens; milho-pipoca; *AFLP*.

Apoio Financeiro: CNPq