



## AVALIAÇÃO DA REPRESENTATIVIDADE DA COLEÇÃO NÚCLEO DE MILHO DOS TIPOS DE GRÃOS PIPOCA E AMILÁCEO UTILIZANDO MICROSSATÉLITES

Souza, IRP<sup>1</sup>; Coimbra, RR<sup>2</sup>; Cruz, CD<sup>2</sup>; Netto, DAM<sup>2</sup>; Andrade, RV<sup>1</sup>; Carneiro NP<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, <sup>2</sup>Departamento de Biologia Geral, UFV, Viçosa, MG

[isabel@cnpms.embrapa.br](mailto:isabel@cnpms.embrapa.br)

Palavras-chave: *Zea mays* L., SSR, variabilidade

A coleção nuclear de milho da Embrapa Milho e Sorgo é composta de 300 acessos e constitui uma amostra representativa dos acessos da coleção ativa. Uma vez que a coleção núcleo foi estabelecida, uma importante questão para os curadores é a extensão na qual esta cumpre seus objetivos originais em termos de representatividade da variabilidade genética. O uso de marcadores microssatélites (SSR), por amostrarem diretamente o DNA e serem altamente polimórficos, tem criado a oportunidade de caracterização genética em escala fina de coleções de germoplasma. O objetivo deste trabalho foi verificar, por meio de marcadores SSR, se os acessos dos tipos de grão pipoca e amiláceo da coleção ativa estavam adequadamente representados na coleção núcleo. Foram utilizados os acessos da coleção núcleo dos tipos de grão pipoca (36) e amiláceo (14), os quais apresentavam sementes em quantidade que pudesse ser disponibilizada e da coleção ativa 11 acessos pipoca e 7 amiláceo, selecionados por amostragem logarítmica da frequência dos acessos, por região ecogeográfica. Um *bulk* da terceira folha de 100 plântulas de cada acesso foi utilizado para a extração de DNA. Foram utilizados 24 *primers* SSRs, que apresentavam polimorfismo em seleção prévia, e cada alelo foi considerado como um loco, codificando-se 0 para ausência e 1 para presença da banda. Com base no índice de Jaccard realizou-se a dispersão no plano e agrupamento pelo método do vizinho mais próximo. As frequências alélicas foram estimadas admitindo-se o equilíbrio de Hardy-Weinberg. A diversidade gênica para cada loco foi calculada pelo índice de Shannon e a diversidade total ( $H_T$ ), calculada pelo índice de diversidade de Nei, sendo esta particionada em componente de diversidade dentro de populações  $H_S$  e componente de diversidade entre populações  $D_{ST}$ . A proporção da diversidade genética que é atribuída ao componente entre populações foi calculada pelo índice  $G_{ST}$ . Considerando-se os dois grupos, pipoca e farináceo, foram obtidos, respectivamente, 108 e 105 marcadores com média de 4,5 alelos por loco. Ambas as populações apresentaram alta porcentagem de locus polimórficos, acima de 95%, e maior grau de polimorfismo na coleção núcleo do que na amostra da coleção ativa. Nas populações de amiláceo e pipoca, a coleção núcleo apresentou diversidade  $H_S$  ligeiramente superior à da amostra da coleção ativa, respectivamente 9,44% e 27,65%. A proporção da diversidade atribuída ao componente entre populações foi de 5,5% para amiláceo e 7,2% para pipoca. Estes valores indicam que a diversidade genética observada deveu-se principalmente à diversidade dentro de populações e que, tanto para pipoca como para amiláceo, os acessos amostrados da coleção ativa estão representados na coleção núcleo, demonstrando que esta contempla a variabilidade genética da coleção ativa.

Suporte Financeiro: Prodetab 040-02/99