



Universidade Federal de Viçosa
Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento
FIT 798 - Seminários em Genética e Melhoramento

Data: 31/05/2012

Prelecionista: Gabriel Borges Mundim

Orientador: Prof. José Marcelo Soriano Viana

Caracterização fenotípica e molecular de linhagens de milho-pipoca quanto à eficiência no uso de N

A oferta de milho-pipoca no mercado brasileiro ainda é muito inferior à demanda, principalmente, em função do reduzido número de cultivares registrados no país e dos programas de melhoramento serem ainda incipientes. Sabe-se que o nitrogênio é um elemento essencial para a produção agrícola e que o rendimento das culturas não pode ser aumentado sem a aquisição deste elemento pelas plantas. Desse modo, uma opção para a manutenção do rendimento das culturas com menor impacto sobre os custos de produção e o meio ambiente é a utilização de materiais genéticos melhorados que tenham uma maior eficiência no uso de N. Para alcançar este objetivo, é fundamental que se conheça o material genético que está sendo trabalhado em um programa de melhoramento. Diante disso, o objetivo deste trabalho é realizar a caracterização de linhagens de milho-pipoca quanto à eficiência no uso de N e avaliar a diversidade genética entre as linhagens com base nos caracteres fenotípicos e em marcadores SSR relacionados à eficiência nutricional. Para isto, inicialmente, foi realizado um ensaio preliminar no qual foram avaliadas 2 linhagens S_6 de milho-pipoca, em 2 repetições, 4 doses e 2 níveis (alto e baixo) de N, visando definir a dose a ser utilizada no ensaio definitivo. As plantas foram colhidas quando apresentavam o estágio de cinco folhas completamente desenvolvidas (V_5) e levadas para estufa a 70°C por 72 horas, a fim de se obter a massa da parte aérea seca (MPAS). A dose de N a ser escolhida corresponde àquela que causa redução de 50% na MPAS. Em seguida, no ensaio definitivo, foram avaliadas 25 linhagens S_6 do Programa Milho-pipoca UFV® e dois níveis de N (alto e baixo) em esquema fatorial (25 x 2) no delineamento em blocos casualizados, com 4 repetições. As sementes foram germinadas em bandejas de isopor e transplantadas 7 dias após a semeadura para vasos de 9 dm³ contendo uma mistura de areia e vermiculita, na proporção de 1:1. As soluções nutritivas foram aplicadas em intervalos de 2 dias a partir do 7º dia após o transplante, até que as plantas atingissem o estágio de seis folhas completamente desenvolvidas (V_6), quando foram colhidas. A parte aérea foi levada para secagem em estufa a 70°C por 72 horas e as seguintes variáveis relativas à parte aérea foram obtidas: crescimento diário (CD, cm); massa da parte aérea seca (MPAS, g); eficiência de

absorção de N ($EAbN = N \text{ absorvido}/N \text{ aplicado, mg/mg}$); eficiência de utilização de N ($EUtN = MPAS/N \text{ absorvido, mg/mg}$) e eficiência no uso de N ($EUN = MPAS/N \text{ aplicado, mg/mg}$). Na ocasião da colheita, o sistema radicular foi separado e lavado em água deionizada, e em seguida, armazenado em álcool 70% para ser avaliado por meio de análise de imagens, utilizando-se o software WinRHIZO Pro 2007a. As seguintes variáveis relativas ao sistema radicular serão obtidas: comprimento, volume e área superficial, massa de raiz seca (MRS) e, por fim, massa total seca (MTS). As análises estatísticas consistiram de uma análise de variância para cada variável, seguida por um teste de agrupamento de médias (Scott-Knott a 5% de probabilidade) e classificação das linhagens com base no intervalo de confiança a 95% de probabilidade para a média da variável EUN. Em seguida, realizou-se uma análise de trilha da variável dependente EUN em função das variáveis explicativas relativas à parte aérea e outra da variável dependente EAbN em função das variáveis explicativas relativas ao sistema radicular. A caracterização molecular foi realizada utilizando 90 'primers' microssatélites (SSR) obtidos do banco de dados *MaizeGDB*, como sendo pertencentes a regiões com QTLs previamente identificados para as características relacionadas à qualidade de milho-pipoca, raiz e estresses abióticos. Por fim, foram realizados estudos de diversidade genética com base nas variáveis quantitativas e nos dados moleculares e as linhagens foram agrupadas segundo o método de otimização de Tocher modificado. Todas as análises foram realizadas utilizando o Programa GENES. Os resultados parciais evidenciam que existe interação significativa entre as linhagens avaliadas e os níveis de N ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F, para os caracteres MPAS, EUtN e EUN. Ao desdobrar a interação linhagens x níveis de N, verificou-se que há variabilidade genética para EUN entre as linhagens apenas em baixo N. Este fato pode ser devido à seleção das linhagens ter sido realizada sempre em ambiente em que o nível de N era considerado normal. Pela análise de trilha, pode ser observado que a variável EUN em baixo N deve ser explicada também por caracteres do sistema radicular que ainda serão avaliados. O grupo de linhagens classificado como eficiente no uso de N em baixo N (L17, L20, L5 e L11) pode ser cruzado com o grupo ineficiente (L1, L23 e L3), para obtenção de uma população segregante para estudo de herança da EUN e análise de QTL. Além disso, as linhagens L5 e L11 foram identificadas como as mais divergentes, podendo ser cruzadas para a formação de uma população de melhoramento com alta eficiência no uso de N em baixo N e, desta forma, contribuir para o desenvolvimento da cultura em todo o país, principalmente pelo aumento da área cultivada com material genético superior.

Gabriel Borges Mundim
(Prelecionista)

José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)