

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO

Ogliari, J.B.¹; Alves, A.C.¹; Kist, V.²; Fonseca, J.A.³; Balbinot, A.³

Palavras-chave: milho, variedades locais e diversidade genética.

INTRODUÇÃO

A necessidade de espécies cultivadas adaptadas aos mais variados sistemas de cultivo e ambientes tem estimulado o desenvolvimento de pesquisas relacionadas à análise dos recursos fitogenéticos, com a finalidade de descrever, usar, melhorar e conservar a variabilidade genética.

Variedades locais autóctones, cultivadas por pequenos produtores ao longo de muitos anos, têm sido especialmente destacadas como valiosas fontes de características desejáveis. Podem ser definidas como populações cultivadas, distintas geograficamente ou ecologicamente, diversas em sua composição genética, bem como adaptadas à condição agro-climática local. A adaptação singular destas variedades às condições ambientes de onde procedem, viabiliza sistemas de cultivo sustentáveis, pouco exigentes em insumos e ajustados a preservação dos recursos naturais. O longo tempo de uso, manejo e conservação desses recursos vegetais pelos agricultores tradicionais, além da influência da seleção natural, são fatores determinantes para a estabilidade produtiva e adaptação dos mesmos frente a ambientes particulares.

Apesar dos pequenos agricultores e das comunidades indígenas ainda conservarem variedades locais de milho, muitos genes e combinações gênicas vêm se perdendo em decorrência da erosão vinculada a expansão da área cultivada com monoculturas, à substituição das primeiras por cultivares modernos de base genética estreita, a introdução de genes de grande efeito fenotípico durante os processos de melhoramento e, até mesmo, devido a exclusão de agricultores da cadeia produtiva.

A partir do Plano de Ação Global, elaborado na 4ª Conferência Técnica Internacional para Recursos Genéticos de Plantas (Leipzig-Alemanha, 1996), tem havido maior

¹ Professor(a) Doutor(a) da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Centro de Ciências Agrárias (CCA), Departamento de Fitotecnia (FIT). Rodovia Admar Gonzaga, 1346, C.P. 476 CEP: 88034 – 001, Florianópolis – SC – Brasil. E-mail – jbogliar@cca.ufsc.br

² Eng. Agr., Mestrando do Curso de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, FIT/CCA/UFSC.

³ Pesquisador MSc da EPAGRI. Endereço: BR 280, Km 219,5, Bairro Campo da Água Verde, Caixa Postal, 216 CEP: 89460-000, Canoinhas - SC.

reconhecimento da comunidade científica quanto ao papel dos pequenos agricultores na conservação, desenvolvimento e uso dos recursos genéticos locais (Soares *et al.*, 1998). Neste Plano, foi destacada a necessidade de incentivar o melhoramento genético descentralizado e conduzir pesquisa acoplada às atividades dos agricultores, principalmente, para a manutenção e desenvolvimento de variedades locais adaptadas a ambientes regionais (Valois, 1998).

O sistema de produção agrícola da Região Sul do País, particularmente, no município de Anchieta-SC, está baseado na unidade de produção familiar, onde ainda é possível encontrar variedades locais de muitas espécies. Entre 1998 e 2002, 33 variedades locais de milho foram identificadas pelo Sindicato dos Trabalhadores na Agricultura Familiar (SINTRAF), sendo 14 cultivadas em Anchieta há mais de dez anos. A partir do ano agrícola de 2001/2002, foram iniciadas ações de pesquisa envolvendo membros do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade (NEABio/UFSC), a Associação dos Pequenos Agricultores e Produtores de Milho Crioulo Orgânico e Derivados (ASSO), o SINTRAF e, recentemente, também a EPAGRI. A análise da diversidade genética, bem como a caracterização e avaliação destes acessos quanto ao potencial agronômico e adaptativo, apresentadas no presente trabalho, permitiram determinar estratégias mais adequadas de conservação e de melhoramento genético com enfoque participativo.

MATERIAL E MÉTODOS

A caracterização fenotípica dos genótipos foi efetuada a partir de um experimento conduzido no delineamento experimental em blocos ao acaso, com três repetições, envolvendo 23 variedades locais procedentes de Anchieta e Palma Sola e duas variedades melhoradas como testemunhas, adaptadas a região Sul do País. A parcela foi constituída por cinco fileiras de quatro metros lineares, espaçadas de um metro entre si, a uma densidade de 40.000 plantas por hectare. Foram avaliadas 10 plantas por parcela, a partir das quais foram estimados os caracteres: altura de planta e espiga, relação entre altura de espiga e planta, diâmetro do colmo, ciclo, número de folhas acima e abaixo da espiga, relação entre número de folhas acima da espiga e o número abaixo da espiga, comprimento da haste principal do pendão e da ramificação lateral do pendão, número de dias até o florescimento masculino e feminino, comprimento e diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos da espiga e número de grãos por fileira da espiga. Para o total da parcela, foram avaliados os

caracteres: número de plantas acamadas e quebradas, número de plantas e espigas colhidas, peso total de espigas da parcela útil com e sem palha, peso total do sabugo da parcela útil, peso de 1000 sementes, peso hectolitro, peso de grãos (umidade 13%) e, a partir destes, foram estimados a prolificidade e o rendimento de grãos. Dentre as variáveis quantitativas, 19 foram utilizadas para as análises de covariância, tendo como covariável o número total de plantas colhidas a partir da parcela útil. Para as variáveis que não apresentaram diferenças significativas para o coeficiente de regressão ($P > 5\%$), foram conduzidas análises de variância e testes de médias (Tukey 5%), usando o PROC GLM do programa SAS 8.2, sem a necessidade de ajustes das médias. Para as variáveis que diferiram significativamente ($\alpha < 0,05$), as médias foram ajustadas pelo PROC GLM do Programa SAS 8.2, em relação ao número total de plantas colhidas na área útil da parcela. A caracterização da diversidade genética entre os acessos foi feita a partir de variáveis que foram significativas pelo teste F ($\alpha < 0,05$) e cujos valores de correlação entre pares de caracteres foram não significativas ou significativas, mas com valores de correlação inferiores a 0,75 e superiores a - 0,75. A partir das matrizes e médias das referidas variáveis, foram estimadas as distâncias de Mahalanobis (Cruz & Regazzi, 1994), usando uma programação elaborada para o PROC IML do SAS 8.2. As relações entre as variedades foram apresentadas na forma de dendograma pelo método Single Linkage Cluster Analysis do programa Estatística 6.0.

DISCUSSÃO DOS RESULTADOS

Dentre as 19 variáveis analisadas, 17 apresentaram diferenças significativas a partir do teste F ($\alpha < 0,05$), exceto o número de folhas acima da espiga e o comprimento da haste principal do pendão. Isto significa que existe grande diversidade entre os acessos, associada a maioria das variáveis analisadas. Os valores de distância foram estimados a partir de 13 variáveis, selecionadas com base nos níveis de significância de F, bem como no valor da correlação entre caracteres e níveis de significância da correlação. As relações genéticas, representadas em forma de dendograma (Figura 1), permitiram inferir que variedades locais portadoras de mesmo nome e pertencentes a uma mesma comunidade rural, nem sempre são geneticamente similares, tal como foi observado a partir das três variedades denominadas Amarelão (procedências 1, 2 e 3), cada qual resgatada em uma propriedade diferente de Anchieta. Uma segunda situação bastante comum decorre daquelas variedades

com denominações distintas, cuja observação fenotípica indica uma grande similaridade genética. Tal fato foi observado para as variedades denominadas Língua de Papagaio e Amarelão procedência 2. Ambas as situações têm gerado distorções relativas a identidade genética de acessos, dificultando os trabalhos de coleta e conservação de germoplasma, bem como as atividades de desenvolvimento de novas variedades. Com base no agrupamento (Figura 1), as maiores estimativas de distância foram observadas para os pares 17/23, 11/36, 17/15, 17/36 e 17/20. Dentre as mais divergentes, encontram-se os acessos 11, 17, 23 e 36 e dentre os mais similares, destacam-se os acessos 19 e 34. Com base nestes resultados, será possível avaliar com maior eficiência a capacidade combinatória entre acessos, priorizando como tratamento experimental, as variedades mais divergentes e com melhor performance, tais como MPA1, Pixurum 06, Amarelão procedência 3, MPA2, Pixurum 04, Composto São Luiz, Amarelão procedência 2 e Branco.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. Viçosa: UFV, 1995, 390p.

Valois, J.F.M. Conservação e uso de recursos fitogenéticos. In: 15º Encontro sobre Temas de Genética de Melhoramento, 1998, Piracicaba. **Annais...**: ESALQ, 1998, p.13-17.

Soares, A.C.; De Machado, A.T.; Von Der Weid, J.M. **Milho Crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro, AS-PTA: p. 185, 1998.

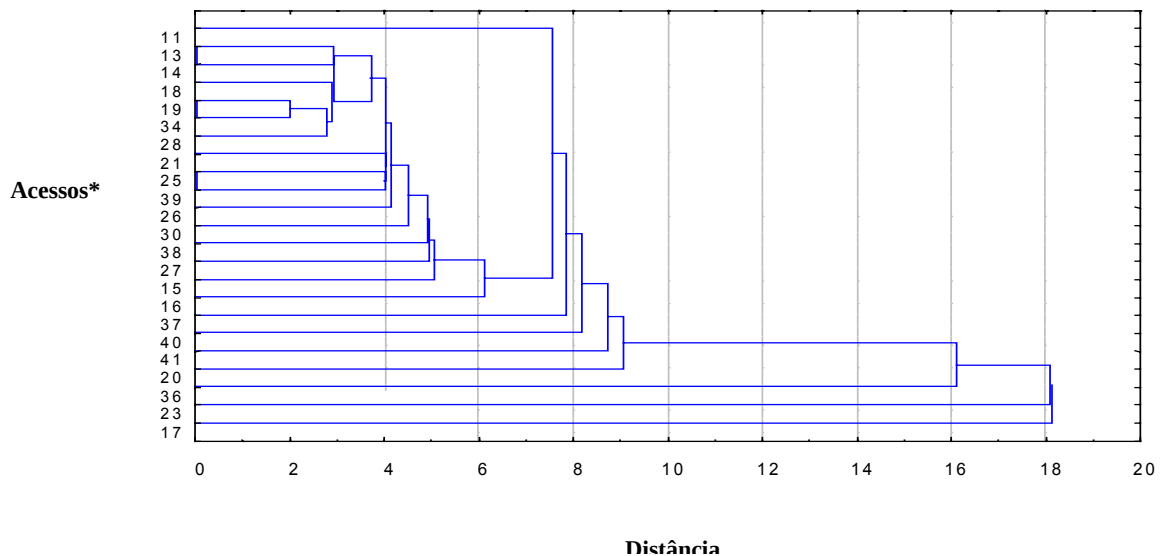


Figura 1 – Agrupamento para variedades locais de milho procedentes do Extremo Oeste de Santa Catarina.

*Acessos - 11: Mato Grosso; 13: Composto São Luiz; 14: Cateto; 15: Asteca; 16: Pixurum 04; 17: Cunha 01; 18: Palha Roxa; 19: Língua de Papagaio; 20: Pixurum 05; 21: Branco; 23: BR 106; 25: Amarelão 01; 26: MPA 01; 27: Pixurum 06; 28: MPA 02; 30: Roxo; 34: Amarelão 02; 36: Moroti; 37: Mato Grosso-Palha Roxa; 38: Rosado; 39: Mato Grosso; 40: Amarelão 03; 41: Sol da Manhã.

