



## Diversidade genética entre populações de milho tropical e temperado em condições contrastantes de nitrogênio.

Noé Mitterhofer Eiterer Ponce de Leon da Costa, Rodrigo Oliveira de Lima, Edmundo Oberg Neto; Carolina Bassi; Matheus de Paula Moreira; Alice Silva Santana

**Palavras-chave:** *Zea mays* L., estresse de nitrogênio, variedades de polinização aberta.

### Introdução

Em um programa de melhoramento de milho tropical, a introdução de populações de origem temperada permite o aumento de variabilidade no programa, além da obtenção de linhagens com características interessantes presentes nas cultivares temperadas. Além disso, avaliação de populações de milho em condição de estresse de nitrogênio (N), nutriente mais exigido pela cultura, é muito importante para selecionar populações mais adaptadas e que respondem ao estresse por baixo N.

### Objetivos

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética entre populações de milho tropical e temperado em condições contrastantes de nitrogênio.

### Material e Métodos

Para isso, na safra 2020/2021, 15 populações de foram avaliados em condições contrastes de N na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra, MG. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso (DBC), com três repetições. Cada parcela foi representada por duas linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,80 metros. Os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), diâmetro de colmo (DC, mm), área foliar (AF, cm<sup>2</sup>), número de nós acima (NNAC) e abaixo da espiga (NNBB), comprimento da espiga (CE, cm), diâmetro de espiga (DE, mm), número de fileiras de grãos na espiga (NF), número de grãos na fileira (NGF), comprimento de grão (CG, mm), prolificidade (PRL, cm), peso de 1000 grãos (P1000, g) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>). Após a coleta dos dados, esses foram submetidos à análise de variância e os caracteres significativos foram submetidos à análise de multicolinearidade.

Posteriormente, foram obtidas as distâncias euclidianas padronizadas para estimar a matriz de distâncias entre as populações e utilizou o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) para posterior criação do dendograma.

### Resultados e Discussão

No ambiente de alto N, os caracteres DC, CE, NGF e PRL não foram significativos na análise de variância. Em baixo nitrogênio, apenas o caractere DC não foi significativo.

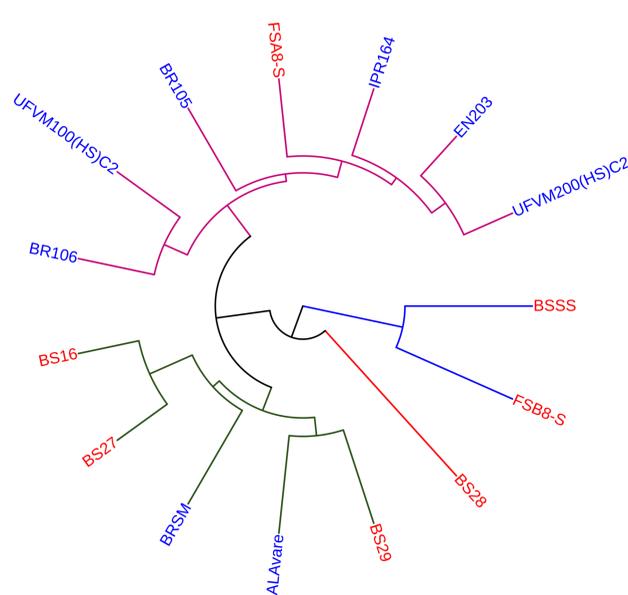


Figura 1: Dendrograma das cultivares avaliadas em ambiente de baixo nitrogênio.

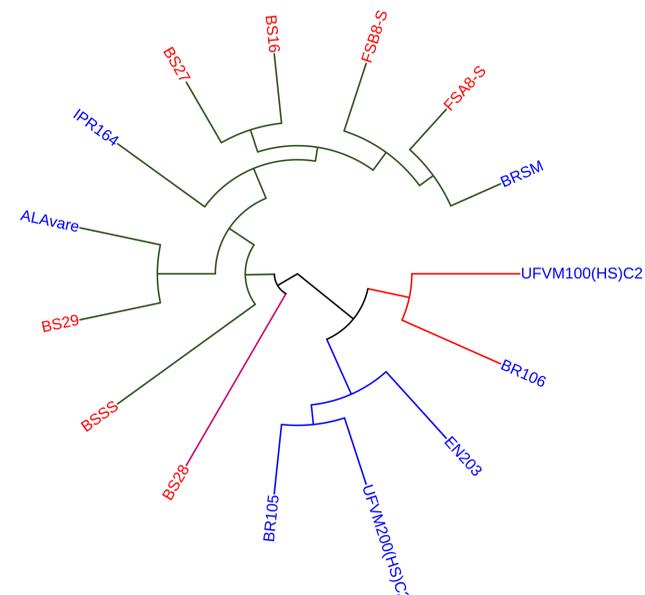


Figura 2: Dendrograma das cultivares avaliadas em ambiente de alto nitrogênio.

### Conclusões

Conclui-se que há divergência genética entre as populações nos dois ambientes avaliados e, portanto, podem ser utilizadas na extração de linhagens endogâmicas ou inseridas em algum programa de seleção recorrente de acordo com o ambiente de interesse.

### Apoio Financeiro



### Agradecimentos

