



## Diversidade genética entre genótipos de milho-doce

Leticia Gonçalves Moreira<sup>1</sup> (letgm12@gmail.com), Isadora Gonçalves da Silva<sup>2</sup>,  
Diesiele Caroline Silveira Mota<sup>1</sup>, Ana Carolina Pires Jacinto<sup>2</sup>, Renan Cesar Dias  
da Silva<sup>2</sup>, Jair Rocha do Prado<sup>1</sup>, Renata Castoldi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo, MG;

<sup>2</sup>Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

O milho-doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) é um produto de alto valor nutritivo e de características próprias, como sabor adocicado, pericarpo fino e endosperma com textura delicada. Por apresentar ampla diversificação de uso e, conseqüentemente, ser fonte de renda compensatória aos produtores, a comercialização de sementes dessa hortaliça vem crescendo no país, aumentando o número de pesquisas em busca de híbridos produtivos. Portanto, o presente trabalho teve por objetivo avaliar a divergência genética entre genótipos de milho-doce. O experimento foi conduzido em campo, na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo- MG (18°42'43,19"S e 47°29'55,8"W e 873 m de altitude), utilizando o delineamento experimental em blocos ao acaso, com três repetições. Os tratamentos foram compostos por dezoito genótipos de milho-doce (L1P9, L2P1, L2P11, L2P14, L2P33, L2P37, L2P45, L3P27, L4P5, L4P19, L5P3, L5P5, L5P18, L5P34, L5P37, L5P42, L7P8, L7P9). Quando as plantas estavam no estágio R1 avaliou-se SPAD e temperatura foliar, e quando apresentavam-se no estágio R6, avaliou-se produção. Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Em seguida, realizaram-se análises multivariadas para determinar a dissimilaridade genética entre os genótipos, obtendo-se a matriz de dissimilaridade pela distância de Mahalanobis. Calculou-se também a contribuição relativa dos caracteres quantitativos. O método Simple Linkage foi o mais eficiente, por formar maior número de grupos (quatro grupos); já os métodos UPGMA, WARD e WPGMA apresentaram agrupamentos semelhantes (três grupos), sendo estes métodos menos eficientes. A característica avaliada que mais contribuiu para divergência entre os genótipos foi o índice SPAD (47,28%), seguido da produção (35,25%) e temperatura foliar (17,46%), podendo esta última característica ser eliminada de futuros ensaios. Dessa forma conclui-se que para avaliação da diversidade genética de milho doce, recomenda-se utilizar o método Simple Linkage e que, por tal método permitiu separar os genótipos de milho doce em quatro grupos distintos.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L. subsp. *saccharata*, métodos de agrupamento, simple linkage.