

Rastreamento da Distância Genética entre Linhagens Progenitoras e Ciclos de Seleção na População de Milho "Iowa Stiff Stalk Synthetic".

XXIV Congresso Nacional de Milho e Sorgo - 01 a 05 de setembro de 2002 - Florianópolis - SC

GUIMARÃES, P. E. O. ¹ e LAMKEY, K. R. ²

¹ Embrapa Milho e Sorgo, Cp 151, Sete Lagoas, MG, 35701-9790.

evaristo@cnpms.embrapa.br

² Iowa State University, Agronomy, Ames, IA, USA, 50011. krlamkey@iastate.edu

INTRODUÇÃO

O rastreamento da distância genética entre linhagens progenitoras e ciclos de seleção é um tema pertinente ao melhoramento de plantas que poderia ser mais estudado. Labate et al. (1997) relataram que num grupo de 16 linhagens progenitoras da população BSSS, duas apresentaram as maiores contribuições para os ciclos C0 e C12 de seleção recorrente recíproca. O objetivo desse estudo foi avaliar a contribuição de 16 linhagens progenitoras para ciclos de seleção recorrente intrapopulacional na população "Iowa Stiff Stalk Synthetic", BSSS.

MATERIAL E MÉTODOS

Uma coleção de 16 linhagens progenitoras, BSSSP, foi usada para representar o sintético original BSSS. Segundo Messmer et al. (1991), dez dessas linhagens foram derivadas da população "Reid Yellow Dent" (RYD) e seis foram derivadas de outras origens (Tabela 1). Um período de 14 ciclos de SRI nesta população (7 ciclos com progênies de meios irmãos, PMI, seguidos de 7 ciclos com progênies S2, PS2) foi avaliado. BSSSP (16 linhagens progenitoras), BS13(S)C0 (90 plantas do ciclo original de PS2) e BS13(S)C7 (102 plantas do 70 ciclo PS2) foram genotipados para 100 combinações prova-enzima. Os RFLPs foram obtidos pelo uso das enzimas de restrição Hind III (usada em 81 combinações) e EcoRI (usada em 19 combinações). No total, 105 loci de RFLPs foram identificados. Nesse estudo, a distância genética de Nei (1978), DGN, foi usada. A DGN entre uma determinada linhagem progenitora e BSSSP foi estimada como a média de todas as DGN entre essa linhagem e as outras 15 linhagens restantes. A DGN entre cada linhagem progenitora e BSS13(S)C0 foi estimada como a média da DGN de cada linhagem com todos os 90 indivíduos desse ciclo. A DGN entre cada linhagem progenitora e BSS13(S)C7 foi estimada como a média da DGN de cada linhagem com todos os 102 indivíduos desse ciclo. Os erros padrões para DGN foram estimados via "jackknifing". Considerando a questão "Quais combinações híbridas mostraram as menores distâncias genéticas para os ciclos avançados de seleção?", os genótipos das 16 linhagens progenitoras foram utilizados para se prever os genótipos de todas as possíveis 120 combinações híbridas entre essas linhagens e, também, foram estimadas as DGN entre cada um desses 120 híbridos e C0 (média de 90 indivíduos) e C7 (média de 102 indivíduos). Esses 120 híbridos também foram classificados em 16

grupos, cada grupo contendo 15 híbridos que compartilham uma mesma linhagem parental.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A maioria dos alelos únicos de cada linhagem não estava presente nos ciclos posteriores de seleção (Tabela 1). As linhagens A3G-3-1-3 e Ill. 12E, de origens desconhecidas, apresentaram os maiores números de alelos únicos, sugerindo que as mesmas não tenham sido derivadas da população RYD. Dos seis alelos únicos da linhagem Hy que foram detectados em C0 e C7 (Tabela 1), cinco apresentaram frequências médias de 0,06 em P, 0,65 em C0 e 0,80 em C7. As mudanças de frequências nesses 5 alelos com o decorrer dos ciclos de seleção foram maiores do que se poderia explicar num modelo de oscilação genética e seus respectivos loci (bnl05.14a, bnl07.26, bnl07.71, bnl13.05a, e umc062) foram classificados como não neutros pelo teste de Waples (1989), indicando que estes cinco alelos apresentaram efeitos favoráveis de seleção, direta ou indiretamente, para algum(s) dos caracteres que foram selecionados.

Tabela 1. Linhagens progenitoras da população BSSSP: origem, número de alelos únicos e número e frequências de alelos únicos que ainda permanecem em gerações posteriores.

Linhagem	Origem	Número de alelos únicos	Alelos únicos em gerações posteriores		
			Número	Frequência média	
				BS13(S)C0	BS13(S)C7
A3G-3-1-3	Desconhecida	30	6	0.03	0.02
CI540	Illinois Two Ear	10	4	0.14	0.23
Ill. Hy	Illinois High Yield	11	6	0.55	0.67
Ill.12E	Desconhecida	14	1	0.61	0.28
LE23	Illinois Low Ear	10	4	0.22	0.14
Oh3167B	Echelbeger Clarage	12	2	0.36	0.06
CI187-2	Reid Yellow Dent	6	3	0.35	0.25
I159	Reid Yellow Dent	4	1	0.00	0.01
I224	Reid Yellow Dent	0	0	-	-
Ind.461-3	Reid Yellow Dent	0	0	-	-
Ind.AH83	Reid Yellow Dent	3	0	-	-
Ind.B2	Reid Yellow Dent	9	3	0.11	0.17
Ind.Fe21073	Reid Yellow Dent	6	3	0.05	0.02
Ind.Tr9-1-1-6	Reid Yellow Dent	6	1	0.01	0.00
Os420	Reid Yellow Dent	10	4	0.12	0.13
WD546	Reid Yellow Dent	10	4	0.33	0.38

Houve grande variação nas estimativas de DGN entre linhagens progenitoras e ciclos de seleção (Tabela 2). As correlações entre as estimativas de DGN computadas em diferentes gerações foram altas e significativas (dados não mostrados), ou seja, em geral linhagens com mais altas ou mais baixas DGN para P e C0 também mostraram mais altas ou mais baixas estimativas de DGN para C0 e C7, respectivamente. Por exemplo, as linhagens Ind.AH83, Ind.B2 e Ind.461-3 consistentemente apresentaram baixas DGN enquanto as linhagens A36-3-1-3, CI540 e I159 exibiram altos valores de DGN para as populações P, C0, e C7 respectivamente (Tabela 2). Entretanto, a linhagem Ill. Hy,

mostrou um padrão diferente quanto à divergência genética para os ciclos de seleção, devido ter apresentado uma das maiores DGN para P, a menor DGN para C7, e uma DGN menor que a média para C0 (Tabela 2). Adicionalmente, esta linhagem foi a única a apresentar DGN menor para C7 que C0.

Tabela 2. Médias e erros padrões (EP) para distâncias genéticas de Nei (1978), DGN, entre linhagens progenitoras e as populações BSSSP, BS13(S)C0 e BS13(S)C7.

Linhagem	DGN					
	BSSSP		BS13(S)C0		BS13(S)C7	
	Média	EP	Média	EP	Mean	SE
Grupo Não-RYD						
A36-3-1-3	1,20	0,031	1,03	0,008	1,11	0,007
CI540	1,01	0,025	0,73	0,007	0,82	0,007
III, Hy	1,01	0,030	0,65	0,005	0,61	0,005
III,12E	0,92	0,019	0,72	0,007	0,77	0,005
LE23	0,94	0,031	0,65	0,007	0,70	0,006
Oh3167B	0,95	0,021	0,69	0,008	0,85	0,006
Grupo RYD						
CI187-2	0,88	0,033	0,72	0,008	0,75	0,006
I159	0,96	0,039	0,75	0,008	0,85	0,006
I224	0,90	0,030	0,64	0,007	0,68	0,006
Ind,461-3	0,82	0,063	0,64	0,006	0,72	0,006
Ind,AH83	0,79	0,067	0,60	0,006	0,69	0,006
Ind,B2	0,85	0,042	0,57	0,006	0,69	0,005
Ind,Fe21073	0,94	0,042	0,81	0,008	0,88	0,005
Ind,Tr9-1-1-6	0,86	0,031	0,66	0,007	0,70	0,005
Os420	0,89	0,029	0,65	0,007	0,70	0,005
WD546	0,90	0,030	0,72	0,008	0,78	0,006
Média geral	0,93	0,015	0,70	0,003	0,77	0,003

Os grupos de híbridos envolvendo as linhagens III. Hy e Ind.AH83 apresentaram as menores DGN para C0 enquanto os grupos de híbridos relacionados com as linhagens III. Hy e I159 mostraram as menores DGN para C7 (Tabela 3). A linhagem III Hy estava presente nos cinco híbridos que mostraram as menores DGN para C7 e o híbrido III. Hy x LE 23 apresentou a menor DGN para C0 e C7. Vários resultados desse estudo indicam que a linhagem HY reduziu sua divergência genética e, conseqüentemente, contribuiu relativamente mais que outras linhagens na composição dos ciclos avançados de seleção amostrados. Labate et al. (1997) relataram que essa linhagem e a CI540 foram as que apresentaram maiores contribuições para os ciclos de seleção recorrente C0 e C12 da população (BSSS). Provavelmente a linhagem Hy apresentou maior proporção de alelos com vantagens seletivas que outras linhagens progenitoras. Futuros estudos poderiam usar dados fenotípicos e moleculares para quantificar os efeitos seletivos de alelos que são únicos para linhagens progenitoras de sintéticos sendo melhorados por seleção recorrente.

Tabela 3. Médias e erros padrões (EP) para distâncias genéticas de Nei (1978), DGN, entre grupos de híbridos que compartilham uma linhagem em comum e populações BSSSP, BS13(S)C0 e BS13(S)C7.

Grupo de híbridos	DGN					
	BSSSP		BS13(S)C0		BS13(S)C7	
	Média	EP	Média	EP	Média	EP
Non-RYD						
A36-3-1-3	0,18	0,012	0,52	0,012	0,60	0,014
CI540	0,16	0,009	0,45	0,013	0,52	0,014
Ill, Hy	0,16	0,007	0,40	0,008	0,42	0,009
Ill,12E	0,14	0,010	0,45	0,013	0,51	0,015
LE 23	0,15	0,010	0,42	0,013	0,48	0,014
Oh3167B	0,14	0,009	0,43	0,012	0,54	0,015
RYD						
CI187-2	0,13	0,006	0,46	0,009	0,51	0,012
I159	0,14	0,006	0,42	0,010	0,47	0,012
I224	0,11	0,010	0,44	0,015	0,51	0,017
Ind,461-3	0,10	0,010	0,43	0,014	0,50	0,016
Ind,AH83	0,13	0,006	0,40	0,009	0,50	0,010
Ind,B2	0,14	0,005	0,48	0,010	0,55	0,013
Ind,Fe21073	0,13	0,008	0,44	0,012	0,49	0,013
Ind,Tr9-1-1-6	0,13	0,008	0,42	0,009	0,48	0,011
Os420	0,14	0,007	0,46	0,009	0,52	0,012
WD546	0,14	0,007	0,46	0,009	0,54	0,013
Média 120 híbridos	0,14	0,003	0,44	0,005	0,51	0,006

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Labate, J.A., K.R. Lamkey, M. Lee e W.L. Woodman, 1997, Molecular genetic diversity after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations, *Crop Sci*, 37:416-423,
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583:590.
- Messmer, M.M., A.E. Melchinger, M. Lee, W.L. Woodman, E.A. Lee, e K.R. Lamkey. 1991. Genetic diversity among progenitors and elite lines from the Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS) maize populations: comparison of allozyme and RFLP data. *Theor. Appl. Genet.* 83: 97-107.
- Waples, R.S. 1989. Temporal variation in allele frequencies: testing the right hypothesis. *Evolution*, 43: 1236-1251.

