

Divergência Molecular (RFLPs) entre 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@cnpmc.embrapa.br

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

INTRODUÇÃO

Por mais de 60 anos, a população de milho "Iowa Stiff Stalk Synthetic" (BSSS) está sendo melhorada por seleção recorrente intrapopulacional. A proposta desse estudo foi avaliar a divergência genética molecular entre ciclos de seleção nessa população. Labate et al. (2000) e Popi et al. (2000) usaram análise de componentes principais (PC) baseadas nas frequências alélicas para avaliação de programas de seleção recorrente recíproca em milho. Em ambos estudos foi possível distinguir ciclos de seleção com o uso dessa técnica revelando que PC pode ser uma alternativa para avaliação de variação genética entre e dentro ciclos de seleção. Labate et al. (1997) observaram que com a seleção recorrente recíproca houve um aumento na distância genética dentro e entre as populações BSSS(R) e BSCB1(R), enquanto Revilla et al. (1997) não acharam evidências de mudanças nas distâncias genéticas com o decorrer dos ciclos de seleção em dois sintéticos sob seleção intrapopulacional.

MATERIAL E MÉTODOS

Um período de 14 ciclos de SRI na população BSSS (7 ciclos com progênies de meios-irmãos, PMI, seguidos de 7 ciclos com progênies S2, PS2) foi avaliado. Plantas dos seguintes ciclos foram genotipadas: BSSSP (16 linhagens progenitoras, sendo 10 originadas da população "RYD" e 6 de outras origens), BS13(S)C0 (90 plantas do ciclo original de PS2) e BS13(S)C7 (102 plantas do 70 ciclo de PS2). Indivíduos 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. Duas abordagens foram usadas para a determinação da divergência molecular entre as três gerações avaliadas: Análise de Componentes Principais e distância genética. A distribuição gráfica dos indivíduos amostrados foi baseada em dados binários de todos os 456 alelos observados. Uma matriz de correlação foi construída e componentes principais foram estimados com o uso do programa SAS Anlyst (SAS institute, 1999). Os escores dos primeiros três componentes principais, estimados para cada indivíduo das três gerações, foram usados para a construção de um gráfico 3D com uso do programa SPLUS (MathSoft, 1997). Também um outro gráfico foi construído incluindo-se somente indivíduos das gerações C0 e C7. O programa "Genetic Data Analysis" (Lewis and Zaykin, 2001) foi usado para cálculo da estimativa não viesada de genética distância padrão proposta por Nei (1978).

As distâncias genéticas entre ciclos de seleção foram calculadas como médias das distâncias genéticas estimadas numa base individual, ou seja, 90 indivíduos em C0 e 102 em C7. Intervalos de confiança para distâncias genéticas médias foram estimados por meio de técnicas de reamostragem ("bootstrap") sobre valores individuais. Mil amostras "bootstrap" foram utilizadas para a estimação de cada intervalo de confiança (Efron and Tibshirani, 1986; Mathsoft, 1997).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os três principais componentes explicaram 12,2, 6,9, e 4,8% da variação total entre os indivíduos, respectivamente. Não houve sobreposição de indivíduos de diferentes ciclos de seleção (Figura 1). Os ciclos C0 e C7 mostraram pouca variabilidade interna e foram localizados bem próximos um do outro (Figuras 1 e 2). O ciclo P mostrou a maior variação interna e foi situado distante tanto de C0 quanto de C7 (Figura 1). O grupo de linhagens progenitoras derivadas da população "Reid Yellow Dent" (RYD) mostrou variação menor que o grupo de linhagens derivadas de outras populações (Figura 1), indicando que linhagens não derivadas de RYD foram importantes para a variabilidade observada neste sintético.

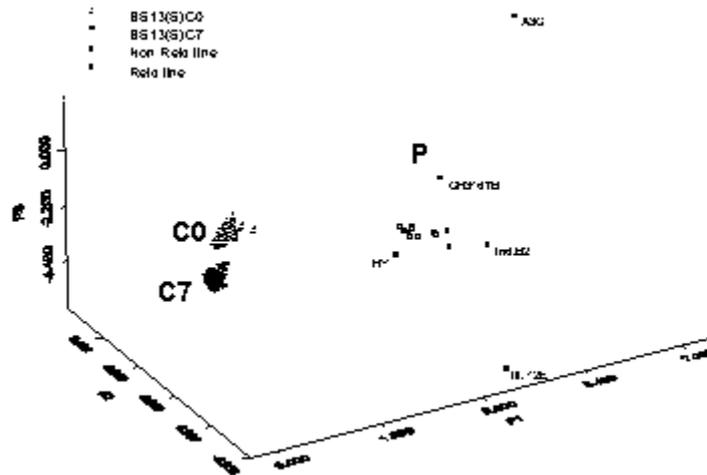


Figura 1. Diagrama para os escores dos três componentes principais (P1, P2, e P3) de indivíduos dos ciclos BSSSP, BS13(S)C0 e BS13(S)C7 em 105 loci de RFLPs.

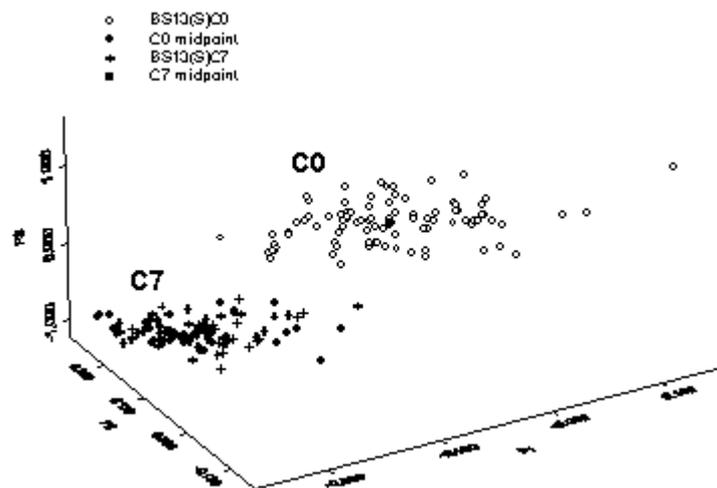


Figura 2. Diagrama para os escores dos três componentes principais (P1, P2, e P3) de indivíduos dos ciclos BS13(S)C0 e BS13(S)C7 em 105 loci de RFLPs.

A distância genética entre P e C0 foi bem maior que entre C0 and C7 (Tabela 1). Estes resultados estão de acordo com os obtidos na análise de componentes principais, indicando que uma das conseqüências desse programa de seleção foi um aumento na distância genética entre os ciclos de seleção, principalmente durante os sete ciclos com progênies de meios-irmãos. Segundo Hedrick (1999, 2000), a distância genética entre uma população ancestral e uma população descendente pode ser predita como: $NGD = -0,5 \ln [(1 - H_0) / (1 - H_0 (1 - 1 / 2Ne)t)]$, onde H_0 , Ne , and t significam heterozigose esperada, tamanho efetivo de população e número de gerações, respectivamente. Com o uso dessa fórmula, a distância genética entre P e C0 foi predita como 0,17 e entre C0 e C7 como 0,05. O valor predito foi próximo ao observado para a distância genética entre C0 e C7, mas menor que o observado para a distância entre P and C0, sugerindo que Ne durante os ciclos de meios-irmãos foi menor que a média harmônica do número de progênies selecionadas. Essa mesma equação foi usada para se fazer a predição da distância genética entre C7 e C14 (um futuro 140 ciclo de PS2). O valor predito foi de 0,03, indicando que futuros ciclos de seleção provavelmente não deverão ser muito divergentes de C7 quanto a amostra de RFLP loci avaliada.

Tabela 1. Médias e intervalos de confiança (95%) para distância genética de Nei (1978) estimados entre três ciclos de seleção na população de milho BSSS. †

	N	Média	Intervalo de confiança
BSSSP x BS13(S)C0	90	0,262	(0,256 - 0,272)
BSSSP x BS13(S)C7	102	0,328	(0,321 - 0,335)
BS13(S)C0 x BS13(S)C7	192	0,082	(0,076 - 0,087)

† N significa número total de distâncias genéticas estimadas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Efron, B. e R. Tibshirani. 1986. Bootstrap methods for standard error, confidence intervals, and other measures of statistical accuracy. *Statistical Science* 1: 54-77.
- Hedrick, P.W. 1999. Perspective: highly variable loci and their interpretation in evolution and conservation. *Evolution* 53: 313-318.
- Hedrick, P.W. 2000. *Genetics of populations*. 2nd ed. Jones & Bartlett, Massachusetts.
- 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.
- Labate, J.A., K.R. Lamkey, M. Lee e W.L. Woodman. 2000. Hardy- Weinberg and linkage equilibrium estimates in the BSSS and BSCB1 random mated populations. *Maydica* 45: 243-255.
- Lewis, P. O. e Zaykin, D. 2001. *Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data*. Version 1.0 (d16b). Programa com distribuição livre (<http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>)
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583:590.
- MathSoft. 1997. *S-PLUS 4.0 Release 2 for Windows*. MathSoft, Massachusetts.
- Popi, J., L. Rajnpreht., L.W. Kannenberg e K.P. Pauls. 2000. Random amplified polymorphic DNA-based evaluation of diversity in the hierarchical, open-ended population enrichment maize breeding system. *Crop Sci.* 40: 619-625.
- Revilla, P., M.L. Vales, R.A. Malvar, and A. Ordas. 1997. Allozyme frequencies, heterozygosity and genetic distances following S1 recurrent selection in two synthetic maize populations. *Theor. Appl. Genet.* 95: 1057-1061.
- SAS institute. 1999. *The Analyst Application*, 1st ed. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA